

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 894 304**

51 Int. Cl.:

C07K 16/46 (2006.01)

A61K 47/68 (2007.01)

A61P 31/18 (2006.01)

C07K 16/10 (2006.01)

A61K 39/42 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **24.10.2016 PCT/US2016/058540**

87 Fecha y número de publicación internacional: **04.05.2017 WO17074878**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **24.10.2016 E 16794472 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **14.07.2021 EP 3365366**

54 Título: **Proteínas de unión trispecíficas y/o trivalentes para la prevención o tratamiento de infección por VIH**

30 Prioridad:

25.10.2015 US 201562246113 P

24.02.2016 EP 16305211

13.04.2016 US 201662322029 P

03.05.2016 US 201662331169 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

14.02.2022

73 Titular/es:

SANOFI (50.0%)

54, rue La Boétie

75008 Paris, FR y

THE USA, AS REPRESENTED BY THE

SECRETARY, DEPARTMENT OF HEALTH AND

HUMAN SERVICES (50.0%)

72 Inventor/es:

YANG, ZHI-YONG;

NABEL, GARY, J.;

XU, LING;

WEI, RONNIE;

QIU, HUAWEI;

BENINGA, JOCHEN;

KRUIP, JOCHEN;

RAO, ERCOLE;

LEUSCHNER, WULF, DIRK;

BEIL, CHRISTIAN;

LANGE, CHRISTIAN;

CONNORS, MARK;

MASCOLA, JOHN, R.;

KOUP, RICHARD, A.;

HUANG, JINGHE;

DORIA-ROSE, NICOLE, A.;

ZHOU, TONGQING;

KWONG, PETER, D.;

KWON, YOUNG, DO;

PEGU, AMARENDRA y

ASOKAN, MANGAIARKARASI

74 Agente/Representante:

LEHMANN NOVO, María Isabel

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

ES 2 894 304 T3

DESCRIPCIÓN

Proteínas de unión trispecíficas y/o trivalentes para la prevención o tratamiento de infección por VIH

REFERENCIAS CRUZADAS CON SOLICITUDES RELACIONADAS

5 Esta solicitud reivindica el beneficio de prioridad de la Solicitud Provisional de EE.UU. con número de serie 62/246.113, presentada el 25 de octubre de 2015, la Solicitud de EP núm. EP16305211.1, presentada el 24 de febrero de 2016, la Solicitud provisional de EE.UU. con número de serie 62/322.029, presentada el 13 de abril de 2016, y la Solicitud provisional de EE.UU. con núm. de serie 62/331.169, presentada el 03 de mayo de 2016.

10 Esta invención se creó en el cumplimiento de un Acuerdo cooperativo de investigación y desarrollo (NIAID núm. 2014-0038) con los Institutos Nacionales de Salud, una agencia del Departamento de Salud y Servicios Humanos. El gobierno de los Estados Unidos tiene ciertos derechos en esta invención.

PRESENTACIÓN DEL LISTADO DE SECUENCIAS EN EL ARCHIVO DE TEXTO ASCII

El contenido de la siguiente presentación en el archivo de texto ASCII es una forma legible por ordenador (CRF) del Listado de secuencias (nombre del archivo: 183952027041SEQLIST.txt, fecha grabada: 19 de octubre de 2016, tamaño: 1.064 KB).

15 CAMPO DE LA INVENCION

20 La descripción se refiere a proteínas de unión trispecíficas y/o trivalentes que comprenden cuatro cadenas polipeptídicas que forman tres sitios de unión a antígeno que se unen específicamente a una o más proteínas diana de VIH, en las que un primer par de polipéptidos que forman la proteína de unión poseen dominios variables duales que tienen una orientación cruzada y en las que un segundo par de polipéptidos que forman la proteína de unión poseen un único dominio variable. La descripción también se refiere a métodos para hacer proteínas de unión trispecíficas y/o trivalentes y usos de dichas proteínas de unión para tratar y/o prevenir el VIH/SIDA.

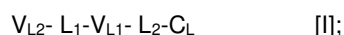
ANTECEDENTES

25 Uno de los desafíos en el tratamiento de VIH/SIDA con anticuerpos de neutralización es el potencial rebrote de la infección debido a la alta tasa de mutación de los virus de VIH-1. Además, los sucesos virológicos en las primeras semanas después de la transmisión de VIH-1 preparan el camino para la infección crónica de por vida que permanece incurable con la terapia anti-retroviral de combinación (cART) disponible actualmente. Esto es debido, al menos en parte, al establecimiento temprano de reservorios virales, que incluyen células infectadas de forma latente, que persisten a pesar de cART, llevando al recrudescimiento de la infección cuando se interrumpe el tratamiento. Los anticuerpos de neutralización de anti-VIH-1 recientemente descubiertos con amplitud y potencia mejoradas pueden proporcionar más opciones para el tratamiento y prevención del VIH/SIDA; sin embargo, el rebrote de la infección sigue siendo un problema principal en el campo.

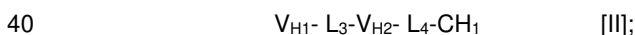
30 El documento WO 2012/158948 describe un anticuerpo de VIH aislado. Sin embargo, el documento WO 2012/158948 no proporciona o menciona anticuerpos tri-específicos.

BREVE COMPENDIO

35 En una realización, la descripción proporciona una proteína de unión que comprende cuatro cadenas polipeptídicas que forman tres sitios de unión al antígeno que se unen específicamente a una o más proteína diana de VIH, en las que una primera cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:



una segunda cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:



una tercera cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:



y una cuarta cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:



45 en las que

V_{L1} es un primer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{L2} es un segundo dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{L3} es un tercer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{H1} es un primer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

V_{H2} es un segundo dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

V_{H3} es un tercer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

5 C_L es un dominio constante de la cadena ligera de inmunoglobulina;

C_{H1} es un dominio constante de la cadena pesada C_{H1} de inmunoglobulina; y

L₁, L₂, L₃ y L₄ son conectores de aminoácidos;

y en las que el polipéptido de fórmula I y el polipéptido de fórmula II forman un par de cadena ligera-cadena pesada cruzado, y en las que

10 (a) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 266, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 267, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 268; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 256; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 248, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 497, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 250; o

25 (b) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 269, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 270, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 271; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 256; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 251, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 252, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 253; o

35 (c) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 269, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 270, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 271; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 256; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 251, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 252, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 253.

En una realización preferida, la proteína de unión de la presente invención comprende

45 (a) V_{L1} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L2} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L3} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 512; V_{H1} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; V_{H2} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; y V_{H3} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 502; o

50 (b) V_{L1} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L2} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L3} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 513; V_{H1} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; V_{H2} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; y V_{H3} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 503; o

(c) V_{L1} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L2} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L3} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 513; V_{H1} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; V_{H2} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; y V_{H3} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 503.

En una realización más preferida, la proteína de unión de la presente invención se caracteriza en que

(a) el dominio C_{H3} de la segunda cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en posiciones que corresponden a las posiciones 354 y 366 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W; y en la que el dominio C_{H3} de la tercera cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones que corresponden a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V; o

(b) el dominio C_{H3} de la segunda cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones que corresponden a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V; y en la que el dominio C_{H3} de la tercera cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones que corresponden a las posiciones 354 y 366 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W.

En una realización más preferida, los dominios C_{H3} de la segunda y tercera cadenas polipeptídicas comprenden ambas sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 428 y 434 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son M428L y N434S.

En una realización más preferida, (a) al menos uno de L_1 , L_2 , L_3 o L_4 es independientemente 0 aminoácidos de longitud; o (b) L_1 , L_2 , L_3 o L_4 son cada uno independientemente de al menos un aminoácido de longitud.

En una realización más preferida L_1 , L_2 , L_3 y/o L_4 comprenden la secuencia Asp-Lys-Thr-His-Thr (SEQ ID NO: 525).

En otra realización, la presente descripción proporciona una proteína de unión que comprende una primera cadena polipeptídica, una segunda cadena polipeptídica, una tercera cadena polipeptídica y una cuarta cadena polipeptídica en las que:

(a) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 3 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 3; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2;

(b) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 11 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 11; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 9 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 9; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10;

(c) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 19 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 19; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 17 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 17; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18 o una secuencia de aminoácidos que es al menos un 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18.

En otra realización la presente descripción proporciona una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica la proteína de unión de la presente invención.

En otra realización, la presente descripción proporciona un vector de expresión que comprende la molécula de ácido nucleico de la presente invención.

En una realización adicional, la presente descripción proporcionó un sistema vectorial que comprende uno o más vectores que codifican una primera, segunda, tercera y cuarta cadenas polipeptídicas de una proteína de unión de la presente invención, en la que opcionalmente:

5 (a) el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera cadena polipeptídica de la proteína de unión, un segundo vector que codifica la segunda cadena polipeptídica de la proteína de unión, un tercer vector que codifica la tercera cadena polipeptídica de la proteína de unión, y un cuarto vector que codifica la cuarta cadena polipeptídica de la proteína de unión o

(b) el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera y segunda cadenas polipeptídicas de la proteína de unión, y un segundo vector que codifica la tercera y cuarta cadenas polipeptídicas de la proteína de unión.

10 En otra realización, la presente descripción proporciona una célula huésped aislada que comprende la molécula de ácido nucleico de la presente invención, el vector de expresión de la presente invención, o el sistema vectorial de la presente invención, en la que opcionalmente la célula huésped es una célula de mamífero o una célula de insecto.

En una realización adicional, la presente descripción proporciona un método de producción de una proteína de unión, comprendiendo el método:

15 a) cultivar una célula huésped de la presente invención en condiciones tales que la célula huésped exprese la proteína de unión; y

b) aislar la proteína de unión de la célula huésped.

20 En otra realización, la presente descripción proporcionó una proteína de unión de la presente invención para usar en un método de prevención y/o tratamiento de infección por VIH en un paciente, que comprende administrar al paciente una cantidad terapéuticamente eficaz de la proteína de unión, en la que la proteína de unión se co-administra opcionalmente con terapia anti-retroviral estándar, y en la que el paciente es opcionalmente un ser humano.

Las realizaciones específicas de la invención serán evidentes a partir de la siguiente descripción más detallada de ciertas realizaciones y las reivindicaciones.

25 Se va a entender que una, alguna o todas las propiedades de las diversas realizaciones descritas en la presente memoria pueden combinarse para formar otras realizaciones de la presente invención. Estos y otros aspectos de la invención serán evidentes para un experto en la técnica.

BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS DIBUJOS

30 Las FIGS. 1A-D muestran representaciones esquemáticas de proteínas de unión trispecíficas que comprenden cuatro cadenas polipeptídicas que forman tres sitios de unión a antígeno que se unen específicamente a tres epítopos diferentes en uno o más antígenos, en las que un primer par de polipéptidos poseen dominios variables duales que tienen una orientación cruzada que forman dos sitios de unión a antígeno (que comprenden V_{H1} - V_{L1} y V_{H2} - V_{L2}) y en la que un segundo par de polipéptidos poseen un único sitio de unión a antígeno (que comprende V_{H3} - V_{L3}), de acuerdo con algunas realizaciones. La FIG. 1A muestra una proteína de unión trispecífica que comprende una modificación de "botones en ojales", en la que el botón está en el primer par de polipéptidos. La FIG. 1B muestra una proteína de unión trispecífica que comprende una modificación de "botones en ojales", en la que el botón está en el segundo par de polipéptidos. La FIG. 1C muestra la orientación de dominios variables en las cadenas polipeptídicas, y la orientación botón/ojal para las proteínas de unión 1-31 mostradas en las Tablas 1 y 2. "Cadena pesada A" (p.ej., una tercera cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable de la cadena pesada A. "Cadena ligera A" (p.ej., una cuarta cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable de la cadena ligera A. "Cadena pesada B" (p.ej., una segunda cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable 1 y el dominio variable 2 de la cadena pesada B. "Cadena ligera B" (p.ej., una primera cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable 1 y el dominio variable 2 de la cadena ligera B. La FIG. 1D muestra la orientación de los dominios variables en las cadenas polipeptídicas, y la orientación botón/ojal para las proteínas de unión 32-53 mostradas en las Tablas 1 y 2. "Cadena pesada A" (p.ej., una tercera cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable de la cadena pesada A. "Cadena ligera A" (p.ej., una cuarta cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable de la cadena ligera A. "Cadena pesada B" (p.ej., una segunda cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable 1 y el dominio variable 2 de la cadena pesada B. "Cadena ligera B" (p.ej., una primera cadena polipeptídica de la presente descripción) indica el dominio variable 1 y el dominio variable 2 de la cadena ligera B.

50 Las FIGS. 2A-B muestran la purificación de tres proteínas de unión trispecíficas usando primero cromatografía de afinidad, y después usando cromatografía preparativa de exclusión de tamaño. La FIG. 2A muestra el perfil de elución de las proteínas de unión trispecíficas durante la purificación usando la cromatografía de afinidad de la proteína A. La FIG. 2B muestra la purificación de proteínas monoméricas mediante cromatografía de exclusión de tamaño Superdex200.

5 Las FIGS. 3A-B muestran la purificación de los anticuerpos parentales Ab MPER, Ab CD4BS "b" y Ab dirigido a V1/V2 "a" usando primero cromatografía de afinidad, y después usando cromatografía preparativa de exclusión de tamaño. La FIG. 3A muestra el perfil de elución en los anticuerpos parentales durante la purificación usando cromatografía de afinidad a proteína A. La FIG. 3B muestra la purificación de proteínas monoméricas mediante cromatografía de exclusión de tamaño Superdex200.

Las FIGS. 4A-B muestran los perfiles de cromatografía de exclusión de tamaño de proteínas de unión biespecíficas y trispecíficas. La FIG. 4A muestra los perfiles de cromatografía de exclusión de tamaño de las proteínas de unión biespecíficas. La FIG. 4B muestra los perfiles de cromatografía de exclusión de tamaño de las proteínas de unión trispecíficas.

10 La FIG. 5 muestra los sensogramas Biacore de las cinéticas de unión de tres proteínas de unión trispecíficas y el anticuerpo Ab MPER parental para un péptido derivado de gp41 de VIH (el sitio de unión MPER), como se evalúa por el ensayo cinético basado en Biacore estándar.

15 La FIG. 6 muestra los sensogramas Biacore de las cinéticas de unión de tres proteínas de unión trispecíficas y el anticuerpo Ab CD4BS "b" para gp120 de VIH recombinante, como se evalúa por el ensayo cinético basado en Biacore estándar.

La FIG. 7 muestra los resultados de un estudio farmacocinético (PK) de las proteínas indicadas después de la inyección intravenosa (IV) en macacos rhesus.

Las FIGS. 8A-8B muestran las representaciones esquemáticas de acopladores de células T trispecíficas, según algunas realizaciones. Los sitios de unión se indican mediante los círculos de puntos.

20 La FIG. 9 muestra las propiedades de unión de las proteínas de unión trispecíficas "proteína de unión 32" y "CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b" a CD3 (CD3E representa la proteína CD3épsilon; CD3D representa la proteína CD3delta), CD28 y la proteína de núcleo estabilizado acondicionado 3 (RSC3) de gp120, además de un control negativo (IgG humana).

25 La FIG. 10 muestra la activación de células T CD8 usando las proteínas trispecíficas "proteína de unión 32" y "CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b" en comparación con el anticuerpo CD4BS IgG4 parental, además de un control negativo (no mAb).

La FIG. 11 muestra la activación de células T CD4 usando las proteínas trispecíficas "proteína de unión 32" y "CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b" en comparación con el anticuerpo IgG4 CD4BS parental, además de un control negativo (no mAb).

30 La FIG. 12 muestra la regulación a la baja de CD3 después de la activación de células T mediante las proteínas trispecíficas "proteína de unión 32" y "CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b" en comparación con el anticuerpo IgG4 CD4BS parental, además de un control negativo (no mAb).

35 Las FIGS. 13A-C muestran los resultados del ensayo de citotoxicidad basados en la clasificación de células activadas por fluorescencia (FACS) para proteínas de unión trispecíficas frente a células T VIH-1⁺ infectadas de forma latente. La FIG. 13A muestra los resultados para proteínas de unión trispecíficas incubadas con células CEM-BaL. La FIG. 13B muestra los resultados para las proteínas de unión trispecíficas incubadas con células ACH2. La FIG. 13C muestra los resultados para las proteínas de unión trispecíficas incubadas con células J1.1.

DESCRIPCIÓN DETALLADA

40 La presente descripción proporciona proteínas de unión trispecíficas y/o trivalentes que comprenden cuatro cadenas polipeptídicas que forman tres sitios de unión a antígeno que se unen específicamente a una o más proteínas diana del virus de inmunodeficiencia humana (VIH) y/o una o más proteínas diana del receptor de células T, en las que un primer par de polipéptidos que forman la proteína de unión poseen dominios variables duales que tienen una orientación cruzada y en las que un segundo par de polipéptidos que forman la proteína de unión poseen un único dominio variable.

La siguiente descripción describe métodos ejemplares, parámetros y similares.

45 Definiciones

Como se utilizan según la presente descripción, los siguientes términos, a menos que se indique lo contrario, se entenderá que tienen los siguientes significados. A menos que se necesite otra cosa por contexto, los términos singulares incluirán plurales y los términos plurales incluirán el singular.

50 El término "polinucleótido" como se usa en la presente memoria se refiere a polímeros de ácido nucleico monocatenarios o bicatenarios de al menos 10 nucleótidos de longitud. En ciertas realizaciones, los nucleótidos que comprenden el polinucleótido pueden ser ribonucleótidos o desoxirribonucleótidos o una forma modificada de cualquier tipo de nucleótido. Dichas modificaciones incluyen modificaciones de base tal como bromuridina, modificaciones de ribosa tal como arabinósido y 2',3'-didesoxirribosa, y modificaciones de unión internucleótido tales como fosforotioato,

fosforoditioato, fosforoselenoato, fosforodiselenoato, fosforoanilitioato, fosforaniladato y fosforamidato. El término "polinucleótido" incluye específicamente formas monocatenarias y bicatenarias de ADN.

Un "polinucleótido aislado" es un polinucleótido de origen genómico, ADNc o sintético o alguna combinación de los mismos, que: (1) no está asociado con todo o una parte de un polinucleótido en que el polinucleótido aislado se encuentra en la naturaleza, (2) está unido a un polinucleótido al que no está unido en la naturaleza, o (3) no se da en la naturaleza como parte de una secuencia mayor.

Un "polipéptido aislado" es uno que: (1) está libre de al menos algunos otros polipéptidos con los que se encontraría normalmente, (2) está esencialmente libre de otros polipéptidos de la misma fuente, p.ej., de la misma especie, (3) se expresa por una célula de una especie diferente, (4) se ha separado de al menos aproximadamente el 50 por ciento de polinucleótidos, lípidos, carbohidratos, u otros materiales con los que está asociado en la naturaleza, (5) no está asociado (mediante interacción covalente o no covalente) con partes de un polipéptido con el que el "polipéptido aislado" está asociado en la naturaleza, (6) está asociado de forma operable (mediante interacción covalente o no covalente) con un polipéptido con el que no está asociado en la naturaleza, o (7) no se da en la naturaleza. Dicho polipéptido aislado puede codificarse mediante ADN genómico, ADNc, ARNm u otro ARN, de origen sintético, o cualquier combinación de los mismos. Preferiblemente, el polipéptido aislado está sustancialmente libre de polipéptidos u otros contaminantes que se encuentran en su medio natural que interferirían con su uso (terapéutico, diagnóstico, profiláctico, de investigación u cualquier otro).

Los anticuerpos que se dan de forma natural comprenden típicamente un tetrámero. Cada uno de dichos tetrámeros está compuesto típicamente por dos pares idénticos de cadenas polipeptídicas, teniendo cada para una cadena "ligera" de longitud completa (que tiene típicamente un peso molecular de aproximadamente 25 kDa) y una cadena "pesada" de longitud completa (que tiene típicamente un peso molecular de aproximadamente 50-70 kDa). Los términos "cadena pesada" y "cadena ligera" como se usan en la presente memoria se refieren a cualquier polipéptido de inmunoglobulina que tenga suficiente secuencia de dominio variable para dar especificidad por un antígeno diana. La parte amino-terminal de cada cadena ligera y pesada incluye típicamente un dominio variable de aproximadamente 100 a 110 o más aminoácidos que típicamente es responsable del reconocimiento del antígeno. La parte carboxi-terminal de cada cadena típicamente define un dominio constante responsable de la función efectora. Por consiguiente, en un anticuerpo que se da de forma natural, un polipéptido de inmunoglobulina de cadena pesada de longitud completa incluye un dominio variable (V_H) y tres dominios constantes (C_{H1} , C_{H2} , y C_{H3}), en que el dominio V_H está en el extremo amino del polipéptido y el dominio C_{H3} está en el extremo carboxilo, y un polipéptido de inmunoglobulina de cadena ligera de longitud completa incluye un dominio variable (V_L) y un dominio constante (C_L), en que el dominio V_L está en el extremo amino del polipéptido y el dominio C_L está en el extremo carboxilo.

Las cadenas ligeras humanas se clasifican típicamente como cadenas ligeras kappa y lambda, y las cadenas pesadas humanas se clasifican típicamente como mu, delta, gamma, alfa, o épsilon, y definen el isotipo del anticuerpo como IgM, IgD, IgG, IgA e IgE, respectivamente. IgG tienen varias subclases, que incluyen, pero no están limitadas a IgG1, IgG2, IgG3 e IgG4. IgM tiene subclases que incluyen, pero no están limitadas a, IgM1 e IgM2. IgA se subdivide de forma similar en subclases que incluyen, pero no están limitadas a, IgA1 e IgA2. Dentro de las cadenas ligeras y pesadas de longitud completa, los dominios variables y constantes típicamente están unidos por una región "J" de aproximadamente 12 o más aminoácidos, con la cadena pesada incluyendo también una región "D" de aproximadamente 10 aminoácidos más. Véase, p.ej., FUNDAMENTAL IMMUNOLOGY (Paul, W., ed., Raven Press, 2ª ed., 1989). Las regiones variables de cada par de cadenas ligera/pesada forman típicamente un sitio de unión a antígeno. Los dominios variables de anticuerpos que se dan de forma natural muestran típicamente la misma estructura general de regiones marco (FR) relativamente conservadas unidas por tres regiones hipervariables, también denominadas regiones que determinan la complementariedad o CDRs. Las CDRs de las dos cadenas de cada par típicamente se alinean mediante las regiones marco que pueden permitir la unión a un epítipo específico. Desde el extremo amino al extremo carboxilo, los dominios variables de cadena tanto ligera como pesada comprenden típicamente los dominios FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3 y FR4.

El término "conjunto CDR" se refiere a un grupo de tres CDRs que se da en una única región variable capaz de unirse al antígeno. Los límites exactos de estos CDRs se han definido de forma diferente según sistemas diferentes. El sistema descrito por Kabat (Kabat et al., SEQUENCES OF PROTEINS OF IMMUNOLOGICAL INTEREST (National Institutes of Health, Bethesda, Md. (1987) y (1991)) no solo proporciona un sistema de numeración de residuos inequívoco aplicable a cualquier región variable de un anticuerpo, sino que también proporciona límites de residuo precisos que definen las tres CDRs. Estas CDRs pueden denominarse como CDRs de Kabat. Chothia y colaboradores (Chothia y Lesk, J. Mol. Biol. 196: 901-17; Chothia et al., 1989, Nature 342: 877-83) encontró que ciertas subporciones en las CDRs de Kabat adoptan conformaciones de estructura peptídica casi idénticas, a pesar de que tienen gran diversidad al nivel de secuencia de aminoácidos. Estas subporciones se designaron como L1, L2 y L3 o H1, H2 y H3 donde la "L" y la "H" designan las regiones de cadena ligera y cadena pesada, respectivamente. Estas regiones pueden denominarse como CDRs de Chothia, que tienen límites que solapan con las CDRs de Kabat. Otros límites que definen las CDRs que solapan con las CDRs de Kabat se han descrito por Padlan, 1995, FASEB J. 9: 133-39; MacCallum, 1996, J. Mol. Biol. 262(5): 732-45; y Lefranc, 2003, Dev. Comp. Immunol. 27: 55-77. Aún otras definiciones del límite de la CDR pueden no seguir estrictamente uno de los sistemas de la presente memoria, pero no obstante solaparán con las CDRs de Kabat, aunque pueden acortarse o alargarse a la luz de la predicción o descubrimientos experimentales de que residuos particulares o grupos de residuos o incluso CDRs enteras no impactan

significativamente en la unión al antígeno. Los métodos usados en la presente memoria pueden utilizar CDRs definidas según cualquiera de estos sistemas, aunque ciertas realizaciones usan CDRs definidas por Kabat o Chothia. La identificación de CDRs predichas usando la secuencia de aminoácidos se conoce bien en el campo, tal como en Martin, A.C. "Protein sequence and structure analysis of antibody variable domains", In Antibody Engineering, Vol. 2, Kontermann R., Dübel S., eds. Springer-Verlag, Berlín, págs. 33-51 (2010). La secuencia de aminoácidos del dominio variable de cadena pesada y/o ligera puede inspeccionarse también para identificar las secuencias de las CDRs por otros métodos convencionales, p.ej., por comparación con secuencias conocidas de aminoácidos de otras regiones variables de cadena pesada y ligera para determinar las regiones de hipervariabilidad de secuencia. Las secuencias numeradas pueden alinearse a ojo, o empleando un programa de alineación tal como uno del paquete de programas CLUSTAL, como se describe en Thompson, 1994, Nucleic Acids Res. 22: 4673-80. Los modelos moleculares se usan convencionalmente para delinear correctamente el marco y las regiones CDR y así corregir las asignaciones basadas en la secuencia.

El término "Fc" como se usa en la presente memoria se refiere a una molécula que comprende la secuencia de un fragmento de no unión a antígeno que resulta de la digestión de un anticuerpo o producido por otros medios, en forma monomérica o multimérica, y puede contener la región bisagra. La fuente original de inmunoglobulina del Fc nativo es preferiblemente de origen humano y puede ser cualquiera de las inmunoglobulinas, aunque se prefieren IgG1 e IgG2. Las moléculas Fc están constituidas por polipéptidos monoméricos que pueden unirse en formas diméricas o multiméricas mediante asociación covalente (es decir, enlaces disulfuro) y no covalente. El número de enlaces disulfuro intermoleculares entre subunidades monoméricas de moléculas Fc nativas oscila de 1 a 4 dependiendo de la clase (p.ej., IgG, IgA e IgE) o subclase (p.ej., IgG1, IgG2, IgG3, IgA1 e IgA2). Un ejemplo de un Fc es un dímero unido a disulfuro que resulta de la digestión por papaína de una IgG. El término "Fc" como se usa en la presente memoria es genérico para las formas monomérica, dimérica y multimérica.

Un fragmento F(ab) incluye típicamente una cadena ligera y los dominios V_H y C_{H1} de una cadena pesada, en la que la parte de cadena pesada V_H - C_{H1} del fragmento F(ab) no puede formar un enlace disulfuro con otro polipéptido de cadena pesada. Como se usa en la presente memoria, un fragmento F(ab) puede incluir también una cadena ligera que contiene dos dominios variables separados por un conector de aminoácidos y una cadena pesada que contiene dos dominios variables separados por un conector de aminoácidos y un dominio C_{H1} .

Un fragmento F(ab') típicamente incluye una cadena ligera y una parte de una cadena pesada que contiene más de la región constante (entre los dominios C_{H1} y C_{H2}), de manera que puede formarse un enlace disulfuro intercadena entre dos cadenas pesadas para formar una molécula F(ab')₂.

El término "proteína de unión" como se usa en la presente memoria se refiere a una molécula que no se da de forma natural (o recombinante o diseñada) que se une específicamente a al menos un antígeno diana, y que comprende cuatro cadenas polipeptídicas que forman al menos tres sitios de unión al antígeno, en la que una primera cadena polipeptídica tiene una estructura representada por la fórmula:

35
$$V_{L2}-L_1-V_{L1}-L_2-C_L \quad [I]$$

y una segunda cadena polipeptídica tiene una estructura representada por la fórmula:

$$V_{H1}-L_3-V_{H2}-L_4-C_{H1} \quad [II]$$

y una tercera cadena polipeptídica tiene una estructura representada por la fórmula:

$$V_{H3}-C_{H1} \quad [III]$$

40 y una cuarta cadena polipeptídica tiene una estructura representada por la fórmula:

$$V_{L3}-C_L \quad [IV]$$

en la que:

V_{L1} es un primer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{L2} es un segundo dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

45 V_{L3} es un tercer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{H1} es un primer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

V_{H2} es un segundo dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

V_{H3} es un tercer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

C_L es un dominio constante de la cadena ligera de inmunoglobulina;

50 C_{H1} es el dominio constante de la cadena pesada C_{H1} de inmunoglobulina; y

L₁, L₂, L₃ y L₄ son conectores de aminoácidos;

y en la que el polipéptido de fórmula I y el polipéptido de fórmula II forman un par de cadena ligera-cadena pesada cruzado.

Una molécula "recombinante" es una que se ha preparado, expresado, creado o aislado por medios recombinantes.

- 5 Una realización de la descripción proporciona proteínas de unión que tienen especificidad biológica e inmunológica a entre uno y tres antígenos diana. Otra realización de la descripción proporciona moléculas de ácido nucleico que comprenden secuencias de nucleótidos que codifican cadenas polipeptídicas que forman dichas proteínas de unión. Otra realización de la descripción proporciona vectores de expresión que comprenden moléculas de ácido nucleico que comprenden secuencias de nucleótidos que codifican cadenas polipeptídicas que forman dichas proteínas de unión. Otra realización más de la descripción proporciona células huésped que expresan dichas proteínas de unión (es decir, que comprenden moléculas de ácido nucleico o vectores que codifican cadenas polipeptídicas que forman dichas proteínas de unión).

El término "capacidad de cambio" como se usa en la presente memoria se refiere a la capacidad de intercambio de dominios variables en el formato de proteína de unión y con retención del plegado y afinidad de unión última. "Capacidad de cambio total" se refiere a la capacidad de cambiar el orden de los dominios tanto V_{H1} como V_{H2}, y por lo tanto el orden de los dominios V_{L1} y V_{L2}, en la cadena polipeptídica de fórmula I o la cadena polipeptídica de fórmula II (es decir, invertir el orden) mientras se mantiene toda la funcionalidad de la proteína de unión como se evidencia por la retención de la afinidad de unión. Además, debería notarse que las designaciones V_H y V_L se refieren solo a la posición del dominio en una cadena proteica particular en el formato final. Por ejemplo, V_{H1} y V_{H2} podrían derivarse de los dominios V_{L1} y V_{L2} en los anticuerpos parentales y situarse en las posiciones V_{H1} y V_{H2} en la proteína de unión. Asimismo, V_{L1} y V_{L2} podrían derivarse de los dominios V_{H1} y V_{H2} en los anticuerpos parentales y situarse en las posiciones V_{H1} y V_{H2} en la proteína de unión. Por consiguiente, las designaciones V_H y V_L se refieren a la actual posición y no a la posición original en un anticuerpo parental. Los dominios V_H y V_L son, por tanto, "cambiables".

El término "antígeno" o "antígeno diana" o "diana de antígeno" como se usan en la presente memoria se refiere a una molécula o una parte de una molécula que es capaz de unirse mediante una proteína de unión, y además es capaz de usarse en un animal para producir anticuerpos capaces de unirse a un epítipo de ese antígeno. Un antígeno diana puede tener uno o más epítipos. Con respecto a cada antígeno diana reconocido por una proteína de unión, la proteína de unión es capaz de competir con un anticuerpo intacto que reconoce el antígeno diana.

El término "VIH" como se usa en la presente memoria significa virus de inmunodeficiencia humana. Como se usa en la presente memoria, el término "infección por VIH" generalmente incluye la infección de un huésped, particularmente un huésped humano, por la familia de retrovirus del virus de inmunodeficiencia humana (VIH) que incluyen, aunque no están limitados a, VIH I, VIH II, VIH III (también conocidos como HTLV-II, LAV-1, LAV-2). VIH puede usarse en la presente memoria para referirse a cualquier cepa, forma, subtipo, clado y variación en la familia de VIH. Por consiguiente, tratar la infección por VIH incluirá el tratamiento de una persona que es un portador de cualquiera de la familia de retrovirus de VIH o una persona que está diagnosticada con SIDA activo, además del tratamiento o profilaxis de las condiciones relacionadas con el SIDA en dichas personas.

El término "SIDA" como se usa en la presente memoria significa síndrome de inmunodeficiencia adquirida. El SIDA está provocado por el VIH.

El término "CD4bs" o "sitio de unión a CD4" se refiere al sitio de unión para CD4 (clúster de diferenciación 4), que es una glicoproteína encontrada en la superficie de células inmunes tales como células T auxiliares, monocitos, macrófagos y células dendríticas.

El término "CD3" es el polipéptido del clúster del factor de diferenciación 3 y es una proteína de superficie de las células T que es típicamente parte del complejo receptor de las células T (TCR).

"CD28" es el polipéptido del clúster de diferenciación 28 y es una proteína de superficie de las células T que proporciona señales co-estimuladoras para la activación y supervivencia de las células T.

El término "glicoproteína 160" o "proteína gp160" se refiere al complejo de glicoproteínas de envoltura del VIH y que es un homotrímero que se escinde en las subunidades gp120 y gp41.

El término "MPER" se refiere a la región externa proximal a la membrana de la glicoproteína 41 (gp41), que es una subunidad del complejo de proteína de envoltura de los retrovirus, incluyendo VIH.

El término "glicano" se refiere a la parte de carbohidrato de un glicoconjugado, como una glicoproteína, glicolípido o un proteoglicano. En las proteínas de unión descritas, glicano se refiere a la glicoproteína de envoltura del VIH-1 gp120.

El término "acoplador de células T" se refiere a proteínas de unión dirigidas al sistema inmune de un huésped, más específicamente la actividad citotóxica de las células T además de dirigidas a una proteína diana de VIH.

El término "trímero de la punta" se refiere a la punta de la glicoproteína de envoltura de VIH-1 gp120.

El término “proteína de unión monoespecífica” se refiere a una proteína de unión que se une específicamente a una diana de antígeno.

El término “proteína de unión monovalente” se refiere a una proteína de unión que tiene un sitio de unión al antígeno.

5 El término “proteína de unión biespecífica” se refiere a una proteína de unión que se une específicamente a dos dianas de antígeno diferentes.

El término “proteína de unión bivalente” se refiere a una proteína de unión que tiene dos sitios de unión.

El término “proteína de unión trispecífica” se refiere a una proteína de unión que se une específicamente a tres dianas de antígeno diferentes.

10 El término “proteína de unión trivalente” se refiere a una proteína de unión que tiene tres sitios de unión. En realizaciones particulares la proteína de unión trivalente puede unirse a una diana de antígeno. En otras realizaciones, la proteína de unión trivalente puede unirse a dos dianas de antígeno. En otras realizaciones, la proteína de unión trivalente puede unirse a tres dianas de antígeno.

15 Una proteína de unión “aislada” es una que se ha identificado y separado y/o recuperado de un componente de su medio natural. Los componentes contaminantes de su medio natural son materiales que interferirían con los usos diagnósticos o terapéuticos para la proteína de unión, y pueden incluir enzimas, hormonas y otros solutos proteínicos o no proteínicos. En algunas realizaciones, la proteína de unión se purificará: (1) a más del 95% en peso del anticuerpo como se determina por el método de Lowry, y lo más preferiblemente más del 99% en peso, (2) a un grado suficiente para obtener al menos 15 residuos de la secuencia de aminoácidos N-terminal o interna mediante el uso de un secuenciador de taza giratoria, o (3) hasta homogeneidad mediante SDS-PAGE en condiciones reductoras o no reductoras usando azul de Coomassie o, preferiblemente, tinción de plata. Las proteínas de unión aisladas incluyen la proteína de unión *in situ* en células recombinantes ya que al menos un componente del medio natural de la proteína de unión no estará presente.

20 Los términos “sustancialmente puro” o “sustancialmente purificado” como se usan en la presente memoria se refieren a un compuesto o especie que es la especie predominante presente (es decir, en una base molar es más abundante que cualquier otra especie individual en la composición). En algunas realizaciones, una fracción sustancialmente purificada es una composición en la que la especie comprende al menos aproximadamente 50% (en una base molar) de todas las especies macromoleculares presentes. En otras realizaciones, una composición sustancialmente pura comprenderá más de aproximadamente 80%, 85%, 90%, 95% o 99% de todas las especies macromoleculares presentes en la composición. En otras realizaciones más, la especie se purifica hasta homogeneidad esencial (las especies contaminantes no pueden detectarse en la composición mediante métodos de detección convencionales) en la que la composición consiste esencialmente en una única especie macromolecular.

25 Una proteína de unión “de neutralización” como se usa en la presente memoria se refiere a una molécula que es capaz de bloquear o reducir sustancialmente una función efectora de un antígeno diana al que se une. Como se usa en la presente memoria, “reducir sustancialmente” significa al menos aproximadamente el 60%, preferiblemente al menos aproximadamente el 70%, más preferiblemente al menos aproximadamente el 75%, incluso más preferiblemente al menos aproximadamente el 80%, aún más preferiblemente al menos aproximadamente el 85%, lo más preferiblemente al menos aproximadamente el 90% de reducción de una función efectora del antígeno diana.

30 El término “epítipo” incluye cualquier determinante, preferiblemente un determinante polipeptídico, capaz de unirse específicamente a una inmunoglobulina o receptor de células T. En ciertas realizaciones, los determinantes de epítipo incluyen agrupaciones de superficie químicamente activas de moléculas como aminoácidos, cadenas laterales de azúcares, grupos fosforilo, o grupos sulfonilo, y, en ciertas realizaciones, pueden tener características estructurales tridimensionales específicas y/o características de carga específicas. Un epítipo es una región de un antígeno que está unido por un anticuerpo o proteína de unión. En ciertas realizaciones, una proteína de unión se dice que se une específicamente a un antígeno cuando reconoce preferentemente su antígeno diana en una mezcla compleja de proteínas y/o macromoléculas. En algunas realizaciones, una proteína de unión se dice que se une específicamente a un antígeno cuando la constante de disociación de equilibrio es $\leq 10^{-8}$ M, más preferiblemente cuando la constante de disociación de equilibrio es $\leq 10^{-9}$ M, y lo más preferiblemente cuando la constante de disociación es $\leq 10^{-10}$ M.

35 La constante de disociación (K_D) de una proteína de unión puede determinarse, por ejemplo, por resonancia de plasmón superficial. Generalmente, el análisis de la resonancia de plasmón superficial mide las interacciones de unión en tiempo real entre el ligando (un antígeno diana en una matriz biosensora) y el analito (una proteína de unión en disolución) mediante resonancia de plasmón superficial (SPR) usando el sistema BIAcore (Pharmacia Biosensor, Piscataway, NJ). El análisis de plasmón superficial puede realizarse también inmovilizando el analito (proteína de unión en una matriz biosensora) y presentando el ligando (antígeno diana). El término “ K_D ”, como se usa en la presente memoria se refiere a la constante de disociación de la interacción entre una proteína de unión particular y un antígeno diana.

40 El término “une específicamente” como se usa en la presente memoria se refiere a la capacidad de una proteína de unión o un fragmento de unión a antígeno de la misma para unirse a un antígeno que contiene un epítipo con una K_D

de al menos aproximadamente 1×10^{-6} M, 1×10^{-7} M, 1×10^{-8} M, 1×10^{-9} M, 1×10^{-10} M, 1×10^{-11} M, 1×10^{-12} M, o más, y/o para unirse a un epítipo con una afinidad que es al menos dos veces mayor que su afinidad por un antígeno no específico.

5 El término "conector" como se usa en la presente memoria se refiere a uno o más residuos de aminoácido insertados entre los dominios de inmunoglobulina para proporcionar suficiente movilidad para que los dominios de las cadenas ligera y pesada se plieguen en inmunoglobulinas de región variable dual cruzada. Un conector se inserta en la transición entre dominios variables o entre dominios variables y constantes, respectivamente, al nivel de secuencia. La transición entre dominios puede identificarse porque el tamaño aproximado de los dominios de la inmunoglobulina se entiende bien. La posición precisa de una transición de dominio puede determinarse localizando tramos peptídicos
10 que no forman elementos estructurales secundarios tales como beta-láminas o alfa-hélices como se demuestra por datos experimentales o como puede asumirse por técnicas de modelado o predicción de estructura secundaria. Los conectores descritos en la presente memoria se denominan como L₁, que está situado en la cadena ligera entre el extremo C del V_{L2} y el extremo N del dominio V_{L1}; y L₂, que está situado en la cadena ligera entre el extremo C del V_{L1} y el extremo N del dominio C_L. Los conectores de la cadena pesada se conocen como L₃, que está situado entre el extremo C del V_{H1} y el extremo N del dominio V_{H2}; y L₄, que está situado entre el extremo C del V_{H2} y el extremo N del dominio C_{H1}.

El término "vector" como se usa en la presente memoria se refiere a cualquier molécula (p.ej., ácido nucleico, plásmido o virus) que se usa para transferir información de codificación a una célula huésped. El término "vector" incluye una molécula de ácido nucleico que es capaz de transportar otro ácido nucleico al que se ha unido. Un tipo de vector es un "plásmido", que se refiere a una molécula de ADN bicatenaria circular en que se pueden insertar segmentos adicionales de ADN. Otro tipo de vector es un vector viral, en el que los segmentos adicionales de ADN pueden insertarse en el genoma viral. Ciertos vectores son capaces de replicación autónoma en una célula huésped en la que se introducen (p.ej., vectores bacterianos que tienen un origen bacteriano de replicación y vectores episomales de mamíferos). Otros vectores (p.ej., vectores no episomales de mamíferos) pueden integrarse en el genoma de una célula huésped tras la introducción en la célula huésped y replicarse así junto con el genoma huésped. Además, ciertos vectores son capaces de dirigir la expresión de genes a los que se unen de forma operativa. Dichos vectores se denominan en la presente memoria como "vectores de expresión recombinantes" (o simplemente, "vectores de expresión"). En general, los vectores de expresión de utilidad en técnicas de ADN recombinante están a menudo en forma de plásmidos. Los términos "plásmido" y "vector" pueden usarse de forma intercambiable en la presente memoria, ya que un plásmido es la forma más normalmente usada de vector. Sin embargo, la descripción pretende incluir otras formas de vectores de expresión, tales como vectores virales (p.ej., retrovirus de replicación defectuoso, adenovirus y virus adeno-asociados), que cumplen funciones equivalentes.

La frase "célula huésped recombinante" (o "célula huésped") como se usa en la presente memoria se refiere a una célula en la que se ha introducido un vector de expresión recombinante. Una célula huésped recombinante o célula huésped sirve para referirse no solo a la célula objeto particular, sino también a la progenie de dicha célula. Como ciertas modificaciones pueden darse en las siguientes generaciones debido a una mutación o influencias ambientales, dicha progenie puede, de hecho, no ser idéntica a la célula parental, pero dichas células todavía están incluidas en el alcance del término "célula huésped" como se usa en la presente memoria. Una amplia variedad de sistemas de expresión de células huésped puede usarse para expresar las proteínas de unión, que incluyen sistemas de expresión bacterianos, de levadura, baculoviral y de mamíferos (además de sistemas de expresión de presentación de fagos). Un ejemplo de un vector de expresión bacteriana adecuado es pUC19. Para expresar una proteína de unión de forma recombinante, una célula huésped se transforma o transfecta con uno o más vectores de expresión recombinantes que portan fragmentos de ADN que codifican las cadenas polipeptídicas de la proteína de unión de manera que las cadenas polipeptídicas se expresan en la célula huésped y, preferiblemente, se secretan en el medio en que se cultivan las células huésped, a partir de cuyo medio puede recuperarse la proteína de unión.

El término "transformación" como se usa en la presente memoria se refiere a un cambio en las características genéticas de una célula, y una célula se ha transformado cuando se ha modificado para contener un nuevo ADN. Por ejemplo, una célula se transforma donde se modifica genéticamente a partir de su estado nativo. Después de la transformación, el ADN de transformación puede recombinarse con el de la célula integrándose físicamente en un cromosoma de la célula, o puede mantenerse temporalmente como un elemento episomal sin replicarse, o puede replicarse independientemente como un plásmido. Se considera que una célula se ha transformado establemente cuando el ADN se replica con la división de la célula. El término "transfección" como se usa en la presente memoria se refiere a la captación de ADN extraño o exógeno por una célula, y una célula se ha "transfectado" cuando el ADN exógeno se ha introducido dentro de la membrana celular. Un número de técnicas de transfección se conocen bien en la técnica. Dichas técnicas pueden usarse para introducir una o más moléculas de ADN exógeno en células huésped adecuadas.

El término "que se da de forma natural" como se usa en la presente memoria y se aplica a un objeto se refiere al hecho de que el objeto puede encontrarse en la naturaleza y no se ha manipulado por el hombre. Por ejemplo, un polinucleótido o polipéptido que está presente en un organismo (incluyendo virus) que puede aislarse de una fuente en la naturaleza y que no se ha modificado intencionadamente por el hombre se da de forma natural. De forma similar, "que no se da de forma natural" como se usa en la presente memoria se refiere a un objeto que no se encuentra en la naturaleza o que se ha modificado estructuralmente o sintetizado por el hombre.

- Como se usa en la presente memoria, los veinte aminoácidos convencionales y sus abreviaturas siguen el uso convencional. Los estereoisómeros (p.ej., D-aminoácidos) de los veinte aminoácidos convencionales; aminoácidos no naturales y análogos tales como aminoácidos α,α -disustituidos, N-alquilaminoácidos, ácido láctico, y otros aminoácidos no convencionales pueden también ser componentes adecuados para las cadenas polipeptídicas de las proteínas de unión. Ejemplos de aminoácidos no convencionales incluyen: 4-hidroxi prolina, γ -carboxiglutamato, ϵ -N,N,N-trimetil-lisina, ϵ -N-acetil-lisina, O-fosfo serina, N-acetilserina, N-formilmetionina, 3-metilhistidina, 5-hidroxisilina, σ -N-metilarginina, y otros aminoácidos e iminoácidos similares (p.ej., 4-hidroxi prolina). En la notación polipeptídica usada en la presente memoria, la dirección izquierda es la dirección amino terminal y la dirección derecha es la dirección carboxilo terminal, de acuerdo con el uso estándar y la convención.
- 5
- 10 Los residuos que se dan de forma natural pueden dividirse en clases en base a las propiedades de la cadena lateral común:
- (1) hidrófobo: Met, Ala, Val, Leu, Ile, Phe, Trp, Tyr, Pro;
 - (2) hidrófilo polar: Arg, Asn, Asp, Gln, Glu, His, Lys, Ser, Thr;
 - (3) alifático: Ala, Gly, Ile, Leu, Val, Pro;
 - 15 (4) hidrófobo alifático: Ala, Ile, Leu, Val, Pro;
 - (5) hidrófilo neutro: Cys, Ser, Thr, Asn, Gln;
 - (6) ácido: Asp, Glu;
 - (7) básico: His, Lys, Arg;
 - (8) residuos que influyen en la orientación de la cadena: Gly, Pro;
 - 20 (9) aromático: His, Trp, Tyr, Phe; y
 - (10) hidrófobo aromático: Phe, Trp, Tyr.

Las sustituciones de aminoácidos conservativas pueden implicar el intercambio de un miembro de una de estas clases con otro miembro de la misma clase. Las sustituciones no conservativas pueden implicar el intercambio de un miembro de una de estas clases por un miembro de otra clase.

- 25 Un experto será capaz de determinar variantes adecuadas de las cadenas polipeptídicas de las proteínas de unión usando técnicas bien conocidas. Por ejemplo, un experto en la técnica puede identificar áreas adecuadas de una cadena polipeptídica que pueden cambiarse sin destruir la actividad dirigiéndose a regiones que no se cree que sean importantes para la actividad. Alternativamente, un experto en la técnica puede identificar residuos y partes de las moléculas que se conservan entre polipéptidos similares. Además, incluso áreas que pueden ser importantes para la actividad biológica o para la estructura pueden someterse a sustituciones de aminoácidos conservativas sin destruir la actividad biológica o sin afectar de forma adversa a la estructura polipeptídica.
- 30

El término "paciente" como se usa en la presente memoria incluye sujetos humanos y animales.

- Los términos "tratamiento" o "tratar" como se usan en la presente memoria se refieren tanto a tratamiento terapéutico como a medidas profilácticas o preventivas. Aquellos que necesitan tratamiento incluyen aquellos que tienen el trastorno además de los propensos a tener un trastorno o aquellos en que el trastorno se va a evitar. En realizaciones particulares, las proteínas de unión pueden usarse para tratar seres humanos infectados con VIH, o seres humanos susceptibles a la infección por VIH, o mejorar la infección por VIH en un sujeto humano infectado con VIH. Las proteínas de unión pueden usarse también para prevenir el VIH en un paciente humano.
- 35

- Debería entenderse que tratar seres humanos infectados con VIH incluye a aquellos sujetos que están en cualquiera de las diversas etapas de la progresión de la infección por VIH, que, por ejemplo, incluyen síndrome de infección primaria aguda (que puede ser asintomática o estar asociada con una enfermedad tipo gripe con fiebres, malestar general, diarrea y síntomas neurológicos tales como dolor de cabeza), infección asintomática (que es el largo periodo latente con una disminución gradual en el número de células T CD4⁺ circulantes), y SIDA (que se define por enfermedad que define el SIDA más sería y/o una disminución en el conteo de células CD4 circulantes a por debajo de un nivel que es compatible con la función inmune eficaz). Además, tratar o prevenir la infección por VIH incluirá también tratar la infección sospechada por VIH después de la exposición pasada sospechada a VIH mediante p.ej., contacto con sangre contaminada con VIH, transfusión de sangre, intercambio de fluidos corporales, sexo "no seguro" con una persona infectada, pinchazo con aguja accidental, recibir un tatuaje o acupuntura con instrumentos contaminados, o transmisión del virus de una madre a un niño durante el embarazo, parto o poco después.
- 40
- 45

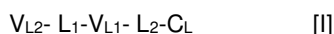
- Los términos "composición farmacéutica" o "composición terapéutica" como se usa en la presente memoria se refieren a un compuesto o composición capaz de inducir un efecto terapéutico deseado cuando se administra apropiadamente a un paciente.
- 50

El término “vehículo farmacéuticamente aceptable” o “vehículo fisiológicamente aceptable” como se usa en la presente memoria se refiere a uno o más materiales de formulación adecuados para conseguir o mejorar la distribución de una proteína de unión.

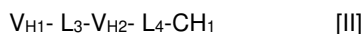
- 5 Los términos “cantidad eficaz” y “cantidad terapéuticamente eficaz” cuando se usan en referencia a una composición farmacéutica que comprende una o más proteínas de unión se refieren a una cantidad o dosis suficiente para producir un resultado terapéutico deseado. Más específicamente, una cantidad terapéuticamente eficaz es una cantidad de una proteína de unión suficiente para inhibir, durante algún periodo de tiempo, uno o más de los procesos patológicos definidos clínicamente asociados con la condición que se trata. La cantidad eficaz puede variar dependiendo de la proteína de unión específica que se usa, y también depende de una variedad de factores y condiciones relacionadas con el paciente que se trata y la gravedad del trastorno. Por ejemplo, si la proteína de unión se va a administrar *in vivo*, factores como la edad, peso, y salud del paciente además de las curvas de respuesta a la dosis y datos de toxicidad obtenidos en el trabajo animal preclínico estarían entre los factores considerados. La determinación de una cantidad eficaz o cantidad terapéuticamente eficaz de una composición farmacéutica dada está bien dentro de la capacidad de los expertos en la técnica.
- 10
- 15 Una realización de la descripción proporciona una composición farmacéutica que comprende un vehículo farmacéuticamente aceptable y una cantidad terapéuticamente eficaz de una proteína de unión.

Proteínas de unión trispecíficas y/o trivalentes

- En una realización, la proteína de unión de la descripción es una proteína de unión trispecífica y/o trivalente que comprende cuatro cadenas polipeptídicas que forman tres sitios de unión a antígeno que se unen específicamente a una o más (p.ej., tres diferentes) proteínas diana de VIH, en las que una primera cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:
- 20



y una segunda cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:



- 25 y una tercera cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:



y una cuarta cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:



en la que:

- 30 V_{L1} es un primer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{L2} es un segundo dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{L3} es un tercer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{H1} es un primer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

V_{H2} es un segundo dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

- 35 V_{H3} es un tercer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

C_L es un dominio constante de la cadena ligera de inmunoglobulina;

C_{H1} es un dominio constante de la cadena pesada C_{H1} de inmunoglobulina; y

L_1 , L_2 , L_3 y L_4 son conectores de aminoácido;

- 40 y en la que el polipéptido de fórmula I y el polipéptido de fórmula II forman un par de cadena ligera-cadena pesada cruzado, y en la que

- (a) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 266, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 267, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 268; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia
- 45

de SEQ ID NO: 256; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 248, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 497, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 250; o

5 (b) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 269, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 270, y una CDR-L3 que
10 comprende la secuencia de SEQ ID NO: 271; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 256; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 251, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 252, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 253; o

(c) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 269, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 270, y una CDR-L3 que
20 comprende la secuencia de SEQ ID NO: 271; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 256; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 251, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 252, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 253.

En una realización preferida, la proteína de unión de la presente invención comprende

(a) V_{L1} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L2} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L3} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 512; V_{H1} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; V_{H2} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; y V_{H3} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 502; o

(b) V_{L1} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L2} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L3} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 513; V_{H1} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; V_{H2} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; y V_{H3} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 503; o

(c) V_{L1} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L2} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L3} comprende un dominio variable de cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 513; V_{H1} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; V_{H2} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; y V_{H3} comprende un dominio variable de cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 503.

En una realización más preferida, la proteína de unión de la presente invención se caracteriza en que

(a) el dominio C_{H3} de la segunda cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en posiciones que corresponden a las posiciones 354 y 366 de IgG1 humana según el índice UE, en el que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W; y en la que el dominio C_{H3} de la tercera cadena polipeptídica comprende las sustituciones de aminoácidos en posiciones que corresponden a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V; o

(b) el dominio C_{H3} de la segunda cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en posiciones correspondientes a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V; y en la que el dominio C_{H3} de la tercera cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en posiciones correspondientes a posiciones 354 y 366 de IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W.

En una realización más preferida, los dominios C_{H3} de la segunda y la tercera cadenas polipeptídicas comprenden ambas sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a la posición 428 y 434 de IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son M428L y N434S.

5 En una realización más preferida, (a) al menos uno de L₁, L₂, L₃ o L₄ es independientemente 0 aminoácidos de longitud; o (b) L₁, L₂, L₃ o L₄ son cada uno independientemente de al menos un aminoácido de longitud.

En una realización más preferida, L₁, L₂, L₃ y/o L₄ comprende la secuencia Asp-Lys-Thr-His-Thr (SEQ ID NO: 525).

En otra realización, la presente descripción proporciona una proteína de unión que comprende una primera cadena polipeptídica, una segunda cadena polipeptídica, una tercera cadena polipeptídica y una cuarta cadena polipeptídica en la que:

10 (a) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 3 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 3; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO 2 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2;

20 (b) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 11 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 11; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 9 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 9; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10;

25 (c) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 19 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 19; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 17 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 17; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18.

35 En algunas realizaciones, la primera cadena polipeptídica y la segunda cadena polipeptídica tienen una orientación cruzada que forma dos sitios de unión a antígeno distintos. En algunas realizaciones, el V_{H1} y V_{L1} forman un par de unión y forman el primer sitio de unión a antígeno. En algunas realizaciones, el V_{H2} y V_{L2} forman un par de unión y forman el segundo sitio de unión a antígeno. En algunas realizaciones, el tercer polipéptido y el cuarto polipéptido forman un tercer sitio de unión al antígeno. En algunas realizaciones, el V_{H3} y V_{L3} forman un par de unión y forman el tercer sitio de unión a antígeno.

40 En realizaciones particulares, se cambia el orden de los dominios V_{H1} y V_{H2}, y por lo tanto el orden de los dominios V_{L1} y V_{L2}, en la cadena polipeptídica de fórmula I o la cadena polipeptídica de fórmula II (es decir, invertir del orden).

Proteínas diana

45 En una realización, las proteínas de unión se unen específicamente a una o más proteínas diana de VIH. En algunas realizaciones, las proteínas de unión son triespecíficas y se unen específicamente a MPER de la proteína gp41 de VIH-1, un sitio de unión a CD4 de la proteína gp120 de VIH-1, un glicano en el bucle V3 de la proteína gp120 de VIH-1, un trímero de la punta de la proteína gp120 de VIH-1 o gp160. En otras realizaciones, las proteínas de unión se unen específicamente a una o más proteínas diana de VIH y una o más proteínas diana en una célula T que incluye el complejo receptor de la célula T. Estas proteínas de unión al acoplador de la célula T son capaces de reclutar células T temporalmente para dirigirse a células y, al mismo tiempo, activar la actividad citolítica de las células T. Los anticuerpos triespecíficos del acoplador de la célula T pueden usarse para activar los reservorios de VIH-1 y redirigir/activar las células T para lisar las células T infectadas con VIH-1⁺ de forma latente. Ejemplos de proteínas diana en las células T incluyen aunque no están limitadas a CD3 y CD28, entre otras. En algunas realizaciones, las proteínas de unión triespecíficas pueden generarse combinando los dominios de unión al antígeno de dos o más anticuerpos monoespecíficos (anticuerpos parentales) en un anticuerpo. Véanse las Publicaciones Internacionales núms. WO 2011/038290 A2, WO 2013/086533 A1, WO 2013/070776 A1, WO 2012/154312 A1 y WO 2013/163427 A1. Las proteínas de unión de la descripción pueden prepararse usando dominios o secuencias obtenidas o derivadas de cualquier anticuerpo humano o no humano, incluyendo, por ejemplo, anticuerpos humanos, murinos o humanizados.

En algunas realizaciones de la descripción, la proteína de unión trivalente es capaz de unirse a tres dianas de antígeno diferentes. En una realización, la proteína de unión es trispecífica y un par de cadena ligera-cadena pesada es capaz de unirse a dos dianas de antígeno o epítomos diferentes y un par de cadena ligera-cadena pesada es capaz de unirse a una diana de antígeno o epítomo. En otra realización, la proteína de unión es capaz de unirse a tres dianas de antígeno de VIH diferentes que están situadas en la estructura de glicoproteína de la envoltura de VIH compuesta por las subunidades gp120 y gp41. En otras realizaciones, la proteína de unión es capaz de inhibir la función de una o más dianas de antígeno.

En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción se une a una o más proteínas diana de VIH. En algunas realizaciones, la proteína de unión es capaz de unirse específicamente a tres epítomos diferentes en una única proteína diana de VIH. En algunas realizaciones, la proteína de unión es capaz de unirse a dos epítomos diferentes en una primera proteína diana de VIH, y un epítomo en una segunda proteína diana de VIH. En algunas realizaciones, la primera y segunda proteínas diana de VIH son diferentes. En algunas realizaciones, la proteína de unión es capaz de unirse específicamente a tres proteínas diana de VIH diferentes. En algunas realizaciones, la una o más proteínas diana de VIH son una o más de glicoproteína 120, glicoproteína 41 y glicoproteína 160.

En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción se une a una o más proteínas diana de VIH y una o más proteínas diana de la célula T. En algunas realizaciones, la proteína de unión es capaz de unirse específicamente a una proteína diana de VIH y dos epítomos diferentes en una única proteína diana de la célula T. En algunas realizaciones, la proteína de unión es capaz de unirse específicamente a una proteína diana de VIH y dos diferentes proteínas diana de la célula T (p.ej., CD28 y CD3). En algunas realizaciones, la proteína de unión es capaz de unirse específicamente a una proteína diana de la célula T y dos epítomos diferentes en una única proteína diana de VIH. En algunas realizaciones, la proteína de unión es capaz de unirse específicamente a una proteína diana de célula T y dos proteínas diana de VIH diferentes. En algunas realizaciones, la primera y segunda cadenas polipeptídicas de la proteína de unión forman dos sitios de unión a antígeno que se dirigen específicamente a dos proteínas diana de la célula T, y la tercera y cuarta cadenas polipeptídicas de la proteína de unión forman un sitio de unión al antígeno que se une específicamente a una proteína diana de VIH. En algunas realizaciones, la una o más proteínas diana de VIH son una o más de glicoproteína 120, glicoproteína 41 y glicoproteína 160. En algunas realizaciones, la una o más proteínas diana de la célula T son una o más de CD3 y CD28.

Conectores

En algunas realizaciones, los conectores L₁, L₂, L₃ y L₄ oscilan de ningún aminoácido (longitud = 0) a aproximadamente 100 aminoácidos de largo, o menos de 100, 50, 40, 30, 20 o 15 aminoácidos o menos. Los conectores pueden tener también 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2 o 1 aminoácidos de longitud. L₁, L₂, L₃ y L₄ en una proteína de unión pueden tener todos la misma secuencia de aminoácidos o pueden tener todos diferentes secuencias de aminoácidos.

Ejemplos de conectores adecuados incluyen un único residuo de glicina (Gly); un péptido de diglicina (Gly-Gly); un tripéptido (Gly-Gly-Gly); un péptido con cuatro residuos de glicina (Gly-Gly-Gly-Gly; SEQ ID NO: 285); un péptido con cinco residuos de glicina (Gly-Gly-Gly-Gly-Gly; SEQ ID NO: 286); un péptido con seis residuos de glicina (Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly; SEQ ID NO: 287); un péptido con siete residuos de glicina (Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly; SEQ ID NO: 288); un péptido con ocho residuos de glicina (Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly-Gly; SEQ ID NO: 289). Otras combinaciones de residuos de aminoácido pueden usarse como el péptido Gly-Gly-Gly-Gly-Ser (SEQ ID NO: 290), el péptido Gly-Gly-Gly-Gly-Ser-Gly-Gly-Gly-Ser (SEQ ID NO: 291) y el péptido Gly-Gly-Gly-Gly-Ser-Gly-Gly-Gly-Ser (SEQ ID NO: 292). Otros conectores adecuados incluyen una única Ser, y residuo Val; el dipéptido Arg-Thr, Gln-Pro, Ser-Ser, Thr-Lys, y Ser-Leu; Thr-Lys-Gly-Pro-Ser (SEQ ID NO: 293); Thr-Val-Ala-Ala-Pro (SEQ ID NO: 294), Gln-Pro-Lys-Ala-Ala (SEQ ID NO: 295), Gln-Arg-Ile-Glu-Gly (SEQ ID NO: 296); Ala-Ser-Thr-Lys-Gly-Pro-Ser (SEQ ID NO: 297), Arg-Thr-Val-Ala-Pro-Ser (SEQ ID NO: 298), Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (SEQ ID NO: 299), e His-Ile-Asp-Ser-Pro-Asn-Lys (SEQ ID NO: 300). Los conectores que comprenden aminoácidos aleatoriamente seleccionados del grupo que consiste en valina, leucina, isoleucina, serina, treonina, lisina, arginina, histidina, aspartato, glutamato, asparagina, glutamina, glicina y prolina se ha mostrado que son adecuados en las proteínas de unión.

La identidad y secuencia de los residuos de aminoácido en el conector pueden variar dependiendo del tipo de elemento estructural secundario necesario para conseguir en el conector. Por ejemplo, glicina, serina y alanina son los mejores para conectores que tienen máxima flexibilidad. Algunas combinaciones de glicina, prolina, treonina y serina son útiles si es necesario un conector más rígido y extenso. Cualquier residuo de aminoácido puede considerarse como un conector en combinación con otros residuos de aminoácido para construir conectores peptídicos mayores según se necesiten dependiendo de las propiedades deseadas.

En algunas realizaciones, la longitud de L₁ es al menos dos veces la longitud de L₃. En algunas realizaciones, la longitud de L₂ es al menos dos veces la longitud de L₄. En algunas realizaciones, la longitud de L₁ es al menos dos veces la longitud de L₃, y la longitud de L₂ es al menos dos veces la longitud de L₄. En algunas realizaciones, L₁ es de 3 a 12 residuos de aminoácido de longitud, L₂ es de 3 a 14 residuos de aminoácido de longitud, L₃ es de 1 a 8 residuos de aminoácido de longitud y L₄ es de 1 a 3 residuos de aminoácido de longitud. En algunas realizaciones, L₁ es de 5 a 10 residuos de aminoácido de longitud, L₂ es de 5 a 8 residuos de aminoácido de longitud, L₃ es de 1 a 5 residuos de aminoácido de longitud y L₄ es de 1 a 2 residuos de aminoácido de longitud. En algunas realizaciones, L₁ es de 7

residuos de aminoácido de longitud, L₂ es de 5 residuos de aminoácido de longitud, L₃ es de 1 residuo de aminoácido de longitud y L₄ es de 2 residuos de aminoácido de longitud.

5 En algunas realizaciones, L₁, L₂, L₃ y/o L₄ comprenden la secuencia Asp-Lys-Thr-His-Thr (SEQ ID NO: 525). En algunas realizaciones, L₁ comprende la secuencia Asp-Lys-Thr-His-Thr (SEQ ID NO: 525). En algunas realizaciones, L₃ comprende la secuencia Asp-Lys-Thr-His-Thr (SEQ ID NO: 525).

10 En algunas realizaciones, L₁, L₂, L₃ y/o L₄ comprenden la secuencia Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (SEQ ID NO: 299). En algunas realizaciones, L₁ comprende la secuencia Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (SEQ ID NO: 299). En algunas realizaciones, L₁ comprende la secuencia Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (SEQ ID NO: 299), L₂ comprende la secuencia Thr-Lys-Gly-Pro-Ser-Arg (SEQ ID NO: 526), L₃ comprende la secuencia Ser, y L₄ comprende la secuencia Arg-Thr. En algunas realizaciones, L₃ comprende la secuencia Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (SEQ ID NO: 299). En algunas realizaciones, L₁ comprende la secuencia Ser, L₂ comprende la secuencia Arg-Thr, L₃ comprende la secuencia Gly-Gln-Pro-Lys-Ala-Ala-Pro (SEQ ID NO: 299) y L₄ comprende la secuencia Thr-Lys-Gly-Pro-Ser-Arg (SEQ ID NO: 526).

Regiones Fc y dominios constantes

15 En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción comprende una segunda cadena polipeptídica que comprende además una región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de la cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}. En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción comprende una tercera cadena polipeptídica que comprende además una región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}. En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción comprende una segunda cadena polipeptídica que comprende además una región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}, y una tercera cadena polipeptídica que comprende además una región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}.

20 Para mejorar los rendimientos de las proteínas de unión, en algunas realizaciones, los dominios C_{H3} pueden alterarse mediante la tecnología "botón en ojal" que se describe en detalle con varios ejemplos en, por ejemplo, la Publicación Internacional núm. WO 96/027011, Ridgway et al., 1996, Protein Eng. 9:617-21; y Merchant et al., 1998, Nat. Biotechnol. 16:677-81. Específicamente, las superficies de interacción de los dos dominios C_{H3} se alteran para aumentar la heterodimerización de ambas cadenas pesadas que contienen estos dos dominios C_{H3}. Cada uno de los dos dominios C_{H3} (de las dos cadenas pesadas) pueden ser el "botón", mientras que el otro es el "ojal". La introducción de un puente disulfuro estabiliza más los heterodímeros (Merchant et al., 1998; Atwell et al., 1997, J. Mol. Biol. 270: 26-35) y aumenta el rendimiento. En realizaciones particulares, el botón está en el segundo par de polipéptidos con un único dominio variable. En otras realizaciones, el botón está en el primer par de polipéptidos que tienen la orientación cruzada. En otras realizaciones más, los dominios C_{H3} no incluyen un botón en ojal.

35 En algunas realizaciones, la proteína de unión de la presente descripción comprende una mutación "botón" en la segunda cadena polipeptídica y una mutación "ojal" en la tercera cadena polipeptídica. En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción comprende una mutación "botón" en la tercera cadena polipeptídica y una mutación "ojal" en la segunda cadena polipeptídica. En algunas realizaciones, la mutación "botón" comprende sustituciones en las posiciones correspondientes a las posiciones 354 y 366 de la IgG1 humana según el índice UE.

40 En algunas realizaciones, las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W. En algunas realizaciones, la mutación "ojal" comprende sustituciones en las posiciones correspondientes a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de la IgG1 humana según el índice UE. En algunas realizaciones, las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V. En algunas realizaciones, la segunda cadena polipeptídica comprende además una primera región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la primera región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de la cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}, en la que la primera región Fc comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 354 y 366 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W; y en la que la tercera cadena polipeptídica comprende además una segunda región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo al segunda región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de la cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}, en la que la segunda región Fc comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V. En algunas realizaciones, la segunda cadena polipeptídica comprende además una primera región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la primera región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de la cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}, en la que la primera región Fc comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V; y en la que la tercera cadena polipeptídica comprende además una segunda región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la segunda región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de la cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}, en la que la segunda región Fc comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 354 y 366 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W.

En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción comprende una o más mutaciones para mejorar la vida media en suero (véase p.ej., Hinton, P.R. et al. (2006) J. Immunol. 176(1):346-56). En algunas realizaciones, la mutación comprende sustituciones en las posiciones correspondientes a las posiciones 428 y 434 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son M428L y N434S. En algunas realizaciones, la proteína de unión comprende una segunda cadena polipeptídica que comprende además una primera región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la primera región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de la cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}, y una tercera cadena polipeptídica que comprende además una segunda región Fc unida a C_{H1}, comprendiendo la segunda región Fc una región bisagra de inmunoglobulina y los dominios constantes de la cadena pesada de inmunoglobulina C_{H2} y C_{H3}, en la que la primera y segunda regiones Fc comprenden sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 428 y 434 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son M428L y N434S. En algunas realizaciones, una proteína de unión de la presente descripción comprende mutaciones de botón en ojal y una o más mutaciones para mejorar la vida media en suero.

En algunas realizaciones, C_{H1}, C_{H2}, C_{H3} y C_L de las proteína de unión trispecíficas descritas en la presente memoria pueden comprender cualquiera de las secuencias C_{H1}, C_{H2}, C_{H3} y C_L de las proteínas de unión 1-53.

Ácidos nucleicos

Las metodologías estándar de ADN recombinante se usan para construir los polinucleótidos que codifican los polipéptidos que forman las proteínas de unión, incorporar estos polinucleótidos en vectores de expresión recombinante, e introducir dichos vectores en células huésped. Véase p.ej., Sambrook et al., 2001, MOLECULAR CLONING: A LABORATORY MANUAL (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3^a Ed.). Las reacciones enzimáticas y las técnicas de purificación pueden llevarse a cabo según las especificaciones del fabricante, como normalmente se consiguen en la técnica, o como se describen en la presente memoria. A menos que se proporcionen definiciones específicas, la nomenclatura utilizada en conexión con, y los procedimientos de laboratorio y técnicas de, química analítica, química orgánica sintética, y química médica y farmacéutica descritas en la presente memoria son las bien conocidas y usadas normalmente en la técnica. De forma similar, pueden usarse técnicas convencionales para síntesis químicas, análisis químicos, preparación farmacéutica, formulación, distribución y tratamiento de pacientes.

Otros aspectos de la presente descripción se refieren a moléculas aisladas de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos que codifican cualquiera de las proteínas de unión descritas en la presente memoria. En algunas realizaciones, el ácido nucleico aislado se une de forma operable a un promotor heterólogo para la transcripción directa de la secuencia de ácido nucleico que codifica la proteína de unión. Un promotor puede referirse a secuencias de control del ácido nucleico que realizan la transcripción directa de un ácido nucleico. Una primera secuencia de ácido nucleico se une de forma operable a una segunda secuencia de ácido nucleico cuando la primera secuencia de ácido nucleico se sitúa en una relación funcional con la segunda secuencia de ácido nucleico. Por ejemplo, un promotor se une de forma operable a una secuencia de codificación de una proteína de unión si el promotor afecta a la transcripción o expresión de la secuencia de codificación. Ejemplos de promotores pueden incluir, aunque no están limitados a, promotores obtenidos de los genomas de virus (tales como virus de polio, virus de la viruela aviar, adenovirus (tal como Adenovirus 2), virus del papiloma bovino, virus del sarcoma aviar, citomegalovirus, un retrovirus, virus de la hepatitis B, virus del simio 40 (SV40), y similares), de promotores eucarióticos heterólogos (tal como el promotor de actina, un promotor de inmunoglobulina, de promotores de choque térmico, y similares), el promotor de CAG (Niwa et al., Gene 108(2): 193-9, 1991), el promotor de fosfoglicerato quinasa (PGK), un promotor inducible por tetraciclina (Masui et al., Nucleic Acids Res. 33:e43, 2005), el sistema lac, el sistema trp, el sistema tac, el sistema trc, regiones principales del operador y promotor del fago lambda, el promotor para 3-fosfoglicerato quinasa, los promotores de la fosfatasa ácida de levadura, y el promotor de los factores de apareamiento alfa de la levadura. Los polinucleótidos que codifican proteínas de unión de la presente descripción pueden estar bajo el control de un promotor constitutivo, un promotor inducible o cualquier otro promotor adecuado descrito en la presente memoria u otro promotor adecuado que se reconocerá fácilmente por un experto en la técnica.

En algunas realizaciones, el ácido nucleico aislado se incorpora en un vector. En algunas realizaciones, el vector es un vector de expresión. Los vectores de expresión pueden incluir una o más secuencias reguladoras unidas de forma operativa al polinucleótido a expresar. El término "secuencia reguladora" incluye promotores, potenciadores y otros elementos de control de la expresión (p.ej., señales de poliadenilación). Los ejemplos de potenciadores adecuados pueden incluir, aunque no están limitados a, secuencias potenciadoras de genes de mamíferos (tales como globina, elastasa, albúmina, α -fetoproteína, insulina y similares), y secuencias potenciadoras de un virus de célula eucariota (tal como potenciador de SV40 en el lado tardío del origen de replicación (pb 100-270), el potenciador del promotor temprano del citomegalovirus, el potenciador del polio en el lado tardío del origen de replicación, potenciadores del adenovirus, y similares). Ejemplos de vectores adecuados pueden incluir, por ejemplo, plásmidos, cósmidos, episomas, transposones y vectores virales (p.ej., vectores adenoviral, viral vacuna, viral de Sindbis, del sarampión, viral del herpes, lentiviral, retroviral, viral adeno-asociado, etc.). Los vectores de expresión pueden usarse para transfectar células huésped, tales como, por ejemplo, células bacterianas, células de levadura, células de insectos, y células de mamíferos. Los vectores de ADN viral y plásmido biológicamente funcionales capaces de expresión y replicación en un huésped se conocen en la técnica, y pueden usarse para transfectar cualquier célula de interés.

Otros aspectos de la presente descripción se refieren a un sistema vectorial que comprende uno o más vectores que codifican una primera, segunda, tercera y cuarta cadena polipeptídica de cualquiera de las proteínas de unión descritas en la presente memoria. En algunas realizaciones, el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera cadena polipeptídica de la proteína de unión, un segundo vector que codifica la segunda cadena polipeptídica de la proteína de unión, un tercer vector que codifica la tercera cadena polipeptídica de la proteína de unión, y un cuarto vector que codifica la cuarta cadena polipeptídica de la proteína de unión. En algunas realizaciones, el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera y segunda cadenas polipeptídicas de la proteína de unión, y un segundo vector que codifica la tercera y cuarta cadenas polipeptídicas de la proteína de unión. En algunas realizaciones, el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera y tercera cadenas polipeptídicas de la proteína de unión, y un segundo vector que codifica la segunda y cuarta cadenas polipeptídicas de la proteína de unión. En algunas realizaciones, el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera y cuarta cadenas polipeptídicas de la proteína de unión, y un segundo vector que codifica la segunda y tercera cadenas polipeptídicas de la proteína de unión. En algunas realizaciones, el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera, segunda, tercera y cuarta cadenas polipeptídicas de la proteína de unión. El uno o más vectores del sistema vectorial puede ser cualquiera de los vectores descritos en la presente memoria. En algunas realizaciones, el uno o más vectores son vectores de expresión.

Células huésped

Otros aspectos de la presente descripción se refieren a una célula huésped (p.ej., una célula huésped aislada) que comprende uno o más polinucleótidos, vectores y/o sistemas vectoriales aislados descritos en la presente memoria. En algunas realizaciones, una célula huésped aislada de la presente descripción se cultiva *in vitro*. En algunas realizaciones, la célula huésped es una célula bacteriana (p.ej., una célula *E. coli*). En algunas realizaciones, la célula huésped es una célula de levadura (p.ej., una célula de *S. cerevisiae*). En algunas realizaciones, la célula huésped es una célula de insecto. Ejemplos de células huésped de insecto pueden incluir, por ejemplo, células de *Drosophila* (p.ej., células S2), células de *Trichoplusia ni* (p.ej., células High Five™), y células de *Spodoptera frugiperda* (p.ej., células Sf21 o Sf9). En algunas realizaciones, la célula huésped es una célula de mamífero. Ejemplos de células huésped de mamífero incluyen, por ejemplo, células renales embrionarias humanas (p.ej., células 293 o 293 subclonadas para el crecimiento en cultivo en suspensión), células Expi293™, células CHO, células renales de hámster infantil (p.ej., BHK, ATCC CCL10), células de Sertoli de ratón (p.ej., células TM4), células renales de mono (p.ej., CV1 ATCC CCL 70), células renales de mono verde africano (p.ej., VERO-76, ATCC CRL-1587), células de carcinoma cervical humano (p.ej., HELA, ATCC CCL 2), células renales caninas (p.ej., MDCK, ATCC CCL 34), células hepáticas de rata búfalo (p.ej., BRL 3A, ATCC CRL 1442), células pulmonares humanas (p.ej., W138, ATCC CCL 75), células hepáticas humanas (p.ej., Hep G2, HB 8065), células de tumor mamario de ratón (p.ej., MMT 060562, ATCC CCL51), células TRI, células MRC 5, células FS4, una línea de hepatoma humano (p.ej., Hep G2), y células de mieloma (p.ej. células NS0 y Sp2/0).

Otros aspectos de la presente descripción se refieren a un método para producir cualquiera de las proteínas de unión descritas en la presente memoria. En algunas realizaciones, el método incluye a) cultivar una célula huésped (p.ej., cualquiera de las células huésped descritas en la presente memoria) que comprende un ácido nucleico, vector y/o sistema vectorial aislado (p.ej., cualquiera de los ácidos nucleicos, vectores y/o sistemas vectoriales aislados descritos en la presente memoria) en condiciones tales que la célula huésped exprese la proteína de unión; y b) aislar la proteína de unión de la célula huésped. Los métodos de cultivo de células huésped en condiciones para la expresión de una proteína se conocen bien por un experto en la técnica. Los métodos de aislamiento de proteínas desde las células huésped cultivadas se conocen bien por un experto en la técnica, que incluyen, por ejemplo, por cromatografía de afinidad (p.ej., cromatografía de afinidad en dos etapas que comprende la cromatografía de afinidad de la proteína A seguida por cromatografía de exclusión de tamaño).

Uso de las proteínas de unión

Las proteínas de unión pueden emplearse en cualquier método de ensayo conocido, tal como ensayos de unión competitiva, ensayos en sándwich directos e indirectos, y ensayos de inmunoprecipitación para la detección y cuantificación de uno o más antígenos diana. Las proteínas de unión se unirán al uno o más antígenos diana con una afinidad que es apropiada para el método de ensayo que se emplea.

Para aplicaciones diagnósticas, en ciertas realizaciones, las proteínas de unión pueden marcarse con un resto detectable. El resto detectable puede ser cualquiera que sea capaz de producir, o bien directamente o indirectamente, una señal detectable. Por ejemplo, el resto detectable puede ser un radioisótopo, tal como ³H, ¹⁴C, ³²P, ³⁵S, ¹²⁵I, ⁹⁹Tc, ¹¹¹In o ⁶⁷Ga; un compuesto fluorescente o quimioluminiscente, tal como isotiocianato de fluoresceína, rodamina o luciferina; o una enzima, tal como fosfatasa alcalina, β-galactosidasa o peroxidasa de rábano picante.

Las proteínas de unión también son útiles para la formación de imágenes *in vivo*. Una proteína de unión marcada con un resto detectable puede administrarse a un animal, p.ej., en la corriente sanguínea, y ensayarse la presencia y situación del anticuerpo marcado en el huésped. La proteína de unión puede marcarse con cualquier resto que sea detectable en un animal, por resonancia magnética nuclear, radiología u otro medio de detección conocido en la técnica.

La descripción también se refiere a un kit que comprende una proteína de unión y otros reactivos útiles para detectar los niveles de antígeno diana en muestras biológicas. Dichos reactivos pueden incluir una marca detectable, suero de bloqueo, muestras de control positivas y negativas, y reactivos de detección. En algunas realizaciones, el kit comprende una composición que comprende cualquier proteína de unión, polinucleótido, vector, sistema vectorial, y/o célula huésped descrita en la presente memoria. En algunas realizaciones, el kit comprende un recipiente y una etiqueta o folleto en o asociado con el recipiente. Recipientes adecuados incluyen, por ejemplo, botellas, viales, jeringas, bolsas de solución IV, etc. Los recipientes pueden estar formados por una variedad de materiales tales como vidrio o plástico. El recipiente contiene una composición que es por sí misma o combinada con otra composición eficaz para tratar, prevenir y/o diagnosticar una condición (p.ej., infección por VIH) y puede tener un puerto de acceso estéril (por ejemplo el recipiente puede ser una bolsa de solución intravenosa o un vial que tenga un tapón perforable por una aguja de inyección hipodérmica). En algunas realizaciones, la etiqueta o folleto indica que la composición se usa para prevenir, diagnosticar y/o tratar la condición de elección. Alternativamente, o adicionalmente, el artículo de fabricación o kit puede comprender además un segundo (o tercer) recipiente que comprende un tampón farmacéuticamente aceptable, tal como agua bacteriostática para la inyección (BWFI), solución salina tamponada con fosfato, solución de Ringer y solución de dextrosa. Puede incluir además otros materiales deseables desde un punto de vista comercial y utilitario, que incluyen otros tampones, diluyentes, filtros, agujas y jeringas.

Las composiciones terapéuticas o farmacéuticas que comprenden proteínas de unión están dentro del alcance de la descripción. Dichas composiciones terapéuticas o farmacéuticas pueden comprender una cantidad terapéuticamente eficaz de una proteína de unión, o conjugado de proteína de unión-fármaco, mezclado con un agente de formulación farmacéuticamente o fisiológicamente aceptable seleccionado para que sea adecuado con el modo de administración.

Los materiales de formulación aceptables son no tóxicos para los recipientes a las dosis y concentraciones empleadas.

La composición farmacéutica puede contener materiales de formulación para modificar, mantener o conservar, por ejemplo, el pH, osmolaridad, viscosidad, claridad, color, isotonicidad, olor, esterilidad, estabilidad, velocidad de disolución o liberación, adsorción o penetración de la composición. Los materiales de formulación adecuados incluyen, aunque no están limitados a, aminoácidos (tales como glicina, glutamina, asparagina, arginina o lisina), agentes antimicrobianos, antioxidantes (tales como ácido ascórbico, sulfito sódico, o sulfito de hidrógeno y sodio), tampones (tales como borato, bicarbonato, Tris-HCl, citratos, fosfatos u otros ácidos orgánicos), agentes espesantes (tales como manitol o glicina), agentes quelantes (tal como ácido etilendiaminetetraacético (EDTA)), agentes complejantes (tales como cafeína, polivinilpirrolidona, beta-ciclodextrina o hidroxipropil-beta-ciclodextrina), cargas, monosacáridos, disacáridos y otros carbohidratos (tales como glucosa, manosa o dextrinas), proteínas (tales como albúmina sérica, gelatina o inmunoglobulinas), agentes colorantes, aromatizantes y diluyentes, agentes emulgentes, polímeros hidrófilos (tal como polivinilpirrolidona), polipéptidos de bajo peso molecular, contraiones formadores de sales (tal como sodio), conservantes (tales como cloruro de benzalconio, ácido benzoico, ácido salicílico, timerosal, alcohol de fenitilo, metilparabeno, propilparabeno, clorhexidina, ácido sórbico o peróxido de hidrógeno), disolventes (tales como glicerina, propilenglicol o polietilenglicol), alcoholes de azúcar (tales como manitol o sorbitol), agentes de suspensión, tensioactivos o agentes humectantes (tales como plurónicos; PEG; ésteres de sorbitán; polisorbatos tales como polisorbato 20 o polisorbato 80; tritón; trometamina; lecitina; colesteroil o tiloxapal), agentes potenciadores de la estabilidad (tales como sacarosa o sorbitol), agentes potenciadores de la tonicidad (tales como haluros de metal alcalino – p.ej., cloruro de sodio o potasio – o manitol sorbitol), vehículos de distribución, diluyentes, excipientes y/o adyuvantes farmacéuticos (véase, p.ej., REMINGTON'S PHARMACEUTICAL SCIENCES (18^a Ed., A.R. Gennaro, ed., Mack Publishing Company 1990), y ediciones posteriores del mismo.

La composición farmacéutica óptima se determinará por un experto dependiendo, por ejemplo, de la ruta prevista de administración, formato de distribución y dosis deseada. Dichas composiciones pueden influir en el estado físico, estabilidad, velocidad de liberación *in vivo*, y velocidad de aclaramiento *in vivo* de la proteína de unión.

El vehículo o transporte principal en una composición farmacéutica puede ser de naturaleza acuosa o no acuosa. Por ejemplo, un vehículo o transporte adecuado para la inyección puede ser agua, solución salina fisiológica, o fluido cerebroespinal artificial, posiblemente suplementado con otros materiales comunes en composiciones para administración parenteral. La solución salina tamponada neutra o solución salina mezclada con albúmina sérica son vehículos ejemplares adicionales. Otras composiciones farmacéuticas ejemplares comprenden tampón Tris de aproximadamente pH 7,0-8,5, o tampón acetato de aproximadamente pH 4,0-5,5, que puede incluir además sorbitol o un sustituto adecuado. En una realización de la descripción, las composiciones de proteína de unión pueden prepararse para el almacenaje mezclando la composición seleccionada que tiene el grado deseado de pureza con agentes de formulación opcionales en forma de una torta liofilizada o una solución acuosa. Además, la proteína de unión puede formularse como un liofilizado usando excipientes apropiados tales como sacarosa.

Las composiciones farmacéuticas de la descripción pueden seleccionarse para distribución parenteral o subcutánea. De forma alternativa, las composiciones pueden seleccionarse para inhalación o para distribución a través del tracto digestivo, tal como oralmente. La preparación de dichas composiciones farmacéuticamente aceptables está dentro de las competencias de la técnica.

Los componentes de la formulación están presentes en concentraciones que son aceptables para el sitio de administración. Por ejemplo, los tampones se usan para mantener la composición a pH fisiológico o a un pH ligeramente menor, típicamente en un intervalo de pH de aproximadamente 5 a aproximadamente 8.

5 Cuando se contempla la administración parenteral, las composiciones terapéuticas para el uso pueden estar en forma de una disolución acuosa, parenteralmente aceptable, libre de pirógenos, que comprende la proteína de unión deseada en un vehículo farmacéuticamente aceptable. Un vehículo particularmente adecuado para la inyección parenteral es agua destilada estéril en que una proteína de unión se formula como una solución isotónica, estéril, conservada apropiadamente. Aún otra preparación puede implicar la formulación de la molécula deseada con un agente, tal como
10 microsferas inyectables, partículas bio-erosionables, compuestos poliméricos (tales como ácido poliláctico o ácido poliglicólico), perlas, o liposomas, que proporciona la liberación controlada o prolongada del producto que puede distribuirse después por medio de una inyección de depósito. También puede usarse ácido hialurónico, y esto puede tener el efecto de promover la duración prolongada en la circulación. Otros medios adecuados para la introducción de la molécula deseada incluyen dispositivos de distribución de fármacos implantables.

15 En una realización, una composición farmacéutica puede formularse para inhalación. Por ejemplo, una proteína de unión puede formularse como un polvo seco para la inhalación. Las soluciones de inhalación de proteína de unión pueden formularse además con un propelente para la distribución en aerosol. En otra realización más, las soluciones pueden nebulizarse.

20 También se contempla que ciertas formulaciones pueden administrarse oralmente. En una realización de la descripción, las proteínas de unión que se administran de esta forma pueden formularse con o sin los transportes usados habitualmente en la composición de formas de dosificación sólidas como comprimidos y cápsulas. Por ejemplo, una cápsula puede diseñarse para liberar la parte activa de la formulación en el punto del tracto gastrointestinal donde la biodisponibilidad se maximiza y la degradación pre-sistémica se minimiza. Pueden incluirse agentes adicionales para facilitar la absorción de la proteína de unión. También pueden emplearse diluyentes, aromatizantes, ceras de bajo punto de fusión, aceites vegetales, lubricantes, agentes de suspensión, agentes disgregantes del comprimido y
25 aglutinantes.

Otra composición farmacéutica puede implicar una cantidad eficaz de proteínas de unión en una mezcla con excipientes no tóxicos que son adecuados para la fabricación de comprimidos. Disolviendo los comprimidos en agua estéril, u otro vehículo apropiado, pueden prepararse disoluciones en forma de dosis unitaria. Excipientes adecuados incluyen, aunque no están limitados a, diluyentes inertes, tales como carbonato de calcio, carbonato sódico o bicarbonato, lactosa, o fosfato de calcio; o agentes aglutinantes, tales como almidón, gelatina o goma arábiga; o
30 agentes lubricantes tales como estearato de magnesio, ácido esteárico o talco.

35 Composiciones farmacéuticas adicionales de la descripción serán evidentes para los expertos en la técnica, incluyendo formulaciones que implican proteínas de unión en formulaciones de distribución prolongada o controlada. Técnicas para formular una variedad de otros medios de distribución prolongada o controlada, tales como transportes de liposoma, micropartículas bio-erosionables o perlas porosas e inyecciones de depósito, también se conocen por los expertos en la técnica. Ejemplos adicionales de preparados de liberación prolongada incluyen matrices poliméricas semipermeables en forma de artículos conformados, p.ej., películas o microcápsulas. Las matrices de liberación prolongada pueden incluir poliésteres, hidrogeles, polilactidas, copolímeros de ácido L-glutámico y gamma etil-L-glutamato, poli(2-hidroxietil-metacrilato), acetato de etilvinilo, o ácido poli-D(-)-3-hidroxitúterico. Las composiciones de liberación prolongada pueden incluir además liposomas, que pueden prepararse mediante cualquiera de los
40 diversos métodos conocidos en la técnica.

45 Las composiciones farmacéuticas a usar para la administración *in vivo* típicamente deben ser estériles. Esto puede conseguirse mediante filtración a través de membranas de filtración estériles. Cuando la composición se liofiliza, la esterilización usando este método puede realizarse antes o después de la liofilización y reconstitución. La composición para la administración parenteral puede almacenarse en forma liofilizada o en una disolución. Además, las composiciones parenterales generalmente se colocan en un recipiente que tiene un puerto de acceso estéril, por ejemplo, una bolsa de solución intravenosa o un vial que tiene un tapón perforable por una aguja de inyección hipodérmica.

50 Una vez que la composición farmacéutica se ha formulado, puede almacenarse en viales estériles como una disolución, suspensión, gel, emulsión, sólido, o como un polvo deshidratado o liofilizado. Dichas formulaciones pueden almacenarse o en una forma lista para usar o en una forma (p.ej., liofilizada) que necesita reconstitución antes de la administración.

55 La descripción también incluye kits para producir una unidad de administración de dosis única. Los kits pueden contener cada uno tanto un primer recipiente que tiene una proteína seca como un segundo recipiente que tiene una formulación acuosa. También se incluyen en el alcance de esta descripción kits que contienen jeringas pre-rellenas de cámara sencilla y múltiple (p.ej., jeringas líquidas y liojeringas).

La cantidad eficaz de una composición farmacéutica de proteína de unión a emplear terapéuticamente dependerá, por ejemplo, del contexto terapéutico y los objetivos. Un experto en la técnica apreciará que los niveles de dosificación

apropiados para el tratamiento variarán por tanto dependiendo, en parte, de la molécula distribuida, la indicación para la que se usa la proteína de unión, la ruta de administración y el tamaño (peso corporal, superficie corporal o tamaño del órgano) y condición (la edad y salud general) del paciente. Por consiguiente, el médico puede titular la dosificación y modificar la ruta de administración para obtener el efecto terapéutico óptimo.

- 5 La frecuencia de dosificación dependerá de los parámetros farmacocinéticos de la proteína de unión en la formulación que se usa. Típicamente, un médico administrará la composición hasta que se alcance la dosificación que proporciona el efecto deseado. La composición puede administrarse por lo tanto como una única dosis, como dos o más dosis (que pueden o no contener la misma cantidad de la molécula deseada) en el tiempo, o como una infusión continua por medio de un dispositivo de implantación o catéter. El ajuste adicional de la dosis apropiada se hace de forma rutinaria por el experto en la técnica y está dentro del ámbito de tareas realizadas de forma rutinaria por los mismos. Las dosificaciones apropiadas pueden determinarse mediante el uso de datos apropiados de respuesta a la dosis.

- 10 La ruta de administración de la composición farmacéutica está de acuerdo con métodos conocidos, p.ej., oralmente; a través de inyección mediante rutas intravenosa, intraperitoneal, intracerebral (intraparenquimal), intracerebroventricular, intramuscular, intraocular, intraarterial, intraportal o intralesional; mediante sistemas de liberación prolongada; o mediante dispositivos de implantación. Cuando se desee, las composiciones pueden administrarse mediante inyección de bolo o de forma continua mediante infusión, o mediante un dispositivo de implantación.

- 15 La composición también puede administrarse localmente por medio de la implantación de una membrana, esponja u otro material apropiado en el que se ha absorbido o encapsulado la molécula deseada. Cuando se usa un dispositivo de implantación, el dispositivo puede implantarse en cualquier tejido u órgano adecuado, y la distribución de la molécula deseada puede ser por medio de difusión, bolo de liberación temporizada o administración continua.

Las composiciones farmacéuticas pueden usarse para prevenir y/o tratar la infección por VIH. Las composiciones farmacéuticas pueden usarse como una terapia independiente o en combinación con terapia anti-retroviral estándar.

- 25 En algunas realizaciones, la presente descripción se refiere a la proteína de unión de la presente invención para usar en un método de prevención y/o tratamiento de infección por VIH en un paciente. En algunas realizaciones, la proteína de unión para el uso de la presente invención comprende administrar al paciente una cantidad terapéuticamente eficaz de al menos una de las proteínas de unión descritas en la presente memoria. En algunas realizaciones, la al menos una proteína de unión se administra en combinación con una terapia anti-retroviral (p.ej., una terapia anti-VIH). En algunas realizaciones, la al menos una proteína de unión se administra antes de la terapia anti-retroviral. En algunas realizaciones, la al menos una proteína de unión se administra simultáneamente con la terapia anti-retroviral. En algunas realizaciones, la al menos una proteína de unión se administra después de la terapia anti-retroviral. En algunas realizaciones, la al menos una proteína de unión se co-administra con cualquier terapia anti-retroviral estándar conocida en la técnica. En algunas realizaciones, la administración de la al menos una proteína de unión da por resultado la neutralización de uno o más viriones de VIH. En algunas realizaciones, la administración de la al menos una proteína de unión da por resultado la eliminación de una o más células infectadas por VIH de forma latente y/o crónica en el paciente. En algunas realizaciones, la administración de la al menos una proteína de unión da por resultado la neutralización de uno o más viriones de VIH y da por resultado la eliminación de una o más células infectadas con VIH de forma latente y/o crónica en el paciente. En algunas realizaciones, el paciente es un ser humano.

EJEMPLOS

- 40 Los ejemplos que siguen son ilustrativos de realizaciones específicas de la descripción, y diversos usos de las mismas.

Ejemplo 1: producción de proteínas de unión trispecíficas dirigidas a la glicoproteína Env de VIH-1

- 45 La glicoproteína de envoltura de VIH-1 (Env/gp160) está situada en la superficie de la partícula viral, y está compuesta por un homo-trímero que comprende tres complejos gp41 y gp120 transmembrana unidos de forma no covalente. Env permite la entrada viral en células diana mediante la unión de gp120 al receptor principal de VIH (CD4) y el co-receptor (CCR5 o CXCR4), seguido por la inducción de la fusión de la membrana viral/celular facilitada por los cambios conformacionales en gp41, dando por resultado la entrada de la cápside viral y la distribución del genoma viral en la célula huésped. Además, Env se expresa en la superficie de células infectadas.

- 50 Env actúa como la única diana para los anticuerpos de neutralización en el virión de VIH-1. La unión de anticuerpos de neutralización a Env viral inhibe el acoplamiento/entrada viral. Además, la unión de anticuerpos de neutralización a células que expresan Env, infectadas con VIH-1, lleva a su destrucción mediante la citotoxicidad mediada por la célula dependiente del anticuerpo (ADCC) y la citotoxicidad dependiente del complemento (CDC), dando por resultado la reducción del reservorio viral latente. Por consiguiente, los anticuerpos de neutralización dirigidos a Env son un área atractiva para el desarrollo de terapia anti-viral. Sin embargo, debido a la alta diversidad de secuencia y tasa de mutación del virus VIH-1, el desarrollo de anticuerpos de neutralización dirigidos a Env ha resultado un desafío debido a la alta probabilidad de que una cepa dada de VIH-1 o carezca del epítipo de cualquier anticuerpo de neutralización dado, o la cepa haya desarrollado una mutación que lo haga resistente al anticuerpo. Deben desarrollarse estrategias para mitigar el rebrote de cepas virales cuando se desarrollan nuevos anticuerpos de neutralización dirigidos a VIH-1. Los estudios descritos en la presente memoria exploran el desarrollo de nuevas proteínas de unión trispecíficas que

comprenden cuatro polipéptidos que forman tres sitios de unión al antígeno que se unen específicamente a tres epítomos diferentes en la glicoproteína Env de VIH, y el uso de estas nuevas proteínas de unión trispecíficas en la neutralización de VIH-1.

Métodos

5 *Producción y purificación de proteína de unión*

Los vectores que expresan las proteínas de unión trispecíficas se construyeron insertando los genes de cadena pesada y ligera diseñados en un vector de expresión de mamífero. El emparejamiento correspondiente de la cadena pesada y ligera se dio de forma espontánea, y la formación del heterodímero se promovió mediante mutaciones botón en ojal construidas en la región Fc.

10 Las proteínas de unión se produjeron en células Expi293 mediante co-transfección de cuatro plásmidos de expresión (Life Technologies, Expi293™ Expression System Kit, núm. de cat. A14635). Las proteínas de unión se purificaron usando un esquema de purificación de dos etapas. Primero, las proteínas de unión se capturaron en resina de cromatografía de afinidad de proteína A, se lavaron, y después se eluyeron en glicina a pH 3,0. Las proteínas eluidas se dializaron después en PBS, se concentraron y se filtraron. Los anticuerpos filtrados se purificaron adicionalmente
15 usando una columna Superdex 200 SEC para obtener proteínas de unión monoméricas.

Medidas de afinidad de las proteínas de unión

Las afinidades de unión de proteínas de unión trispecíficas de anti-VIH se midieron mediante resonancia de plasmón superficial (SPR) usando un instrumento Biacore 3000 (GE Healthcare). El tampón de ensayo usado fue HBS-EP (GE Healthcare).

20 La afinidad de las proteínas indicadas para el sitio de unión MPER en la proteína de VIH-1 gp41 se midió mediante análisis de resonancia de plasmón superficial (SPR) usando un instrumento Biacore como sigue: las proteínas de unión se capturaron primero en un chip CM5 acoplado con anticuerpo Fc anti-humano, seguido por flujo a través de concentraciones variables (100 nM – 6,25 nM) del péptido de unión MPER (acetil-RRRNEQELLELDKWASLWNWFDITNWLWYIRRR-Ttds-Lys-(Biotina)-NH₂) (SEQ ID NO: 284) a 30 µL por minuto, y la unión se detectó por la medida de la asociación durante 240 segundos, y disociación durante 300 segundos en un Biacore 3000 a 25°C. El tampón HBS-EP se usó para la dilución de la muestra, además de tampón de la marcha. La regeneración del chip se hizo con MgCl₂ 3 M a 30 µL por minuto. Para el análisis de datos se usó el software BIAevaluation v.4.1 (GE Healthcare). Los datos se ajustaron globalmente usando un modelo de Langmuir 1:1 con transferencia de masa. Después del ajuste de la curva basada en el software, las tasas ON y OFF a cada concentración de péptido de unión MPER se calcularon y se usaron para obtener una afinidad de unión para cada proteína de unión.

La afinidad de las proteínas indicadas para el sitio de unión CD4BS en la proteína de VIH-1 gp120 se midió por SPR como sigue: se capturó proteína gp120 de VIH-1 recombinante (Thr27-Arg498) (VIH-1/Clado B/C (CN54), ARCO Biosystems (núm. de catálogo GP4-V15227)) en un chip CM5, seguido por flujo a través de concentraciones variables (100 nM – 6,25 nM) de las proteínas de unión, y se detectó la unión por la medida de asociación durante 240 segundos, y disociación durante 300 segundos en un Biacore 3000 a 25°C. Se usó tampón HBS-EP para la dilución de la muestra, además de tampón de la marcha. La regeneración del chip se hizo con MgCl₂ 3 M a 30 µL por minuto. Para el análisis de datos se usó el software BIAevaluation v.4.1 (GE Healthcare). Los datos se ajustaron globalmente usando un modelo de Langmuir 1:1 con transferencia de masa. Después del ajuste de la curva basada en el software, se calcularon las tasas ON y OFF a cada concentración de la proteína de unión y se usaron para obtener una afinidad de unión para cada proteína de unión.

Estabilidad conformacional y ensayos de agregación

La estabilidad conformacional de las proteínas de unión trispecíficas se evaluó determinando el punto de fusión T_m y la temperatura de comienzo de agregación (T_{agg}).

45 Las medidas del punto de fusión T_m se realizaron mediante fluorimetría de barrido diferencial (DSF). Las muestras se diluyeron en tampón D-PBS (Invitrogen) a una concentración final de 0,2 µg/µL incluyendo una disolución de concentración 4X de tinte SYPRO-Naranja (Invitrogen, existencias de 5000X en DMSO) en D-PBS en placas de 96 pocillos con semi-faldón blancas (BIORAD). Todas las medidas se hicieron por duplicado usando un instrumento de PCR a tiempo real MyiQ2 (BIORAD). Las curvas derivadas primeras negativas (-d(RFU)/dT) de las curvas de fusión se generaron en el software iQ5 v2.1 (BIORAD). Los datos se exportaron luego a Excel para la determinación de T_m
50 y la representación gráfica.

El punto de fusión T_m y la temperatura de comienzo de agregación (T_{agg}) se midieron también mediante dispersión de luz estática (SLS) usando un instrumento Unit (Unchained Labs). Se cargaron 9 µL de cada muestra sin diluir en una matriz multicubeta. Las muestras se calentaron entonces de 20°C a 95°C a una velocidad de calentamiento de 0,3°C/minuto. El medio baricéntrico (BCM) de los espectros de fluorescencia del triptófano se usó para medir la curva de fusión de la proteína, y determinar los valores de T_m . La señal de dispersión de luz estática (SLS) a 266 nm se usó
55

para medir la curva de agregación y determinar la T_{agg} . El análisis de datos se realizó usando el software de análisis Unit v2.1.

Resultados

5 Se desarrolló una nueva estrategia para mejorar la eficacia del anticuerpo de neutralización frente al VIH-1, mientras se limitaba simultáneamente la probabilidad de rebrote viral debido a la alta diversidad de secuencia y/o mutación viral. Esta estrategia implicó la generación de proteínas de unión trispecíficas que comprenden cuatro polipéptidos que formaron tres sitios de unión al antígeno que se unen específicamente a tres epítomos diferentes en la glicoproteína Env de VIH (FIG. 1). Cada sitio de unión al antígeno comprendía el dominio V_H y V_L de un diferente anticuerpo de neutralización de VIH-1 que se dirigía a distintos epítomos en la glicoproteína Env. Las proteínas de unión trispecíficas contenían un primer par de polipéptidos que poseían dominios variables duales que tenían una orientación cruzada que formaban dos sitios de unión al antígeno distintos (denominados el formato Ig de CODV), y un segundo par de polipéptidos, cada uno con un único dominio variable que formaban un tercer sitio de unión al antígeno (FIGS. 1A y 1B).

15 El primer par de polipéptidos (que poseía los dominios variables duales) comprendía un primer polipéptido que tenía la estructura V_{L2} -Conector- V_{L1} -Conector-dominio constante de la cadena ligera de inmunoglobulina, y un segundo polipéptido que tenía la estructura V_{H1} -Conector- V_{H2} -Conector-dominios constantes de la cadena pesada C_{H1} , bisagra, C_{H2} y C_{H3} de inmunoglobulina, dando por resultado un par de polipéptidos que tenían una orientación cruzada que formaba dos sitios de unión al antígeno distintos: V_{H1} - V_{L1} y V_{H2} - V_{L2} (FIGS. 1C y 1D, véanse las cadenas B ligera y pesada). El segundo par de polipéptidos (que cada uno poseía un único dominio variable) comprendía un primer polipéptido que tenía la estructura V_{H3} -dominios constantes de la cadena pesada C_{H1} , bisagra, C_{H2} y C_{H3} de inmunoglobulina, y un segundo polipéptido que tenía la estructura V_{L3} -dominio constante de la cadena ligera de inmunoglobulina, dando por resultado un par de polipéptidos que formaban un tercer sitio de unión al antígeno: V_{H3} - V_{L3} (FIGS. 1C y 1D, véanse las cadenas A ligera y pesada). Además, las proteínas de unión trispecíficas se construyeron de manera que dentro de una proteína de unión, un dominio C_{H3} incluía una mutación botón y el otro dominio C_{H3} incluía una mutación ojal para facilitar la heterodimerización de las cadenas pesadas (FIG. 1).

25 Usando el enfoque descrito anteriormente para el diseño de la proteína de unión trivalente, se generaron tres proteínas de unión trispecíficas (proteínas de unión 2, 3 y 24). Estas proteínas de unión trispecíficas se crearon injertando en un marco de proteína de unión trispecífica los dominios V_H y V_L aislados de anticuerpos que se dirigen a tres epítomos distintos en la glicoproteína Env de VIH-1: Ab MPER (que se dirige al epítomo MPER en gp41), Ab CD4BS "b" (que se dirige al sitio de unión CD4 en gp120), y Ab dirigido a V1/V2 "a" (que se dirige al dominio V1/V2 en gp120). La proteína de unión 2 se construyó de manera que el primer par de polipéptidos (que formaba dos sitios de unión al antígeno) se dirigía a los epítomos de glicoproteína Env de VIH-1 MPER y V1/V2, y el segundo par de polipéptidos (que formaba el único sitio de unión al antígeno) se dirigía al epítomo de glicoproteína Env de VIH-1 CD4BS (proteína de unión 2 = MPER x V1/V2/CD4BS). La proteína de unión 3 se construyó de manera que el primer par de polipéptidos (que formaba dos sitios de unión al antígeno) se dirigía a los epítomos de glicoproteína Env de VIH-1 V1/V2 y MPER, y el segundo par de polipéptidos (que formaba el sitio de unión al antígeno único) se dirigía al epítomo de glicoproteína Env de VIH-1 CD4BS (proteína de unión 3 = V1/V2 x MPER/CD4BS). La proteína de unión 24 se construyó de manera que el primer par de polipéptidos (que formaba dos sitios de unión al antígeno) se dirigía a los epítomos de glicoproteína Env de VIH-1 V1/V2 y CD4BS, y el segundo par de polipéptidos (que formaba el sitio de unión al antígeno único) se dirigía al epítomo de glicoproteína Env de VIH-1 MPER (proteína de unión 24 = V1/V2 x CD4BS / MPER). Las tres proteínas de unión trispecíficas, además de sus anticuerpos parentales, se purificaron en resina de afinidad de proteína A (FIGS. 2A y 3A) seguido por cromatografía de exclusión de tamaño (FIGS. 2B y 3B) para obtener proteínas monoméricas adecuadas para la caracterización adicional. Las tres proteínas de unión trispecíficas eran estables y formaron monómeros a alta frecuencia.

35 45 Para probar el potencial para desarrollar proteínas de unión que se dirigen a dos diferentes epítomos de proteína Env de VIH-1 (en vez de tres), se diseñaron proteínas de unión biespecíficas en base al formato Ig CODV descrito anteriormente (véase el documento WO 2012/135345), usando dos dominios V_H y V_L diferentes a partir de los mismos anticuerpos parentales usados para crear las proteínas de unión trispecíficas. Sin embargo, las proteínas de unión biespecíficas con estos dominios variables específicos no se purificaron bien como monómeros, mostrando una formación de agregado significativamente mayor cuando se compara con las correspondientes proteínas de unión trispecíficas (FIG. 4A y 4B).

50 Después, se midió la afinidad de unión de las proteínas de unión trispecíficas purificadas (y sus anticuerpos parentales) para los epítomos de glicoproteína Env de VIH-1 en gp41 y gp120. Primero, se midió la afinidad de unión para gp41 para las tres proteínas de unión trispecíficas, además del anticuerpo MPER parental, mediante ensayo Biacore usando el péptido de unión MPER (FIG. 5). Se calculó que la afinidad de unión para el anticuerpo MPER era 18,7 nM. Sorprendentemente, las tres proteínas de unión trispecíficas tenían todas una mayor afinidad por el péptido de unión MPER que la del anticuerpo parental (Tabla 3), teniendo la proteína de unión 2 una afinidad aproximadamente 3,1 veces mayor que el anticuerpo MPER (6,05 nM frente a 18,7 nM, respectivamente).

Tabla 3: Medidas de afinidad para el péptido de unión MPER

Anticuerpo	Analito	ka (1/Ms)	kd (1/s)	Rmax (RU)	KA (1/M)	KD (M)	Chi2	PM de MPER (kDa)
Ab MPER	Gp41-MPER JPT	5,85E+04	1,09E-03	47,5	5,35E+07	1,87E-08	0,55	5,25
Proteína de unión 2	Gp41-MPER JPT	1,15E+05	6,97E-04	29,0	1,65E+08	6,05E-09	0,27	2,29
Proteína de unión 3	Gp41-MPER JPT	4,67E+04	7,79E-04	38,5	6,00E+07	1,67E-08	0,41	5,14
Proteína de unión 24	Gp41-MPER JPT	6,28E+04	8,06E-04	35,5	7,80E+07	1,28E-08	0,48	5,24

De forma similar, la afinidad de unión por el sitio de unión CD4 en gp120 se midió para las tres proteínas de unión trispecíficas, además del anticuerpo CD4BS parental, mediante ensayo Biacore (FIG. 6). Las tres proteínas de unión trispecíficas tenían todas una afinidad similar por el sitio de unión CD4 cuando se comparan con el anticuerpo parental (Tabla 4).

Tabla 4: Medidas de afinidad para el sitio de unión CD4BS

Anticuerpo	ka (1/Ms)	kd (1/s)	Rmax (RU)	KD (M)	Chi2
Ab CD4BS "b"	2,79E+05	2,32E-04	31,4	8,30E-10	1,17
Proteína de unión 2	2,31E+05	2,41E-04	34,0	1,04E-09	0,74
Proteína de unión 3	7,58E+04	2,75E-04	38,2	3,63E-09	0,19
Proteína de unión 24	1,46E+05	2,52E-04	41,6	1,73E-09	0,38

Por consiguiente, las proteínas de unión trispecíficas fueron capaces de unirse a ambos de los epítomos diana probados en la glicoproteína Env de VIH-1 (Tabla 5). Además, las tres proteínas de unión trispecíficas se unieron a los epítomos diana con afinidades aproximadamente iguales a o que exceden a las de sus anticuerpos parentales. La afinidad de unión del Ab dirigido a V1/V2 "a", además de los sitios de unión de Ab dirigido a V1/V2 "a" en las tres proteínas de unión trispecíficas 2, 3 y 24 no pudo determinarse por análisis Biacore porque esto necesitaba un antígeno de proteína gp120 específico que no estaba disponible.

Tabla 5: Compendio de las capacidades de unión de las proteínas de unión probadas

Muestra	Unión en gp120?	Unión en gp41?
Ab MPER	No	Si
Ab CD4BS "b"	Si	No
Ab dirigido a V1/V2 "a"	No	No
Proteína de unión 2	Si	Si
Proteína de unión 3	Si	Si
Proteína de unión 24	Si	Si

Las propiedades biofísicas se probaron para las proteínas de unión trispecíficas y anticuerpos parentales (Tabla 6). Todas las proteínas probadas tenían estabilidades similares y propensiones limitadas a formar agregados.

Tabla 6: Estabilidad conformacional/agregación de las proteínas de unión

Muestra	T _m de DSF (°C)	T _m AA Fluo Intrínseca (°C)	T _{agg} de SLS a 266nm (°C)
Ab MPER	69/75	68	71
Ab CD4BS "b"	69	66	68
Ab dirigido a V1/V2 "a"	69	64	67
Proteína de unión 2	60/70	54	58
Proteína de unión 3	57/70	55	56
Proteína de unión 24	56/71	53	54

5 Estos experimentos indicaron que las proteínas de unión trispecíficas, monoméricas, estables, que se dirigen a tres epítomos distintos en la glicoproteína Env de VIH-1 podían construirse y purificarse de forma eficaz. Además, las proteínas de unión trispecíficas retuvieron su capacidad de unirse a sus epítomos diana, teniendo afinidad similar o mejorada respecto a sus anticuerpos parentales. Finalmente, las proteínas de unión trispecíficas tenían propiedades biofísicas adecuadas, y mostraron una agregación significativamente menor que las correspondientes proteínas de unión biespecíficas.

Ejemplo 2: caracterización de las proteínas de unión

10 Debido al éxito del desarrollo de tres proteínas de unión trispecíficas con propiedades biofísicas y capacidades de unión apropiadas (como se describe en el ejemplo 1), se desarrollaron y probaron 21 proteínas de unión trispecíficas adicionales. Los experimentos descritos en la presente memoria exploraron la capacidad de las 24 proteínas de unión trispecíficas para neutralizar VIH-1 *in vitro*, y las propiedades farmacocinéticas de un número de estas proteínas de unión trispecíficas *in vivo*.

15 Los ensayos de neutralización se realizaron usando el ensayo TZM-b1 que mide la neutralización como una función de reducciones en la expresión del gen reportero de luciferasa de luciérnaga (Luc) regulado por Tat de VIH-1 después de una única ronda de infección con virus pseudotipados con Env. Los ensayos se realizaron como se describe en Marcella Sarzotti-Kelsoe et al., J. Immunological Methods, 409:131-146 (2014). Los resultados de neutralización de varios anticuerpos se muestran en las Tablas 8-10.

20 Métodos

Producción de virus pseudotipados con Env

Las existencias de ensayo de virus pseudotipados con Env se produjeron en células 293T/17 por co-transfección con dos plásmidos: un plásmido de expresión de Env y un plásmido que expresa el genoma entero de VIH-1 excepto por Env. La co-transfección de estos plásmidos produjo partículas infecciosas de pseudovirus que eran capaces de distribuir el gen Tat en las células diana, pero las infecciones con estos pseudoviriones no pudieron producir a sí mismo progenie viral infecciosa.

Ensayo de neutralización viral

30 La neutralización de la infección por VIH usando células TZM-b1 (también conocidas como células JC53BL-13) se realizó como se describe anteriormente (Marcella Sarzotti-Kelsoe et al., J. Immunological Methods, 409:131-146 (2014)). Brevemente, una única ronda de infección usando los viriones de VIH-1 pseudotipados con Env se realizó en células TZM-b1 (un clon celular de HeLa CXCR-4-positivo). Las células TZM-b1 se diseñaron para expresar CD4 y CCR5, y para contener genes reporteros integrados por luciferasa de luciérnaga y β-galactosidasa de *E. coli* bajo el control de una repetición terminal larga de VIH. La expresión del gen reportero se indujo *in trans* mediante la proteína Tat viral (distribuida por los virus pseudotipados) justo después de la infección de ciclo único. La actividad de la luciferasa se cuantificó como unidades de luminiscencia relativa (RLU), y fue directamente proporcional al número de partículas infecciosas de virus presentes en el inóculo inicial durante un amplio intervalo de valores. La neutralización se midió como una función de la expresión del gen reportero de luciferasa de luciérnaga (Luc) regulada por Tat disminuida después de la administración de concentraciones variables de las proteínas de unión indicadas. Las titulaciones de neutralización se identificaron como la dilución de proteína a la que las RLU se reducen en el 80% en comparación con los pocillos de control del virus después de la resta de las RLU de fondo. El ensayo se realizó en placas de 96 pocillos por la alta capacidad de rebrote, y las cepas de referencia bien caracterizadas se utilizaron para la uniformidad a través de los estudios.

Medidas farmacocinéticas (PK)

5 Macacos rhesus indios hembra que pesaban entre 3 y 6 kg se asignaron aleatoriamente a grupos según el peso corporal (dos macacos por grupo) y se inyectaron de forma intravenosa con la concentración indicada de proteínas de unión. Se recogió sangre de los animales antes de la inyección en el día 0, y 30 minutos, 6 horas, 1 día, 2 días, 4 días, 7 días, 14 días, 21 días y 28 días después de la inyección. La concentración en suero de cada proteína de unión se cuantificó en el plasma a partir de la sangre recogida usando un ensayo ELISA basado en RSC3.

Resultados

10 21 proteínas de unión trispecíficas adicionales que se dirigen a tres epítomos de glicoproteína Env de VIH-1 distintos se generaron y se purificaron como se describe en el ejemplo 1. Estas 21 proteínas de unión trispecíficas adicionales (proteínas de unión 1 y 4-23) se crearon por injerto en un marco de proteína de unión trispecífica los dominios V_H y V_L aislados de anticuerpos que se dirigen a distintos epítomos de VIH-1 en la glicoproteína Env de VIH-1: los anticuerpos anti-MPER Ab MPER "a" y Ab MPER "b" (que se dirigen al epítomo MPER en gp41), los anticuerpos anti-CD4BS Ab CD4BS "a" y Ab CD4BS "b" (que se dirigen al sitio de unión CD4 en gp120), los anticuerpos anti-V1/V2 Ab dirigido a V1/V2 "a" y Ab dirigido a V1/V2 "b" (que se dirigen al dominio V1/V2 en gp120), y el anticuerpo anti-V3 Ab dirigido a V3 (que se dirige al bucle V3 en gp120) (Tabla 7).

Tabla 7: Composición del sitio de unión al epítomo de las proteínas de unión trispecíficas

Proteína de unión:	Sitio de unión al epítomo:
1	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
2	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
3	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
4	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
5	MPER x dirigido a V3 / CD4BS
6	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
7	Dirigido a V3 x dirigido a V1/V2 / CD4BS
8	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
9	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
10	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
11	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
12	MPER x dirigido a V3 / CD4BS
13	MPER x dirigido a V3 / dirigido a V1/V2
14	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
15	MPER x dirigido a V3 / dirigido a V1/V2
16	MPER x dirigido a V3 / CD4BS
17	Dirigido a V1/V2 x dirigido a V3 / CD4BS
18	Dirigido a V3 x MPER / CD4BS
19	Dirigido a V3 x dirigido a V1/V2 / MPER
20	Dirigido a V3 x dirigido a V1/V2 / CD4BS
21	MPER x CD4BS / dirigido a V1/V2
22	CD4BS x MPER / dirigido a V1/V2
23	CD4BS x dirigido a V1/V2 / MPER
24	Dirigido a V1/V2 x CD4BS / MPER

5 Las capacidades de neutralización viral de cinco de las proteínas de unión trispecíficas (y sus anticuerpos parentales) a concentraciones variables se probaron frente a un panel de 208 virus pseudotipados con Env de VIH-1 diferentes (Tabla 8). La neutralización mediada por la proteína de unión de los aislados de VIH-1 pseudotipados se midió usando el ensayo del gen reportero de luciferasa TZM-b1. La dosis inhibidora para cada proteína de unión se calculó para cada virus pseudotipado como la dilución que provocó un 80% de reducción en la luminiscencia (IC_{80}) después de la infección. Sorprendentemente, la media geométrica de IC_{80} calculada para cada una de las proteínas de unión trispecíficas probadas fue menor que los anticuerpos parentales, sugiriendo que estas proteínas de unión trispecíficas eran más potentes en la neutralización de VIH-1 pseudotipado que sus anticuerpos de neutralización parentales.

10

Tabla 8: Medidas de IC₈₀ a partir del ensayo de neutralización viral

	Proteína de unión:					Anticuerpo parental:					
	15	1	2	19	20	3	Ab MPE R	Ab dirigido a V1/V2 "a"	Ab dirigido o a V3	Ab CD4BS "b"	Ab CD4BS "a"
Núm. de virus VS total	208	208	208	208	208	208	208	208	208	208	208
neutralizado:											
IC ₈₀ <50 µg/mL	190	202	206	198	206	206	203	151	113	202	183
IC ₈₀ <10 µg/mL	180	199	206	180	206	206	193	149	109	200	175
IC ₈₀ <1,0 µg/mL	166	169	191	145	188	186	61	133	98	184	108
IC ₈₀ <0,1 µg/mL	122	109	136	80	144	123	10	99	72	79	10
IC ₈₀ <0,01 µg/mL	74	7	70	22	54	47	5	24	26	6	0
% de VS neutralizado:											
IC ₈₀ <50 µg/mL	91	97	99	95	99	99	98	73	54	97	88
IC ₈₀ <10 µg/mL	87	96	99	87	99	99	93	72	52	96	84
IC ₈₀ <1,0 µg/mL	80	81	92	70	90	89	29	64	47	88	52
IC ₈₀ <0,1 µg/mL	59	52	65	38	69	59	5	48	35	38	5
IC ₈₀ <0,01 µg/mL	36	3	34	11	26	23	2	12	13	3	0
IC ₈₀ mediana	0,03 3	0,08 8	0,02 6	0,16 4	0,02 9	0,04 5	1,69	0,037	0,054	0,149	0,780
Media geométrica	0,03 3	0,13 5	0,02 8	0,19 9	0,03 4	0,05 1	1,34	0,063	0,057	0,144	0,814

Después, las capacidades de neutralización viral de un panel mayor de proteínas de unión trispecíficas (y sus anticuerpos parentales) a concentraciones variables se probaron frente a 20 virus psedotipados que representaban 10 clados de VIH-1 diferentes (Tabla 9). Las proteínas de unión trispecíficas proporcionaron una robusta protección frente a la infección con estos 20 virus (Tabla 10).

5

Virus	Clado
KER2008.12.SG3	A
620345.cl.SG3	AE
DJ263.8.SG3	AG
T266-60.SG3	AG
T278-50.SG3	AG
BL01.DG.SG3	B
BR07.DG.SG3	B
CNE57.SG3	B
H086.8.SG3	B
QH0692.42.SG3	B
SS1196.01.SG3	B
CNE21.SG3	BC
6471.V1.C16.SG3	C
CAP210.E8.SG3	C
DU156.12.SG3	C
DU422.01.SG3	C
TV1.29.SG3	C
ZM106.9.SG3	C
3817.v2.c59.SG3	CD
X2088.c9.SG3	G

Tabla 10: Medidas de IC₅₀ de un ensayo de neutralización viral de 20 virus representativos

	Núm. de virus	VS total neutralizado		% de VS neutralizado		IC ₈₀ mediana	Media geométrica
		IC ₈₀ <50 µg/mL	IC ₈₀ <1 µg/mL	IC ₈₀ <50 µg/mL	IC ₈₀ <1 µg/mL		
Proteína de unión 4	20	17	11	85	55	0,474	0,398
Proteína de unión 5	20	14	11	70	55	0,199	0,324
Proteína de unión 6	20	16	9	80	45	0,453	0,449
Proteína de unión 7	20	16	9	80	45	0,523	0,312
Proteína de unión 8	20	17	12	85	60	0,578	0,488

ES 2 894 304 T3

	Núm. de virus	VS total neutralizado		% de VS neutralizado		IC ₈₀ mediana	Media geométrica
		IC ₈₀ <50 µg/mL	IC ₈₀ <1 µg/mL	IC ₈₀ <50 µg/mL	IC ₈₀ <1 µg/mL		
Proteína de unión 9	20	14	9	70	45	0,836	0,531
Proteína de unión 10	20	16	12	80	60	0,222	0,173
Proteína de unión 11	20	18	15	90	75	0,310	0,181
Proteína de unión 12	20	17	12	85	60	0,526	0,566
Proteína de unión 13	20	19	12	95	60	0,202	0,189
Proteína de unión 14	20	17	15	85	75	0,208	0,088
Proteína de unión 15	20	17	10	85	50	0,345	0,378
Proteína de unión 16	20	18	11	90	55	0,228	0,314
Proteína de unión 17	20	17	12	85	60	0,086	0,180
Proteína de unión 18	20	15	10	75	50	0,536	0,501
Proteína de unión 19	20	18	11	90	55	0,563	0,538
Proteína de unión 20	20	18	14	90	70	0,224	0,229
Proteína de unión 21	20	15	9	75	45	0,627	0,501
Proteína de unión 2	20	18	13	90	65	0,375	0,222
Proteína de unión 22	20	13	8	65	40	0,856	0,634
Proteína de unión 23	20	17	6	85	30	1,930	1,129
Proteína de unión 3	20	18	12	90	60	0,469	0,287
Proteína de unión 24	20	16	7	80	35	2,130	1,054
Ab MPER "a"	20	16	8	80	40	1,007	0,981
Ab MPER "b"	20	16	16	80	80	0,071	0,024
Ab CD4BS "b"	20	15	9	75	45	0,181	0,399
Ab dirigido a V1/V2 "a"	20	11	9	55	45	0,060	0,094
Ab dirigido a V3	20	12	10	60	50	0,183	0,136
Ab CD4BS "a"	20	10	1	50	5	1,530	1,811
Ab dirigido a V1/V2 "b"	20	9	9	45	45	0,051	0,039

5 Finalmente, las farmacocinéticas (PK) de un subconjunto de las proteínas de unión trispecíficas y anticuerpos parentales se probaron en macacos rhesus. Brevemente, 10 o 20 mg/kg de las proteínas se inyectaron de forma intravenosa en macacos rhesus hembra, y se realizaron ensayos ELISA en el plasma de las muestras de sangre tomadas antes de la inyección, y en el plasma de las muestras de sangre tomadas en muchos puntos temporales después de la inyección (hasta 42 días) (FIG. 7). Todas las proteínas de unión trispecíficas pudieron detectarse al menos 14 días después de la administración IV, permaneciendo la proteína de unión 1 detectable al menos 35 días después de la inyección, mostrando que las proteínas de unión eran estables *in vivo*.

10 Tomados en conjunto, estos datos sugieren que pudieron construirse proteínas de unión trispecíficas ampliamente neutralizantes que se dirigían a tres epítomos distintos en la glicoproteína Env de VIH-1. Estas proteínas de unión mostraron potencia similar o aumentada/capacidades de neutralización muy mejoradas (amplitud) respecto a los anticuerpos de neutralización parentales. Además, parece que estas proteínas de unión trispecífica eran bien

toleradas *in vivo*. Sin desear atarse por la teoría, el desarrollo de proteínas de unión trispecíficas de ampliamente neutralizantes que se dirigen a múltiples epítomos en VIH puede permitir una terapia anti-viral mejorada respecto a anticuerpos monoespecíficos o biespecíficos, ya que es menos probable que las partículas virales de VIH sean resistentes a los tres sitios de unión a antígeno en las proteínas de unión trispecíficas de neutralización que los sitios de unión al antígeno individuales o duales en anticuerpos de neutralización monoespecíficos o biespecíficos, respectivamente.

Ejemplo 3: caracterización de acopladores de célula T.

Como se indica anteriormente, Env se expresa en la superficie de células infectadas con VIH. Debido a esto, Env puede actuar como una diana de anticuerpo para identificar células infectadas, e inducir la citotoxicidad mediada por célula dependiente del anticuerpo (ADCC) y la citotoxicidad dependiente del complemento (CDC), dando por resultado la reducción del reservorio viral latente. Los estudios descritos en la presente memoria exploran el desarrollo de nuevas proteínas de unión trispecíficas (denominadas “acopladores de células T”) que contienen tres sitios de unión al antígeno que se dirigen a tres antígenos diferentes (glicoproteína Env de VIH-1, CD3 y CD28). Estas nuevas proteínas no solo incluyen sitios de unión al antígeno de anticuerpos de neutralización, sino también la capacidad de unirse a células T efectoras, acercándolas a células diana infectadas, induciendo así la lisis de la célula infectada con VIH.

Métodos

Propiedades de unión de los acopladores de células T

Las propiedades de unión de los acopladores de la célula T se midieron por ensayo ELISA usando una sonda anti-Fab conjugada con peroxidasa de rábano picante para detectar el acoplador de célula T que se une a la superficie de las placas ELISA recubiertas con proteína CD3, CD28 o de núcleo estabilizado acondicionado 3 (RSC3) de gp120. CD3ge-hlgG4 humano (KIH) (núm. de catálogo: 03-01-0051) de Cambridge Biologics, MA, EE.UU.; CD28-hlgG4 humano (núm. de catálogo: 03-01-0303) de Cambridge Biologics, MA, EE.UU.

Ensayo de activación de la célula T

La activación de células T CD4 y CD8 se midió como sigue: se enriquecieron células mononucleares de la sangre periférica (PBMCs) procedentes de capas leucocitarias obtenidas de donantes inexpertos (banco de sangre de NIH) usando perlas magnéticas (Miltenyi Biotec). Estas células se co-cultivaron durante 14-16 horas con células CEM no infectadas o infectadas con VIH-1 en presencia de concentraciones crecientes de las proteínas de unión (0,01-1,0 µg/mL) con brefeldina A. Las células se tiñeron después para la expresión superficial de marcadores de células T (CD3, CD4 y CD8) y marcadores de activación (CD25 y CD69), seguido por tinción intracelular para citoquinas (IFN-γ, TNF-α e IL-2) usando anticuerpos conjugados de forma fluorescente (BD Biosciences, eBiosciences, Biolegend). El número de células T CD4 y CD8 que expresan cada citoquina o marcador de activación se determinó haciendo pasar las muestras por un citómetro de flujo LSRII y analizando los datos con software Flowjo (TreeStar).

Regulación a la baja de CD3

La regulación a la baja de CD3 después de la activación de las células T mediante los acopladores de células T se midió tiñendo las PBMCs activadas con anticuerpo CD3 anti-humano de ratón no competitivo y se cuantificó usando citometría de flujo.

Ensayo de citotoxicidad

La citotoxicidad de los acopladores de células T a células CEM-BaL, ACH2, y J1.1 se monitorizó mediante citometría de flujo como sigue: se obtuvieron líneas celulares latentes (ACH2, J1.1, OM10) del Programa Reactivo del SIDA de NIH. La activación de estas células se realizó cultivando las células en presencia o ausencia de TNF-α (10 ng/mL) durante 14-16 horas. La activación se midió determinando la expresión de la glicoproteína de envoltura de VIH de la superficie celular mediante citometría de flujo usando un anticuerpo Env anti-VIH conjugado con alofocianina (2G12). Las células CEM-IIIb, ACH2, J.1.1 y OM10 se marcaron con el tinte de membrana PKH-26 (Sigma) y se usaron como células diana en un ensayo de citotoxicidad. Estas células diana marcadas se co-cultivaron durante 14-16 horas a una relación de E:T de 10:1 con células T humanas enriquecidas como células efectoras en presencia de cantidades crecientes de las proteínas de unión. La extensión de la lisis celular en las células diana se determinó tiñendo con un marcador de célula viva/muerta (Life Technologies) y midiendo el número de células muertas en la población de células diana marcadas haciendo pasar las muestras por un citómetro de flujo LSRII seguido por análisis usando software Flowjo (TreeStar).

Resultados

Se exploró la capacidad de desarrollar acopladores de células T con sitios de unión al antígeno que se dirigen tanto a proteínas superficiales de las células T como a epítomos de neutralización en VIH-1. Se construyeron acopladores de células T que contenían dos sitios de unión al antígeno que se dirigían a dos receptores superficiales de las células T diferentes (CD3 y CD28), y un tercer sitio de unión al antígeno que se dirigía a la glicoproteína Env de VIH-1 (FIGS. 8A y 8B). Además, los acopladores de células T se construyeron para incluir una mutación LS. Además, los

acopladores de células T se construyeron de manera que en una proteína de unión, un dominio C_{H3} incluía una mutación botón y el otro dominio C_{H3} incluía una mutación ojal para facilitar la heterodimerización de las cadenas pesadas (FIGS. 8A y 8B).

5 Usando este enfoque, se construyeron dos acopladores de células T que se dirigían tanto a proteínas superficiales de células T como a la glicoproteína Env de VIH-1 (proteína de unión 32 y CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b"). Estos dos acopladores de células T se crearon injertando en un marco de proteína de unión trispecífica los dominios V_H y V_L aislados de anticuerpos parentales que se dirigen a las proteínas superficiales de células T CD3 y CD28, y el anticuerpo anti-VIH-1 Ab CD4BS "b" (que se dirige a sitio de unión CD4 en gp120). La proteína de unión 32 se construyó de manera que el primer par de polipéptidos (que formaba dos sitios de unión al antígeno) se dirigió a los receptores superficiales de células T CD28 y CD3, y el segundo par de polipéptidos (que formaba el sitio de unión al antígeno único) se dirigió al antígeno de VIH-1 CD4BS (proteína de unión 32 = CD28 x CD3 / CD4BS). La proteína de unión trispecífica CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b" se construyó de manera que el primer par de polipéptidos (que formaba dos sitios de unión al antígeno) se dirigió a los receptores superficiales de células T CD3 y CD28, y el segundo par de polipéptidos (que formaba el sitio de unión al antígeno único) se dirigió al antígeno de VIH-1 CD4BS (Tabla 11).

15

Tabla 11: Formato de acopladores de células T

Formato	Nombre del constructo	Antígeno del brazo 1	Antígeno del brazo 2	Antígeno del brazo 3
Acopladores de células T, trispecíficos	CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b"	CD4BS	CD3	CD28
Acopladores de células T, trispecíficos	Proteína de unión 32	CD4BS	CD28	CD3
Monoespecífico	CD4BS IgG4	CD4BS	CD4BS	-

20 La capacidad de los dos acopladores de células T para unirse a cada uno de sus tres antígenos diana se probó por ensayo ELISA. Los acopladores de células T fueron capaces de unirse a las proteínas superficiales de las células T tanto CD3 como CD28 con los sitios de unión al antígeno CD3 y CD28 en cualquier orientación en los brazos biespecíficos de los acopladores de células T (es decir, CD3 x CD28 para CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b" o CD28 x CD3 para la proteína de unión 32). Ambos acopladores de células T fueron también capaces de unirse a gp120 (como se mide usando la proteína RSC3 de VIH-1, una variante de gp120 que carece de las regiones variables V1, V2 y V3) (FIG. 9).

25 El efecto en la actividad de las células T se probó después para ambos acopladores de células T. La incubación de los acopladores de células T con monocitos reveló que los acopladores de células T indujeron una robusta activación de células T CD8⁺ (FIG. 10). De forma similar, los acopladores de células T fueron capaces de inducir una significativa activación de células T CD4⁺ en PBMCs solos, o PBMCs incubados con cualquiera de las líneas de células T infectadas con VIH-1 células CEM-NKr o células CEM-BaL (FIG. 11). Además, ambos acopladores de células T redujeron la expresión superficial celular de CD3 en células T activadas (FIG. 12).

30 Finalmente, se probó la capacidad de los acopladores de células T para inducir la lisis de las células infectadas por VIH. Los acopladores de células T (y proteínas de unión biespecíficas de control positivo y negativo que se dirigen a CD3 y un antígeno de VIH) se incubaron con las células CEM-BaL de la línea de células T infectada con VIH-1. La incubación de los acopladores de células T con las células infectadas indujo una robusta lisis celular en un amplio intervalo de concentraciones (FIG. 13A). Asimismo, la incubación de estos acopladores de células T indujo la lisis de las células ACH2 de la línea de células T infectadas de forma latente (FIG. 13B), además de las células J1.1 (FIG. 13C). Sorprendentemente, los acopladores de células T mostraron actividad citotóxica comparable o mejor frente a líneas celulares infectadas con VIH crónicas y latentes cuando se compara con las proteínas de unión biespecífica.

35 Tomado en conjunto, los nuevos acopladores de células T descritos en la presente memoria retuvieron la capacidad de sus anticuerpos parentales para unirse a sus antígenos diana en la glicoproteína Env de VIH-1 gp120 en células infectadas con VIH, además de las proteínas de células T expuestas en la superficie celular CD3 y CD28. Los acopladores de células T indujeron una robusta activación de células T CD4⁺ y CD8⁺, y disminuyeron la expresión superficial de CD3. Finalmente, estos acopladores de células T indujeron una lisis significativa de células T infectadas con VIH-1. Sin desear estar atado por la teoría, estos acopladores de células T pueden proporcionar una nueva estrategia para agentes terapéuticos anti-virales reduciendo/eliminando el reservorio viral latente a través del acoplamiento a células T en pacientes con VIH/SIDA.

40 Cada realización descrita en la presente memoria puede combinarse con cualquier otra realización o realizaciones a menos que claramente se indique lo contrario. En particular, cualquier característica o realización indicada como

ES 2 894 304 T3

preferida o ventajosa puede combinarse con cualquier otra característica o características o realización o realizaciones indicadas como preferidas o ventajosas, a menos que claramente se indique lo contrario.

SECUENCIAS

Tabla 1: SEQ ID NOs de cadena pesada y ligera para las proteínas de unión 1-53 y los antígenos diana a los que se dirigen las proteínas de unión.

5

Proteína de unión	SEQ ID NOs	Diana
1	4, 3, 1, 2	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
2	12, 11, 9, 10	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
3	20, 19, 17, 18	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
4	28, 27, 25, 26	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
5	36, 35, 33, 34	MPER x dirigido a V3 / CD4BS
6	44, 43, 41, 42	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
7	52, 51, 49, 50	Dirigido a V3 x dirigido a V1/V2 / CD4BS
8	60, 59, 57, 58	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
9	68, 67, 65, 66	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
10	76, 75, 73, 74	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
11	84, 83, 81, 82	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
12	92, 91, 89, 90	MPER x dirigido a V3 / CD4BS
13	100, 99, 97, 98	MPER x dirigido a V3 / dirigido a V1/V2
14	108, 107, 105, 106	Dirigido a V1/V2 x MPER / CD4BS
15	116, 115, 113, 114	MPER x dirigido a V3 / dirigido a V1/V2
16	124, 123, 121, 122	MPER x dirigido a V3 / CD4BS
17	132, 131, 129, 130	Dirigido a V1/V2 x dirigido a V3 / CD4BS
18	140, 139, 137, 138	Dirigido a V3 x MPER / CD4BS
19	148, 147, 145, 146	Dirigido a V3 x dirigido a V1/V2 / MPER
20	156, 155, 153, 154	Dirigido a V3 x dirigido a V1/V2 / CD4BS
21	164, 163, 161, 162	MPER x CD4BS / dirigido a V1/V2
22	172, 171, 169, 170	CD4BS x MPER / dirigido a V1/V2
23	180, 179, 177, 178	CD4BS x dirigido a V1/V2 / MPER
24	188, 187, 185, 186	Dirigido a V1/V2 x CD4BS / MPER
25	196, 195, 193, 194	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
26	204, 203, 201, 202	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
27	212, 211, 209, 210	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
28	220, 219, 217, 218	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
29	228, 227, 225, 226	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
30	235, 234, 232, 233	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS

Proteína de unión	SEQ ID NOS	Diana
31	243, 242, 240, 241	MPER x dirigido a V1/V2 / CD4BS
32	305, 304, 302, 303	CD28 x CD3 / CD4BS
33	313, 312, 310, 311	CD28 x CD3 / CD4BS
34	321, 320, 318, 319	CD28 x CD3 / dirigido a V1/V2
35	329, 328, 326, 327	CD28 x CD3 / dirigido a V1/V2
36	337, 336, 334, 335	CD28 x CD3 / CD4BS
37	345, 344, 342, 343	CD28 x CD3 / CD4BS
38	353, 352, 350, 351	CD4BS x CD3 / CD28
39	361, 360, 358, 359	CD4BS x CD3 / CD28
40	369, 368, 366, 367	CD3 x CD4BS / CD28
41	377, 376, 374, 375	CD3 x CD4BS / CD28
42	385, 384, 382, 383	CD4BS x CD3 / CD28
43	393, 392, 390, 391	CD4BS x CD3 / CD28
44	401, 400, 398, 399	CD3 x CD4BS / CD28
45	409, 408, 406, 407	CD3 x CD4BS / CD28
46	417, 416, 414, 415	Dirigido a V1/V2 x CD3 / CD28
47	425, 424, 422, 423	Dirigido a V1/V2 x CD3 / CD28
48	433, 432, 430, 431	CD3 x dirigido a V1/V2 / CD28
49	441, 440, 438, 439	CD3 x dirigido a V1/V2 / CD28
50	449, 448, 446, 447	Dirigido a V1/V2 x CD3 / CD28
51	457, 456, 454, 455	Dirigido a V1/V2 x CD3 / CD28
52	465, 464, 462, 463	CD3 x dirigido a V1/V2 / CD28
53	473, 472, 470, 471	CD3 x dirigido a V1/V2 / CD28

Tabla 2: Secuencias de cadena pesada y ligera de proteínas de unión. Las secuencias de CDR están en negrita y cursiva.

Secuencia de aminoácidos de proteína de unión 1		
Cadena pesada A	<p>Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefi <i>dctln</i>wirlapgkrpewmg <i>wlkprggavny arplqgr</i>vtmtrdvysdaflelrslvtddtavvfctr <i>gkncdynwdfew</i>wgrgtpvsvssastk <i>gpsvflapssksts</i>ggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlgssgylssvvt <i>ypsslgtqt</i>ycnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppcapellggpsvflfppkpkdtlm <i>isrtpevtcvvvdvsh</i>edpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlng <i>keykckvsnkalpapiektiskakggprepqvct</i>lppsrdeltnqvslscavkgyfypsdiave <i>wesngqpennyk</i>ttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslslsp <i>g</i></p>	SEQ ID NO: 1
Cadena ligera A	<p>Eivltqspgtlslspgetaiisc <i>rtsqygs</i>lawyqrrpgqaprivi <i>sgstraa</i>gipdrfsgsrwg <i>pdynltisnlesgdfg</i>vyyc <i>qgyef</i>ggqtkvqvdkirtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvclln <i>nfy</i>preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssittliskadyekhkhvyacevthqgl <i>sspvtksfnr</i>gcec</p>	SEQ ID NO: 2

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrivesggglvkpggsrlrscsasgfdfnawmtwvrpppgklewvgritgpegwsv dyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtdtgyyfcartgkydfwsgypggeeyfqdwg qgtlivssdkthtqvlhtqsgpevrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwvrvpgqglqwmwg ishegdkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavvycakgskhrlrdyalydddga Inwadvdylnlefwgqgtavtvssdkthtasitkpgsvflapsskstsggtaalgclvkdyf pepvtvswngalstgvtfpavlvqssgylssovtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkv epkscdkthtccppcapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpetvcvvdvshedpevkfnwyv dgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqp repqvylppcrdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvlidsdgsfflys kltdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 3</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Dfvltqspshlsvtpgesasiscksshslihgdrnnylawyvqkpggrspqlliylassrasgvp drfsgsgsdkdfllkisirvetedvgttycmqgrespwtfgqgtkvdikdktht aseltqdpavsvalkqvtvitcrgdslrshyaswyqkpgqapvllfygknrpsgipdrfsgs asgnraslitigaqaedeaddycssrdksgrlsvgggkltvldkthtrtaapsvfifpsde qlksgtasvcllnfybreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltltskadyek hkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 4</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 1</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>cagggtcagctggtgagctgctggcggccagatgaagaaccggcgagagcatgcggtatca gctgcagagccagcggctacgagttcatgactgcaccctgaactggatcagactggccctg gcaagcggcctgagtgatggatggatgctgaagcctagaggcggagccgtgaactacgccag acctctgcaggcagagtgaccatgaccgggacgtgtacagcgataccgcttctggaact goggagcctgaccgtggtatgataccgcccgtgtactctgcacccggggcaagaactgcgacta caactgggacttcgagcactggggcagaggcaccctgtgatcgtgcaagcgcgtcgacca agggccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacagccgc ctgggctgcccctggaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctcctgggacccagacctacatctgcaactggaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgttctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagccgacccccgaagtgacctgctggtggtggtgatgtgtccc acgaggacctgaagtgcaagttcaattgtagctggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcaccctaccgggtggtgtcctgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggtgtccaacaagccctgcct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccggaacccaggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgccgtga aaggcttctacccctccgatatgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtcccgtgagcagggcaacgtgttcagctgctcctgctgacagggccctg cacagccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 5</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatcat cagctgccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacagggcc cccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcg gctccagatggggccctgactacaacctgacctcagcaacctggaagcggcgacttcggc gtgtactactccagcagtagcaggttctcggccagggcaccaggtgaggtggacatcaag cgtacgggtggccgctcccagcgtgtctctcccacctaagcagcagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgctgctgtaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggt ggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcac aagggtgacgctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaa ccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 6</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtggagtcaggagggggctgtgaagcccgggtgggtctctccgctgagct gttctgctccggcttatttcgataacgacctggatgacctgggtcaggcagcctccaggttaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttgagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaatactacgact tctggtccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaaccttgtatcg tgtctccgacaaaacctataccagggtgacactgacacagagcggaccogaagtgcggaa gcctggcacctctgtgaagggtcctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacct gcactgggtgctgcagcgtgaccaggacagggtgactgagtgatgggtggatcagccacgag ggcgacaagaaagtgatcgtggaacgggtcaaggccaaagtaccatcagactgggacaga agcaccaacaccgctacctgagctgagcggcctgacctctggcgataaccgctgtactac tgcgccaagggcagcaagcaccgctgagagactacgccctgtacgagatgacggcggc ctgaactgggcccgtggtgactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagc cgtgacctgtcatctgataagaccacaccgctccaccaagggccatcggtcttccccctg gcaacctctccaagacacactctggggcacagcggccctgggctgctgtgtaagctga ctccccgaaccgggtgacggtgctggaactcaggcggccctgaccagcggcgtgcacacct ccccgctgtctacagtctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgcccctcagca gcttgggcaccagacctacatctgcaactgaaatcacagcccagcaaacaccagggtgga caagaaagttgagcccaatctgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctg aacctctggggggaccgtcagctctctctcccccaaaaccaaggacacctcatgatctcc cggaccctgaggtcacatcgtggtggtggagcgtgagccacgaagacctgaggtaagtt caactggtatgtgacggcgtggagggtgataatgcaagacaaagccgaggaggagcag tacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtctcaccgtctgaccagactggctgaatggc aaggagtacaagtcaaggttccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatct ccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggatg agctgaccaagaatacaagtcagcctggtgctgctgtaaaaggcttctatcccagcagatcgc cgtggagtgaggagcaatgggcagccgggagaactacaagaccgctcccctgct ggactccgacggctctctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgctgcatgaggctctgacagccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 7</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcagcctgagcgtgacacctggcgagagcggccagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtag tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgactacctggccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgaggacgtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttg gccagggcaccagggtggacatcaaggacaaaaccataaccgatccgaactgactcagg acctgcccgtctgtggcactgaagcagactgtactattctgcccagggcactcactgccc agccactacgcttctggtatcagaagaaaccggccaggcactgtgctgctgtctacggaa agaacaatagccatctggcatccccgaccgcttctgagcagtcacaggaaccgagcca gtctgaccattaccggcggccaggctgaggacgaagccgattactattcagctcccgggata agagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgacctctcogataagacc cataaccgtacgggtggccgctccagcgtgtcatcttcccacctagcagcagcagctgaagt ccggcacagcctctgctgctgctgctgaacaacttaccctccgaggccaaagtgcagtg gaagtggaacaacgcccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccactacagcctgagcagcaccctgactgagcaaggccgactacgag aagcacaaggtgacgctgcaagtgaccaccaggccctgctgagccccgtgaccaaga gctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 8</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 2</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgyttfahilfwfrqapgrglewvgwikpqygavmfgg gfrdrvlttrdvyreiaymdirgkpdtdavyycardrsyygdsswaldawgqgttvvsaastk gpsvflapsskstsggtaalqclvkdylfpepvtvswngalitsgvhtfpavlgssgylslssvvt vpssslgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppcapellggpsvflfppkpkdltm isrtevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlng keykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvsiscavkgyfypsdiavew esngqpennyktppvltdsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqklsislspg</p>	<p>SEQ ID NO: 9</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrfs gfhtsfnltisdldqaddiatyycqvlqffgrsrhlhkrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnf ypreakvqwkvdnalqsgnsgesvteqdskdstyslssltliskadyekhkvayacevthqglss pvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 10</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrivesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdy aevskgrftisrdntkntlylemnrvtedtgyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdwgggtlvi vssdkthtqvhlqtqsgpevrkpgtsvkvsckapngntktydlhwrvsvpgglqwmgisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavd vdylslnlefwgqgtavtvssdkthtastkpgsvflapssksstggtaalgclvkdyfpepvtvsw nsgaltsgvhftpavlqssglyslsvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkth tcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpetvcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnak tkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylpp crdeltnqvslwclvkgyfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwq qgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 11</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshslsvtppgesasiscksshlihgdrnnylawyvqkprspqliilassrasgvprf sgsgsdkdfllkisirvetedvgttycmqgrespwftgqgkvdikdthtasetlqdpavsvalk qvtvitcrdslrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqaed eadyycssrdksgrslsvfgggtklitvldkthtrvaapsvfifppsdeqlksatasvcllnfypre akvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstliskadyekhkvyacevthqglsspvtk sfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 12</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 2</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggctgagctggtgaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgcccgggtgc ctgtcagacaagcggctacaccttaccgcccacatctgttctggttccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatggaatcaagccccagatggtgcccgtgaactcggcggag gcttccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggctctggatgcttggggcagggcacaaccgtgggtgtctgcccctctaca aaggccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcgggaacagcgc cctgggctgcccctgtaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagggcgtgacaccttccagctgtgctgagctccagggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggaccagacctacatctgcaacctgaaccaca gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgttctgttcccccaagc ccaaggacaccctgatgatcagccgacccccgaagtgacctgctggtggtggtgatgtgtccc acgaggaccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgctcctgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggtgtccaacaagccctgct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccggaaccccaggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatcgcctggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtcccgtggcagcaggccaacgtgttcagctgctcctgctgacagggccctg cacagccactacaccagaaggtccctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 13</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcgggcagagtgaccatc aactgccagacctctcaggcgtgggagcagacctgactggtatcagcacaagcctggcag agcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagtggcgtgcccagcagattt ccggcagcggctccacaccagcttcaacctgacctcagcagatctgagggccagcagattg ccacctactattgtcagggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac gggtggcgtcccagcgtgttcatcttcccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagc ctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaagggcactacgagaagcacaaggt gtacgctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggg gagagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 14</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtagtcaggagggggctgtgaagcccggtaggtctccgctgagct gttctgctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtattggagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtccagaacaggcaatactacgact tctggtccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaaccttgtatcg tgtctccgacaaaaccatacccagggtgacactgacacagagcggaccggaagtgcggaa gcctggcacctctgtgaagggtcctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacct gcactgggtgcgcagcgtgaccaggacagggtgactgagtgatgggtggtatcagccacgag ggcgacaagaaagtgatcgtggaacgggtcaaggccaaagtgacctcagactgggacaga agcaccaacaccgctacctgagctgagcggcctgacctctggcgataaccgctgtactac tgcgccaagggcagcaagcaccgctgagagactacgccctgtacgacgatgacggcgcc ctgaactgggcccgtggtatggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagc cgtgaccgtgtcatctgataagaccacaccgctccaccaagggccatcggtcttccccctg gcaacctctccaagagcacctctggggcacagcggccctgggctgctggttcaaggctga ctccccgaaccgggtgacggtgtcgtggaactcaggcggccctgaccagcggcgtgcacacct ccccgctgtctacagtctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgcccctcagca gcttgggcaccagacctacatctgcaacgtgaatcacagcccagcaaacaccagggtgga caagaaagttgagcccaatctgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctg aacctcggggggaccgtcagctctcctctcccccaaaaccaagacacctcatgatctcc cggaccctgagggtacatcgtggtggtggagcgtgagccacgaagacctgaggtaagtt caactggtatgtgacggcgtggagggtgataatgcaagacaaagccgaggaggagcag tacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtcctaccgtcctgaccagactggctgaatggc aaggagtacaagtgaaggttccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatct ccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggatg agctgaccaagaatcaagtcagcctggtgctgctgtaaaaggcttctatcccagcagatcgc cgtggagtgaggagcaatgggcagccgggagaacaactacaagaccgctcccctgct ggactccgacggctccttctctactcaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgctgcatgaggctctgacagccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 15</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggcagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtagc tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaagaaggactcacctgaagatcagccgggt ggaaaccgagggcgtgggcacactactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttg gccagggcaccaggtggacatcaaggacaaaaccataaccgatccgaactgactcagg acctgcccgtctgtggcactgaagcagactgtactattctgcccagggcactcactgccc agccactacgcttctggtatcagaagaaaccggccaggcactgtgctgctgtctacggaa agaacaatagccatctggcatccccgaccgcttctggcagtgatcagggaaaccgagcca gtctgaccattaccggcggcccaggctgaggacgaagccgattactattgagctcccgggata agagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaaactaaactgacctcctcgataagacc cataaccgtacgggtgcccgtcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagt ccggcacagcctctgctgctgctgctgaacaacttacccccggaggccaaagtgcagtg gaagtggaacaacgcctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccactacagcctgagcagcaccctgactgagcaaggccgactacgag aagcacaaggtgacgctgcaagtgaccaccaggccctgctgtagccccgtgaccaaga gctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 16</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de proteína de unión 3</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>rahlvqsgtamkkpgasvrvcqstsgyftahilfwrqapgrglewvwigpqqygavnfggfr drvtltdrvyreiaymdirglkpdtdtavvycardrsygdsswaldawgqgtvvvsaastkgpsv fplapsskstsggtaalgclvdyfepvvtvswngaltsgvhtfpavlgssgylsivsvtpsss lgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdltmisrtp vtcvvvdvshedpevkfnwvydgvevhnaktkpreeqynstyrsvsvltvlhqdwlngkeykc kvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvslscavkgyfypsdiawewesng qpennyktppvldsdsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 17</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvgsdlhwyqhkpprapkllihhtssvedgvpsrfsqsg fhtsfnltsdlqaddiatyycvqlqffgrslhikrtvaapsvfifppsdeqlksqtasvvcllnfyf reakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltliskadyekhkvyacevthqglsspv tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 18</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhltsqgpevrkpgtsvksckapgnlktldhwrvsvpgglqwmgwishegdkkive rfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdvayycakgskhrlrdyalyddgalnwavdvdylnle fwgqgtavtvssdkthtevrivesggglvkpggslrlscsasgfdndawmtwvrppgkglew vgritgpegwsvdyaesvkrftisrdntkntlylemnrvtedtgyyfcartgkydfwsgypp geeyfqdwgqgtlvivssdkthtastkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdypvptvswn sgaltsgvhtfpavlqssglyslsvvtvpssslgtqtyicvnvhkpsntkvdkkvepkscdkthtc ppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktk preeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcr deltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdkrswqqg nvfscsvlhealthshytqkslsispq</p>	<p>SEQ ID NO: 19</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>aseltqdpavsvalkqtvtitcrdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeaddyccsrdrksrslsvfgggtklvldkthdflvtqspshsvtpgesas iscksshlihgdrnnylawyvqkprspqliylassrasgvpdrfsgsgsdkdfilkisrveted vgtyycmqgrespwftgqgtkvdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfypre akvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltlskadyekhkvayacevthqglsspvtk sfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 20</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 3</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggtgcagctctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgcggtgtc ctgtcagacaagcgggtacacctcaccgcccacatcctgttctgttccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatggaatcaagcccagatgacgcccgtgaactcggcggag gctccgggtagagtgaccctgaccgggacgtgtaccgcgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggtctggtgctggggcagggcacaaccgtggtggtctgcccctctaca aagggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcgaacagccgc cctgggctgctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagcggcgtgcacaccttcagctgtgctgcagtcaccggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaacgtgaaccaca gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctcctgttctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagccgacccccgaagtacctgctggtggtggtgatgtgtcc acgaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaaggccctgct gcccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagcccgcgaacccaaggtgtgc acactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatatcggcgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctacttctcctgggtccaagctgaca gtggacaagtcccgtgagcagggcaacgtgtcagctgctcctgctgacagggccctg cacagccactacaccagaagtcctgagcctgagcccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 21</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtaccatc aactgccagacctcaggcgtgggacgacacctgcactggtatcagcacaagcctggcag agcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagtggcgtgcccagcagattt ccggcagcggctccacaccagcttaacctgacctacagcgtatcagcagcagcagcattg ccacctactattgtcaggtgctcagcttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac gggtggcgtcccagcgtgtcatcttcccacctagcagcagcagcagcagcagcagcagc ctctgtcgtgtcctgctgaacaacttaccctcagggcgaagtgagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagcagcagcagcagcagc cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagcccgtgaccaagagctcaaccggg gagagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 22</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcgaccggaagtcggaagcctggcacctctgtaaggtgctc ctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacctgacctgggtgctgagcagctgcca gacagggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatctggtg aacggtcaaggccaaagtaccatcgactgggacagaaagcaccacaccgctacctgca gctgagcggcctgacctctggcgataccgctgtactactgccaagggcagcaagcacc ggctgagagactacgacctgtacgacgatgacggcgcctgaactgggcccgtggatggtgac tacctgagcaacctggaattctgggcccagggcacagcctgaccgtgcatctgacaaaacc cataccgaggttagactggtgagtcaggagggggctgtgaaagccgggtggctctccgc ctgagctgttctgctccggcttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctcca ggtaagggactggagtgggtggaagaatcacaggtccagggcagggctggctccgtggact acgcggaatctgttaagggcggttacaatcacaaggacaataccaagaatacctgtatttg gagatgaacaacgtgagaactgaaagacaccggaattactctgtgccagaacagcgaata ctacgactctgtccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactggggcagggaaacc ttgtatctgtcctccgataagaccacaccgctccaccaaggccatcggtctccccctgg caccctcctcaagagcacctctggggcacaagcggcctggctggctgcaaggactact tccccgaaccggtagcgtgctggaactcaggcgcctgaccagcggcgtgacacacttcc cggctgtcctacagctcagactctactcctcagcagcgtggtagcctgcccctcagcag ctgggacaccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggac aagaaagttagcccaaatctgtgacaaaactcacacatgccaccgtgccagcacctga actcctgggggaccgtcagctctctctcccccaaaaccaaggacacctcatgatctccc ggaccctgaggtcacatgctggtggtagcgtgagccagcaagaccctgaggtcaagttc aactggtatgtgacggcgtggaggtgataatgccaagacaagcggcgggaggagcagt acaacagcacgtaccgtggtgacgctcctaccgtcctgaccaggtgctggaatggca aggagtacaagtgaaggtctccaacaagccctcccagccccatcgagaaaacctctcc aaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgccgggatgag ctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgctgtaaaaggctctatcccagcagatcgcgg tggagtgggagagcaatgggagcgggagaacaactacaagaccacgctcccgtgctgg actccgacggctcctctcctactcaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagcaggg ggaacgtctctcatgctcgtgctgcatgaggctctgacagccactacacgcagaagagcct ctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 23</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gcataccgaactgactcaggacctgacctctctgtggcactgaagcagactgtgactattctg ccgagggcactcactgaggaccactacgctcctggatcagaagaaccggccaggca cctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgctttctggcagt gcatcagggaaaccgagccagctgaccattaccggcgcccaggtgaggacgaagccgatt actattgagctcccgggataagagcggtccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaa ctgaccgtcctcgacaaaaccataaccgactctgctgctgaccagaccctcagcctgagc gtgacacctggcagagcggcagcagcagctgcaagagcagccactcctgatccacggcg accggaacaactacctgctgtgacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatct acctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcagaaa ggacttaccctgaagatcagccgggtggaaccggagcgtgggacactactactgtatgc agggcagagagagcccctggaccttggccagggcaccagggtggacatcaaggataaga ccataaccgtacggtggcggctcccagcgtgtcatcttcccactagcagcagcagctgaa gtccggcacagcctctgctgctgctgctgaaacttctacccccgagggcacaagtgag tggaaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagga cagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccagggcctgttagccccgtgaccaag agcttcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 24</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 4</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>qvqlvqsggmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprgavnyar plqgrvmtirdvysdtaflelrsltvddtavfyctrkncdynwdfehwgrgtpvsvssastkpsv fplapsskstsggtaalgclvkdyppepvtvswngaltsghvhtfpavlqssgylsllsvvtpss slgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdltlmisrtp evtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrsvsvltvlhqdwlngkey kckvsnkalpapiektiskakgpprepqvctlppsrdeltnqvsiscavkgyfypsdiavewes ngqpennyktppvlvdsdgsfflvskltvdksrwwqgnvfscsvmhealhhnytkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 25</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiisrcrtyqysglawyqrrgqaprlviysgstraagipdrfsgsrwgp dynltisnlesgdfgvyyccqyeffgqtkvqvdkirtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfnf ypreakvqwkdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltltskadyekhkvyacevthqglss pvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 26</p>

ES 2 894 304 T3

<p>Cadena pesada B</p>	<p>evrlvesggglvlpkpgsrlrscsasgfdnawmtwvrrppgkglewvgritgpegwsvdy aevskgrftisrdntkntlylemnnvrtdetgyyfcartgkydyfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvi vssdkthtqvhlvtqsgpevrkpgtsvkvscapgnltktydlhwvrvpqqglqwmgwisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrldyalydddgalnwavd vdylnlefwgqgtavtvssdkthtastkgspsvflapssksstsggtaalgclvkdyfpepvtvsw nsgaltsgvhtfpavqlqssgylsllsvvtvpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkth tcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhna ktpreeqynstyrvsvlvtlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylp pcrdeltknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdksrw qqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 27</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshsvtppgesasiscksshlihgdrnnylawvyqkprspqlliylasrasgvprf sgsgsdkdfllkisirvetedvgtyycmqgrespwftgqgtkvdikdthtaseltqdpavsvalk qtvitcrgdslrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqaed eadyyccsrdrksgsrsvfgggtklitvdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypr eakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 28</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 4</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>cagggtgcagctgggtcagctctggcggccagatgaagaaccggcgagagcatgcggtatca gctgcagagccagcggctacgagttcatgactgcaccctgaactggatcagactggccctg gcaagcggcctgagtgatggatggatgctgaagcctagaggcggagccgtgaactacgccag acctctgcaggcagagtgaccatgaccgggacgtgtacagcgataccgcttctggaact goggagcctgaccgtgtagataccgcccgtgtactctgcacccggggcaagaactgcgacta caactgggactcagcactggggcagaggcaccctgtgatcgtgcaagcgcgtcgacca agggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgc ctgggctgcctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagggcgtgcacaccttccagctgtgtcagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctcctgggaccagacctacatctgcaactggaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaaccacaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggcccttccgtgttctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagcggacccccgaagtgacctgctggtggtggtgatgtgtccc acggagaccctgaagtgaagttcaatfgtagctggagcggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtagacaacagcaccctaccgggtggtgtcctgctgaccgtgt gcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggtgtccaacaagccctgcct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccgcgaaccaggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatatcggcgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctcattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtcccgtggcagcaggccaacgtgttcagctgtcctgtagtcacagggccctg cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 29</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatcat cagctgccggacaagccagtagcggcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacagggc cccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcg gtctcagatggggccctgactacaacctgacctcagcaacctggaagcggcgactctggc gtgtactactgccagcagtagcagttctcggccagggcaccagggtgaggtggacatcaag cgtacgggtggccgctcccagcgtgtctctccacctaagcagcagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggt ggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcac aagggtgtagcctgcgaagtgaccaccagggcctgttagccccgtgaccaagagctcaa ccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 30</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtagtcaggagggggctgtgaagcccggtaggtctccgctgagct gttctgctccggcttatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtattggagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattctctgtgccagaacaggcaatactacgact tctggtgggctatccccctggcgaggaatatttcaagactggggtcagggaaccctgttatcg tgtctccgacaaaaccatacccagggtcacctgacacagagcggaccogaagtgcggaa gcctggcacctctgtgaaggtgtctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacct gcactgggtgctgcagcgtgaccaggacagggtgactgagtgatgggtggatcagccacgag ggcgacaagaaagtgatcgtggaacgggtcaaggccaaagtaccatcgactgggacaga agcaccaacaccgctacctgagctgagcggcctgacctgtggcgaataccgctgtactac tgcgccaagggcagcaagcaccgctgagagactaccccctgtacgacgatgacgccc ctgaactgggcccgtgatgtgactacctgagcaacctggaattctggggccaggggcacagc cgtgacctgtcatctgataagaccacaccgctccaccaagggccatcggtcttccccctg gcacctctccaagcagcctctggggcagcggcctgggctggctgctgcaaggtcaagctg ctccccgaaccggtagcgtgtctggaactcaggcggcctgaccagcggcgtgcacacct ccccgctgtctacagtctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgcccctcagca gcttgggcaccagacctacatctgcaactggaatcacagcccagcaaacaccagggtgga caagaaagttgagcccaatctgtgacaaaactcacacatgcccaccgtgcccagcacctg aacctcggggggaccgtcagctctcctctcccccaaaaccgaagacacctcatgatccc cggaccccctgaggtcacatcgtggtggtggagcgtgagccacgaagaccctgaggtcaagt caactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatgcaagacaaagccgaggaggagcag tacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtcctaccgtcctgaccagactggctgaatggc aaggagtacaagtgaaggttccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatct ccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggatg agctgaccaagaatacagctacgctgtgctgctgtaaaaggcttctatcccagcagatcgc cgtggagtgaggagcaatgggagcgggagaactacaagaccgctcccctgct ggactccgacggctccttctctactcaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgctgcatgaggctctgacagccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 31</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggccagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtagc tgcaagagcccggcagatccccccagctgctgactacctggccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgagagcgtgggcacactactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttg gccagggcaccaggtggacatcaaggacaaaaccataaccgatccgaactgactcagg acctgcccgtctgtggcactgaagcagactgtactattctgcccagggcactcactgccc agccactacgcttctggtatcagaagaaaccggccaggcactgtgctgcttctacggaa agaacaatagccatctggcatccccgaccgcttctgagcagtcacaggaaccgagcca gtctgaccattaccggcggccaggctgaggacgaagccgattactattgagctcccgggata agagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaaactaactgacctctcogataagacc cataaccgtacgggtggccgctcccagcgtgtcatcttcccacctagcagcagcagctgaagt ccggcacagcctctgctgctgctgctgaacaacttaccctccgaggccaaagtgcagtg gaagtggaacacgcccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccactacagcctgagcagcaccctgactgagcaaggccgactacgag aagcacaaggtgacgctgcaagtgaccaccaggccctgctgtagccccgtgaccaaga gctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 32</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 5</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprggavnyar plqgrvmttrdvysdtaflelrlstvdtdavyfctrqkncdynwdfehwgrgtpvsvsastkgs fplapsskstsggtaalgclvkdypvsvswngaltsgvhtfpavllqssgylsivsvtpsss lgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggsfvfppkpkdltmisrtpe vtcvvvdshedpevkfnwvydgvevhnaktkpreeqynstyrsvsvltvhdwlngkeykc kvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvslscavkgyfypsdiavewesng qpennyktppvlidsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 33</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqyglawyqrrpgqaprlviysgstraagipdrfsgsrwgp ynltisnlesgdfvyycqyefggqtkvqvdkirtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfy preakvqkwvndnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstliskadyekhkvacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 34</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrivesggglvlpkpgsrlrscsasgfdndawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnrvtedtgyyfcartgkydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvi vssdkthtqmqlesgpglvpsetlsltsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvvhksgd tnyspksrsvnlsltdsknqvslvaataadsgkyycarlhgrriygivafnewftyfymdvwg ngtqvtvssdkthtastkpgsvfplapsskstsggtaalgclvkdyfepvtvswngaltsgvht fpavlqssgylssovtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppapell ggpsvflfppkpkdtlmsirtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyns tyrvsvlthqdwlingkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqvs wclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvlidsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvm healthnhtqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 35</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhraggapsliiynqdrpsgiperfsgspdspfgtt atlititsveagdeadyychiwdsvrptkwwfgggtltdkthtaseltqdpavsvalkqtvtitcrg dslrshyaswykkgpqpvllyfgknnrpsgipdrfsgsasgnraslitgaaqaeadeadyycs srdksgrslsvfgggtkltdkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvkwk vdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 36</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 5</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Caggtgcagctggcagctctggcggccagatgaagaaacccggcgagagcatgcccgatc agctgcagagccagcggctacgagttcatcagctgcaccctgaactggatcagactggcccct ggcaagcggcctgagtgatggatggatggctgaagcctagagggcgagcctgaactacgcca gacctcgcagggcagagtgacctgaccgggacgtgtacagcgataccgccttctctgaa ctcggagcctgaccgtgatgataccgctgtactctgcaccggggcaagaactcgcgac tacaactgggactcagcactggggcagaggcaccctgtgatcgtgtcaagc gcgctgaccaagggccccagcgtgttccctctgcccctagcagcaagagcacatctggcgg aacagccgcccctggctgctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctcctggaat tctggcggcctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagtcagcggcctgta gcctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggaccccagacctacatctgcaacg tgaaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgac aagaccacacctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgttctgttc ccccaaagcccaagagacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgcctgctggtggt ggatgtgtccacgagaccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgca caacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgctcgt gctgaccgtgctgaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaagggttccaac aaggccctgctgccccatcagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcaaa ccccaggtgtgcactgccccaaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctga gctgtgcccgtgaaaggcttaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagc ccgagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctggtgc caagctgacagtgacaagtcccgtggcagcagggcaacgtgtcagctgctcctgtagtc acgaggccctgcacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 37</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatcat cagctgcccggacaagccagtacggcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacagggc cccagactcgtgatctacagcggcagcaagaagcggcggaaatccccgatagattcagcg gctccagatggggccctgactacaacctgacctcagcaacctggaaagcggcactcggc gtgtactactgcccagcagtagcttctcggccagggcaccagggtgcaggtggacatcaag cgtacgggtggcggctcccagcgtgtcatcttccacctagcagcagcagctgaagtcggca cagcctctgctgtgctcgtgaacaacttaccctccgaggccaaagtgcagtggaaggt ggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcac aagggtacgctgcaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaa ccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 38</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggtagactggtggagtcaggagggggcctgtgaagcccgtgggtctcctccgctgagct gttctgctccggccttatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggttaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttgagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtccagaacaggcaatactactgact tctggtgggctatccccctggcgaggaatatttcaagactggggtcagggaaccctgttatcg tgtctccgacaaaaccataccagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaaag cccagcgagaccctgagcctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctact ggagctggatcaggaggccctggcaaggccctggagtgatcggctacgtgcacaagag cggcgacaccaactacagcccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagca agaaccaggtgagcctgtccctgggtgctccacagctgctgacagcggcaagtactactgtg ccaggaccctgcacggcaggagatctacggcatcgtggcctcaacgagtggtcacctactt ctacatggagctgtggggcaacggcaccaggtgacctgagctccgataagaccacacc gctccaccaaggcccatcgttctccccctggcaccctctccaagagcactctgggggca cagcggccctgggctgctgctcaaggactctccccgaaccgggtgagctgtgctggaact caggcgccctgaccagcggcgtgcacacctccccggctgctctacagctcctcaggactctactc cctcagcagcgtgtgacctgtccctccagcagctgggcaccagacctacatctgcaactg gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagcccaaatctgtgacaaa actcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagcttctcttccc cccaaaaccaaggacacctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgctggtggtg acgtgagccacgaagacctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgata atgcaagcaaaagcggcgggaggagcagtaacaacagcagcgtaccgtgtggtcagctcct caccgtcctgaccagcagcgtgctgaatggcaaggagtaacaagtgcaaggttccaacaaa gcccctccagccccatcgagaaaaccatctccaagccaaaggcagccccgagaacca caggtgtacacctgccccatgcccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtg ctggttaaaggcttctatccagcgacatcgcctgagtgaggagcaatgggagccgga gaacaactacaagaccagcctcccgtgctggactccgacggctccttctctactcaaaa ctcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcagctccgtgatgcatgag gctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctcctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 39</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tccgacatcagcgtggccccggagagacagccaggatctctcggcgagaagagcctgg gaagcagggctgtgacgtggtaccaacacagggccggacaggtcccagcctgatcatctac aacaaccaggacagggccagcggcatccctgagagggtcagcggaaagccccgacagcccc ttcgaaccacagccacctgacctacacaagcgtggaagccggcgacgagggccgactact actgcccacatctgggacagcaggggtgccaccaagtgggtttggcggcggcaccacctg accgtgctggacaaaaccataccgcatccgaactgactcaggaccctgcccctctctgtgga ctgaagcagactgtactattactgcccagggcagctactcggagccactacgcttctggta tcagaagaaaccggccagcaccctgtgctgttctacggaaagaacaataggccatctg gcatccccgaccgcttctgagcagtcacagggaaaccgagcagctgaccattaccggcgc ccagcgtgaggacgaagcggattactattgagctcccgggataagagcggctccagactga gctgttccggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagaccatacccgtaggtggccg ctcccagcgtgttctctcccactagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc tgccctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccc gcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggaagcagcaaggactccacctaca gctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctg cgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 40</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 6</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprggavnyar plqgrvtmtrdvysdtafilelrsltdtavyfctrknncdynwdfehwgrgtpvsvssastkgpsv fplapskskstsgtaalgclvkdyppepvtvswngalstgwhfpavlqssglylssvvtvpsss lgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtlmsirtp vtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykc kvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvsiscavkgyfypsdiavewesng qpenyktppvldsdsfllvskltvdksrwqqnfvscvmhealthhnyhtqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 41</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiisrctsqygslawyqrrpqqaprliivysgstraagipdrfsgsrwgp ynltisnlesgdfgyycqyefgqgktvqvdkrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfy preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltlskadyekhkvyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 42</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhltsqgpevrkpgtsvksckapgnlktldhwvsvpgglqwmgwishegdkkive rfkakvidwdrstntaylqlsglsgdtavvycakgskhrlrdyaldgdalnwavdvdylnle fwgqgtavtvssdkthtevrivesggglvkpggslrlscsasgfdndawmtwvrrppgkglew vgritpgegswvdyaesvkrftisrdntkntlylemnrvtedtgyyfcartkyydfwwgyp pgeeyfqdwgggtlivssdkthtastkgsplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvsw nsgaltsgvhtfpavlqssglyslsvvtvpssslgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkth tcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpetvsvvdshedpevkfnwyvdgvevhnak tkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylpp crdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwq qgnvfscsvmhealthnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 43</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Aseltqdpavsvalkqvtitrcgdsrlrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeaddyccsrkdsgsrslsvfgggtklvldkthdftlqspshslsvtpgesas iscssshlihgdrnylawyvqkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsgsdkdfllkisirveted vgtyycmqgrespwftgqgtkvdikdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypre akvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstitlskadyekhkvyacevthqglsspvtk sfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 44</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 6</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgagctctggcggccagatgaagaaccggcgagagcatgcccgatca gctgcagagccagcggctacgagttcatgactgcaccctgaactggatcagactggccctg gcaagcggcctgagtgatggatggctgaagcctagaggcggagccgtgaactacgccag acctctgcaggcagagtgaccatgaccgggacgtgtacagcgataccgacctctggaact goggagcctgaccgtggatgataccgcccgtgtactctgcacccggggcaagaactgcgacta caactgggactcagcactggggcagaggcaccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgacca agggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgc ctgggctgcccctggaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagggcgtgcacaccttccagctgtgtcagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctcctgggaccagacctacatctgcaactggaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaaccacaagagctgcaagaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgtcctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtgaactgctggtggtggtgatgtgtcc acgaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcaccctaccgggtggtgtccgtgctgaccgtgt gcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggtgtccaacaagccctgct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagcccgcgaaccaggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatatgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctcattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtcccgtggcagcaggccaagctgttcagctgtcctgtagtcacgagggcctg cacaaccactacaccagaagctccctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 45</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccagcggagacagccatcat cagctgccggacaagccagtagcggcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacagggc cccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcg gtccagatggggccctgactacaacctgacctcagcaacctggaagcggcgacttcggc gtgtactactccagcagtagctgctctcggccagggcaccaggtgaggtggacatcaag cgtacgggtggccgctcccagcgtgtctctccacctaagcagcagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtcctgtgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggt ggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcac aagggtacgcctgcgaagtgaccaccagggcctgttagccccgtgaccaagagcttcaa ccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 46</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagggtcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtaaggtgctc ctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacctgacctgggtgagcagcgtgccag gacagggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatctggtg aacggtcaaggccaaagtaccatcgactgggacagaaagcaccacacccgctacctgca gctgagcggcctgacctctggcgataccgcccgtgtactactgcccaggcagcaagcacc ggctgagagactacgacctgacgacgatgacggcgcctgaactgggcccgtggatgtggac tacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgaccgtgcatctgacaaaacc cataccgaggttagactggtagtcaggagggggctgtgaaagcccgggtggctctccgc ctgagctgttctgctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctcca ggtaagggactggagtgggtggaagaatcacaggtccagggcagggctggctccgtggact acgcggaatctgttaagggcggttacaatcaagggacaataccaagaatacctgtatttg gagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaata ctacgactctgggtgggctatccccctggcgaggaaatatttcaagactggggcagggaaacc ctgttatctgtctccgataagaccacaccgcttccaccaagggccatcggctctccccctg gcacctctccaagagcacctctggggcacagcggccctgggctgcccctggtcaaggacta ctccccgaaccggtagcgggtgctgggaactcaggcgcctgaccagcggcgtgcacacctt ccccgctgtctacagtctcaggactctactccctcagcagcgtggtagccctgcccctcagca gcttgggcaccagacctacatctgcaacgtgaatcacagcccagcaaacaccagggtgga caagaaagttgagcccaatctgtgacaaaactcacacatgccaccggtcccagcacctg aacctctggggggaccgtcagctctctctcccccaaaacccaaggacacctcatgatctcc cggaccccctgaggtcacatcggtgggtggagcgtgagccacgaagaccctgaggtcaagtt caactggatgtgacggcgtggaggtgcataatccaagacaagccgagggaggagcag tacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtctcaccgtctgaccagactggctgaatggc aaggagtacaagtcaaggttccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatct ccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgccgggatg agctgaccaagaatacagtcagcctgtgctgctgtaaaaggcttctatcccagcgacatcgc cgtggagtgggagagcaatgggcagccgggagaacaactacaagaccgctcccctgct ggactccgacggctctctctactcaaaactaccggtgacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 47</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Gcatccaactgactcaggacctgcccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattacttg ccgagggcactcactgaggaccactacgcttccctggatcagaagaacccggccaggca cctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttcttggcagt gcatcagggaaaccgagccagctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgatt actattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaa ctgaccgtctcgaacaaaccataaccgactctgctgctgaccagagccctcagcctgagc gtgacacctggcgagagcggcagcagcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcg accggaacaactacctgctgtgtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatct acctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgacaaa ggacttaccctgaagatcagccgggtggaaccggagcgtgggacactactactgtatgc agggcagagagagcccctggaccttggccagggcaccaggtggacatcaaggataaga cccataccgtacgggtggccgctcccagcgtgtcatcttcccactagcagcagcagcgtgaa gtccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcag tggaaaggtggacaacgcccctgacagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagga cagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccagggcctgttagccccgtgaccaag agcttcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 48</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 7</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprggavnyar plqgrvmttrdvysdtaflelrsitvddtavfctrgkncdynwdfehwgrgtpviviassastkgpsv fplapsskstsggtaalgclvdyfpepvivswngaltsgvhtfpavlqssglyslsvvtvpsss lgtqtyicnvnhkpnsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdltimisrtpe vtcvvvdvshedpevkfnwvydgvvhnaktkpreeqynstyrsvsvltvlhqdwlngkeykc kvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvslscavkgyfypsdiavewesng qpennyktppvlidsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 49</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqyglawyqqrpgqaprlviysgstraagipdrfsgsrwgp ynltisnlesgdgfyvycqyefgggtkvqvdkirtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfy preakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltslkadyekhkvvyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 50</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qmqLqesgpglvkpksetlslcsvgasidsywswirrspgkglewigyvkhsgdtnyspslk srvnlsldtsknqvslsivaataadsgkyycartilhgriyivafnewftyfymdvwngtqvts sdkthtQvhltsqgpevrkpgtsvksckapgnlkydlhwvrvpqqglqwmgwishegd kkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavvycaKgsKhrldyalydddgalnwavdv dylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgspsvflapssksstsggtaalgclvdyfepvptvsw sgaltsgvhtfpavlqssglyslsvvtvpssslgtqiyicvnvhkpsntkvdkkvepkscdkthtc ppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktk preeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqpreppqytlppcr deltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwqqg nvfscsvmhealhhhtqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 51</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Dfvltsqshslsvtgesasiscksshlihgdrnnylawyvqkpgrrspqliylasrasgvprf sgsdskdflikisrvetedvgtyycmqgrespwtfqggtkvdikdthtsdisvapgetariscg ekslgsravqwyqhragqapsliiynndrpsgiperfsgspdspfgttatitsveagdeady chiwdsrvptkwwfgggtltdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvq wkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekkhvyacevthqglsspvtksfnr ec</p>	<p>SEQ ID NO: 52</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 7</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>cagggtcagctggtcagctctggcggccagatgaagaaccggcgagagcatgcgatca gctgcagagccagcggctacgagttcatgactgcaccctgaactggatcagactggccctg gcaagcggcctgagtgatggatggctgaagcctagaggcggagccgtgaactacgccag acctctgcaggcagagtgaccatgaccgggacgtgtacagcgataccgacctctggaact ggggagcctgaccgtggatgataccgcccgtgtactctgcacccggggcaagaactgcgacta caactgggactcagcactggggcagaggcaccctgtgatcgtgcaagcgcgtcgacca agggccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacggcc ctgggctgcctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagggcgtgcacaccttccagctgtgtcagctccagggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgccagcagctcctgggaccagacctacatctgcaactggaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcaagaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgtcctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgctggtggtggtgatgttccc acgaggacctgaagtgaagttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcaccctaccgggtggtgctcctgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggtgtccaacaagccctgcct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccgcgaaccccaggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatatcggcgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcattctcctggttccaagctgaca gttgacaagtcccgtggcagcagggcaacgtgttcagctgctcctgtagcagaggccctg cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 53</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccagggcagacagccatcat cagctgccggacaagccagtagcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacaggcc cccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagc gctccagatggggccctgactacaacctgacctcagcaacctggaagcggcgactctggc gtgtactactgccagcagtagcagttctcggccagggcaccagggtgaggtggacatcaag cgtacgggtggccgctcccagcgtgtctatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggt ggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcac aagggtacgcctgcgaagtgaccaccagggcctgttagccccgtgaccaagagctcaa ccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 54</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcagaccctgagcctgacatgcagcgtgagcggcggccagcatcagcgcagactactggagctggatcaggaggagccc tggcaagggcctggagtgatcggctacgtgcacaagagcggcgacaccaactacagcccc tcctgaagtccagggtagacctgtccctggacaccagcaagaaccaggtagcctgtccctg gtgctccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgccaaggaccctgcacggcaggag gatctacggcatcgtggcctcaacagtggttacctactctacatggacgtgtggggaacg gcaccaggtagccgtgagctccgcaaaaaccataccaggtagcctgacacagagcgg gaccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgctctgcaaggcccctggcaacc ctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgagcgtgccaggacagggactgacgtggatgg gctggatcagccacgaggggcacaagaaagtatcgtggaacggttcaaggccaaagtac catcactgggacagaagcaccacaccgcctacctgacgtgagcggcctgacctgtggcg ataccgctgtactactgccaagggcagcaagcaccgctgagagactacgcccgtgac gacgatgacggcgcctgaactggcggctggatgtggactacctgagcaacctggaattctg ggcaagggcacagccgtgacctgtcatctgataagaccacaccgctccaccaagggcc atcgtctccccctggcaccctcccaagagcacctctggggcagagcggcccctggcgtg ctggtcaaggactactccccgaaccggtagcgggtgctgtggaactcaggcgcctgaccagc ggctgacacacctccggctgtctacagctcctcaggactctactccctcagcagcgtgtgac cgtgccctccagcagctgggcaaccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagca acccaaggtggacaagaaagttagaccctctgtgacaaaactcacatgcccaccg tggccagcacctgaactcctgggggaccgtcagctctctctcccccaaaaaccgaaggac acctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgctgggtgggacgtgagccacgaagac cctgaggtaagtcaactggatgtgacggcgtggagggtgataatgcaagacaagccg cgggagagcagctacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctaccgtcctgaccagga ctggctgaatggcaaggagtacaagtgaaggtcacaacaagccctcccagccccatcg agaaaaccatctcaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgcccc catgcccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtcctgtaaaaggctctatcc cagcagatcggcgtggagtgaggagcaatgggacggcggagaacaactacaagacca cgctcccgtgctggactccgacggctcctctctctactcaaaactaccgtggacaagagc aggtggcagcaggggaacgtctctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactaca cgcagaagagcctcctctgctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 55</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggcagcat cagctgcaagagcagccactcctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacg tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgactacctggccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaacaaggactcacctgaagatcagccgggt ggaaaccgagagcgtgggacactactactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttg gccagggcaccagggtggacatcaaggcaaaaaccatacctccgacatcagcgtggccc ccggagagacagccaggatcctcggcgagaagagcctgggaagcagggcgtgacgt ggtaccaacacagggccggacaggtcaccagcctgatctacacaaccaggacagggc ccagcggcatcccgtgagaggtcagcggaaagcccagaccctcggaaaccacagccac cctgaccatcaaaagcgtggaagccggcgacgagggcggactactactgccacatctgggac agcagggtgcccaccaagtggtgtttggcggcggcaccacctgacctgctggataagac ccatacccgtagcgtggcggcctccagcgtgtcctctccaccctagcagcagcagctgaag tccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaactctacccccgagggcacaagtgagct ggaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagga cagcaaggactccactacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccagggcctgctgagccccgtgaccaag agctcaaccggggcgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 56</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 8</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsyftahilfwfrqapgrglewvqwikpqqygavnfggf rdvltlrdivyreiaymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgqgtvvvsaastkgps vfplapsskstsggtaalgclvkdyppepvtvswngaltsghvtfpavlqssglyslsvvtvps slgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellgppsflfppkpkdtilmisrt evtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqnystyrvvsvlthqdwlngkey kckvsnkalpapiektiskakgqprepvctlppsrdeitknqvsllscavkgyfypsdiavewes ngqpennyktppvlvsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqklsislspg</p>	<p>SEQ ID NO: 57</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrfsqsg fhstfnltsldqaddiatyycvqlqffgrsrllhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyp reakvqwkdnalqsgnsqesvteqdskdstsyslssltskadyekhkvvyacevthqglsspv tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 58</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>EvrIvesggglvkpggsIrlscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritgpgewsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnrvtedtgyyfcartgkydfwgyppgeeyfqdwgggtlvi vssdkthtqvqlvesgggvvqpgtsIrlscaasqfrfdgygmhwvrqapgkglewvasishdg ikkyhaekvwgrftisrdnskntlylqmnsIrpedyalycakdlredeceewwsdydfgkqlp caksrgglvgiadrwgggtmvtvssdkthtastkgspsvflapsskstsggtaalgclvkdypfe pvtvswngalstgvtfpavlqssgylssovtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvpep scdkthtccppapellggpsvflfppkpkdtlmsirtpevtcvvdvshedpevkinvywvdgv evhnaktkpreeqynstyrvsvtlvhqdwingkeykckvsnkalpapiektiskakgqprep qvytlppcrdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpplvsdsgsflyskltv dksrwqqgnvfscsvmhhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 59</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Qsvltqppsvsaaaggkvtiscsgntsnignnfvswyqrrpgrapqlliyetdkrpsgipdrfsa sksgtsgtlaitglqtgdeadyycatwaaslsarvfgtktvldkthtaseltqdpavsvalkqt vitiicrgdsIrlshyaswykkgqgqapvllfygknrrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqaeda dyycssrdksgrsvfvgggtklvldkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreak vqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkyacevthqglsspvtksf nrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 60</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 8</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggctgagctggtgaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgcccgtgct ctgtcagacaagcggctacaccttaccgcccacatctgttctggttccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatggaatcaagccccagatggtgcccgtgaaactcggcggag gcttccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgcgagatcgctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgctgcccagagacagaagctacggcg acagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtgggtgctgctgcccctcta caaaggccccagcgtgtccctctgcccctagcagcaagagcacatctgcccggaaacagc cgcccctgggctgctgtaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctggaattctggcg ccctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgagctccagcggcctgtacagcctga gcagcgtctgacagtgcccagcagctctggtgaccagacctacatctgcaacgtgaac cacaagcccagcaaaccaagggtgacaagaagggtggaaccaagagctgctgcaacaaga cccacacctgtcccctgtcctgccccgaactgctggaggcccttccgtgttctgttcccc caaagcccaggacacctgatgatcagccgacccccgaagtgaactgctggtggtgga tgttcccacagaggaccctgaagtgaaattcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcaca cgccaagaccaagccaagagaggaacagtaaacagcacctaccgggtggtgctcctgct gaccgtgctgaccaggactggtgaacggcaagagtaaacagtgcaagggttccaacaag gccctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcaacc cagggtgctcacactgcccccaagcaggacgagctgaccaagaaccaggtgtcccctgagct gtgcccgtgaaaggcttaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattcttctggtgctc aagctgacagtggaagtcaccggtggcagcaggccaacgtgttcagctgctccgtgatgca cgaggccctgcacaaccactacaccagaagtccctgagcctgagccccgcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 61</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Tacatccactgacccagagcccagcagcctgtccgtgctccatcgcgacagagtgacat caactgccagacctctcagggcgtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggca gagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagattt tccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgacctcagcagatctgcaggccgacgacatt gccacctactattgtcagggtgctgagcttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgt cgggtggccgctcccagcgtgttcatcttccacctagcagcagcagcagctgaagtccggcacag cctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaagggtg acaacgccctgacagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaagga ctccacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcaca gggtgacgctgcaagtgaccaccaggcctgtctgccccgtgaccaagagcttcaacc ggggcagagt</p>	<p>SEQ ID NO: 62</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtggagtcaggagggggctgtgaagcccgggtgggtctctccgctgagc tgttctgctccggcttgatttcgataaacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtgag ggactggagtggtgggaagaatcacaggccaggcggaggctggctcctggactacgagg aatctgtaagggcggtttacaatctcaaggacaataccaagaatacctgtatttggagatg aacaactgagaactgaagacaccggatattactctgtgccaagaacaggcaataactacga ctctggtgggctatccccctggcgaggaatatttcaagactggggtcagggaaccctgttat cgtgtcctccgacaaaaccatacccagggtcagttgtggagctggtgggaggcgtgttcca gcctgggacgtccctgagactctcctgtgagcctctcaatcagggttgatggtatggcatgca ctgggtccgaccaggccccaggcaaggggctggagtggtggcatctatatcacatgatggaat taaaaagtatcagcgagaaaaagtgtggggccgcttcaccatctccagagacaattccaaga acacactgtatctacaatgaacagcctgcgacctgaggacacggctctactactgtgca aagatttgcgagaagcgaatgtgaagagtggtggcggattattacgatttgggaacaact cccttgcgcaaagtacgcggcggtggtggaaatgtgataactggggccaagggacaat ggtcaccgtctctcagataagaccacaccgctccaccaagggccatcggtcttccccctg gcacctctccaagagcacctctggggcacagcggccctgggctgctgctcaaggtcaagga ctccccgaaccgggtgacggtgtcgtggaactcaggcggccctgaccagcggcgtgcacacct cccggctgtctacagtctcaggactctactcctcagcagcgtggtgacctgacctccagc agcttggcaccagacctacatctgcaactgcaatcaagcccagcaacaccaagggtg acaagaagttagcccaaatctgtgacaaaactcacatgcccaccgtgcccagcact gaactcctgggggaccgtcagctctccttcccccaaaaaccaaggacacctcatgatct cccggaccctgaggtcacatgctggtgggtggacgtgagccagaagacctgaggtcaa gttcaactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatccaagacaaaagccgaggaggagc agtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctaccgtctgaccaggactggctgaatg gcaaggagtacaagtgaaggtctcaacaagccctccagccccatcgagaaaacct ctcaaagcaaaaggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggga tgactgaccaagaatcaagtcagcctgtgctgctgtaaaaggctctatccagcagatc gccgtggagtgaggagcaatggcagccgggagaacaactacaagaccagcctcccgtg ctggactccagcggctctctcctctactcaaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagc aggggaacgtctctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaaga gcctctcccgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 63</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Cagtctgtgctgacgcagcccccctcagtgctgcgccccaggacagaaggtcaccatctcc tgcctggaacacctccaacattggcaataatttgtctctggtatcaacagcgcgccggcag agcccccaactcctcattatgaaactgacaagcgaacctcagggtcctgacctgctctg ctccaagtctggtacgtcaggcaccctggccatcaccgggtcagactggggacgaggcc gattactctgcgccacatggcctgcccagcctgagttccgcgctgtctcggaactgggacca aggtcatcgtcctggacaaaaccataaccgcatccgaactgactcaggacctgcccgtctgt ggcactgaagcagactgtgactattactgcccaggcagctcactgcccagccactacgctcc tggatcagaagaaccggccaggcacctgtgctgcttctacggaagaacaatagcc atctgcatccccgaccgttttctgagctgcatcagggaaccgagccagctgaccattacc ggcgcccaggctgaggcgaagccgattactattgagctcccgggataagagcggctcca gactgagcgtgttcggaggaggaactaaactgacctcctcgataagaccataaccgtacg gtggccgctcccagcgtgttcatcttcccactagcagcagcagctgaagtccggcacagcc tctgtcgtgtcctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggact ccactacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaagg tgtacgctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccgg ggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 64</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 9</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprggavnyar plqgrvtmtrdvysdaflelrslvddtavfctrngkncdynwdfehwgrgtpvsvssastkgpsv fplapskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqssgylsllsvvtvpsss lgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtlmsrtpe vtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykc kvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvsiscavkgyfypsdiavewesng qpennyktppvlstdsgsflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealthhnytkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 65</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqyglawyqrrpgqaprliivysgstraagipdrfsgsrwgp ynlitlsnlesgdfvyycqqyeffgqgtkvqvdkirtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfy preakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglssp vtksnfrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 66</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>EvrIvesggglvkpggsrlrscsasgfdnawmtwvrrppgkglewvgritgpegwsdy aesvkgrftisrdntkntlylemnrvrtedtgyyfcartgkydfwvgyppgeeyfqdwggqtlvi vssdkthtqvqlvesggvvpqgtsrlrscasqfrfdgygmhwvrrqapgkglewvasishdg ikkyhaekvwgrftisrdnsknlylqmnslrpedtalyycakdlredeceewwsdydfgkqlp caksrgglvgiadrwggqtmvtvssdkthtastkgspsvflapsskstsgtaalgclvkdypfe pvtvswngalstgvyhtfpavlqssgylssovtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvpep scdkthtccppapellggpsvflfppkpkdtlmsirtpevtcvvdvshedpevkfnwyvdgv evhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwingkeykckvsnkalpapiektiskakgqprep qvtylppcrdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpplvdsdgsfflyskltv dksrwqqgnvfscsvmhhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 67</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>qsvltqppsvsaaaggkvtiscsgntsnignnfvswyqrrpgrapqlliyetdkrpsgipdrfsas ksgtsgltaigtqtddeadyyatwaaslsrarvfgtgvtkvivldkthtaseltqdpavsvalkqvt itcrdslrshyaswyqkpgqapvllfygknrrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqaead yycssrdksgsrlsvfgggtklitvdktthrtvaapsvflfppsdeqlksgtasvcllnnfyreakv qwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltitliskadyekhkvyacevthqglsspvtkfsnr gec</p>	<p>SEQ ID NO: 68</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 9</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgcagctctggcggccagatgaagaaccggcgagagcatgcgatca gctgcagagccagcggctacgagttcatcactgcaccctgaactggatcagactggcccctg gcaagcggcctgagtgatggatggctgaagcctagaggcggagccgtgaactacgccag acctctgcagggcagagtgaccatgaccgggacgtgtacagcgataccgcttctggaact gcgagcctgaccgtggatgataccgcccgtgacttctgacccgggcaagaactgcgacta caactgggacttcgagcactgggagagcaccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgacca agggccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccc ctgggctgcctctgtaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagtcagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgaacgtgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcaagaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggcccttccgtgttctgttcccccaaacg ccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgcctgctgggtggatgtgtccc acgaggccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggttccgtgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaaggccctgct gccccatcgagaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcaaccccagggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcccgtga aaggcttctaccctccgatcgcctggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctgacagcagcggctcattcttctggttccaagctgaca gtggacaagtcccgtggcagcaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgacagggccctg cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 69</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatcat cagctgcccggacaagccagtagcggcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacagccc cccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcg gtccagatggggccctgactacaacctgacctcagcaacctggaagcggcagacttccgc gtgtactactgccagcagtaggttcttccggccagggcaccgaaggtgcaggtggacatcaag cgtacgggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccacctagcagcagcagctgaagtccggca cagcctctgtcgtgtcctgtgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggt ggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaag gactccacctacagcctgagcagaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcac aagggtgacgctgcaagtgaccaccagggcctgttagccccgtgaccaagagctcaa ccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 70</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggaggagcaggagggggctgtgaagcccgggtggtctctccgctgagct ggtctgctccggcttggatctcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaag gactggagtggtgggaagaatcacaggccaggcaggggctggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggttacaatctcaaggacaataccaagaatacctgtatttgagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaataactacgact tctggtgggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaacctgttatcg tgtctccgacaaaaccatacccagggtcagttggaggctggtggggaggcgtggtccagc ctgggacgtccctgagactctcctgtgcagcctcaattcaggtttgatggttatggcatgcactg ggcccgccaggcccaggcaaggggctggagtggtggcatctatacacatgatggaattaa aaagtatcacgcagaaaaagtgtggggccgttcaccatctccagagacaattccaagaaca cactgtatctacaaatgaacagcctgcgacctgaggacacggctctactactgtgcaaaaga ttcgagagaagacgaatgtgaagagtggtggtcggattattacgatttgggaaacaacctcctg cgaaagtacgcggcggtggtggaattgctgataactggggcaagggaacaatggtcac cgtctctcagataagaccacaccgcttcaccaaggccatcggtctccccctggcacct cctcaagagcacctctggggcacaagcggcctggctgctggtgcaaggactactccccg aacgggtgacggtgctggtggaactcaggcggcctgaccagcggcgtgcacacctccccgct gtcctacagctcaggactctactcccagcagcgtggtgacctgcccaccagcagctggg caccagacctacatctgcaactgcaatcaagccagcaacaccaagggtggacagaa agttgagcccaaatctgtgacaaaactcacacatgccaccgtgccagcactgaaactcctg gggggacctcagctctctcccccaaaaccaaggacacctcatgatctcccgacc ctgaggtcacatgctggtggtggagctgagccacgaagacctgaggtcaagtcaactggt atgtgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaagcggcgggagggagcagtaaca gcagctaccgtggtgagcgtcctcaccgtcctgaccagcagcgtgctgaaatggaaggat acaagtgaaggctccaacaagccctcccagccccatcgagaaaaccatctccaagc caaaggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgccgggatgagctgacc aagaatcaagtacgctgtggtgctgtaaaaggcttctatcccagcagatcggctggagt gggagagcaatggcgagccgggagaacaactacaagaccagcctcccgtgctggactccg acggctctctctctactcaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacg tctctcatgctccgtgatgatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctccctg ctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 71</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>cagtctgtgctgacgcagccgacctcagtgctgcgccccaggacagaaggtcaccatctct gctctggaacacctccaactggcaataatgtgtcctggtatcaacagcggccggcaga gcccccaactcctcattatgaaactgacaagcgacctcagggtatcctgaccgattctctgct tccaagtctggtacgtcaggcaccctggccatcaccgggctgcagactggggacgagggcga ttattactgcgccatgggctgccagcctgagttccgcgctgtcttcggaactgggaccaagg tcatgctcctg gacaaaaccataccgcatccgaactgactcaggacctgcccgtctgtggaactgaaagca gactgtgactattactgcccaggcactcactgaggagccactacgctcctggtatcagaaga aaccggccaggcactgtgctgctgttctacggaaagaacaatagccatctggatccccg accgctttctggcagtgatcagggaaaccgagccagctgaccattaccggcggccaggctg aggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcg gaggaggaactaaactgacctcctcgataagaccatacccgtacggtggcggctcccagc gtgttcatctccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgctgtgctgctgct gaacaacttaccctcgaggccaaagtgcagtggaagggtgacaacgacctgagagc ggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgag cagcaccctgacactgagcaaggcggactacgagaagcacaagggtgacgctgcaaggtg accaccagggctgctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 72</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 10</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprggavnyar plqgrvtmtrdvydsdaflelrslvtddtavfctrqkncdnyndfwhwgrgtpvsvssastkgpsv fplapskstsnggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavllqssgylsllsvvtvpss lgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtlmsrtpe vtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykc kvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvsllscavkgyfypsdiavewesng qpennyktppvlstdsgsflvlskltvdksrwqqgnvfscsvmhealthhnytkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 73</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqyglawyqrrpgqaprlviysgstraagipdrfsgsrwgp ynltisnlesgdfvyycqqyeffgqgtkvqvdikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfy preakvqkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstltskadyekhkvyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 74</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qvqlvesgggvvpgtstlrlscaasqfrfdgygmhvwraqpgkglewvasishdgikkyhae kvwgrftisrdnskntlylqmnsrlpedtalyycakdlredeceewwsdydfgkqlpcaksrsgg lvgiadnwgggtmvtvssdkthtevrivesggglvkpggsrlrscsasgfdnawmtwvrqp pgkglewvgritppegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtdtgyyfcartgkyyd fwwgypggeeyfqdwgqgtlvivssdkthtastkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdyp epvtvswmsgaltsgvhtfpavqlssgylsllsvvtpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdckvep kscdkthtccppapellggpsvflfppkpkdltlmisrtpetcvvvdvshedpevkfnwyvdg vevhnaktpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqpre pqvytlppcrdeltnkqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpplvdsdgsfflysklt vdksrwqqgnvfscsvmhealnhhtqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 75</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkpgqapvllfygknrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeaddyessrdksgsrsvfgggtklvldkthtqsvltqppsvsaapgkvt iscsgntsnignnfvswyqrpgrapqlliyetdkrpsgipdrfsasksgtsgltaitglqtgdeady ycatwaaslsarvftgtkvivldkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfybreakv qwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstliskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnr gec</p>	<p>SEQ ID NO: 76</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 10</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgagctgctggcggccagatgaagaaccggcgagagcatgcggtatca gctgcagagccagcggctacgagttcatgactgcaccctgaactggatcagactggccctg gcaagcggcctgagtgatggatggatgctgaagcctagaggcggagccgtgaactacgcca gacctctgcagggcagagtgacctgaccgggacgtgtacagcgtataccgcttctctggaa ctgcggagcctgaccgtggatgataccgctgtacttctgcaccggggcaagaactgcgac tacaactgggacttcgagcactggggcagaggcaccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgac caaggccccagcgtgttccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacagcc gcccctgggctgctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctctggaattctggcgc cctgaccagggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagtcaccggcctgtacagcctgag cagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggacccagacctacatctgcaacgtgaacc acaagcccagcaaccaaggtggacaagaaggtggaaccaagagctgcgacaagac ccacacctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggcccttccgtgttctgttcccc aaagcccagacacctgatgatcagccgacccccgaagtacactgctgtggtggtgat gtgtcccagaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaa cgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgctcgtgct gaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaag gcccctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcaacc caggtgtgcacactgcccccaagcaggacgagctgaccaagaaccaggtgtcccctgagct gtgcccgtgaaaggcttaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcgctcattcttctggtgtcc aagctgacagtggaagaagtcgggtggcagcagggaacagtggtcagctgctcctgatgca cgaggccctgcacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 77</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatcat cagctgccggacaagccagtagcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacagggc cccagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcg gctccagatggggcctgactacaacctgacctcagcaacctggaagcggcgacttcggc gtgtactactccagcagtagctgcttctcggcaggccaccaaggtgaggtggacatcaag cgtacgggtggcctcccagcgtgtctctcccacctagcagcagcagctgaagtccggc acagcctctgctgctgctgtaacaacttaccctccgaggccaaagtgcagtggaag gtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagca aggactccacctacagcctgagcagaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagc acaaggtgtagcctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttc aaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO:78</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagggtgcagttgggtgagctctgggggagggcgtggccagcctgggagctcctgagactctctgtgcagcctcaattcaggittgatggatggcatgcactgggtccgccaggccccaggcaagggctggagtggtggcatctatcacatgatggaatataaaagatcacgcagaaaaagtgtggggccgctcaccatctccagagacaattcaagaacacactgtatcaaatgaacagcctgcgacctgaggacacggctctactactgtgcgaagatttgcgagaagacgaatgtgaagagtggtgctggattattacgatttgggaacaactccctgcgcaaagtcacgcccggccttgggtggaattgctgataactggggccaagggacaatggcaccgtctctcagacaaaaccataccgaggttagactgggagtcaggagggggcctgtgaagcccgtgggtctctccgctgagctgttctcctccgcttgatttcgataacgctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtgaaggactggagtggtgggaagaatcacagggtccaggcgagggtggtcctggactacgcggaatctgtaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttggagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagAACAGGCAAATACACGACTCTGTCGGGTATCCCCCTGGCGAGGAATTTCAAGACTGGGTGAGGGAACCTTGTTATCGTCTCCGATAAGACCCACACCGCTCCACCAAGGGCCCATCGGTCTCCCCCTGGCACCTCTCCAAGACACCTCTGGGGCACAGCGGCCCTGGGTGCTGCTCAAGGACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTCCGGTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAGGTGGAACAAGAGTTGAGCCAAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAACCTCGGGGGACCGTCACTCTCTCCCCCAAAACCCAAGGACACCTCATGATCCCGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTCAACTGGTATGTTGACGGCGTGGAGGTGCATAATCCAAGACAAAGCCGCGGAGGAGGAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTACGCTCCTCACCCTCCTGACCAGGACTGGTGAATGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCAAAGCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTGTACACCTGCCCATGCCGGGATGAGCTGACCAAGAAATCAAGTACGCTGTGGTGCCTGTAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACCTACAAGACCAGCCTCCCGTCTGGACTCCGACGGTCTCTCTCCTACTACAAAACCTACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCCTCTCATGCTCCGTGATGATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGACCTCTCCCTGCTCCGGT</p>	<p>SEQ ID NO: 79</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gcataccgaactgactcaggaccctgcccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattactgcccagggcactcactgaggagccactacgctcctggatcagaagaaccggccaggcacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttcttggcagtgcatcagggaaccgagccagctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggagggaactaaactgaccgtcctcgacaaaaccataaccagctgtgctgacgcagccctcagtgctgcccggccaggacagaaggcaccatctctgtctggaacacctccaacattggcaataatttgtctctgtatcaacagcggccggcagagcccccaactcctcattatgaaactgacaagcgaccctcaggatctcctgacgattctctgtcctcaagtctgtagctgagccacccctggccatcaccggctgcagactggggacgagggcattactgctgacacatgggtgcccagcctgagctccgagcagcaccctgacactgagcaaggcagactacgagaagcaagggtgacgctgcaagtgacccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 80</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 11</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgyftahilfwrqapgrglewvqwikpqygavnfggfrrdrvltirdvyreiyamdirglkppddtavyyccardrsygdsswaldawgggtvvvsaastkqpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyppepvtvswngaltsgvhfpavllqssglyslsvstvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdvkvepkscdkthtccppcapellggpsvfifppkpkdltlmisrtevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvsiscavkgyfypsdiavewesngqpennyktppvltdsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealnhhtytkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 81</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvsgdlhwqhkpgrapklilhtssvedgvpsrfsqsgfhstfnltisdqaddiatyycqvlqffgrsrhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfnfpreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqskdstyslssltliskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 82</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>evrlvesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvrqppgkglewvgritgpegwsvdy aesvkgftisrdntkntlylemnrvrtedgtyyfcartgkydfwvgyppgeeyfqdwggqtlvi vssdkthtqvhlqtsgpevrkpgtsvkvscapgnltktydlhwrvsvpgglqwmgwisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavyycakgshrlrlyalydddgalnwavd vdylnlefwgqgtavtvssdkhtastkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdypfpvtvsw nsgaltsgvhtfpavqlqssglyslsvvtpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkth tcppcpapellggpsvflfpkpkdtlmisrtpcvvvdshedpevkfnwyvdgvevhnak tkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepvytlpp crdeltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwq qgnvfscsvmhhealthnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 83</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshslsvtgesasiscksshlihgdrnnylawyvqkpggrspqlliylasrasgvprf sgsgsdkdfllkisirvetedvgtycmqgrespwfmgqtkvdikdkhtaseltqdpavsvalk qvtiitcrgdslrshyaswyqkpgqapvllfygknrpsgipdrfsgsasgnraslititgaqaed eadyycssrdksgrslsvfgggtklvldkthtrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypr akvqkwvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstitliskadyekhkvyacevthqglsspvtk sfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 84</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 11</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggtgcagctcggcaccgccatgaagaaccaggcgctctgtgcccgtgct ctgtcagacaagcggctacacctcaccgccacatcctgttctggtcggcaggcccctggc agaggactggaatgggtgggatgatcaagcccagatggcggcgtgaactcggcggag gcttcgggatagagtgaccctgaccgggacgtgtaccgagatcgctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccggcgtgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtgggtgctgcccctctaca aagggcccccagctgttccctctggcccctagcagcaagagcagatctggcggaaacagcgc cctgggctgcctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaatctggcgcct gaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgctgtgacagtgcccagcagctctctgggaccagacctacatctgaacgtgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggcccttccgttctctgttcccccaaaagc ccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtgcctgctgggtggatgtgtccc acgaggacctgaagtgaagtcaattgtagctggacggcgtggaagtgcacaacagccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgctcctgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaaaagtagcaagtgcaaggtgtccaacaaggccctgct gccccatcgagaaaccatcagcaaggcaaggccagccccgcgaaccccagggtgtg acactgcccccaagcaggagcagctgaccaagaaccagggtgtccctgagctgtgcccgtga aaggcttctaccctccgatcgcctggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctgacagcagcggctcattctctggtgccaagctgaca gtggacaagtcccgtggcagcaggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcagaggccctg cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccgcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 85</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccacgtgaccagagccccagcagcctgtccgtgcatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcaggcgtgggacagcagctgactggtatcagcacaagcctggcag agccccaaagctgtgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagattt ccggcagcggctccacaccagctcaacctgacctcagcagatctgcaggccgacgacattg ccacctactattgtaggtgctgagcttctcggcagagcagcagactgcacatcaagcgtac gggtggcgtcccagcgtgtcatctccaccctagcagcagcagctgaagtccggcagcagc ctctgtctgtgctgctgaacaacttctacccccggaggccaaagtgcagtggaagggtgac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggg gagagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 86</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtggagtcaggagggggctgtgaagcccgggtgctctccgctgagct gctcgcctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggttaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggctcaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttgagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaataactacgact tctggtgggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaacctgttatcg tgtctccgacaaaaccatacccagggtgacacgacagagcggaccggaagtgcggaa gcctggcaacctctgtgaaggtgctctgcaagcccctggcaacacctgaaaacctacgacct gcactgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgagtggtggctggatcagccacgag ggcgacaagaagtgatcgtggaacggtcaaggccaaagtgaccatcagctgggacaga agcaccaacaccgctactctgagctgagcggcctgacctctggcgataccgctgtactac tgcgcaagggcagcaagcaccgctgagagactacgcccctgtacgacgatgacggcgc ctgaactgggcccgtggtgactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagc cgtgaccgtgtatctgataagaccacaccgcttccaccaagggccatcggtcttccccctg gcaaccttccaagagcaccctctgggggcaagcggcctggctggctgctcaagta ctccccgaaccggtgacggtgctgggaactcaggcggcctgaccagcggctgacacacct ccccggtctctacagctcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgcccctccagca gcttggcaccagacctatctgcaactgaaatcacaagcccagcaacaccaaggtgga caagaaagttagcccaaatctgtgacaaaactcacacatgccaccgtgccagcactg aacctctggggggaccgtcagcttcttcccccaaaacccaaggacacctcatgatctcc cggaccctgaggctacatgcgtggtgggacgtgagccacgaagacctgaggtcaagtt caactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatccaagacaagccgagggaggaagcag taacaacgacgtaccgtgtgctcagcgtcctcaccgtctgaccaggactggctgaaatggc aaggagtacaagtgaaggtctcaacaaagccctcccagccccatcgagaaaacctct ccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggatg agctgaccaagaatcaagtacgctggtgctgtaaaaggcttctatcccagcgacatcgc cgtggagtgaggagcaatggcagccgggagaacaactacaagaccacgctcccgtgt ggactccgacggctcttctctactcaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtcttctatgctccgtgatgcatgaggtctgcacaaccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 87</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggctgtgacg tgagaagcccggcagatcccccaagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgccgatagatttctggcagcggcagcagcaagagacttaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgagagcagtgggcactactactgtatgcagggcagagagagccccctggacctttg gccagggcacaaggtggacatcaaggacaaaaccataccgcatccgaactgactcagg acctgcccgtctctggtgactgagcagactgtgactattactgcccagggcactactgccc agccactacgcttctggtatcagaagaaccccggcagccactgtgctgctgttctacggaa agaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttggcagtgcatcagggaaaccgagcca gtctgaccattaccggcggcaggctgaggacgaagccgattactattgagctcccgggata agagcggctccagactgagcgtgttcggagggaactaaactgaccgtctcgtataagacc cataccgtagcgtggcggcctcccagcgtgttcatcttcccacctagcagcagcagcagctgaa ccggcacagcctctgctgtgctgctgtaacaacttctacccccgagggcacaagtgacgtg gaaggtggacaacgccctgacagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagccgactacgag aagcaaggtgtacgctcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaaga gcttcaaccggggcagtggt</p>	<p>SEQ ID NO: 88</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 12</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvcqtsyftahilfwfrqapgrglewvqwikpqqyavnfggf rdvrltrdvyreiaymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgqgtvvvsaastkgps vfplapsskstsggtaalgclvkdyppepvtvswngaltsghvtfpavlqssglyslsvvtvpss slgtqtyicvnhkpsntkvdkvepkscdkthtppcpapellgppsflfppkpkdvlmistrp evtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvvsvlthqdwlngkey kckvsnkalpapiektiskakgqprepvctlppsrdeltknqvslscavkgyfypsdiavewes ngqpennyktppvlvsdgsfflvskltvdksrwwqgnvfscsvmhealnhhtqklsislspg</p>	<p>SEQ ID NO: 89</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapklilhtssvedgvpsrfsgsg fhstfnltisdqaddiatyycqvlqffgrsrhlhkrivaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyp reakvqwkdnalqsgnsqesvteqdskdstsyslsltliskadyekhkvvyacevthqglsspv tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO:90</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>evrlvesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvrpppgklewvgritgpegwsvdy aevskgrftisrdntkntlylemnrvrtedtgyyfcartgkydfwgyppgeeyfqdwgggtlvi vssdkthtqmqlqespgplvkpsetlsltcsvsgasisdswywsirrspgkglewigyvhksgd tnyspslksrvnlsltdsknqvsllvaataadsgkyycarlhgrriygivafnewftyfymdvwg ngtqvtvssdkthtastkpgsvfplapsskstsggtaalgclvkdypvptvswngaltsgvht fpavqlqssgylsllsvvtpssslgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapell ggpsvflfppkpkdtlmsirtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyys tyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqvs wclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvm healhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 91</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhragqapsliiynnqdrpsgiperfsgspdspfgtt atliitsveagdeadyychiwdsrvtkwvfgggtlltldkthtaseltqdpavsvalkqtvitcrg dslrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnraslitgaqaedeaddyys srdksgsrslsvfgggtklvldkthrtvaapsvffppsdeqlksgtasvcllnfyreakvqwk vdnalqsgnsqesvteqskdstylslstliskadyekkhvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 92</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 12</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccactggtgagctctggcaccgcatgaagaaccaggcgctctgtgagggtgct ctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatgatcaagcccagtagtggcggcgaactcggcggag gcttccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagcccagtagacaccgctgtactactgctgacagagacagaagctaccgca cagcagctgggctctggatgcttggggccagggcaacaaccgtgggtgtctgcccctaca aagggcccaagcgtgtccctctggcccctagcagaagagacatctggcgaacagccgc cctgggctgctctgtaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctggaattggcgccct gaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgtgagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgtctgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgaacgtgaaccaca gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaaccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgtcctgttcccccaaacg ccaaggacaccctgatgatcagccgacccccgaagtgacctgctggtgggtggtgtgtccc acgaagccaagagaggaacagtaaacagacctaccgggtggtgctcgtgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgcaagggtgtccaacaaggccctgct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggcaaggccagcccgcgaaccccagggtgtgc aactgcccccaagcaggagcagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcccgtga aaggcttaccctccgatatgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagcaaca ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattcttctggtgtccaagctgaca gtggacaagctccgggtggcagcagggaacgtgttcagctgtcctgtatgcacgaggccctg cacaaccactacaccagaagctcctgagcctgagccccggaag</p>	<p>SEQ ID NO: 93</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccactgagaccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcaggcgtggcagcagcactgactggtatcagcacaagcctggcag agccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagattt ccggcagcggcttccacaccagcttcaactgaccatcagcagatcagcaggccgacgacattg ccactactattgtcaggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac gggtggccgctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcagac ctctgtctgtgctgctgaacaacttacccccggaggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggt gtacgctcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggg gagagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 94</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtagtcaggagggggctgtgaagcccggtaggtctccgcctgagct ggtctgctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaag gactggagtggtgggaagaatcacaggctcaggcgagggtggtccgtgactacgcgga atctgttaagggcggittacaatctcaaggacaataccaagaatacctgtatttgagatga acaactgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaataactacgact tctgtggggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaccctgttatcg tgtctccgacaaaaccatacccagatgacgtgcaggagagcggcctggactcgtgaag cccagcgagaccctgagcctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctact ggagctggatcaggaggaccctggcaagggcctggagtgatcggctacgtgcacaagag cggcgacaccaactacagccctccctgaagtcagggtgaacctgtccctggacaccagca agaaccaggtgagcctgtccctgggtgctccacagctgctgacagcggcaagtactactgtg ccagaccctgcacggcaggagatctacggcatcgtggcctcaacgagtggttcaactact ctacatggagctgtgggcaacggcaccaggtgacctgagctccgataagaccacacc gctccaccaagggcccatcggcttccccctggcaccctcctcaagagcacctctgggggca cagcggcctgggtgctcgtgcaaggactactccccgaaccggtagcgggtgctgtggaact caggcggcctgaccagcggcgtgcacacctccccggctgtctacagtctcaggactctactc cctcagcagcgtggtgacctgcccctcagcagcttgggcaccagacctacatctgcaactg gaatcacaagcccagcaacaccaaggtgacaagaagttagcccaaatctgtgacaaa actcacacatgccaccctgcccagcactgaactcctgggggaccgtcagctctcctctccc cccaaacccaaggacacctcatgatctccggaccctgaggtcacatcgtggtgggtg acgtgagccacgaagaccctgaggtaagttcaactggtatgtgacggcgtggagggtgata atgccaagacaaagccgaggaggagcagtagacaacagcagctaccgtgtgtcagcgtcct caccgtctgcaccagcagcgtggaatggcaaggagtagcaagtgcaaggtctccaacaaa gccctcccagccccatcgagaaaaccatctccaagccaagggcagccccgagaacca caggtgtacacctgccccatgcccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtg ctggtaaaaggcttctatcccagcagatcgcctggtgagtgaggagcaatgggagccgga gaacaactacaagaccacgctccccgtgctgactccgacggctccttctcctactcaaaa ctcaccgtgacaagagcagggtggcagcaggggaacctctctcatgctccgtgatgcatgag gctctgcacaaccactacagcagaagagcctctcctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 95</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tccgacatcagcgtggccccggagagacagccaggatctctcggcgagaagagcctgg gaagcagggctgtgacgtggtaccaacacagggccggacaggctcccagcctgatcatctac aacaaccaggacagggcccagcggatccctgagaggttacgaggagccccgacagcccc ttcgaaccacagccacctgacctacacaagcgtggaagccggcgacgagggccgactact actgcccacatctgggacagcaggggtcccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccacctg accgtgctggacaaaaccataccgcatccgaactgactcaggaccctgcccgtctctgtggca ctgaagcagactgtgactattactgcccagggcactactcgggagccactacgctcctggta tcagaagaaacccggcagccacctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctg gcatccccgaccgctttctgagcagtcacagggaaaccgagcagctgaccattaccggcgc ccagctgaggacgaagccgattactattgcagctccccgggataagagcggctccagactga cgggtgtcggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagaccatacccgtagctggcgg ctcccagcgtgtcatcttcccactagcagcagcagctgaagtcggcacagcctctgtcgtg tgctgctgaacaactctacccccggaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcct gcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctaca gcctgagcagcaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctg cgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 96</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 13</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>qvhltsqgpevrkpgtvsksckapgnllktydlhwvrvpvgglqwmgwishedgdkkriver fkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavyycaakgskhrldyalyddgalnwavdvylsnlef wgqgtavtvssastkqpsvflapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswngalstgsvhtfp avlqssqlyslsvvtvpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppapellg gpsvfilppkpkdtilmisrtpevtcvvdvshedpevkfnwvydgvvehnaktkpreeqynst yrvsvtlvhqdwlngkeykckvsnkcalpapiektiskakgprepqvctllppsrdeltknqvs scavkqfypsdiavewesngqpenyktppvltdsgsfflvskltvdksrwaqqgnvfscsvm healhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 97</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>dfvltqspshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvkpgrspqllilassrasgvpdf sgsgsdkdfllkisrvetedvgtyycmqgrespwftgggtkvdikrtvaapsvfifppsdeqlksg tasvvcllnnfyreakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstltskadyekhkv acevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 98</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>evrlvesggglvkpggsrlrscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnvrtdtgyyfcartgkydfwwgyppgeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqmqdqesgpglvkpselstlscsvsgasidsywswirrspgkglewigyvkhsgdtnyvspksrvnlsltdsknqvsllvaataadsgkyycarlhgrriygivafnewftyfymdvwgngtqvtvssdkthtastkpgsvflapsskstsggtaalgclvkdypvsvwngsaltsgvhtfpavlqssgylsllsvvtvpssslgtqyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtlmsrtpvctvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltnqgvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 99</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhraggapsliiynqdrpsgiperfsgspdspfgttatlititsveagdeadyychiwdsvrptkwwfgggtltvldkthtaseltqdpavsvalkqtvtitcrgdsrlrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnraslitgaaqaeadeadyycsrdksgsrslvfgggtklvldkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfyreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 100</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 13</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccgaaagtcggaagcctggcacctctgtaaggtgcctgcaaggccccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgacctgggtgcgcagcgtgccaggacagggactgacgtggtggtggtgacagccacgagggcacaagaaagtgatcgtggaacggtcaaggccaaagtaccatcgactgggacagaagcaccacaccgctacctgcagctgagcggcctgacctctgacgatacccccgtgactactgcccagggcagcaaacaccggctgagagactacgacctgacgacgatgacggcgccctgaactgggcccgtggtgatgactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgacctgtcatctgcttccaccagggccccagcgtgtccctctggccctagcagcaagacacatctggcgaacagccgcctgggctgctctgtaaggactacttcccagagcccgtgacctgtcctggaattctggcgccctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgacgtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtgacagtgcccagcagctctctgggcaaccagacctacatctgcaacgtgaaacacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaagtggaacccaagagctgcgacaagaccacacctgtccccctgtctgccccgaactgctgggagggccccctccgtgtctctgtcccccaaaagccaaggaacctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgctggtggtgatgtgtcccacagagaccctgaagtgaagttcaattgtagctggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtaacaacagcacctaccgggtggtgctgctgacagcgtgacaccaggtggaacggcaagagtaacaagtgaaggtgtccaacaaaggccctgctccccatcgagaaaacctacagcaaggccaagggcagccccggaaccacaggtgtgacactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcccgtgaaaggttctaccccctccgatacgcctggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgctgctggacagcagcggctcattctctggtgtccaaagctgacagtggaaggtggacaacgccccctgagagcggcaacagccaggtgagcaagggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaaggtgaccaccagggtgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 101</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacttcgtgctgacctagaccagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggcagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggctggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgactacctggccagcagcagaccagcggcgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggtggaaaccgagggcgtgggacactactgctgacagggcagagagagccccctggacccttgcccagggcaccaggtggacatcaagcgtacgggtggcctcccagcgtgtcatcttcccactagcgacgagcagctgaagtcggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttctaccaccgagggccaagtgacgtggaaggtggacaacgccccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaaggtgaccaccagggtgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 102</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtggagtcaggagggggctgtgaagcccgggtgggtctctccgctgagc tgttctgctccggctttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaag ggactggagtggtgggaagaatcacaggccaggcggagggtgctcctggactacgagg aatctgttaaggcggtttacaatctcaaggacaataccaagaatacctgtatttggagatg aacaactgagaactgaagacaccggatattactctgtgccaagaacaggcaataactacga ctctggtgggctatccccctggcgaggaatatttcaagactggggtcagggaaccctgttat cgtgtcctccgacaaaaccatacccagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtga agcccagcgagaccctgagcctgacatgcagctgagcggcggccagcatcagcgacagct actggagctggatcaggaggagccctggcaaggcctggagtgatcggctacgtgcaaaa gagcggcgacaccaactacagcccctcctgaagtccagggtgaacctgtccctggacacc agcaagaaccaggtagcctgtccctggtggctgccacagctgtgacagcggcaagtacta ctgtgccaggaccctgcacggcaggaggatctacggcatcgtgacctcaacgagtggttac ctacttcatatggacgtgtgggcaacggcaccaggtagcctgagctccgataagacc acaccgctccaccaaggccatcggctctccccctggcaccctcctcaagagaccctcgg gggcagcagcggccctgggctgctgtgcaaggactactccccgaaccggtgacggtgctg gaactcaggcggccctgaccagcggcgtgcaacactccccgctgctcactcagctcaggact ctactccctcagcagcgtggtgacctgcccctccagcagctgggcaccagacctacatctgc aactgtaatcacaagcccagcaacccaagggtgacaagaaagttagcccaaatcttgg acaaaactcacatgccaccctgcccagcacctgaactcctgggggaccctcagctctcc tctcccccaaaaaccaggacaccctcatgatctccggaccctcagggtcacatgctggtg ggtggagctgagccacgaagaccctgaggtaagttcaactggtatgtgacggcgtggagg gcataatccaagacaaaagcgggaggagcagtagacaacagcagctaccgtgtggtcag cgtctcaccgtcctgaccagggactggtgaaatggcaaggtagacaagtgaaggctcca acaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatctcaaagccaaaggcagccccgag aaccacaggtgtacaccctgccccatgccggatgagctgaccaagaatcaagtacgctg tggctcctgtaaaaggcttctatcccagcgacatcgccgtgagtgaggagacaatgggca gccggagaactacaagaccagcctcccgtgctggactccgacggctcctctctctac tcaaaactcaccgtggacaagagcagggtggcagcaggggaactctctcatgctccgtgat catgaggctctgcacaaccactacacgcagaagagcctcctcctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 103</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tccgacatcagcgtggccccggagagacagccaggatctctcggcgagaagagcctgg gaagcagggctgtgcagtggtaccaacacagggccggacaggtcccagcctgatcatca caacaaccaggacagggcccagcggcatccctgagaggtcagcggaaagccccgacagcc ccttccgaaccacagccaccctgacctacacaagcgtggaagccggcgacgagggcggact actactgccacatctgggacagcaggggtgccaccaagtggtgtttggcggcggcaccacc ctgaccgtgctggacaaaaccataccgcatccgaactgactcaggaccctgcccgtctgtg gcactgaagcagactgtgactattactgcccaggcggactcactgaggaccactacgcttct ggtatcagaagaaaccggccaggcacctgtgctgctgtctacggaaagaacaataggcca tctggcatccccgaccgctttctggcagtgatcagggaaccgagccagctgacctatccg gcgcccaggctgagggacgaagccgattactattgacgtccccgggataagagcggctccag actgagcgtgttcggagggaactaaactgaccgtcctcgataagaccatacccgtaccgt ggccgctcccagcgtgttcatctccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagcctct gtctgtgctgctgtaacaactctacccccgagggcacaagtgcagtggaaggtggacaa cgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggtacc acctacagcctgagcagaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtg tacgctcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccgggg cgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 104</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 14</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsyftahilfwfrqapgrglewvvgwikpqygavnfgggf rdvlttrdyreiaymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgggtvvvsaastkgps vflapsskstsggtaalgclvkdypfpvvtvswngaltsgvhtfpavlqssglyslsvvtvps sslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggsfvflppkpkdtilmisrt pevctcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngke ykckvsnkalpapiektiskakgpprepqvctlppsrdeltnqvsiscavkfyfypsdiawewe sngqpenyktppvlstdsgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 105</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvgsdlhwyqhkpprapkllihhtssvedgvpsrfsqsg fhtsfnltisdlqaddiatyycvqlqfgrsrhikrtvaapsvfifppsdeqlksqtasvvcllnfyf reakvqwkdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltliskadyekhkvyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 106</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhltsqgpevrkpgtsvkvscapgnlktldhwvsvpgglqwmgwishegdkkive rfkakvidwdrstntaylqlsgltsgdvavyycakgskhrlrdyaldgdalnwavdvdylnl efwgggtavtvssdkthtevrivesggglvkpggslrlscsasgfdfnawmtwvrrppgkgle wvgritgpegwsvdyaesvkgfrtisrdntkntlylemnnvrtedtyyfcartgkydfwwgy ppgeeyfqdwgqglvsvsdkthtastkgpsvflapsskstsggtaalgclvdyfpepvtvs wnsgaltsgvhfpavllqssgylsllsvvtvpssslgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdk thtccppapellggpsvflfppkpkdtlmsirtpvctvvdvshedpevkfnwyvdgvevhn aktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepvytl ppcrdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksr wqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 107</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>aseltqdpavsvalkqtvitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeaddyccsrkdsgsrslsvfgggtklvldkthdftltsphslsvtpgesas iscskslhigdrnylawyvkpgrspqlliylassrasgvpdrfsgsgsdkdfllkisirveted vgtyycmqgrespwftgqgtkvdikdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypre akvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstltskadyekhkyacevthqglsspvtk sfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 108</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 14</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggcagctctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgcccgtgtc ctgtcagacaagcggctacaccttaccgcccacatctgttctgttccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatggaatcaagccccagatggcggcgtgaactcggcggag gcttccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgcgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcg acagcagctgggctctggatgcttggggccagggcacaaccgtgggtgtctgcccctcta caaaggccccagcgtgtccctctgcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacagc cgccctgggctgctctgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctctggaattctggcg ccctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgagcagcggcctgtacagcctga gcagcgtctgacagtgcccagcagctctgtggcaccagacctacatctgcaacgtgaac cacaagcccagcaaaccaagggtgacaagaagggtgaaccaagagctgcgacaaga cccacacctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggcccttccgtgttctgtcccc caaagcccaggacaccctgatgatcagccgacccccgaagtgaactgctggtggtgga tgtgtcccacgaggaccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcaca cgccaagaccaagccaagagaggaacagtaaacagcacctaccgggtggtgtcctgtct gaccgtgctgaccaggactggctgaacggcaaagagtaaacaggtgcaaggttccaacaag gccctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcaacc cagggtgtcacactgcccccaagcaggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagct gtgcccgtgaaaggcttaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctctgtgtcc aagctgacagtggaagctccgggtggcagcaggccaacgtgttcagctgctccgtgatga cgaggccctgcacaaccactacaccagaagtccctgagcctgagccccggaag</p>	<p>SEQ ID NO: 109</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagctgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtaccat caactgccagacctctcagggcgtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggca gagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgccagcagattt tccggcagcggcttccacaccagcttcaacctgacctcagcagatctgcaggccgacgacatt gccacctactattgtcaggtgctgacttctcgagaggcagcagactgcacatcaagcgtg cgggtggccgctcccagcgtgttcatcttccacctagcagcagcagctgaagtccggcacag cctctgtgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaagggtg acaacgccctgagagcggcaacagccagaaagcgtgaccgagcaggacagcaagga ctccacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcaca gggtgacgctgcaagtgaccaccaggcctgtctgacccctgaccaagagcttcaacc ggggcagagt</p>	<p>SEQ ID NO: 110</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcgaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtaaggtg cctgcaagccccctggcaacacctgaaaacctacgacctgacctgggtgagcagcgtgcc aggacagggactgacgtggatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatcgt ggaacggtcaaggccaaagtaccatcgactgggacagaagcaccacaccgctacct gcagctgagcggcctgacctgctgacgatacccccgtgactactgcccaggcagcaagc accggctgagagactacgacctgacgacgatgacggcgccctgaactgggcccgtggatg gactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgacctgtcatctgaaa aaccataccgaggttagactgggagtcaggagggggcctggaagccccgtgggtctct ccgctgagctgttctgacctcggcttgatttcgataacccctggatgacctgggtcaggcagcc tccaggaagggactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggctcgtg gactacgccaatctgtaagggcggtttacaatcaagggacaataccaagataacctgt atttgagatgaacaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggca aatactacgactctgggggctatccccctggcgaggaaatatttcaagactggggctcagg aaccttgttatcgtctccgataagaccacaccgctccaccaaggccatcggtctcc ccctggcaccctcctcaagaccctctggggcacagcggccctgggtcctgctgtaag gactactccccgaaccgtgacgggtgctgtggaactcaggcgccctgaccagcggcgtgca cacctcccggctgctacagctcctcaggactctactcctcagcagcgtggtgacctgacct ccagcagctgggaccaccagacctacatctgcaactgtaatcaagcccagcaacaccaa ggtgacaagaaagttagcccaaatctgtgacaaaactcacacatgccaccctgcccag cacctgaactcctgggggaccgctcagctctcctctccccccaaacccaaggacacctcat gatccccggaccctgaggtcacatgctggtggggagctgagccacgaagaccctgagg tcaagttcaactggtatgtttagcggcgtggaggtgcataatgccaagacaagccgaggag gagcagtaacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgaccagcagctg aatggcaaggagtacaagtgcaaggtctcaacaagccctcccagccccatcgagaaa accatctcaaaagcaaaaggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcc gggatgagctgaccaagaatcaagtacgctgtggtgctgtaaaaggcttctatcccagc acatcgccgtgagtgaggagcaatgggcagccggagaaactacaagaccacgctc ccgtgctggactccgacggctcctctcctcactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtg gcagcaggggaacgtctctcagctccgctgcatgaggctctgcacaaccactacacgca gaagagcctcctcctgctcgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 111</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gcataccgaactgactcaggaccctgcccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattctg ccgagggcactcactgaggaccactacgctcctggtatcagaagaacccggccaggca cctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgctttctggcagt gcatcagggaaaccgagccagctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgatt actattgagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgtcggaggaggaactaaa ctgaccgtcctcgacaaaaccataaccgactctgctgacctcagcagcctcagcagcgtgagc gtgacacctggcagagcggcagcagcagctgcaagagcagccactcctgatccacggcg accggaacaactacctgctgtgacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatct acctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagattttctggcagcggcagcgacaa ggacttaccctgaagatcagccgggtgaaaccgaggcagctgggacactactactgtatgc agggcagagagagcccctggaccttggccagggcaccaggtggacatcaaggataaga ccataaccgtacggtggcggctcccagcgtgtcatcttcccactagcagcagcagctgaa gtccggcacagcctctgctgctgctgctgaacaacttctacccccgagggcacaagtga gtggaaggtggacaacggcctcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagc acagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagggcagcagc agaagcacaaggtgacgctcgaagtgacccaccaggcctgctagccccgtgaccaa gagcttcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 112</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 15</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>qvhltsqspvrvkpgtsvksckapgnltktydlhwvrvspgqlwmgwishegdkkviver fkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavyycaakgskhrlrdyalyddgalnwavdvdylnlef wgqgtavtvssastkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdyfepvvtswngaltsgvhtfp avlqssgylslsvvtvpssslgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellg gpsvflfppkpkdltlmsrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynst yrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepvcvclppsrdeltnqvsl scavkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflvskltdksrwqqgnvfscsvm healhhnytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 113</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>dfvltqspshlsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvvqkpggrspqlliylassrasgvprdf sgsgsdkdftlkisrvetedvgtyycmqgrespwftgqgkvdikrtvaapsvfifppsdeqlksg tasvvcllnnfybreakvqkvdnalqsgnsqesvteqdsdstysslstltskadyekhkvya cevtqhglsspvtkfsfrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 114</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrivesggglvlpkpgsrlscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritpgegwsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnrvtedtgyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvi vssdkthtqmqlesgpglvpsetlsltsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvvhksgd tnyspslksrvnlsldtsknqvsislvaataadsgkyycarlhgriygivafnewftyfymdvwg ngtqvtvssdkthtastkpgsvfplapsskstsnggtaalgclvkdyfepvvtvswngaltsgvht fpavlqssgylsllsvvtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppapell ggpsvflfppkpkdtlmsirtpetcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyns tyrvsvlthqdwlingkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqvs wclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvlidsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvm healhnhytqslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 115</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhraggapsliiynndrpsgiperfsgspdspfgtt atlititsveagdeadyychiwdsrvtkwfvgggtltdkthtaseltqdpavsvalkqtvtitcrg dslrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnraslitigaqaedeaddyacs srdksgrslsvfgggtkltdkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvqwk vdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvtkfnsrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 116</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 15</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgc ctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgacctgggtgcgacagcgtgccag gacagggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatcgtgg aacggtcaaggccaaagtaccatcgactgggacagaagcaccacaccgcctacctgca gctgagcggcctgacctctggcgataccgcccgttactactgcgccaagggcagcaagcacc ggctgagagactacgcccgtacgacgatgacggcgcctgaactgggcccgtggatgtggac tacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgacctgtcatctgtcttgacca agggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccc ctgggctgcccctggaaggactacttcccagcccgtgacctgtcctggaattctggcgcct gaccagggcgtgcacaccttccagctgtctgcagctccagggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctcctgggacccagacctacatctgcaacctgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggcccctccgtgtcctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagccgacccccgaagtacctgctggtggtggatgtgtccc acgaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcactaccgggtggtgctcctgctgacctgct gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtcaaggtgtccaacaagccctgcct gccccatcgagaaaacctcagcaaggccaagggcagccccggaaccccaggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgccgtga aaggcttctacccctccgatatgccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctcattctcctggttccaagctgaca gtggacaagtcccgtggcagcagggcaacgtgttcagctgctcctgagatgacagggccct cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 117</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacttcgtgctgacctagaccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggccagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacg tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgactacctgcccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgaggcgtgggacactactgtagcagggcagagagagcccctggaccttg gccagggcaccaggtggacatcaagcgtacggggcctcccagcgtgtcatcttcccac ctagcgacgagcagctgaagtccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttctacc ccgagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagccagg aaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacac tgagcaagggcagactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaaggtgacctgaccaccaggcct gtctagccccgtgaccaagagctcaaccgggagctg</p>	<p>SEQ ID NO: 118</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggtagactggtagtcaggagggggctgtgaagcccgtgggtctccgctgagct gttctgctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtattggagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtgccagaacaggcaatactacgact tctgttccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaaccttgtatcg tgtctccgacaaaaccataccagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaaag cccagcgagaccctgagcctgacatgcagctgagcggcgccagcatcagcgacagctact ggagctggatcaggaggccctggcaaggccctggagtgatcggctacgtgcacaagag cggcgacaccaactacagcccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagca agaaccaggtgagcctgtccctgggtgctccacagctgtgacagcggcaagtactactgtg ccaggaccctgcacggcaggagatctacgcatcgtggcctcaacgagtggtcacctactt ctacatggagctgtggggcaacggcaccaggtgacctgagctccgataagaccacacc gctccaccaaggccatcgttctccccctggcaccctctccaagagcactctgggggca cagcggccctgggtgctgctcaaggactctccccgaaccgggtgacgtgtcgtggaact caggcgcctgaccagcggcgtgcacacctccccggctgtctacagctcctcaggactctactc cctcagcagcgtgtgacctgtccctccagcagctgggcaccagacctacatctgcaactg gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagccaaatctgtgacaaa actcacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagcttctcttccc cccaaaaccaaggacacctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgctggtggtg acgtgagccacgaagacctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgata atgcaagcaaaagcggcgggaggagcagtaacaacagcagctaccgtgtggtcagctcct caccgtcctgaccagactggctgaatggcaaggagtaacaagtgcaaggttccaacaaa gcccctccagccccatcgagaaaaccatctccaagccaaaggcagccccgagaacca caggtgtacacctgccccatgcccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtgtg ctggtaaaaggcttctatccagcagacatcgcctggtgagtgaggagcaatgggagccgga gaacaactacaagaccagcctcccgtgtgactcgcagcggctccttctcctactcaaaa ctcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcagctccgtgatgcatgag gctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctcctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 119</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tccgacatcagcgtggccccggagagacagccagatctctgcgggcagaagagcctgg gaagcagggctgtgacgtggtaccaacacagggccggacaggtcccagcctgatcatctac aacaaccaggacaggccagcggcatccctgagagggtcagcggaaagccccgacagcccc ttoggaaaccacagccacctgacctacacaagcgtggaagccggcgacgagggccgactact actgcccacatctgggacagcaggggtgccaccaagtgggttttggcggcggcaccaccctg accgtgctggacaaaaccataccgcatccgaactgactcaggaccctgcccgtctctgtggca ctgaagcagactgtactattactgcccaggcagactcactcggagccactacgcttctggta tcagaagaaaccggccagccacctgtgctgttctacggaaagaacaataggccatctg gcatccccgaccgcttctgagcagtcacagggaaaccgagcagctgaccattaccggcgc ccaggctgaggacgaagcggattactattgagctcccgggataagagcggctccagactga gctgttccggaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagaccatacccgtaggtggccg ctcccagcgtgttcatcttcccactagcagcagcagctgaagtcggcagcagcctctgtctg tgctgctgaacaacttctacccccggaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcct gcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctaca gctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctg cgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 120</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 16</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsygtfahilfwfrqapgrglewvqwikpqygavnfggf rdvrltrdvyreiyamdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawggttvvsaastkgps vfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsghvhtfpavlqssglyslsvvtvps slgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtp evtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvlthqdwlngkey kckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvsiscavkgyfypsdiavewes ngqpennykttppvldsdgsfllvskltvdkrsrwqqgnvfscsvmhcalhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 121</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvsgdlhwyqhkgprapklhhtssvedgvpsrfsqsg fhstfnltisdlqaddiatyycvqlqffgrsrhikrtvaapsvfifppsdeqlksqgasvcllnnfy reakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspv tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 122</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrivesggglvlpkpgsrlrscsasgfdfnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnrvtedtgyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvi vssdkthtqmqlesgpglvkpssetlsltsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvvhksgd tnyspkslrnslsldtsknqvsislvaataadsgkyycartilhgrriygivafnewftyfyndvwwg ngtqvtvssdkthtastkpgsvflapsskstsggtaalgclvkdypvsvwngsaltsgvht fpavlqssgylsllsvvtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapell ggpsvflfppkpkdtlmsirtpvctvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyns tyrvsvlthqdwlingkeykckvsnkpalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqvs wclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvm healhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 123</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhraggapsliiynnqdrpsgiperfsgspdspfgtt atlititsveagdeadyychiwdsvrptkwwfgggttlvldkthtaseltqdpavsvalkqtvtitcrg dslrshyaswykkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnraslititgaqaedeaddyics srdksgrslsvfgggtklvldkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvqwk vdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvtkfsnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 124</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 16</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacgtgtgagctgtggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtcgggtgtc ctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggtccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatggatcaagccccagatggcgcgctgaactcggcggag gctccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggtctggatgctggggcagggcacaaccgtgggtgtctgcccctctaca aagggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcgaacagccgc cctgggctgcctctgtaaggactacttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcct gaccagggcgtgcacaccttccagctgtgctgagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggcaccagacctacatctgcaacgtgaaccaca gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaaccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctccccgaactgctgggagccctcctgttctctgtcccccaagc ccaaggacacctgatgatagccggacccccgaagtacctgctggtgggtggatgtgtccc acgaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcaccctaccgggtgggtgctcgtgacgtgct gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaagccctgct gccccatcgagaaaaccatcagcaagccaagggcagccccggaaccccaggtgtgc acactgcccccaagcaggagcagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatatcggcgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctattctcctgggtccaagctgaca gtggacaagtcccgggtggcagcagggcaacgtgttcagctgtcctgtagtcacagggccctg cacaaccactacaccagaagtccctgagcctgagccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 125</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcaggcgtgggagcagcactgactggtatcagcacaagcctggcag agccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagtggcgtgccagcagattt ccggcagcggctccacaccagctcaacctgacctcagcagatctgcaggccagcagattg ccactactattgtcaggtgtcagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac gggtggcctcccagcgtgttcatctccacctagcagcagcagctgaagtcccggcacagc ctctgtgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagcagcagcaagcact cacctacgcctgagcagcaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggg gagagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 126</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggtagactggtggagtcaggagggggctgtgaagcccgtgggtctccgctgagct gttctgctccggcttatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgtaaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttgagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattacttctgtccagaacaggcaatactacgact tctgtccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaacctgttatcg tgtctccgacaaaaccatacccagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaa cccagcgagaccctgagcctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcgacagctact ggagctggatcaggaggccctggcaaggccctggagtgatcggctacgtgcacaagag cggcgacaccaactacagcccctccctgaagtccagggtgaacctgtccctggacaccagca agaaccaggtgagcctgtccctgggtgctccacagctgctgacagcggcaagtactactgtg ccagaccctgcacggcaggagatctacgcatcgtggcctcaacgagtggtcactactct ctacatggagctgtggggcaacggcaccaggtgacctgagctccgataagaccacacc gctccaccaaggcccatcgtctccccctggcaccctctccaagagcactctgggggca cagcggccctgggtgctgctcaaggactctccccgaaccgggtgacgtgtcgtggaact caggcgccctgaccagcggcgtgcacacctccccggtgctctacagctcctcaggactctactc cctcagcagcgtggtgacctgtccctccagcagctgggcaccagacctacatctgcaactg gaatcacaagcccagcaacaccaagggtggacaagaaagttagcccaaatctgtgacaaa actcacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagctctcctctccc cccaaaaccaaggacacctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgctggtggtgg acgtgagccacgaagacctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgata atgcaagcaaaagcgcgggaggagcagtaacaacagcagctaccgtgtggtcagctcct caccgtcctgaccagcagctggaatggcaaggagtaacaagtgcaaggtctccaacaaa gcccctccagccccatcgagaaaaccatctccaagccaaaggcagccccgagaacca caggtgtacacctgccccatgccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgc ctggtaaaaggctctatcccagcagacatcgcctgagtggtggagagcaatgggcagccgga gaacaactacaagaccagcctcccgtgtggaactcagcggctcctctcctactcaaaa ctcaccgtggacaagagcagggtggcagcaggggaacgtctctcctacgtccgtgatgatgag gctctgcacaaccactacacgcagaagagcctcctcctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 127</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tccgacatcagcgtggccccggagagacagccaggatctctcggcgagaagagcctgg gaagcagggctgtcagtggtaccaacacagggccggacaggtcccagcctgatcatctac aacaaccaggacaggccagcggcatccctgagagggtcagcggaaagcccagacagcccc ttoggaaccacagccacctgacctacacaagcgtggaagcggcgacgaggccgactact actgccacatctgggacagcaggggtgccaccaagtgggttttggcggcgaccacctg accgtgctggacaaaaccataccgcatccgaactgactcaggaccctgcccctctctgtgga ctgaagcagactgtactattctgcccaggcgaactcactcggagccactacgctcctggta tcagaagaaaccggccagcaccctgtgctggttctacggaaagaacaataggccatctg gcatccccgaccgctttctggcagtgcatcagggaaccgagccagctgaccattaccggcgc ccagcgtgaggacgaagcggattactattgagctcccgggataagagcggctccagactga gctgttccggaggagaaactgaccgctcctcagataagaccataaccgtagcgtggccg ctcccagcgtgttcatctcccactagcagcagcagctgaagtcggcagcagcctctgtcgtg tgctgctgaacaactctacccccggaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcct gcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctaca gctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctg cgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 128</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 17</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsyftahilfwfrqapgrglewvlgwikipqygavnfggf rdvrltrdvyreiaymdirgkpdtdavyycardrsygdsswaldawgggtvvvsaastkgps vfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlsqssglyslsvvtvps slgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpdltmistrp evtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqnystyrvsvltvlhqdwlngkey kckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvsiscavkgyfypsdiavewes ngqpennykttppvldsdsfllvskltvdkrsrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 129</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvsgdlhwyqhkgprapklhhtssvedgvpsrfsqsg fhstfnltisdldqaddiatyycvqlqffgrsrhikrtvaapsvfifppsdeqlksqgasvcllnnfy reakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltslkadyekhkvyacevthqglsspv tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 130</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qvhtqsgpevrkpgtsvksckapgnlktkylhvwrvsvpgglqwmgwishgedkkviver fkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavyycaqgskhrlrdyaldiddgalnwavdvdylnlef wgqgtavtvssdkthtqmqqlqesgpglvkpselstltsvsgasidsywswirrspgkglewi gyvhksgdtnyspslksrvnlstsknqvslslvaataadsgkyycarlhgrriygivafnewft yfymdvwngtqvtvssdkthtastkqpsvflapsskstsggtaalgclvkdyppepvtvsw sgaltsgvhtfpavlqssglyslsvvtvpssslgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdktht ppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnakt preeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepvytlppcr deltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwqqg nvfscsvmhealthhnytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 131</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>sdisvapgetariscgekslgsravqwyqhraggapsliiynqdrpsgiperfsgspdspfgtt atlititsveagdeadyychiwdsvrptkwwfgggttlvldkthtdfvltsqshslsvtpgesasisck sshslhgdrrnylawyvkpgrspqliylasrasgvpdrfsgsgskdftlkisrvetedvgt ycmqgrespwftgqtkvdikdthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypreakvq wkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnr ec</p>	<p>SEQ ID NO: 132</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 17</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggcagctgaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgcccgtgtc ctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctgttccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatggaatcaagccccagatggcggcgtgaactcggcggag gctccgggatagagtgaccctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctggctctggatgcttggggcagggcacaaccgtgggtgtctgcccctctaca aaggccccagcgttccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcgggaacagcgc cctgggctgcccctggaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagggcgtgacacaccttccagctgtctgctgagcagcagcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctcctgggaccagacctacatctgcaacctgaaccaca gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcaacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctcctggttctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagcggacccccgaagtgacctgctggtggtggtgatgttccc acaggaccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcaccctaccgggtggtgctcctgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggtgtccaacaagccctgct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccgcgaaccccaggtgtgc acactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgccgtga aaggcttctacccctccgataatcggcgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaaca ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgggtccaagctgaca gtggacaagtcccgggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctcctgagatgacagggcctg cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 133</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccacgtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtaccatc aactgccagacctctcaggcgtgggagcagacctgactggtatcagcacaagcctggcag agccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagattt ccggcagcggctccacaccagctcaacctgacctacagcagatctgcaggccgacgacattg ccactactattgtcagggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac gggtggcgtcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagc ctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggt gtacgctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggg gagagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 134</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagggtcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtaaggtgctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacctgactgggtgagcagcgtgccagacagggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatgctggaacggttcaaggccaaagtaccatcgactgggacagaaagcaccacaccgctacctgca gctgagcggcctgacctctggcgataccgcccgtgactactgcccgaagggcagcaagcaccggctgagagactacgcccctgacgacgatgacggcgccctgaactgggcccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgaccgtgcatctgacaaaaccatacccagatgcagctgcaggagagcggccctggactcgtgaagcccagcagaccctgagcctgacatgcagcgtgagcggcgccagcatcagcagcactactggagctggatcaggag gagccctggcaagggcctggagtgatcggtactgacacaagagcggcgacaccaactac agcccctcctgaagtccaggggtgacctgtccctggacaccagcaagaaccaggtgagcctgtccctggctgccacagctgctgacagcggcaagtactactgtccaggaccctgcacggcaggagatctacggcatcgtggcctcaacgagtggttcaactacttctacatggacgtgtgggcaacggcaccaggtagcctgagctccgataagaccacaccgcttccaccaagggccc atcggcttccccctggcaccctcctcaagagcaccctctggggcagcggcctggcctggctgctgtaaggactactccccgaaccgggtgacgggtgctggaactcaggcggcctgaccagcctgtaaggactactccccgaaccgggtgctctacagctcctcaggactactcctcagcagcgtgtgtgac cgtgccctccagcagcttgggcaaccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttagcccaaatctgtgacaaaaactcacatgcccaccgtgccagcacctgaactcctggggggaccgtcagcttctcttcccccaaaacccaaggac accctcatgatcctccggaccctgaggtcacatgctggtgggtggacgtgagccacgaagacctgaggtaagttcaactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatgcaagacaagcggcggcgggagagcagtagacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgaccagga ctggctgaatggcaaggagtagaagtgcaaggttccaacaaagccctcccagccccatcag aaaaaacctcctcaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgcccc catgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtcctggtgaaaggcttctatccagcgacatcgccgtggagtgaggagcaatgggacggcggagaacaactacaagaccgctcccgtgctggactccgacggctccttctcctactcactaaaactcaccgtggacaagagc aggtggcagcaggggaacgttctctatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactaca cgcagaagagcctcctctgctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 135</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tccgacatcagcgtggccccggagagacagccaggatctcctgcgggcagaagagcctgg gaagcagggctgtgacagtggtaccacacagggccggacaggtcccagcctgatcatctac aacaaccaggacagggcccagcggcatccctgagaggtcagcgggaagccccgacagcccc ttoggaaaccacagccaccctgaccatcacaagcgtggaagcggcgacgagggccgactact actgccacatctgggacagcaggggtgccaccaagtgggtgttggcggcgaccaccctg accgtgctggcaaaaaccataaccgacttctgctgacccagagccctcagcctgagcgtg acacctggcagagcggcagcatcagctgcaagagcagccactcctgatccacggcgacc ggaacaactacctggcttgtagctgcagaagcccggcagatccccagctgctgatctacc tggccagcagcagagccagcggcgtgccgatagatttctggcagcggcagcagacaagga cttcaccctgaagatcagccgggtggaaccgaggacgtgggacactactactgtatgcagg gcagagagagcccctggaccttggcagggcaccagggtgacatcaaggataagacc ataccgtacgggtggcggctcccagcgtgttcatctcccactagcagcagcagctgaagtc cggcacagcctctgctgctgctgtaacaacttctacccccgagggcacaagtgcagtg gaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccactacagcctgagcagcaccctgactgagcaaggccgactacgag aagcacaaggtgtagcctgcaagtgaccaccaggccgtgtagccccgtgaccaaga gctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 136</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 18</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsyftahilfwfrqapgrglewvvgwikpqygavnfggf rdrvlttrdvyreiyamdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgggtvvvsaastkgps vfplapsskstsggtaalgclvdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqssgylsllsvvtvps sslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdltlmisrt pevctvvdvshdepvkfnvyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngke ykckvsnkalpapiektiskakgqprepvctlppsrdeltnkqvslscavkgyfypsdiavewe sngqpennyktpvlstdsgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 137</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgpgrapklhihtssvedgvpsrfsqsg fhstfnltisdldqaddiatyycvqlqffgrsrllhikrtvaapsvfifppsdeqlksqtasvvcllnfnyp reakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstltskadyekhkvyacevthqglsspv tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 138</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qmqjqesgpglvkpksetlslscsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvhksgdtnyspslk srvnlsldtsknqvsislvaataadsgkyycarlhgrriygivafnewftyfymdvwngtqvts sdkthtevrivesggglvkpggslrlscsasgfdndawmtwvrpppgkglewvgritgpeg wsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnnvrtedtyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdw gqgtlvivssdkthtastkgspsvflapsskstsgtaalgclvkdyfpepvtvswnsгалтsgvh tfpavlqssgylsllsvvtvpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapel lggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvvdshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyn styrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqv slwclvkgyfypsdiavewesngqpennyktppvldsdgsfflyskltdksrwqqgnvfscsv mhealhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 139</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnraslititgaqaedeaddyccsrldksgrslsvfgggkltvldkthtsdisvapgetariscgekls gsravqwyqhragqapsliiynqdrpsgiperfsgspdsfpgttatlitsveagdeaddychi wdsrvptkwvfgggtlvtldkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvqwk vdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 140</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 18</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacgtgtgagctgtggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtcgggtgtc ctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggtccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagatggcgcgctgaactcggcggag gctccgggatagagtgaccctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatcc gggccctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggctctggatgcttggggcaggcacaaccgtggtggtgtctcggcctctaca aagggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacagccgc cctgggctgcctctgtaaggactcttccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggcaccagacctacatctgcaacgtgaaccacaa gccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctccccgaactgctgggagccctcctgttctctgttcccccaagc ccaaggacacctgatgatagccggacccccgaagtacctgcgtggtggtggatgtgtccc acgaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtaacaacagcactaccgggtggtgtcctgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtcaaggtgcaaggtgtccaacaaggccctgct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccggaaccccaggtgtgc aactgcccccaagcaggagcagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgcccgtga aaggcttctaccctccgataatgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtcccgggtggcagcagggcaacgtgttcagctgtcctgtagtcacagggccctg cacaaccactacaccagaagtccctgagcctgagccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 141</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagtgaccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctcaggcgtgggagcagcactgactggtatcagcacaagcctggcag agccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagtggcgtgccagcagattt ccggcagcggctccacaccagctcaacctgacctacagcagctgagcagccagcagattg ccactactattgtcaggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac ggtggccgctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcagcagc ctctgtcgtgtcctgctgaacaacttacccccggaggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgcccctcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagcagcagcaaggactc cacctacgcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggg gcgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 142</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagatgcagctgcaggagagcggcctggactcgtgaagcccagcagaccctgagcctga catgcagcgtgagcggcggcagcatcagcgcagcactgaggctggatcaggaggagccc tggcaagggcctggagtgatcggctacgtgcacaagagcggcgacaccaactacagcccc tcctgaagtcagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaaccagggtgagcctgtccctg gtgctgcacagctgctgacagcggcaagtactactgtgcccaggaccctgcacggcaggag gatctacggcatcgtggcctcaacagagtggttacctactctacatggacgtgtggggcaacg gcaccaggtgaccgtgagctccgacaaaaccataccagggttagactggtggagtcagg agggggcctgtgaagcccgggtgctctccgctgagctgttctgcccctggcttggattcgat aacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagggactggagtggtgggaagaa tcacaggtccaggcggaggtggtcctggactacgcggaatctgtaaaagggcggttacaat ctcaagggacaataccaagaatacctgtatttgagatgaacaactgagaactgaagaca ccggatattactctgtgccagaacaggcaataactacgactctgtgcccgtatccccctggc gaggaatatttcaagactgggtcagggaaacctgttatcgtgtcctccgataagaccacac cgctccaccaagggccatcggctctccccctggcaccctcctcaagagcacctctgggggc acagcggccctggctgctggctcaaggactactccccgaaccggtagcgtgtcgtggaac tcaggcgcctgaccagcggcgtgcacacctccccggctgtcctacagtcctcaggactctac cctcagcagcgtggtgacctgtccctccagcagctgggcaccacagcctacatctgcaactg gaatcacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttgagccaaatctgtgacaaa actcacacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctggggggaccctcagcttctcttccc cccaaaccacaaggacacctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgctgtgtgtg acgtgagccacgaagacctgaggtcaagttcaactggtatgttgacggcgtggaggtgata atgcaagacaaaagcggcgggaggagcagtaacaacagcagcgtaccgtgtgtgacgtcct caccgtcctgaccagcagcgtgctgaatggcaaggagtaacaagtgcaaggttccaacaaa gcccctccagccccatcgagaaaaccatctccaaagccaaagggcagccccgagaacca caggtgtacacctgccccatgcccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtgtgtc ctgtgtaaaggctctatcccagcagacatcgcctgtgagtgaggagcaatgggagccgga gaacaactacaagaccagcctcccgtgtgactcgcagcggctccttctcctactcaaaa ctcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgag gctctgcacaaccactacacgcagaagagcctctcctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 143</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gcacccaactgactcaggacctgcccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattactg ccgagggcactcactcggagccactacgcttctggtatcagaagaaccggccaggca cctgtgctgctgttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttctgpcagt gcacaggaaccagcagctgaccattaccggcggccaggctgaggacgaagccgatt actattgacgtcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggactaaa ctgaccgtcctcgacaaaaccatacctccgacatcagcgtggccccggagagacagcca ggatctcctcggcgagaagagcctgggaagcagggcgtgtgagtggtaccaacacagggc cggacaggtcccagcctgatctacaacaaccaggacagggcccagcggcatcctgag aggttcagcggaaagcccagcagcccctcggaaaccacagccacctgaccatcacaagcg tggaaagccggcagcagggccgactactgcccacatctggacagcaggggtgccaccaa gtgggtgtttggcggcggcaccacctgaccgtgctggataagaccatacccgtagcgtggc cgctcccagcgtgttcatcttcccactagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgct gtgtgctgctgaacaactctacccccgagggcgaagtgagtggaaggtgggacacgcg cctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacct acagcctgagcagcaccctgactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga gtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 144</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 19</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>evrlvesggglvlpqgsrlrscsasgfdnawmtwvrppqkglewvgritgpegwsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnvrtdtgyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdwgggtlvi vssastkqpsvflapsskstsggtaalqclvkdypvptvswnsqaltsgvhtfpavlgssgly slssvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppapellgqpsvflfppk pkdtlmisrtpevtcvvvdshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrsvsvltvlh qdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltknqvsiscavkgtfyp sdiavewesngqpenyktppvltdsgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhhnyt qkslsispq</p>	<p>SEQ ID NO: 145</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>aseltqdpavsvalkqtvtitcrgrdlsrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeadyccsrdksgsrsvfgggkltvlvsqkaapsvltfppsseelqank atlvclisdfypgavtvawkadsspvkagvetttspkqsnnykaassyllsipeqwkshrsysc qvthegstvektvaptecs</p>	<p>SEQ ID NO: 146</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qmqLqesgpglvkpksetlslcvsrgasidsywswirrspgkglewigyvkhsgdtnyspslk srvnlsldtsknqvsllvaataadsgkyycartilhgriygivafnewftyfymdvwngtqvts sdkthtQvhltsqgpevrkpgtsvksckapgnlkydlhwvsvpgglqwmgwishegd kkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavvycaKskhrlrdyalyddgalnwavdv dylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgspsvflapssksstsgtaalgclvdyfpepvtvsw sgaltsgvhtfpavLqssgylsylvvtvpssslgtqiyicvnhkpsntkvdkkvepkscdktht ppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnakt preeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepvytlppcr deltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwqqg nvfscsvmhealhhnytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 147</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawvyqkprspqliilassrasgvprf sgsgsdkdflikisrvetedvgtyycmqgrespwftgqgktvdikdthtsdisvapgetariscg eksLgravqwyqhraggapsliiynndrpsgiperfsgspdsfpgttatitsveagdeady chiwdsrvptkwwfgggttlvdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvq wkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrg ec</p>	<p>SEQ ID NO: 148</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 19</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>gagggttagactggtggagtcaggaggggggctgtgaagcccgtgggtctctccgctgagct gttctgctccggtttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaaagggcggttacaatctcaaggacaataccaagaatacctgtattggagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaataactacgact tctggtccgctatccccctggcgaggaataattcaagactgggtcagggaaacctgttatcg tgtcctccgctgacccaagggccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcact ctggcggaaacagcccctggctgcctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtg ctggaattctggcggcctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtctgcagtccagcggc ctgtacagcctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggacccagacctacatct gcaacgtgaaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagag ctgcgacaagaccacacctgtccccctgtctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgt tctgttcccccaagcccaaggacacctgatgatcagcggacccccgaagtacgtc gtgggtggatgtgtccacgaggaacctgaagtgaagttcaattggtacgtggagcggcgtg aagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggt gtccaacaaggccctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcc ccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggagcagctgaccaagaaccaggt gtccctgagctgtccgtgaaaggcttctaccccctcgatacgcctggaatgggagagcaac ggcagcccagagaacaactacaagaccacccccctgtgctgacagcagcggctcattctt cctggttccaagctgacagtgacaagtccgggtggcagcagggcaacgtgtcagctgctc cgtgatgcacgagggccctgcacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc aag</p>	<p>SEQ ID NO: 149</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gcataccgaactgactcaggacctgcccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattactg ccgagggcactcactgaggaccactacgcttccgtgtatcagaagaacccggccaggca cctgtgctgctgttctacggaagaacaataggccatctggcatccccgaccgttttctggcagt gcatacagggaaccgagccagctgaccattaccggcggcccaggctgaggacgaagccgatt actattgacgtcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaaactaaa ctgaccgtcctcagtcagccaaggctgccccctggcactctgttcccggcctcagtgaggga gcttcaagccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtgacttctaccgggagccgtgaca gtggcctggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggagtgaggaccaccacacctcc aaacaagcaacaacaagtacggccagcagctacctgagcctgacgcctgagcagtg aagttccacagaagctacagctgcccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagaca gtggcccctacagaatgtca</p>	<p>SEQ ID NO: 150</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagatgcagctgcaggagagcggcctggactcgtgaagcccagcgagaccctgagcctgacatgcagcgtgagcggcggccagcatcagcgcagactactggagctggatcaggaggagccc tggcaagggcctggagtgatcggctacgtgcacaagagcggcgacaccaactacagcccc tcctgaagtcagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaaccagggtgagcctgtccctg gtgctgccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgccaggaccctgcacggcaggag gatctacggcatcgtggcctcaacagtggttacctacttctacatggacgtgtgggcaacg gcaccagggtgaccgtgagctccgcaaaaaccataccagggtgacctgacacagagcgg gaccgaagtgcggaagcctggcacctcgtgaagggtcctgcaaggcccctggcaacacc ctgaaaacctacgacctgcactgggtgcgagcgtgccaggacagggactgacgtggatgg gctggatcagccacgaggggcacaagaaagtatcgtggaacgggtcaaggccaaagtac catcactgggacagaagcaccacaccgcctacctgacgtgagcggcctgacctgtggcg ataccgctgtactactgccaaggcagcaagcaccgctgagagactacgcccctgtac gacgatgacggcgcctgaactggcctggatgtggactacctgagcaacctggaattctgg ggcaagggcacagcctgacacctgtcatctgataagaccacaccgcttccaccaaggccc atcgtctccccctggcaccctcccaagagcacctctggggcagagcggcctggcctggc ctggtcaaggactactccccgaaccgggtgacgggtgctgtggaactcaggcggcctggc ggctgacacacctcccggctgctactcagctcctcaggactcctcctcagcagcgtggtag cgtgccctccagcagctgggcaaccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagca acaccaaggtggacaagaaagttagaccctgtgacccaaatctgtgacaaaactcacatgcccaccg tggccagcacctgaactcctggggggaccgtcagcttctctcccccaaaaaccacaaggac acctcatgatctcccggaccctgaggtcacatgctgggtggaggctgagccacgaagac cctgaggtaagttcaactggatgtgacggcgtggagggtgataatgcaagacaagccg cgggagagcagtagacaacagcacgtaccgtgtggcagcgtcctaccgtcctgaccagga ctggctgaatggcaaggagtacaagtgaaggctccaacaaagcctcccagccccatcg agaaaaccatctcaaaagcacaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgcccc catgcccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggcctgtaaaaggctctatcc cagcgacatcgccgtggagtgaggagcaatgggcagccggagaacaactacaagacca cgctcccgtgctggactccgacggctccttctcctactcaaaactcaccgtggacaagagc aggtggcagcaggggaactctctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctc cgcagaagagcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctcctc</p>	<p>SEQ ID NO: 151</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggccagcat cagctgcaagagcagccactcctgatccacggcgaccgggaacaactacctggcttggtag tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgcacaaggactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgagagcgtggggcacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttg gccagggcaccagggtggacatcaaggcaaaaaccatacctccgacatcagcgtggccc ccggagagacagccaggtcctcctggcgcgagaagagcctgggaagcagggcgtgtagt ggtaccaacacagggccggcagggctcccagcctgatctatacaacaaccaggacaggc ccagcggcatcccgtgagaggtcagcggaaagcccagacccccctcggaaaccacagccac cctgacctacaagcgtggaagccggcgcagagggcgcactactactgcccacatctgggac agcagggtgcccaccaagtgggtgtttggcggcggcaccaccctgacctgctggataagac ccataccgtagcgggtggcggcctcccagcgtgtcctcctcctcctcctcctcctcctcctc tccggcagcctcgtcgtgtgctgctgaacaacttctacccccgcaggccaaagtgcagt ggaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagga cagcaaggactccactacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgcctgcaagtgaccaccagggcctgctgagccccgtgaccaag agctcaaccggggcgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 152</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 20</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkpgasvrvscqtsyftahilfwrqapgrglewvvgwikpqygavnfggg rdvltlrdvyreiaymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgqgtvsvsaastkgps vflapsskstsggtaalgclvkdypfpvptvswngaltsghvtfpavlqssgylsivsvtvpss slgtqyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtlmsirtp evtcvvvdvshedpfnwvydgvevhnaktkpreeqnystyrsvsvlthqdwlngkey kckvsnkalpapiektiskakgpprepqvctlppsrdeltnqvsiscavkgyfypsdiavewes ngqpennyktppvlvdsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhhealhnhytqklsislspg</p>	<p>SEQ ID NO: 153</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpprapkllihhtssvedgvpsrfsqg fhstfnltisdqaddiatyycvqlqffgrsrhikirtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfy reakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsstltskadyekhkvyacevthqglsspv tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 154</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qmqlqesgpglvkpksetlsltsvsgasisdsywswirrspgkglewigyvkhsgdtnyspslk srvnlsldtsknqvslsivaataadsgkyycartilhgriygivafnewftyfymdvwngtqvts sdkthtQvhltsqsgpevrkpgtsvksckapgnlkydlhwvrvpqqglqwmgwishegd kkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdvavyycakgskhrlrdyalydddgalnwavdv dylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgspsvflapssksstsgtaalgclvdyfepvtvsw sgaltsgvhtfpavqlqssgylsylvvtpssslgtqiyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtc ppcpapellggpsvflfpkpkdtlmisrtevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktk preeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqpreppqvytlppcr deltknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwqqg nvfscsvmhealhhhtyqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 155</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshslsvtppgesasiscksshlihgdrnnylawvyqkprspqlliylasrasgvprf sgsgsdkdflikisrvetedvgtyycmqgrespwftgqgkvdikdthtsdisvapgetariscg ekslgsravqwyqhragqapsliiynndrpsgiperfsgspdspfgttatliitsveagdeady chiwdsrvptkwwfvgggtltdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvq wkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrng ec</p>	<p>SEQ ID NO: 156</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 20</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacgtgctgagctctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgagggtgct ctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatggaatcaagccccagatggcgcctggaactcggcggag gctccgggatagagtaccctgaccgggacgtgaccgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctaccggcga cagcagctggctctggtgctggggcaggcacaaccgtgggtgctgctgcccctctaca aaggggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacggcgc cctgggctgctcgtgaaggactacttcccagaccgtgaccgtgctcggaaattctggcgcct gaccagcggcgtgacacacctccagctgtgctgagcagcagcggcctgtacagcctgagcag cgctgtgacagtgcccagcagctcctggtgaccagacctacatctgcaactggaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggaagaaggtggaacccaagagctgcaagaagaccac acctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgttctgtcccccaag cccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtgaactgctggtggtggaatgtgtcc cagcagggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgcca gaccaagccaagagaggaaacagtacaacagcacctaccgggtggttccgtgctgaccgtg ctgaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaagggtccaacaaggccctgc ctgccccatcgagaaaacctcagcaaggccaaggccagccccggaacccaggtgt gcacactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccgt gaaaggcttaccctccgatctgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagaaac aactacaagaccacccccctgtgctgacagcagcggctcattcttctggtgtccaagtga cagtggaagaagtcgggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctccgtgatgcagaggcc ctgcacaaccactacaccgaagaagtcctgagcctgagccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 157</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagctgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcgggcagacagagtaccatc aactgccagacctctaggcgtgggagcagcagctgactggtatcagcacaagcctggcag agccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagtggcgtgcccagcagattt ccggcagcggctccacaccagctcaacctgacctcagcagatctgcaggccgacgacattg ccacctactattgtcagggtgctgagttcttcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac gggtggcctcccagcgtgttcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagc ctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaagggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggact ccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaagg tgtacgcctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccgg ggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 158</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagatgcagctgcaggagagcggcctggactcgtgaagcccagcagaccctgagcctga catgcagcgtgagcggcgcagcatcagcagcagctactggagctggatcaggaggagccc tggcaagggcctggagtgatcggctacgtgcacaagagcggcgacaccaactacagcccc tccctgaagtcagggtgaacctgtccctggacaccagcaagaaccaggtgagcctgtccctg gtgctgcccacagctgctgacagcggcaagtactactgtgcccaggaccctgacggcaggag gatctacggcatcgtggcctcaacaggtggttacctacttctacatggacgtgtgggcaacg gcaccaggtgaccgtgagctccgacaaaaccataccagggtgacctgacacagagcg gaccggaagtgcggaagcctggacacctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacacc ctgaaaacctacgacctgacgtgggtgcgagcgtgccaggacagggactgcagtggtg gctggatcagccacgaggggcacaagaaagtatcgtggaacggttcaaggccaaagtga ccatgcactgggacagaagcaccacaccgctacctgacgtgagcggcctgacctctggc gataccgcccgtactactgcccgaagggcagcaagcaccggctgagagactacgccctgta cgacgatgacggcgcctgaactggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctg ggccagggcacagccgtgacgtgtcatctgataagaccacaccgcttccaccaagggcc catcgtctccccctggcaccctcctcaagagcaccctctgggggacagcggccctggct gcctgtcaaggactactccccgaaccgggtgacgggtgctggaactcaggcggccctgacca gcggtgacacacctccccgtgtcctacagtcctcaggactactcctcagcagcgtggtg accgtgccctccagcagctgggacccagacctacatctgcaacgtgaatcacagcccag caacaccaaggtggacaagaagttagcccaatctgtgacaaaactcacacatgccccac cgtgcccagcacctgaactcctgggggaccgtcagcttctcctcccccaaaaccaagg acacctcatgatctccggaccctgaggtcacatcgtggtggagcgtgagccacgaag accctgaggtcaagttcaactggtatgtgacggcgtgaggtgcataatgccaagacaaag cggggaggagcagtaacacagcagctaccgtgtggtcagcgtcctaccgtcctgaccag gactggctgaatggcaaggagtacaaggtcctcaaaaagccctcccagccccat cgagaaaacctcctcaaaagccaagggcagcccggagaaccacaggtgtacacctgcc cccatgcccggatgagctgaccaagaatcaagtacgcctgtggtgctgtgtaaaagcttcat cccagcagatcgcctggtgagtgaggagcaatgggagccgggagaacaactacaagac cagcctcccgtgctggactccgagcgtccttctcctactcaaaaactcaccgtggacaaga gcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccacta cacgcaagaagcctcctcctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 159</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggcagcat cagctgcaagagcagccactcctgatccacggcgaccggaacaactacctggcittggtacg tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgagagcgtgggcacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggacctttg gccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaaaccataacctccgacatcagcgtggccc ccggagagacagccaggtcctgcccggcagaagagcctgggaagcagggcgtgctgagc gggtaccaacacagggccggcagggctccagcctgatctatacaaacaggacagggc ccagcggcatcccgtgagaggtcagcggaaagcccagacccccctggaaccacagccac cctgaccatcaaaagcgtggaagccggcgacagggccgactactactgccacatctgggac agcaggggtcccaccaagtggtgtttggcggcggcaccacctgacctgctggtgataagac ccataaccgtacgggtggccctcccagcgtgtcctcctccacctagcagcagcagcagtaag tccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttaccctccggaggccaaagtgcagt ggaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagga cagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgctcgaagtgaccaccagggcctgtgtagccccgtgaccaag agcttcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 160</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 21</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>qvhltsqgpevrkpgtsvkvsckapgnlktkydlhwvrsvpqglqwmgwishegdtkkriver fkakvtidwdrntaylqlsrgtgdavyycaakgskhrlrdyalyddgalnwavdvdylnlef wgqgtavtvssastkgsfvplapsskstsggtaalgclvkdyfepvvtswnsгалтspvhtfp avlsqsglyslsvvtvpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellg gpsvflfppkpdtlmisrtpevtcvvvdshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynst yrvsvitvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvsl scavkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflvskltdksrwqqgnvfscsvm healhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 161</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>dfvltqshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvvqkpgrspqlliylassrasgvprdf sgsgsddkdfllkisirvetedvgtyycmqgrespwftgqgkvdikrtvaapsvfifppsdeqlksg tasvvcllnnfybreakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdsdstysslstltskadyekhkvya cevtqhglsspvtkfsnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 162</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrivesggglvkpggsrlscsasgfdfnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnvrtdetgyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvi vssdktht rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgyftahilfwrqapgrglewvkwikpqygavnfgggfr drvtlrdvyreiaymdirglkpdtdtavyyccardrsygdsswaldawgqgtvvvsadkthtastk gpsvfplapsskstsggtaalgclvdyfpepvtvswngalstgsvhtfpavlqssgylsllsvvt vpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppcapellggpsvflfppkpkdtlm isrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlng keykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqvslwclvkgfypsdiavew esngqpennyktppvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealnhytqkslslsp g</p>	<p>SEQ ID NO: 163</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgprapklhihtssvedgvpsrfsqsg fhtsnltisdjqaddiatyycqvlqffgrgsrlhikdkthtaseltqdpavsvalkvtitcrdslrsh yaswyqkkpgqapvllyfgknrnrsgipdrfsgsasgnraslitgaqaedeaddyccsrdrksg srlsvfgggtklvldkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnyfpreakvqwkvdnalq sgnsqesvteqskdstyislstltskadyekhkyacevthqglsspvtksnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 164</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 21</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>cagggtcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgct ctgcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtgcgcagcgtgccag gacagggactgcagtgatggctgatcagccacgagggcgacaagaaagtatcgtgg aacggttcaaggccaaagtaccatcgactggacagaaagcaccacaccgctaccctgca gctgagcggcctgacctctggcgataccgcccgtactactgcgcaagggcagcaagcacc ggctgagagactacgcccgtacgacgatgacggcgccctgaactgggcccgtgatgtggac tacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgaccgtgcatctgctgacca agggccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacagccgccc ctgggctgctctggaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctcctggaattctggcgcct gaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgacgtccagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaacctgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgtcctgttcccccaagc ccaaggacacctgtagatcagccgacccccgaagtgcctgctggtggtgatgtgtccc acgaggacctgaagtgaagtcaattgttacgtgacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcactaccgggtggtgctcctgctgaccgtgct gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtcaaggtgccaacaaggccctgcct gccccatcgagaaaacctagcaagccaaggccagccccgcaacccccagggtgctc acactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgctcctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatacgcctggaatggagagcaacggccagcccagagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagcagcgtcattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtccccgtggcagcaggcaacgtgtcagctgctcctgctgacagaggccctg cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 165</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacttctgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttgtagc tgcaagcccggcagatccccagctgctgctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgccccgatagatttctggcagcggcagcagcaaggactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgaggcagctgggacactactactgtatgcagggcagagagccccctggaccttg gccagggcaccaggtggacatcaagcgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccac ctagcagcagcagcgtgaagtccggcacagcctctgctgctgctgctgaacaacttacc ccgagcggcacaagtgacgtggaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagccagg aaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacac tgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccaggcct gtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 166</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtagtcaggagggggcctgtgaagcccgggtggtctctccgctgagct gttctgctccggcttgatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttgagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaatactacgact tctggtccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaacctgttatcg tgtctccgacaaaaccataccagagcccacctgggtcagctctggcaccgcatgaagaaa ccaggcgctctgtgcggtgtcctgtcagacaagcggtcacactcaccgcccacatcctgtt ctggtccggcaggccccctggcagaggactggaatgggtggatgatcaagccccagtaig gcgccgtgaactcggcggaggttccgggatagagtaccctgaccgggacgttaccgc gagatcgctacatggacatccgggctgaagcccgatgacaccgctgtactactcgc cagagacagaagctacggcgacagcagctgggtctggtgcttggggccagggcacaac cgtggtggtctgcccataagaccacaccgcttccaccaagggcccacgttctccccctg gcacctcctcaagagcactctggggcacagcggcctgggtgctgctggtcaaggacta ctccccgaaccgggtgacgtgtcgtggaactcagcggcctgaccagcggcgtgcacactt ccccgctgtctacagtctcaggactctactcctcagcagcgtggtgaccgtgccccagca gctgggcaccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaagggtgga caagaaagttgagccaaatctgtgacaaaactcacatgcccaccgtgccagcacctg aactcctgggggaccgtcagctctctctcccccaaaaccaagacacacctatgatctcc cggacccccgaggtcacatcgtggtggtgacgtgagccacgaagaccctgaggtcaagtt caactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatccaagacaagccgcccggaggagcag tacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgaccaggactggtgaatgpc aaggagtacaagtgcaaggttccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatct ccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgccgggatg agctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtgctgtaaaaggctctatcccagcgacatgc cgtggagtgggagagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccgctcccgtgct ggactccgacggctctctctactcaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 167</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tacatccacgtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcagggcgtgggcagcagcactgactggtatcagcacaagcctggcag agccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgccagcagattt ccggcagcggctccaaccagctcaactgacctcagcagatctgcagggccgacgacattg ccacctactattgtcaggtgtcagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaaggaaa aaccataccgcatccgaactgactcaggaccctgcccgtctgtggtgactgaagcagactgt gactattactgcccagggcactcactcgggagccactacgctcctggtatcagaagaaacc ggccagccactgtgctgctgtctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgc tttctggcagtgatcagggaaaccgagccagctgaccattaccggcggcaggctgaggac gaagccgattactattgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgtcggagga ggaactaaactgaccgtcctgataagaccatacccgtacgggtggcggctcccagcgtgtc atcttcccactagcagcagcagctgaagtcggcagcctctgctgtgctgctgtaaca acttacccccgcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcccctgcagagcggcaa cagccaggaaagcgtgaccgagcagcagcaaggaactccacctacagcctgagcagca ccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaca ccaggcctgtctagccccgtgaccaagactcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 168</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 22</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>qvhltsqspvevrkpgtvsksckapgnllktydlhwvrvpqqglqwmgwishedkkviver fkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavyycaakgskhrldyalyddgalnwavdvdylnlef wgqgtavtvssastkgpsvfplapsskstsggtaalgclvkdypvptvswngaltsghvhtfp avllqssglyslsvvtpvssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellg gpsvfifppkpdtlmistrpevtcvvdvshedpevkfnwvydgvvehnaktipreeqynst yrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgprepqvctlpssrdeltknqvs sclavkgyfypsdiavewesngqpennyktpplvdsgsfflvskitvdksrwwqgnvfscsvm healhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 169</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>dfvltqspshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawvyqkprspqllillassrasgvpdf sgsgsdkdfllkisrvetedvgtyycmqgrespwftgggtkvdikrtvaapsvfifppsdeqlksg tasvvcllnnfyreakvqkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstltskadyekhkvya cevhqglsspvtkfsnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 170</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilfwrqapgrglewvkwipqygavnfgggr drvtlrdvyreiaymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgggtvvvsadkthtevr vesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdyaesv kgrftisrdntkntlylemnvrtdedgyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvivssd kthtastkpgsvflapsskstsggtaalgclvkdypvsvwvnsaltsgvhtfpavlsqsgly slssvvtvpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppcpapellggpsvflfppk pkdtlmsirtpvctvvvdshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlh qdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltnqvslwclvkgfyfs diavewesngqpennykttppvldsdgsf</p>	<p>SEQ ID NO: 171</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdslrshyaswyqkkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeaddyccsrksgsrslsvfgggtklv dktht Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapklilhtssvedgvpsrfsqsg fhtsnltisdqaddiatyycvqlqffgrsrhik dkthtrtaapsvflfppsdeqlksqtsvvcllnfyreakvqkwkdnalqsgnsqesvteqd skdstylsstitlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 172</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 22</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgc ctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacctgacctgggtgcgcagcgtgccag gacagggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatcgtgg aacggtcaaggccaaagtgacctcgtgacagagaagcaccacaccgctacctgca gctgagcggcctgacctctggcgataccgctgtactactgcgccaagggcagcaagcacc ggctgagagactacgacctgtacgacgatgacggcgccctgaactgggcccgtggatgtggac tacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagccgtgacctgtcatctgtctgacca agggcccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccc ctgggctgcccctggaaggactacttcccagcccgtgacctgtcctggaattctggcgccc gaccagggcgtgcacaccttccagctgtctgcagctccagggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctcctgggacccagacctacatctgcaacctgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagagctgcgacaagaccaca cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggcccctccgtgtcctgttcccccaagc ccaaggacaccctgatgatcagccgacccccgaagtacctgctggtggtggtgatgtgtccc acgaggacctgaagtgaagtcaattgtagtgagcggcgtggaagtgcacaagcacaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcaccctaccgggtggtgtcctgctgacctgct gcaccaggactggctgaacggcaagagtagcaagtgcaaggtgtccaacaagcccctgcct gccccatcgagaaaacctcagcaaggccaagggcagccccggaaccccaggtgtgc aactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtgccgtga aaggcttctacccctccgatatcggctggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtcccgtggcagcagggcaacgtgttcagctgctcctgagatgacagggccctg cacaaccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 173</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacttcgtgctgacctagaccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttgtagc tgcaagaagcccggcagatccccccagctgctgactacctggccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgaggacgtgggacactactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttg gccagggcaccagggtggacatcaagcgtacgggtggcctcccagcgtgtcatcttcccac ctagcgacgagcagctgaagtcggcacagcctctgtctgtgctgtaacaacttctacc ccgagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagccagg aaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacac tgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccagggct gtctagccccgtgaccaagagctcaaccgggagctgt</p>	<p>SEQ ID NO: 174</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>agagccacacgtgagctgctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgagggtgct ctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctgggtccggcaggccccctggc agaggactggaatgggtggatggaatcaagccccagatggcgcctggaactcggcggag gcttccggatagagtgaccctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatcc ggggcctgaagccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggctctggatgctggggccaggcacaaccgtgggtgctgcccagaaaa cccataccgaggttagactggtagtcaggaggggggctgtgaagcccgggtgctctcc gcctgagctgtctgctccggcttgaattcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctc caggtaagggactggagtggtgggaagaatcacaggctcaggcggagggctggctcggga ctacgaggatctgtaaggggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatt ggagatgaacacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgcccagaacaggcaaat actacgactctggtcggctatccccctggcgaagaatatttcaagactgggtcagggaacc ctgttatctgtctccgataagaccacaccgctccaccaaggggccatcggctctccccctg gcaccctcctcaagacacctctggggcacagggcctgggtgctgctgtaaggacta ctccccgaaccggtagcgtgctggaactcaggcgcctgaccagcggcgtgacacact cccggctgctcactcagctcactcctcagcagcgtggtgacctgcccctcagca gctgggcaccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaagggtgga caagaaagtgagccaaatctgtgacaaaactcacatgcccaccgtgccagcacctg aactcctgggggaccgtcagctctctctcccccaaaaccaagacacctcatgatctcc cggacccctgaggctacatcgtggtgggtgacgtgagccacgaagacctgaggtaagtt caactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatccaagacaagccggggaggagcag tacaacagcagctaccgtggtcagcgtcctcaccgtcctgaccaggactggctgaatggc aaggagtacaagtcaaggctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatct ccaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgccgggatg agctgaccaagaatcaagtcagcctggtgctgtaaaaggctctatcccagcagacatgc cgtggagtgaggagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccgctcccgtgct ggactccgacggctctctctactcaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 175</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gcacccaactgactcaggacctgctctgtggcactgaagcagactgtgactattactg ccgagggcactcactcggagccactacgctcctggtatcagaagaaccggccaggca cctgtgctgctgtctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgcttctggcagt gcacagggaaccgagccagctgaccattaccgggcccaggctgaggacgaagccgatt actattgacgtcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggactaaa ctgaccgtcctcgacaaaaccatacctacatccacgtgaccagagccccagcagcctgtcc gtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctcaggggcgtgggcagcagcct gcactggtatcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagc gtggaagatggcgtgcccagcagatttccggcagcggctccacaccagctcaacctgacc atcagcagatcgcagcccagcagatgccacctactattgtcaggtgctgacgttctcggcag aggcagcagactgcacatcaaggataagaccatacccgtacgggtggcgcctcccagcgtgt tcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgctgctgctgctgaaac aacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgagagcggca acagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagc acctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaagtgacc accaggcctgctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 176</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 23</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>evrlvesggglvlpkpgslrlscsasgfdnawmwtvwrpppgkglewvgritppgegwsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnvnrtedtyyfcartgkydfwsgyppgeeyfqdwgggtlvi vssastkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdypfpvtvswngaltsgvhtfpavllqssgly slssvvtvpssslgtqyicvnvhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppcpapellggpsvflfppk pkdtlmsrtpvctvvdshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqnystyrvsvlvtlh qdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgprepqvctlpssrdeltknqvsiscavkfgyp sdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhhealthnyht qkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 177</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Aseltqdpavsvalkqtvitrcrgdlsrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsjipdrfsgsas gnrasltitgaqaedeaddyccsrksgsrsvfgggtklvlspkaapsvtfppssseelqank atlvclisdfypgavtvawkadsspvkagvetttppskqsnnyaassylsltpaqwkshrsysc qvthegstvektvaptecs</p>	<p>SEQ ID NO: 178</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsyftahilfwrqapgrglewvqwikpqygavnfgggr drvtltdrvyreiaymdirglkpdtdavyyccardrsygdsswaldawgggtvvvsadkthtQvh ltqsgpevrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwrvsvpgglqwmgwishegdkkviverfka kvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyyccakgskhrlrdyalydddgalnwavdvylslnlefwg qgtavtvssdkthtastkpgsvfplapsskstsnggtaalgclvdyfpepvtvswngaltsgvht fpavlqssgylssovtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapell ggpsvflfppkpkdtlmsirtpetvcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqyns tyrvsvltvlhqdwlingkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqvs lwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdsfflyskltvdksrqqgnvfscsvm healhnhytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 179</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshsvtppgesasiscksshlihgdrnnylawyqkpgrspqlliylasrasgvprf sgsgsdkdfllkisrvetedvgtyycmqgrespwftgggtkvdikdktht yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvgsdlhwyqhkgprapklhhtssvedgvpsrfsqsg fhtsnltisdlqaddiatyycvlqffgrsrhikdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcll nnfyreakvqkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstliskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 180</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 23</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>gagggttagactggtggagtcaggaggggggcttgaagcccgggtgggtctctccgctgagct gtctgctccggttggatttcgataaacgctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaag gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtggtccggtgactacgcgga atctgttaaaggcggttacaatctcaaggacaataccaagaatacctgtattggagatga acaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcaataactacgact tctggtccggctatccccctggcgaggaataattcaagactgggtcagggaaacctgtatcg tgtcctccgctgacccaagggccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagacat ctggcggaacagcccctggctgctcctggaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctc ctggaattctggcggcctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgagtcagcggc ctgtacagcctgagcagcgtgacagtgcccagcagctctctgggacccagacctacatct gcaacgtgaaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaacccaagag ctgcgacaagaccacacctgtccccctgtctgccccgaactgctgggaggcccttccgtgt tctgttcccccaagcccaggacacctgatgatcagcggacccccgaagtacgtgc gtgggtggatgtgtcccagggaccctgaagtgaaagttaattggtacgtggagcggcgtg aagtgcacaacgccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgaccaggactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggt gtccaacaaggccctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagcc ccgcgaaccccaggtgtgcacactgcccccaagcagggagcagctgaccaagaaccaggt gtccctgagctgtccgtgaaaggcttctaccccctcgatcgcctggaatgggagagcaac ggcagcccagagaacaactacaagaccacccccctgtgctgacagcagcggctcattctt cctggtgtccaagctgacagtgacaagtccgggtggcagcagggcaacgtgttcagctgctc cgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacaccagaagtccctgagcctgagcccggc aag</p>	<p>SEQ ID NO: 181</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gcataccgaactgactcaggacctgcccgtctctgtggcactgaagcagactgtgactattactg ccgagggcactcactgaggaccactacgcttccgtgtatcagaagaacccggccaggca cctgtgctgctgttctacggaagaacaataggccatctggcatccccagcgttttctggcagt gcatcagggaaccgagcctgctgaccattaccggcggcccaggctgaggacgaagccgatt actattgacgtcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaactaaa ctgaccgtcctcagtcagccaaggctgccccctcggctcactctgttcccggcctcagtgagg gcttcaagccaacaagccacactggtgtgtctcataagtgacttctaccgggagccgtgaca gtggcctggaaggcagatagcagcccgtcaaggcgggagtgagaccaccacacctcc aaacaagcaacaacaagtagcggccagcagctacctgagcctgacgctgagcagtg aagtcccacagaagctacagctgcccaggtcacgcatgaagggagcaccgtggagaagaca gtggcccctacagaatgtca</p>	<p>SEQ ID NO: 182</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>agagccacctggcagctggtgaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgagggtgctctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggtccggcaggcccctggcagaggactggaatgggtggatggaatcaagccccagatggcgccgtgaactcggcggaggtctccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggctctggatgcttggggcaggcacaaccgtgggtgctgtccgacaaaa cccataccagggtgacactgacacagagcggaccgaagtgcggaagcctggcacctctgt gaaggtgctcgaagcccctggcaacacctgaaaacctacgacctgacctgggtgcga gcgtgccaggacaggactgagtggtggctggatcagccacgagggcgacaagaaagt atctgtggaacgggtcaaggccaaagtaccatgactgggacagaagcacaaccggc ctactgacgtgagcggcctgacctgtggcgtaccgctgtactactgcccaggggcag caagcaccgctgagagactaccctgtacgagatgacggcgccctgaactgggcccgtg gatgtgactacctgagcaacctggaattctggggcagggcacagccgtgacctgtcatct gataagaccacaccgctccaccaaggcccacgtctctccctggcacctctcccaag gacacctctggggcagcagcggcctgggctgctgctcaaggactacttcccggagcgg agcgggtgctggaactcagcggcctgaccagcggcgtgcacacctcccggctgctca ca gtcctcaggactctactcctcagcagcgtgtgacctgacctccagcagctgggacccag acctacatgcaacgtgatcacaagcccagcaacaccaagggtggacaagaagttagc ccaaatctgtgacaaaactcacatgcccaccgtgcccagcacctgaactcctggggggac cgtcagctctcctctcccccaaaacccaaggacacctcatgatctcccggacccctgaggtc acatgctgggtgggtgagctgagccacgaagacctgaggcaagtcaactggatgtgtgac gctggagggtgcataatgccaagacaagccgaggaggagcagtagacaacagcagctacc gttgtgctcagcgtcctcaccgtcctgaccagcagcgtggtgaaatggcaaggatcaagtg ca aggtctcaacaagccctcccagccccatcgagaaaacctctcaaaagcacaaggcca gccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggatgagctgaccaagaatcaa gtcagcctgtggtgctgtaaaaggctctatcccagcagacatgcccgtggagtgggagagc aatgggagcgggagaacaactacaagaccagcctcccgtgctggactccgagcgtcctt cttcctactcaaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgc tccgtgatgcatgaggctctgcacaaccactacacgcagaagacacctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 183</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactctgctgaccagaccctcagcagcctgagcgtgacacctggcagagcggcagcat cagctgcaagagcagccactcctgatccacggcgaccggaacaactacctggctgtgtagc tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgactacctggccagcagcagaccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaacaaggactcacctgaagatcagccgggt ggaaccgaggacgtgggacactactgtatgacggcagagagagcccctggacctttg gccagggcaccaaggtggacatcaaggacaaaaccatacctacatccacgtgaccaga gccccagcagcctgtccgtgctcctcggcagacagagtgacctcaactgcccagacctctcagg gctggggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgac caccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagatcttccggcagcggctccacac cagctcaacctgacctcagcagatctgacggccgacgacattgccacctactattgtcagggt gctgagttctggcagaggcagcagactgcacatcaaggataagaccataaccgtacgggt gccgctcccagcgtgtctctctcccactagcagcagcagcagctgaagtccggcagacgctct gctgtgctgctgaacaactctacccccgagcggcacaagtgcaagtggaaggtggacaacg cctcagcagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacc tacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaagggtgtagc cctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcga ggt</p>	<p>SEQ ID NO: 184</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 24</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>evrlvesggglvkpggsrlrscsasgfdfnawmtwvrppgkglewvgritpgegwsvdy a esvkgrftisrdntkntlylemnvrtdtgyyfcartgkydfwsgyppeeyfqdwgqgtlvivs sastkgpvsfplapsskstsgtaalgclvdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqssgylsls svvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppapellggpsvflfppkpkd tlmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltlhqdl ngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvslscavkgyfypsdiave wesngqpennyktppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvmhcalhnhytqkslslsp g</p>	<p>SEQ ID NO: 185</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>aseltqdpavsvalkqtvtitcrgdlsrshyaswyqkkpgqapvllfygknrpsgipdrfsgsasg nrasltitgaqaedeaddyccsrdrksgrslsvfgggtklvlsqpkapsvtlfppsseelqankatl vclisdfypgavtvawkadsspvkagvettlpskqsnkyaassylsltpeqwkshrsyscqvt h egstvektvaptacs</p>	<p>SEQ ID NO: 186</p>

ES 2 894 304 T3

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhlqtsgpevrkpgtsvkvsckapgnltkydlhwrvsvpgglqwmgwishegdkkriverf kakvtidwdrstntaylqlsgltsdgtavyycakgskhrldyalyddgalnwavdvdylnlefw gggtavtvss dkthtrahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsyftahilfwfrqapgrglewvvgwikpqygavnfg ggfrdvtlrdvryeiaymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgggtvvvsadkhta stkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlgssglyslssv vtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppcapellggpsvflppkpkdtl mistrpevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwln gkeyckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknqsvlwlcvkgyfypsdiavew esngqpennyktpplvdsgsflyskltvdksrwqqgnvfscsvmhealhnhytqklsislspg</p>	<p>SEQ ID NO: 187</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkggrapklilhtssvedgvpsrfsqsgf htsnltisdqaddiatyycqvlqffgrsrhikdkthtdfvltsqshslsvtpgesasiscksshslh gdrnylawyvqkpgrrspqlliylasrasgvpdfsrgsgskdfllkisirvetedvgytycmqgre spwftgqgkvdikdkthtrtaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvqkwvdnalq sgnsqesvteqskdstylsstltskadyekkhvyacevthqglsspvtksnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 188</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 24</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>gaggtagactggtggagtcaggagggggcttgtaagcccgggtgggtcctccgctgagct gttctgcccctggccttgatttcgataaacgctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggctcaggcgagggctggctcgtggactacgcgga tctgttaaagggcggtttacaatctcaaggacaataccaagaatacctgtatttgagatgaac aacgtgagaactgaagacacggatattactctgtgcagaacaggcaataactacgactctg gtccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactggggtcagggaaccctgttatcgtgtcc tccgctgaccaagggccccagcgtgtccctctggccccctagcagcaagagcacatctggcg gaacagccgcccctgggctgcctcgtgaagactacttcccagcccgtgacctgtcctggat tctggcggcctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagtcaccagggcctgtacag cctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagctctctgggcacccagacctacatctgcaacgtg aaccacaagcccagcaacaccaaggtggaagaaggtggaacccaagagctgcgacaa gaccacacctgtccccctgtcctgccccgaactgctgggagccctccgtgtctctgttcccc ccaaagcccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtgggtggat gtgtcccacgaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaac gcaagaccaagccaagagaggaacagtaacaagcagcactaccgggtggtgtccctgctga ccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaaggcc ctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccggaaccccagg tgtcacactgcccccaagcaggagcagctgaccaagaaccagggtgtccctgagctgtgccc tgaaaggcttaccctccgatcgcggtggaatgggagagcaacggccagcccagagaaac aactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctggtgtccaagctgac agtggacaagtcccgggtgagcagggcaacgtgttcagctgtccctgatgcacgaggccct gcacaaccactacaccagaagtccctgagcctgagccccggaag</p>	<p>SEQ ID NO: 189</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gcatcgaactgactcaggacctgcccctctctgtggcactgaagcagactgtgactattacttgc cgaggcactcactgaggagccactacgcttctgttatcagaagaaacccggccaggcacct gtgctgtgtttctacggaaagaacaataggccatctggcatccccgaccgttttctgagctgca tcagggaaccgagccagctctgaccattaccggcgcccaggctgaggacgaagccgattactat tgcagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaaactaaactgacc gtcctcagtcagcccaaggctgccccctcggtcactctgttcccggcctcagtgaggagctcaa gccaacaaggccacactggtgtgtctcataagtacttaccgggagccgtgacagtgccct ggaaggcagatagcagccccgtcaaggcgggagtggagaccaccacacctccaaacaaa gcaacaacaagtacgcccagcagctacctgagcctgagcctgagcagtggaagtcccac agaagctacagctgccaggctacgcgatgaaggagcaccgtggagaagacagtgcccccta cagaatgtca</p>	<p>SEQ ID NO: 190</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcagggcggtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcaga gccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgccagcagatttcc ggcagcggcttccacaccagctcaacctgacatcagcagatcgcagggccgacgacattgcc acctactattgtaggtgctgagcttctcggcagagcagcagactgcacatcaaggacaaaa cccataccgactctgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcg ccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggctt ggtacgtgcagaagcccggcagatccccagctgctgatctacctggccagcagcagagcc agcggcggtgccgatagattttctggcagcggcagcagcacaaggaacttaccctgaagatcagc cgggtgaaaccgaggacgtgggacactactactgtatgcagggcagagagagccccctggac ctttggccagggcaccaggtggacatcaaggataagaccatacccgtagcgtggccgctcc cagcgtgttcatctcccactagcagcagcagcgtgaagtcggccacagcctctgctgtgctt gctgaacaacttctacccccgcgaggccaaggtcagtggaaggtggacaacgcctgcaga gaggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcaagt gaccaccaggcgctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 191</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tacatccacgtgacccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcagggcggtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcaga gccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgccagcagatttcc ggcagcggcttccacaccagctcaacctgacatcagcagatcgcagggccgacgacattgcc acctactattgtaggtgctgagcttctcggcagagcagcagactgcacatcaaggacaaaa cccataccgactctgctgacccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcg ccagcatcagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggctt ggtacgtgcagaagcccggcagatccccagctgctgatctacctggccagcagcagagcc agcggcggtgccgatagattttctggcagcggcagcagcacaaggaacttaccctgaagatcagc cgggtgaaaccgaggacgtgggacactactactgtatgcagggcagagagagccccctggac ctttggccagggcaccaggtggacatcaaggataagaccatacccgtagcgtggccgctcc cagcgtgttcatctcccactagcagcagcagcgtgaagtcggccacagcctctgctgtgctt gctgaacaacttctacccccgcgaggccaaggtcagtggaaggtggacaacgcctgcaga gaggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcaagt gaccaccaggcgctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 192</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 25</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefi dctlnwirlapgkrpewmg wlkprggavnya rplqgrvmtmrdvysdtafelrsltvddtavfyfctr gkncdynwdfehwgrgtpvivssastkgp svfplapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqssgylslsvvtvps sslgtqiyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggsvfllfppkpkdtlmsirtp evtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeyk ckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlpssrdeltknqvsiscavkgyfypsdiavewesng qpennyktppvltdsgsfflysklitvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO:193</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>eivltqspgtlslspgetaiiscrts qygslawyqrrpgqaprlviy sgstraagipdrfsgsrwgp dynltisnlesgdfgvyy qyeffgqgktkvvdikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnf ypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstltskadyekhkvyacevthqglss pvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 194</p>
<p>Cadena pesada B</p>	<p>evrlvesggglvkpggsrlrscsasgfdfnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdya esvkggrftisrdntkntlylemnrvrtedgyfcartgkydfwsgyppeeyfqdwgqgtlvivs sdkthtqvqlvesgggvvqpqtslrscasqfrfdgygmhwwrqpaggkglewvasishdgikk yhaekvwgrftisrdnskntlylqmnsrpedtalyycakdiredeceewwsdydfgkqlpcak srgglvgiadnwqggtmvtvssdkthtastkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtv swngaltsgvhtfpavlqssgylslsvvtvpssslgtqiyicvnhkpsntkvdkkvepkscdk htppcpapellggsvfllfppkpkdtlmsirtpvctcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhna ktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvyltp crdeltnqvsilwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvltdsgsfflysklitvdksrwq gnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 195</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>qsvltqppsvsaapgkvtiscsgntsnignnfvswyqrrpgrapqlliyetdkrpsgidrfsask sgtsgtlaigtqgdeadycatwaaslsarvfgtgvivdkthtaseltqdpavsvalkqtvtitc rgdslrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgidrfsasgnrasltitgaqedeadyycc ssrdksgrslsvfgggtklitvdktthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfypreakvqwk vdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 196</p>

Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 25		
Cadena pesada A	<p>cagggtgcagctggtgcagctctggcggccagatgaagaacccggcgagagcatgcggatcag ctgcagagccagcggctacgagttcatgactgcaccctgaactggatcagactggcccctggc aagcggcctgagtgatggatggatggctgaagcctagagggcggagccgtgaactacgccagacc tctgcagggcagagtgaccatgaccgggacgtgtacagcgataccgccttctggaactgcgg agcctgaccgtggatgataccgcccgtgacttctgcaccggggcaagaactcgactacaact gggacttcgagcactgggagagggcaccctgtgatcgtgtcaagcgcgtgaccaagggcc ccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaacagccgcctgggctg cctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcctgaccagcg gctgtcacaccittccagctgtgctgcagtccagcggcctgtacagcctgagcagcgtgtgaca gtgccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaactgaaccacaagcccagcaac accaagggtgacaagaaggtggaaccaagagctgcgacaagaccacacctgtccccttg tcctgccccgaactgctgggagccccttccgtgtcctgttcccccaagccaagggaccct gatgatcagccggacccccgaagtacactgcgtggtggatgtgtccacagaggacctga agtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagccaagag aggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtccgtgtgaccgtgtgcaccaggactggct gaacggcaaagagtacaagtgaaggttccaacaagcccctgcccctatcgagaaa accatcagcaaggccaagggccagccccgcaaccccagggtgtgcacactgcccccaagca gggacgagctgaccaagaaccagggttccctgagctgtccgtgaaaggcttaccctccga tatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcgacggctcattctcctgtgtccaagctgacagtggacaagtcccggtgca gcagggcaacgtgttcagctgtccgtgtgcatgaggctctgcacagccactacacgcagaag agcctctccctgtctccgggt</p>	SEQ ID NO: 197
Cadena ligera A	<p>Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatc agctgccggacaagccagtagcggcagcctggcctgtatcagcagaggcctggacagggcccc cagactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcggctc cagatggggccctgactacaacctgaccatcagcaacctggaaagcggcgacttcggcgtgta ctactccagcagtagagttctcggccagggcaccaagggtgcaggtggacatcaagcgtac gggtggccgctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagcct ctgtcgtgtcctgtgaaacttctacccccgcgagccaaagtgcagtggaagggtggacaa cgccctgcagagcggcaacagccaaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccac ctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcagat gt</p>	SEQ ID NO: 198

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggtagactggtgagtcaggagggggcctggaagcccgggtgctctccgctgagct gttctgctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccggtgactacgcgaa tctgttaaaggcggtttacaatctcaaggacaatccaagaatacctgtatttggagatgaac aacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacagggcaataactacgacttctg gtccggctatcccctggcgaggaatatttcaagactggggcagggaaacctgttatcgtgtcc tccgacaaaaccataaccagggtgacgtgggtggagctgggggagggcgtggccagcctggg acgtccctgagactctcctgtgcagcctcaattcaggttgatgggtatggcatgactgggtccg ccaggccccaggcaagggctggagtggtggcatctatatcacatgatgaataaaaaagat cacgcagaaaaagtggggccgctcaccatctccagagacaattccaagaacacactgtatc tacaatgaacagcctgcgactgaggacacggctctactactgtgcgaagatttgcgaga agacgaatgtgaagagtggtgctggattattacgatttgggaaacaactccctgcgcaagtc acggcgggctggttgaattgctgataactggggccaagggacaatggtcaccgtctctcag ataagaccacaccgctccaccaagggccatcggcttcccctggcaccctcctccaagag cactctgggggcacagcggccctggctgctggtaaggaactacttcccgaaccaggtgac ggtgtctggaaactcaggcggccctgaccagcggcgtgcacacctcccggctgctcctactct caggactctactcctcagcagcgtggtgaccgtgacctccagcagctgggacccagaccta catctgcaactggaatcacagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttagcccaaat ctgtgacaaaactcacatgcccaccgtgccagcactgaaactcctgggggaccgtcagt cttctcttcccccaaaaccaaggacacctcatgatctccggaccctgaggtcacatgctg ggtggtagctgagccagaaagacctgaggtcaagttcaactggtatgttagcggcgtggag gtgcataatccaagcaaaagcggcggaggagcagtaacaacagcagcagcagcagcagcagc cgctctaccgtcctgaccagactggctgaatggcaaggagtaacaagtgcaaggtctccaac aaagccctccagccccatcgagaaaaccatctccaagccaagggcagccccgagaaac cacaggtgtacacctgccccatgcccggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtg cctggtaaaaggctctatcccagcagatcgccgtggagtgaggagcaatgggcagccgga gaacaactacaagaccagcctcccgtgctggactccgagcgtccttctctactcaaaact caccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctcatgaggct ctgcacagccactacagcagaagagcctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 199</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>cagtctgtgctgacgcagccgctcagtgctgcccaggacagaaggtcaccatctcctg ctctggaaacacctccaacattggcaataatttgtgctctggtatcaacagcgcctccgagagc ccccaaactcctattatgaaactgacaagcgacctcagggttctgaccgatctctgcttcc aagtctgttacgtcaggcaccctggccatcaccggctgcagactgggacgagggcagattatt actcgcacatgggtgcccagcctgagttccgctgcttctcgaactgggaccaaggtcactc gtcctggacaaaaccataccgcatccgaactgactcaggacctgctctgtggtgactga agcagactgtgactattactgcccaggcactcactgcccagccactacgcttctggtatcaga agaaaccggccaggcactgtgctgcttctacggaagaacaataggccatctggcatccc cgaccgttctggtcagctcagggaaaccgagcagctgaccattaccggcgcaccaggt gaggacgaagccgattactattgagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgtcg gaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagaccataaccgtagcgtggccctcccagcg gttcatcttcccactagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgctgtgctgctgta acaactctacccccgcagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcccctgcagagcggc aacagccaggaaagcgtgaccgagcaggaagcaaggactccacctacagcctgagcagc acctgacactgagcaagggcactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaagtgacca ccaggcctgctagccccgtgaccaagactcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 200</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 26</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkpgasvrvscqtsgyftahilfwrqapgrglewvwikpqygavfnfgg frdrvlttrdvreiaymdirglkpdtdavyycadrsygdsswaldawgggtvvvsaastkgp svfplapsskstsggtaalgcldkdyfepvsvwnsgaltsgvhtfpavllqssgylslsvvtvps sslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellgpps vflfpkpkdlmistrp evtcvvvdshedpevkfnwvydgvvehnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeyk ckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlpssrdeltknqvsiscavkgyfypsdiawewesng qpennyktppvldsdsfvlvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslsisp</p>	<p>SEQ ID NO: 201</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrfsqsgf htsnlntldlqaddiatyycqvlqfgrgsrlhikrtaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfypr eakvqwkdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltslkadyekhkvyacevthqglsspvtk sfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO:202</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>evrlvesggglvkgpgslrscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdya esvkgfrtisrdntkntlylemnvrntedgyfcartgkydyfswgypggeeyfdwgggtlvivs sdkthtqvqlvesgggqvqpgtslrscasqfrfdgymhwwrqapggkglewvasishdgikk yhaekvwgrftisrdnskntlylqmnslrpedtalyycakdlredeceewwsdydyfkgkplcak srgglvgiadnwqggtmvtvssdkthtastkqpsvflapsskstsoggtaalgclvkdyppevtv swnsgaltsgvhtfpavlgssglyslsvvtvpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdk htcpccpapellggpsvflfppkpkdtlmsrtpetvcvvdvshedpevkfnwvydgvvehna ktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakggpprepqvylpp crdeltnkqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpplvdsgsflyskltvdksrwqg gnvfscsvlhealshytkqslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 203</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>qsvltqppsvsaaaggkvtiscsgntsnignnfvswyqrrpgrapqlliyetdkrpsgipdrfsask sgtsgtlaigtqgdeadycatwaaslsarvfgtktvividkthtaseltqdpavsvalkqvtiic rgdlsrshyaswyqkpkpqqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqadeadyyc ssrdksgsrsvfvgggtklvldkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvqwk vdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 204</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 26</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacgtggtcagctctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtcgggtgtcct gtcagacaagcggctacacctaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccccctggcaga ggactggaatgggtgggatgatcaagcccagatggcgcctgaactcggcggaggcttcc gggatagagtacacctgaccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatccggggcc tgaagcccgatgacaccgctgtactactgcgacagagacaagaactacggcgacagcagc tgggctctggatgcttggggccaggggcacaaccgtggtggtgtctgcgcctctacaaagggccc cagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcgaacagcgcctctgggctc ctctgtaaggacttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcctgaccagcgg cgtgcacaccttccagctgtctgctgagcagcggcctgtacagcctgagcagcgtctgacag tggcagcagctctctggcaccagacctacatctgcaacgtgaaccacaagcccagcaaca ccaaggtggacaagaaggtggaaccaagagctgacagaccacacctgtccccctgt cctgccccgaactgctggaggccctccgtgttctgttcccccaagccaagacacct gatgatcagccggacccccgaagtacctgctggtggtggatgttcccagaggacctga agtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagccaagcaagag aggaacagtaacaacagcacctaccgggtggtgctgctgaccgtgctgaccagggactgct gaacggcaaagagtacaagtcaaggtgtccaacaaggccctgacctgccccatcgagaaa accatcagcaaggccaagggccagccccgcaaccccaggtgtgcacactgcccccaagca gggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgctgaaaggttctacctccgga tatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaactacaagaccacccccct gtgctggacagcagcggctcattctcctggtgtccaagctgacagtggaagctcccggtgga gcagggcaacgtgtcagctgtcctgctgcatgaggctctgcacagccactacacgcagaag agcctctccctgtcctgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 205</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatca actgccagacctctcaggcgtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcagag ccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagatttccg gcagcggcttccacaccagctcaacctgacctcagcagatctgacggcagcagcattgccac ctactattgtcaggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtacgggtg ccgctcccagcgtgtcatcttcccacctagcagcagcagctgaagtcggcagaccctctgtc gtgtgctgctgaaacaacttctacccccgagggccaaggtgagtggaaggtggacaacgcc ctgacagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagcagcagcaaggactccacctac agcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctg cgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccgggagcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 206</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggtagactggtgagtcaggagggggcttgaagcccgggtggtctctccgctgagct gttctgctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggctggtccgtggactacgcgaa tctgttaaaggcggtttacaatctcaaggacaatccaagaatacctgtatttggagatgaac aacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccagaacaggcacaatactacgacttctg gtccggctatcccctggcgaggaatatttcaagactggggcaggaaccctgttatctgttcc tccgacaaaaccataaccagggtgacgtgggtggagctgggggagggcgtggccagcctggg acgtccctgagactctctgtgcaacctcaattcaggttgatgggtatggcatgactgggtccg ccaggccccaggcaagggctggagtggtggcatctatatcacatgatgaataaaaaagat cacgcagaaaaagtggggccgctcaccatctccagagacaattccaagaacacactgtatc tacaatgaacagcctgagcctgaggacacggctctactactgtgcgaagatttgcgaga agacgaatgtgaagagtggtgctggattattacgatttgggaaacaactccctgcgcaagtc acggcgggctggttgaattgctgataactggggccaagggacaatggtcaccgtctctcag ataagaccacaccgctccaccaagggccatcggcttcccctggcaccctcctccaagag cactctgggggcacagcggccctggctgctggtcaaggactacttcccgaaccaggtgac ggtgtctggaaactcaggcggccctgaccagcggcgtgcacacctcccggctgctcctactct caggactctactcctcagcagcgtggtgaccgtgacctccagcagctgggacccagaccta catctgcaactggaatcacagcccagcaacaccaaggtggacaagaaagttagcccaaat ctgtgacaaaactcacacatgccaccgtgccagcactgaaactcctgggggaccgtcagt cttctcttcccccaaaaccaaggacacctcatgatctccggaccctgaggtcacatgctg ggtggtagctgagccagaaagacctgaggtcaagttcaactggtatgttagcggcgtggag gtgcataatccaagacaaagcggcggaggagcagtaacaacagcacgtaccgtgtggtcag cgtctcaccgtctgaccagactggctgaatggcaaggagtacaagtgaaggtctccaac aaagccctccagccccatcgagaaaaccatctccaagccaagggcagccccgagaaac cacaggtgtacacctgccccatgccgggatgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtggtg cctggtaaaaggctctatcccagcagatcgccgtggagtgaggagcaatggcgagccgga gaacaactacaagaccagcctcccgtgctggactccgagcgtccttctctactcaaaact caccgtggacaagagcaggtggcagcaggggaacgtcttctcatgctccgtgctgatgaggct ctgcacagccactacacgcagaagagcctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 207</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>cagtctgtgctgacgcagccgctcagctgtctgcccaggacagaaggtcaccatctctg ctctggaaacacctccaacattggcaataatttgtctctggtatcaacagcggccggcagagc ccccaaactcctattatgaaactgacaagcgacctcagggttctgaccgatctctgcttcc aagtctgttacgtcaggcaccctggccatcaccggctgcagactgggacgagggcggattatt actcgccacatgggtgcccagcctgagttccgctgcttctcgaactgggaccaaggtcatc gtcctggacaaaaccataaccgcatccgaactgactcaggacctgcccgtctctgtggcactga agcagactgtgactattactgcccaggcagctcactgcccagccactacgcttctggtatcaga agaaaccggccaggcactgtgctgcttctacggaagaacaataggccatctggcatccc cgaccgtttctggcagctcagggaaaccgagccagctgaccattaccggcgcccaggt gaggacgaagccgattactattgagctcccgggataagagcggctccagactgagcgtgtcg gaggaggaactaaactgaccgtcctcgataagaccataaccgtacgggtggccgctcccagcg tgttcatctcccactagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgctgtgctgctgta acaactctacccccgcgagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacggcctgcagagcggc aacagccaggaaagcgtgaccgagcaggaagcaaggactccacctacagcctgagcagc acctgacactgagcaagggcactacgagaagcacaaggtgtacgctgcgaagtaccaca ccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 208</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 27</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgyftfahlfwfrqapgrglewvwikpqygavfnfggg frdrvlttrdvryeiaymdirglkpdtdavyycadrsygdsswaldawgggtvvvsaastkgp svfplapsskstsggtaalglvkdypvsvwvnsalgsghvtpavllqssgylslsvvtvps sslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellgppsflfpkpkdltlmisrtp evtcvvvdvshedpevkfnwvydgvvehnaktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlngkeyk ckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlpssrdeltknqvsiscavkgyfypsdiawewesng qpennyktppvlidsdgsfflvskltvdksrwqqnfvscsvlhealthshytkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 209</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgpgrapklhhstssvedgvpsrfsqsgf htsfqltisdlqaddiatyycvqlqffrgsrllhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfypre akvqwkdnalqsgnsqesvteqsdskdstylsstitliskadyekhkvayacevthqglsspvtk fnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 210</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrivesggglvkvpggsrlrscsasgfdndawmtwvrqppgkglewvgritgpegwsvdyaesvkgrftisrdntkntlylemnvrntedgyyfcartgkydyfswgyppeeyfqdwgqgtlvivssdkthtqvhltqsgpevrkpgtsvkvscapgnlktkydlhwvrvpqqglqwmgwishegdtkk viverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdavyycaqgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylnlefwwqgtavtvssdkthtastkgpsvflapsskstsggtaalgclvkdylfpepvtvswnsaltsgvhtfpavqlqssglyslsvvtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtccppcp apellggpsvflfppkpkdtlmsirtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeq ynstyrvsvlthqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylppcrdeltknq vslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrwqqgnvfscsvl healhshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 211</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvkpgrspqlliylasrasgvdrfs gsgsdkdflikisrvetedvgtycmqgrespwftggqtkvdikdkthtasetlqdpavsvalkqv titcrdslrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqaeady ycssrdksgrslsvfggktlvtldkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfybreakvq wkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsslitlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrg ec</p>	<p>SEQ ID NO: 212</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 27</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccactggtgacgtctggcaccgccatgaagaaccaggcgcctctgtgcccgtgctctgtcagacaagcggctacacctaccgccacatcctgttctggtccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtggatgatcaagcccagatgcccggcgaactcggcggag gctccgggatagatgacccctgaccgggacgtgtaccgcgagatgcctacatggacatcc ggggctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctgggctctggatgcttggggcagggcacaaccgtggtggtctgcccctctaca aagggccccagcgttccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacagccg cctgggctgctctgtaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctctggaattctggcgcct gaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgagctccagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaacgtgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtggacaagaagtggaacccaagagctgcgacaagaccacaa cctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctccgtgtcctgtcccccaagc ccaaggacacctgatgatcagccgacccccgaagtgacctgctggtggtggtgatgtctcc agaggaccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaaacagtacaacagcacctaccgggtggtgctcgtgctgaccgtgt gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtcaaggtgtccaacaaggccctgct gccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcaaccccagggtgtc aactgcccccaagcaggacgagctgaccaagaaccagggtcctgagctgtgcccgtga aaggcttctacccctccgatacgcctggaatgggagagcaacggccagcccagagacaa ctacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctggtgtccaagctgaca gtggacaagtcccgggtggcagcaggcaacgtgttcagctgctccgtgctgacagggccctg cacagccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 213</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccacgtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcgggcagacagtgaccatc aactgccagacctctcagggcgtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcag agcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagatitf ccggcagcggctccaaccagctccagctgaccatcagcagatctgacggccagcagacattg ccacctactatgtcaggtgctgagcttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagcgtac ggtggccgctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcagcagc ctctgtcgtgtgctgtaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggg gcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 214</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactgggtgagtcaggagggggcttgaagcccgggtggtctctccgctgagct gttctgcctccggcttggatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggccaggcgagggtggtccgtggactacgcgga atctgttaagggcggtttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttggagatga acaactgagaactgaagacaccggatattacttctgtgccagaaccaggcaatactacgact tctgtccggctatccccctggcgaggaatatttcaagactgggtcagggaaacctgttatcg tgtctccgacaaaaccataaccaggcgcacctgacacagagcggaccgaagtgcggaa gcctggcactctgtgaaggtgtcctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacct gcactgggtgagcagcgtgacaggacaggactgagtggtggtggatcagccacgag ggcgacaagaaagtgtatcgtggaacgggtcaaggccaaagtaccatcgactgggacaga agcaccacacccgctacctgagctgagcggcctgacctctggcgataccgcccgtactac tgcgcaagggcagcaagcaccgctgagagactaccccctgtacgacgatgacgcgccc ctgaactggggcgtggatgtggactacctgagcaacctggaaattctggggccagggcacagc cgtgacctgtcatctgataagaccacaccgctccaccaagggccatcggtcttccccctg gcacctctccaagacacctctggggcagcagcggccctgggtgctggctgcaagacta ctccccgaaccgggtgacggtgtcgtggaactcaggcggccctgaccagcggcgtgcacacct cccggctgtctacagtctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgcccctccagc agcttggcaccagacctacatctgcaactgaaatcaagcccagcaacaccaagggtgg acaagaaagttagcccaaatctgtgacaaaactcacacatgccaccgtgcccagcact gaactcctggggggaccgtcagctctccttcccccaaaaccaaggacacctcatgatct ccccgaccctgaggtcacatgctgtggtggacgtgagccacgaagacctgagggtcaag tcaactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatgcaagacaaagccgcccggaggagca gtacaacagcacgtaccgtgtgctcagcgtcctcaccgtcctgaccaggactggtgaaatgg caaggagtacaagtgaaggctccaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatc tcaaagccaaaggcagccccgagaaccacagggtgtacacctgccccatgcccgggatg agctgaccaagaatcaagtacgctgtggtgctgtaaaaggcttctatcccagcagatcgc cgtggagtgggagagcaatgggcagccgggagaaactacaagaccagcctcccgtgct ggactccgacggctcttctctactcaaaactcaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgctgcatgaggctctgacagccactacacgcagaagag cctcctccctgctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 215</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactctgtctgaccagagccctcagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggatcag tgagaagcccggcagatccccccagctgctgactacctggccagcagcagagccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgaagactcaccctgaagatcagccgggt ggaaaccgagagcgtgggacacctactactgtatgcagggcagagagcccctggaccttgg gccagggcaccaaagggtggacatcaaggacaaaaccataccgcatccgaactgactcagg acctgcccgtctgtggcactgaagcagactgtgactattactgcccaggcagactcactgccc agccactacgcttctgtgatcagaagaaaccggccaggcacctgtgctgcttctacggaa agaacaataggccatctggcatccccgaccgcttttctggcagtgatcagggaaaccgagcca gtctgaccattaccggcggcccaggctgaggacgaagccgattactattgacgtcccgggata agagcggctccagactgagcgtgttcggaggaggaaactaaactgacctctcagataagacc catacccgtacgggtggccgctccagcgtgtcactctccacactagcagcagcagctgaagt ccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttaccccccgaggccaaagtgcagtg gaagggtgacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgag aagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccaggcctgttagccccgtgaccaaga gcttaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 216</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 28</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgyftfahifwfrqapgrglewvwikpqygavmfgg gfrdrvltirdvyreiaymdirglkpdtdavyyicardrsygdsswaldawggqttvvsaastk gpsvfplapsskstsggtaalgclvkdyppevtvswngaltsgvhtfpavllqssglsysvvt vpssslgtqyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdltm isrtpvctcvvvdshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrvsvltvlhdwlng keykckvsnkalpapiektiskakgqprepvctlppsrdeltnqvslscavkgfypsdiave wesngqpennyktppvlidsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslsisp g</p>	<p>SEQ ID NO: 217</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvisgdrvntincqtsqgvgsdlhwyqhkgprapkllihhtsveegvpsrfsgsg fhtsnltisdldqaddiatyqcqlqffgrsrlhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfy reakvqkwvndalqsgnsqesvteqdskdstyslssiltliskadyekhkvyacevthqglssps tksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 218</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Evrlvesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdy aesvkgrftisrdntkntlylemnrvrtedggyfcartgkyydfwsgyppgeeyfqdwgqgtlvi vssdkthtqvhltsqgpevrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwrvsvpgqglwmgwisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdvayycakgskhrlradyddgalnwavd vdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvflapsskstsggtaalglvdyfpepvtvsw nsgaltsgvhtfpavlqssgylslsvvtvpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkth tppcpapellggpsvflfppkpkdtlmisrtpetcvvvdshedpevkfnwyvdgvevhna ktkpreeqynstyrvsvltvlhqdwlingkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylp pcrdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrw qqgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 219</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvqkpgrspqllillassrasgvprdf sgsgsdkdftlkisrvetedvgtycmqgrespwftgqgtkvdikdthtaseltqdpavsvalk qvtitrcgdlrshyaswyqkpgqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqed eadyycssrdksgrlsvfvgggtklitvldkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypr eakvqkwkdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltlskadyekkhvyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 220</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 28</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggtgacgtctggcaccgcatgaagaaaccaggcgcctctgtgcggtgtc ctgtcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccctggc agaggactggaatgggtgggatggatcaagccccagatggtgcccgtgaactcggcggag gcttccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatcgctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctggctctggatgctggggccagggcacaaccgtggtggtctgctccgctctaca aagggcccagcgtgttccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaacagccg ccctgggctgctcgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctcctggaattctggcgc ctgaccagcggcgtgacacaccttccagctgtgctgagcagccgctgtacagcctgagc agcgtctgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaacgtgaacca caagcccagtaacaccaaggtggaacaagaaggtggaaccaagagctcgacaagacc cacacctgtccccctgtcctgccccgaactgctggaggccctcctgttctgttccccca aagcccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtacctgctggtggtggtgatg gtcccacagaggacctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacg ccaagaccaagccaagagaggaacagtaacaacagcacctaccgggtggtgctcctgctga ccgtgctgaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgccaacaaggc cctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccggaaccca ggtgtgcaactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtg ccgtgaaaggcttctaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccag aacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcatttctcctggttccaagc tgacagtggaagaagtcgggtgagcagggcaacgtgttcagctgctcctgctgacagag gcccctgacagccactacaccagaagtccctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 221</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcaggcgtgggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcag agcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagaaggcgtgccagcagat ccggcagcggcttccacaccagctcaacctgacctacagcgtatcagcggcagcagactg ccacctactattgtcaggtgctgctgcttctcggcagaggcagcagactgacatcaagcgtac ggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccactagcagcagcagctgaagtccggcacagc ctctgtgctgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggact ccacctacagcctgagcagcaccctgacactgacgaagcggactacgagaagcacaagg tgtacgctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccgg ggcagagt</p>	<p>SEQ ID NO: 222</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtggagtcaggagggggctgtgaagccgggtgggtctctccgctgac tgttctgcctccggctttagatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtgaa ggactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtctgtccgtggactacgcgg aatctgttaaagggcggttacatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttgagatg aacaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccaagaacaggcaatactacga ctctgtgctccgctatccccctggcgaggaatattttcaagactggggctcagggaaccctgttat cgtgtcctccgacaaaaccataccaggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcgg aagcctggcacctctgtgaagggtcctgcaaggccctggcaacacctgaaaacctacga cctgcactgggtgctgagcgtgcccaggacaggactgcagtgatgggtggatcagccac gagggcgacaagaagtgatcgtggaacggttcaaggccaagtgacctgactggggac agaagcacaacaccgctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataaccgctgta ctactgcgccaagggcagcaagcaccgctgagagactacccctgtacgacgatgacggc gccctgaaactggccgtggatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccaggccac agcctgaccgtgtcatctgataagaccacaccgctccaccaaggcccatcggtctcccc ctggcaccctcctcaagagcacctctgggggcacagcggcctgggtgctgtgtaagga ctactccccgaaccggtgacggtgtcgtggaactcaggcgcctgaccagcggcgtgcaca ccttccggctgtctacagctcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgacctcc agcagctgggacaccagacctacatctgcaacgtgaatcacaagcccagcaacaccaagg tggacaagaaagttgagcccaatctgtgcaaaaactcacatgcccaccgtgcccagca cctgaaactcctggggggaccgtcagcttctcttcccccaaaaccaaggacacctcatga tctcccggaccctgaggtcacatgctggtgggtggacgtgagccacgaagacctgaggtca agttcaactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatccaagacaagccgcccggaggga cagtacaacacagcactaccgtgtggtcagcgtcctcaccgtcctgaccaggactggctgaa ggcaaggagtacaagtgaaggtctcaacaagccctcccagccccatcgagaaaacc atctcaagcacaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggg atgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtgctgctgtaaaaggctctatcccagcagat cgccgtggagtgaggagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgctcccgt gctggactccgacggctcctctctctactacaaaactaccgtggacaagagcaggtggcag caggggaacgtctctcatgctccgtgctgcatgaggctctgcacagccactacgcgagaag agccttcccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 223</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactctgtctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggccagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccaccggcgaccggaacaactacctggcttggtagc tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcagcagaaggacttcacctgaagatcagccgggt ggaaaccgaggacgtggggcacctactactgtatgagggcagagagagcccctggcaacttg gccaggcaccgaaggtggacatcaaggacaaaaccataccgcatccgaactgactcagg acctgcccctctgtggcactgaagcagactgtgactattactgcccaggcagcactcctgagg agccactacgcttctggtatcagaagaaccggccaggcactgtgctgcttctacggaa agaacaatagccatctggcatccccgaccgcttttctgagcagtgatcaggaaccgagcca gtctgaccattaccggcggccaggctgaggacgaagccgattactattgagctcccgggata agagcggctccagactgagcgtgtcggaggaggaaactaaactgaccgtcctcgataagacc catacccgtaccgtggccgctcccagcgtgttcatctcccactagcagcagcagctggaagt ccggcacagcctctgtcgtgctgctgaacaacttctacccccgaggcacaagtgcagt ggaaggtggacaacgcctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagga cagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgctcgaagtgaccaccaggccctgtctagccccgtgaccaag agctcaaccggggcgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 224</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 29</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrscqts <i>gyftahlf</i>wfrqapgrglewv <i>wikpqygav</i>nfgg gfrdrvltlrdvyreiyamdirglkpdtdavyycar <i>drsygdsswaldaw</i>gggtvvvsaastk gpsvflplapsskstsggtaalglvkdyppepvtvswngaltsghvtfpavlqssgylslsvvt vpsslsigtqyicnvnhkpsntkvdkkvpekscdkthtccppapellgpps vflfppkpdtlm isrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqynstyrsvsvltvlhqdwlng keykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeitknqvsiscavkgyfypsdiave wesngqpennykttppvldsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslslsp g</p>	<p>SEQ ID NO: 225</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvintcqtsgvgdsdlhwyqhkpgaprkliihhtssvedavpsrfsgg fhstfnltisdqaddiatyycqlvffggrslrhikrtvaapsvfifppsdeqlksqtasvcllnfyf reakvqwkdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstliskadyekhhvyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 226</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>EvrIvesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvrppgkglewvgritgpegwsvdy aevsvkgrftisrdntkntlylemnvnrtedgyyfcartgkydfwsgyppeeyfqdwgggtlvi vssdkthtqvlhtqsgpevrkpgtsvkvsckapngntlktydlhwvsvppgglqwmgwisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdvayycakgskhrlrdyalydddgalnwavd vdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgspsvflapssksstsggtaalgclvdyfpepvtvs wnsgaltsgvhtfpavlqssgylssovtpssslgtqtyicvnvhkpsntkvdkkvpekscdk thtccppcpapellggpsvflfppkpkdilmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhn aktkpreeqynstyrvvsvlvhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvyl ppcrdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvldsdgsfflyskltvdksr wqqgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 227</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvqkpggrspqlliylassrasgvprf sgsgsdfdtkisrvetedvgtycmqgrespwftggqtkvdikdthtaseltqdpavsvalk qvtvitcrdslrshyaswyqkpgqapvllyfgknnrpsgipdrfsgsasgnraslitiagaed eadyycssrdksgrslsvfgggktlvtldkthtrvaapsvfippsdeqlksgtasvcllnnfypr eakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 228</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 29</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacttggtgagctctggcaccgcatgaagaaaccaggcgcctctgtgcggtgtc ctgtcagacaagcggtacacctcaccgcccacatcctgttctggtccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtgggatggatcaagcccagatggcgcctgaaactcggcggag gcttccgggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgcgagatcgctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctggctctggatgctgggcccaggcacaaccgtgggtgtctgcccctctaca aagggcccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaaccgcg cctgggctgcctctgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgctcctggaattctggcgcct gaccagcggcgtgacaccttccagctgtgctgcagtcacagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaacgtgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtgacaagaaggtggaaccaagagctgcgacaagaccacaa cctgtccccctgtcctgccccgaactgtgggaggcccttccgtgttctctgtcccccaaacg ccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtacactgctggtggtggatgtgtccc aagggaccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgctcctgctgaccgtgt gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaaggccctgct gccccatcgagaaaacctcagcaaggccaaggccagccccggaaccccaggtgtg acactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcccgtga aaggcttctaccccctcgatcgcctggaatgggagagcaacggccagccccgagaacaa ctacaagaccacccccctgtgtgacagcagcggctcattctcctggttccaagctgaca gtggacaagtcccgggtgagcagggcaacgtgtcagctgtcctgctgacagaggccctg cacagccaactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 229</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccacgtgaccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcagggcgtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcag agcccccaagctgctatccaccacacaagcagcgtggaagatgccgtgccagcagatitt ccggcagcggctccacaccagctcaacctgacctcagcagatctgacggccgacgacatg ccacctactattgtcaggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgacatcaagcgtac ggtggcgcctcccagcgtgttcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagc ctctgtcgtgctgctgaacaacttaccctcggaggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggact cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcgaagtgaccaccaggccctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggg gcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 230</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtggagtcaggagggggctgtgaagccgggtgggtctctccgctgact gttctgccctccgcttgaattcagataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcagggctggctcggactacgcgga atctgttaaaggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttggagatga acaactgagaaactgaagacaccggataattacttctgtccagaacaggcaatactacgact tctgttccggctatccccctggcgaggaataatttcaagactgggtcagggaaaccctgttatcg tgtctccgacaaaaccataaccagggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaa gcctggcacctctgtgaaggtgctcgtcaaggccctggcaacacctgaaaacctacgacct gcactgggtgcgagcgtgccaggacaggactgacgtggatgggtggatcagccacgag ggcgacaagaaagtatcgtggaacggttcaaggccaaagtaccatcagctgggacaga agcaccacaccgctacctgacgtgagcggcctgaccttggcgataccgctgtactac tgcgcaaggcagcaagcaccggctgagagactacgacctgtacgacgatcagcggcc ctgaactggcctgtgatgtggactacctgagcaacctggaattctggggccagggcacagc cgtgacctgtcatctgataagaccacaccgcttccaccaaggccatcgggtcttccccctg gacctctccaagagcacctctggggcacaagcggcctgggtcggctggcttcaaggacta ctccccgaaccggtgacggtgctgtggaactcaggcgcctgaccagcggcgtgcacacct ccccgctgctacagtctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgacctccagc agctgggaccagacctacatctgcaactgaaatcacagccagcaaacaccagggtgg acaagaaagttgagcccaaatctgtgacaaaactcacacatgccaccgtgccagcacct gaaactcctgggggacctcagcttctcttccccccaaaaccgaagcaccctcatgatct cccggaccctgaggtcacatgctggtgggtggagctgagccacgaagacctgagggtcaag tcaactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgaggaggagca gtacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtcctaccgtcctgaccagactggctgaatgg caaggagtacaagtcaaggtctcaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatc tcaaaagccaaaggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccgggatg agctgaccaagaatcaagtacgctgtgtgctgtgaaaggctctatcccagcagatcgc cgtggagtgggagcaatgggcagcgggagaacaactacaagaccagcctcccgtgct ggactccagcggctcttctctctactcaaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtcttctcatgctccgtgctgcatgaggctctgacagccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 231</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactctgtctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggcagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccaccggcagccggaacaactacctggcttggtagc tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcagcagaaggacttcacctgaagatcagccgggt ggaaaccgaggacgtgggacactactctgtatgagggcagagagagcccctggaccttgg gccaggcaccgaagggtggacatcaaggacaaaaccataccgcatccgaactgactcagg acctgctctctgtggcactgaagcagactgtgactattactgcccaggcagcactcagcgg agccactacgcttctgtatcagaagaaccggccagggacctgctgctgttctacggaa agaacaatagccatctggcatccccgaccgcttttctgagcagcagcaggaaccgagcca gtctgaccattaccggcggccaggtgaggacgaagccgattactattgacgtcccgggata agagcggctccagactgagcgtgtcggaggaggaaactaaactgacctcctcgataagacc catacccgtagcgtggcggctcccagcgttctctctcccactagcagcagcagcagcaggt ccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttctaccggcggaggccaaagtgcagtg gaaggtggacaacggcctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaagccgactacgag aagcacaagggtgacgctgcgaagtgaccaccaggggcctgtctagccccgtgaccaaga gcttcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 301</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 30</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsqtamkkpgasvrvcqtsgytftahifwfrqaprglewvwikpqygvanfvfg gfrdrvlttrdvryreiyamdirglkpdtdavyyicardrsdygdsswaldawgqgtvvvsaastk gpsvflapsskstsggtaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavllqssglyslsvvt vpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtim isrtpvtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqnystyrvsvlthdqdlwng keykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvslscavkgyfypsdiave wesngqpennykitppvlidsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqklsisp g</p>	<p>SEQ ID NO: 232</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqvgvsdlhwqykhkpprapkllihhtssveegvpsrfgsg fhstfqltisdlqaddiatyycqlvqffgrsrhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfy reakvqwkdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstltskadyekhkvyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 233</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>EvrIvesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvvrppgkglewvgritgpegwsvdy aesvkgfrtisrdntkntlylemnvnrtedgyyfcartgkydyfswgyppeeyfqdwgggtlvi vssdkthtqvlhtqsgpevrkpgtsvkvsckapngntlktydlhwvsvppgglqwmngwisheg dkkviverfkakvtidwdrstntaylqlsgltsgdvayycakgskhrlrdyalydddgalnwavd vdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgpsvflapssksstsggtaalgclvdyfpepvtvs wnsgaltsgvhtfpavlqssgylssovtpssslgtqtyicvnhkpsntkvdkkvpekscdk thtccppcpapellggpsvflfppkpkdilmisrtpevtcvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhn aktkpreeqynstyrvvsvlvhlqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvyl ppcrdeltnqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflyskltdksr wqqgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 234</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvlqtqspshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvqkpggrspqlliylassrasgvprf sgsgsdkdflikisrvetedvgtycmqgrespwftggqtkvdikdthtaseltqdpavsvalk qvtvitcrqdsrlrshyaswyqkpgqapvllyfgknnrpsgipdrfsgsasgnraslitiqaeed eadyycssrdksgrslsvfgggktlvdikthrtvaapsvfippsdeqlksgtasvcllnnfypr eakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 235</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 30</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccactgggtgagctctggcaccgcatgaagaaaccaggcgcctctgtgcggtgtc ctgtcagacaagcggtacacctcaccgcccacatcctgttctggctccggcaggcccctggc agaggactggaatgggtgggatggatcaagcccagatggcgcctgaaactcggcggag gcttccgggatagagtgaccctgaccgggacgtgtaccgcgagatcgctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcga cagcagctggctctggatgctgggcccagggcacaaccgtgggtgtctgcccctctaca aagggcccccagcgtgtccctctggcccctagcagcaagagcacatctggcggaaaccgcg cctgggctgcctctgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgcct gaccagcggcgtgacaccttccagctgtgctgcagtcacagcggcctgtacagcctgagcag cgtcgtgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaacgtgaaccacaa gcccagcaacaccaaggtgacaagaaggtggaaccaagagctgcgacaagaccacaa cctgtccccctgtcctgccccgaactgtgggaggccctcctgttctcgttcccccaaacg ccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtacactgctggtgggtggatgtgtccc aagggaccctgaagtgaagtcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaag accaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtcctgctgaccgtgt gcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaaggccctgct gccccatcgagaaaacctcagcaaggccaaggccagccccggaacccaggtgtg acactgcccccaagcagggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgcccgtga aaggcttaccctccgatacgcctggaatgggagagcaacggccagccccgagaacaa ctacaagaccacccccctgtgtggacagcagcggctcattctcctggttccaagctgaca gtggacaagtcccgggtgagcagggcaacgtgtcagctgtcctgctgacagggccctg cacagccaactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 236</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccagtgaccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctcagggcgtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcag agcccccaagctgctatccaccacacaagcagcgtggaagaaggcgtgccagcagatctt ccggcagcggctccacaccagctccagctgacctcagcagatctgagcggcagcagactg ccactactattgtcaggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgacatcaagcgtac gggtggcgtcccagcgtgttcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagc ctctgtcgtgctgctgaacaacttaccctcggaggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggact cacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggt gtacgcctgcaagtgaccaccaggccctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggg gcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 237</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtggagtcaggagggggcctgtgaagcccgggtgctctccgctgact gttctgccctccgcttgaattcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggaagg gactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcagggctggctccggtgactacgcgga atctgttaaaggcggttacaatctcaagggacaataccaagaatacctgtatttggagatga acaacgtgagaactgaagacaccggataattacttctgtccagaacaggcaatactacgact tctgttccggctatccccctggcgaggaataatttcaagactggggtcagggaaaccctgttatcg tgtctccgacaaaaccataaccagggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaa gcctggcacctctgtgaaggtgctctgcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacct gcactgggtgcgagcgtgccaggacaggactgcagtggtggctggatcagccacgag ggcgacaagaaagtatcgtggaacgggtcaaggccaaagtaccatcagctgggacaga agcaccacaccgctacctgagctgagcggcctgacctctggcgataccgctgtactac tgcgcaaggcagcaagcaccggctgagagactacgacctgtacgacgatgacggcgcc ctgaactgggctgtgactgactgagcaacctggaattctggggcagggcacagc cgtgacctgtcatctgataagaccacaccgcttccaccaagggccatcgggtctccccctg gacctctccaagagcacctctggggcagacgcccctggctggctggctggctggctggctg ctccccgaaccggtgacggtgctgtggaactcaggcgcctgaccagcggcgtgcacacct ccccgctgctacagctcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgacctccagc agctgggaccagacctacatctgcaacgtgaatcacagcccagcaaacaccagggtgg acaagaaagttgagcccaaatctgtgacaaaactcacacatgccaccgtgccagcacct gaactcctggggggacctcagctctctctcccccaaaaccgaagcaccctcatgatct ccggaccctgaggtcacatgctggtgggtggagctgagccacgaagacctgagggtcaag tcaactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatgccaagacaaagccgaggaggagca gtacaacagcagctaccgtgtggtcagcgtcctaccctcctgaccagactggctgaatgg caaggagtacaagtcaaggtctcaacaaagccctcccagccccatcgagaaaaccatc tcaaagccaaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccgggatg agctgaccaagaatcaagtgcagcctgtgtgctgtaaaaggctctatcccagcgacatcgc cgtggagtgggagcaatgggacggcgagaaactacaagaccagcctcccgtgct ggactccagcggctcctctctctactcaaaaactaccgtggacaagagcaggtggcagca ggggaacgtctctcatgctccgtgctgcatgaggctctgacagccactacacgcagaagag cctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 238</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Gactctgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggccagcat cagctgcaagagcagccactccctgatccaccggcagccggaacaactacctggcttggtagc tgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcgg cgtgcccgatagatttctggcagcggcagcagcagaaggacttcacctgaagatcagccgggt ggaaaccgaggcagctgggacactactctctgtatgagggcagagagagcccctggacctttg gccaggccaccaaggtggacatcaaggacaaaaccataccgcatccgaactgactcagg acctgcccctctgtggcactgaagcagactgtgactattactgcccaggcagcactcctgagg agccactacgcttctgtatcagaagaaccggccagggacctgctgctgttctacggaa agaacaatagccatctggcatccccgaccgctttctgagcagtgatcaggaaccgagcca gtctgaccattaccggcggccaggtgaggacgaagccgattactattgacgtcccgggata agagcggctccagactgagcgtgtcggaggaggaaactaaactgacctcctcgataagacc catacccgtagcgtggcggctcccagcgtgttcatctcccactagcagcagcagcagcgaagt ccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgaggccaaagtgcagtg gaaggtggacaacggcctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggac agcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaagggcggactacgag aagcacaaggtgtacgctgcgaagtgaccaccaggggcctgtctagccccgtgaccaaga gcttcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 239</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 31</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsqtamkkpgasvrvcqts<i>gyftahif</i>wfrqaprglewv<i>wikpqygv</i>anfvfg gfrdrvltlrdvyreiyamdirlgkpdtdavyycar<i>drsygdsswaldaw</i>gqgtvvvsaastk gpsvflapsskstsggtaalgclvkdyfepvvtswngaltsgvhtfpavllqssglyslsvvt vpssslgtqtyicnvnhkpsntkvdkkvepkscdkthtppcpapellggpsvflfppkpkdtim isrtpvctvvvdvshedpevkfnwyvdgvevhnaktkpreeqnystyrvsvlthdqdwlng keykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvctlppsrdeltnqvslscavkgyfypsdiave wesngqpennykitppvlidsdgsfflvskltvdksrwqqgnvfscsvlhealthshytqkslslp g</p>	<p>SEQ ID NO: 240</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsgvgdsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedavpsrfs gfhtsqtlisdldqaddiatyycqlqffggrslhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfy preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltlskadyekhkvyacevthqglss pvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 241</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>EvrIvesggglvkpggsrlscsasgfdnawmtwvrqppgkglewvgritpgegswsdy aesvkrftisrdntkntlylemnrvrtedgyyfcartgkydfwsgyppeeyfqdwgggtlvi vssdkthtqvhltsqgpevrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwvsvpgglqwmngwisheg dkkviverfkakvtidwrstntaylqlsllsgtdtavyycakgshrlrdyalydddgalnwavd vdylsnlefwgqgtavtvssdkthtastkgspsvflapssksstsgtaalgclvkdyppevsvsw nsgaltsgvhtfpavlqssgylsllsvvtvpsllsgtqiyicvnhkpsntkvdkkvepkscdkth tcppcpapellggpsvflfppkpkdtlmsirtpevtcvvdvshedpevkfnwyvdgvevhna ktpreeqynstyrsvvtvlhqdwlngkeykckvsnkalpapiektiskakgqprepqvylp pcrdeltknqsvlwcivkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflyskltvdksrw qqgnvfscsvlhealthshytqkslslspg</p>	<p>SEQ ID NO: 242</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>dfvltqspshslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvkpgrspqlliylasrasgvprdf sgsgsdkdfllkisrvetedvgtycmqgrespwftgggtkvdkdkthtaseltqdpavsvalk qvtvitcrdslrshyaswyqkpkpqqapvllfygknnrpsgipdrfsgsasgnrasltitgaqed eadyyccsrksgsrlsvfgggktlvtldkthtrtaapsvflfppsdeqlksgtasvcllnnfypr eakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstitliskadyekhkvyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 243</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 31</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccactgggtgagctctggcaccgccatgaagaaaccaggcgcctctgtgcggtgtc ctgtcagacaagcggtacacctcaccgccacatcctgttctgggtccggcaggccctggc agaggactggaatgggtgggatggatcaagcccagtagtggcggcgtgaactcggcggag gcttccgggatagagtgaccctgaccgggacgtgtaccgcgagatcgctacatggacatcc ggggcctgaagcccgatgacaccgccgtgtactactgcgccagagacagaagctacggcga cagcagctggctctggatgctgggcccagggcacaaccgtgggtgtctgcccctctaca aaggcccagcggttccctctggccctagcagcaagagcacatctggcggaaacacccg ccctgggtgctcctgtaaggactacttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaattctggcgc ctgaccagcggcgtgcacaccttccagctgtgctgcagctccagcggcctgtacagcctgagc agcgtctgacagtgcccagcagctctctggcaccagacctacatctgcaactgaaacca caagcccagcaacaccaaggtggacaagaaggtggaaccaagagctgcgacaagacc cacacctgtccccctgtcctgccccgaactgctgggagggcccttccgtgtcctgttccccca aagccaaggacacctgatgacagccggacccccgaagtgacctgctggtggtggatgt gtcccacaggaccctgaagtgaagtcaattgtacgtggacggcgtggaagtgcacaacg ccaagaccaagccaagagaggaacagtacaacagcacctaccgggtggtgtcctgtctga ccgtgtcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaaggc cctgctgccccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccggaaccca ggtgtgcacactgcccccaagcaggacgagctgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtg ccgtgaaaggcttctaccctccgatatcgccgtggaatgggagagcaacggccagcccag aacaactacaagaccacccccctgtgtggacagcgagcggctcatttctctggttccaagc tgacagtggacaagtccgggtggcagcaggcaaccgtttcagctgctcccgtgctgacagag gcccctgcacagccactacaccagaagtcctgagcctgagccccggc</p>	<p>SEQ ID NO: 244</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>tacatccacgtgaccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatc aactgccagacctctcagggcgtggcagcgacctgactggtatcagcacaagcctggcag agcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatgccgtgccagcagatit ccggcagcggctccacaccagcttccagctgacctcagcagatctgcaggccgacgacattg ccacctactattgtcaggtgctgagttctcggcagaggcagcagactgacatcaagcgtac ggtggcctgcccagcgtgttctatcttccacctagcagcagcagctgaagtccggcacagc ctctgtctgtgctgtaacaacttaccctcggaggccaaagtgcagtggaaggtggac aacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggact ccacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaagg tgtacgctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccgg ggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 245</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>gaggttagactggtgagtcaggagggggctgtgaagccgggtgggtctctccgctgac tgttctgcctccggctttagatttcgataacgcctggatgacctgggtcaggcagcctccaggtgag ggactggagtggtgggaagaatcacaggtccaggcgagggtcgttccgtggactacgcgg aatctgtaaagggcggttacaatctcaagggacaataccaagaataacctgtatttgagatg aacaacgtgagaactgaagacaccggatattactctgtgccaagaacaggcaatactacga ctctgtgctccgctatccccctggcgaggaatattttcaagactggggctcaggaaccctgttat cgtgtcctccgacaaaaccataccaggtgcacctgacacagagcggaccogaagtgcgg aagcctggcacctctgtgaaggtgcctgcaaggccctggcaacacctgaaaacctacga cctgcactgggtgctgagcgtgcccaggacaggactgcagtgatgggtggatcagccac gagggcgacaagaagtgatcgtggaacggttcaaggccaagtgacctgactggggac agaagcacaacaccgctacctgcagctgagcggcctgacctctggcgataaccgctgta ctactgcgccaagggcagcaagcaccgctgagagactacccctgtacgacgatgacggc gccctgaaactggccgtggtgactacctgagcaacctggaattctggggccaggggcac agccgtgaccgtgtcatctgataagaccacaccgctccaccaagggccatcggtctcccc ctggcaccctcctcaagagcacctctggggcagcagcggcctgggtcctgggtgtaagga ctactccccgaaccggtgacggtgctgtggaactcaggcgcctgaccagcggcgtgcaca ccttccggctgtctacagctcctcaggactctactccctcagcagcgtggtgacctgacctcc agcagctgggacccagacctacatctgcaacgtgaaatcacaagcccagcaacaccaagg tggacaagaaagttgagccaaatctgtgcaaaaactacacatgccaccgtgccagca cctgaaactcctggggggaccgtcagcttctctcccccaaaaaccaaggacacctcatga tctccccgaccctgaggtcacatgctggtggtggagctgagccacgaagacctgaggtca agttcaactggtatgtgacggcgtggaggtgcataatccaagacaagccgcccggaggga cagtacaacagcacgtaccgtgtggtcagcgtcctaccgtcctgaccaggactggctgaat ggcaaggagtacaagtgaaggtctcaacaagccctccagccccatcgagaaaacc atctcaagcacaagggcagccccgagaaccacaggtgtacacctgccccatgcccggg atgagctgaccaagaatcaagtcagcctgtgctgctgtaaaaggctctatcccagcagat cgccgtggagtgaggagcaatgggcagccggagaacaactacaagaccacgctcccgt gctggactccgacggctcctctctctactacaaaactaccgtggacaagagcaggtggcag caggggaacgtctctcatgctccgtgctgcatgaggctctgcacagccactacgcagaag agcctctccctgtctccgggt</p>	<p>SEQ ID NO: 246</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Gactctgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagca tcagctgcaagagcagcaactccctgatccaccggcgaccggaacaactacctggctgttac gtgcagaagcccggcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcg gctgcccgatagattttctggcagcggcagcagcaaggactcaccctgaagatcagccgg gtggaaaccgaggacgtggcactactactgtatgcagggcagagagagcccctggacctt tggccagggcaccgaaggtggacatcaaggacaaaaccataccgcatccgaactgactcag gacctgcccgtctgtggcactgaagcagactgtgactattactgcccaggcagactcactgcg gagccactacgcttctgtatcagaagaaaccggccaggcacctgtgctgctgtctacgga aagaacaatagccatctggatccccgaccgctttctggcagtgatcagggaaaccgagcc agtctgaccattaccggcggccaggctgaggacgaagccgattactattgcagctcccggat aagagcggctccagactgagcgtgtcggaggaggaactaaactgacctctcagataagac ccataaccgtagcgtggccgctccagcgtgtcatcttcccacctgagcagcagcagctgaag tccggcacagcctctgtctgtgctgctgaacaacttctacccccgcaggccaaagtgcagt ggaaggtggacaacgcccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagga cagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgactgagcaaggccgactacga gaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccaggccctgctagccccgtgaccaag agctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 247</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 32</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsyftahilfwrqapgrglewvwwikpqygavnfgggr drvltlrdivyreiaymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgqgttvvsaastkgpsvf plapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpsslg tktytcnvhdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpvatcvv vdvseqdpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvlvtlhqdwlingkeykckvsnk glpssiektiskakgqprepqvylppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpen nykttppvlstdsgsfflyskltvdksrwqegnfvfscsvmhealhhhtyqkslslglgk</p>	<p>SEQ ID NO: 302</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkpgrapkllihhtssvedgvpsrfsqsf htsfnltisdlqaddiatyycqvlqffgrsrllhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypr akvwkvdnalqsgnsqesvteqdsksdstysslstlslskadyekhkvyacevthqglsspvtk frngec</p>	<p>SEQ ID NO: 303</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvkvscasgyftfsyyihwvrqapggqlewigsiypgnvntmya qkfqgratlvtvdsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwfnfdwgkgtvtvsssqqvlves gggvvpqgrsrlrscasgfttkawmhwwrqapgkqlewwaqikdksnsyatyadvsvkgr ftisrddskntlylqmnsraedtavyyrgvvyalspfdywggqtlvtvsrtastkqpsvflap csrstsestaalgclvkdypvptvswngalstgvhtfpavllqssgylsllsvvtvpssslgtkyt cnvdhkpsntkvdkrveskyppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmsirtpvctvvvdvs qedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkgpls siektiskakgqprepqvctlpqsqeemtknqvsllscavkgfypsdiavewesngqpennykt ppvlstdsgsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhhealthnhytqksllslglk</p>	<p>SEQ ID NO: 304</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplslsvtggpasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsllykvsnrfsqvp drfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgagtqypftfgsgtkveikgqpkapadiqmtqspssl sasvgrvritcqaqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsqsgsgtdftlisslq pediatyycgagtqypftfgqgkklkikgkpsrtvaapsvflfppsdeqlksqstasvcllnfypr eakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 305</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 32</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctggcagctggcaccgccaagaaccaggcgcctctgtcgggtgctctg tcagacaagcggctacacctaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccccctggcagag gactggaatgggtggatggatcaagccccagatggcgccggaactcggcggaggctccg ggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatcgctacatggacatccggggcctg aagcccgatgaccgcccgtgactactgcgagagacagaagctacggcgacagcagctg ggctctggatgctggggccagggcacaaccgtggtggtgctgcccctctacaaaggcccctc ggtgtccctctggcccctgacagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgctctg gaaggactattcccagaccggtgaccgtgctggaactctgcccctctgacaagcggctgca cacctttccagccgtgctccagagcagcggcctgactctctgagcagcgtctgacagtgcccag cagcagcctggcaccacagacctacacctgtaactggaccacaagcccagcaacaccaagg tggacaagcgggtggaatcaagtacggcccctcctgcccctctgcccagcccctgaattctggg cggaccctccgtgtcctgttcccccaagccaagacaccctgatgatcagccgacccccg aagtacactcgtggtggtgatgtcccaggaagatcccaggtgacgttcaattggtacgtgg ccgggtggttccgtgctgaccgtgctgaccaggactggtgacggcaagagatcaagtgca aagggtccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggcca gccccgcgagcctcaaggtataccctgcccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtg tccctgtggtctctgtaaaaggcttaccacagcgacattgcccgtggaatgggagagaacggc cagcccgaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcattctcctgta ctccaagctgaccgtggacaagaccgggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatg cagaggcccctgcacaaccactacaccagaagctccctgtctctgctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 306</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Tacatccagctgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcgggcagacagtgaccatca actgccagacctctcaggcgtggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcagagc cccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagatttccggc agcggctccacaccagcttcaacctgaccatcagcagatctgagccgacgacattgccacct ctattgacaggtgctgagttctcggcagagggcagcagactgcacatcaagcgtacgggtggccg tcccagcgttcatctcccactagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc ctgctgaacaactctacccccgagccaaagtgcagtggaagtggaacgcccctgacg agcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagaccctgactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctcgaagtg acccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 307</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctgggtcagctctggcgcgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtgtcctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacagg gactggaatggatcggcagcatctacccccggcaactgtaacaccaactacgcccagaagtcca ggcagagccacctgaccgtggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcgcagacaccgcccgttactactgcaccggctccactacgcccctggattggaactcg acgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgctagcagccaggtgagctggtggaatctgg cgccggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgcccagcagcggcttcaacttc accaaggcctggatgcactgggtgcgccaggccccctggaaagcagctggaatgggtggcccag atcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccgggtcacc atcagccgggacgacagcaagaacacctgtacctgcagatgaacagcctgcccggcggagga caccgcccgttactactgtcggggcgtgtactatgcctgagccccctcgattactggggccaggga acctcgtgaccgtgtctagtcggaccgccagcacaagggccccatcggtgtccctctgcccctt gcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgcctcgtgaggactactttcccga gcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacacctttcagccgtgtc ccagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcagcggcggcacc aagacctacacgtgaactgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtgga atctaagtacggccctccctgcccctctgcccagccccgaatttctgggcccggaccctccgtgtcct gttcccccaagccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtacctcgtggtg gtggatgttcccaggaagatccccaggtgcagttcaattgtacgtgacggcgtggaagtga caacgccaaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcactaccgggtggtgcccgtgtc gaccgtgtcaccaggactggctgaacggcaagagtagaagtgcaaggtgtccaacaag gctgtcccagctccatcgagaaaacctcagcaagccaagggccagcccccgagcctcaa gtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtccct gaaaggttctaccccagcgacattgcctggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca actacaagaccacccccctgtgtgacagcagcggctcatttctcctggttccaagctgaccg tggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctcctgatgcacagggccctgca caaccctacaccagaagtcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 308</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactcagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagtcctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgccc gacagattctccggcagcggctctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtgcccagggcaccagtagtacccttcaactttggcagcggcacca aggtggaatcaagggccagcccaggcccggcccccacatccagatgaccagagcccag cagcctgtctgccagcgtggcgcagagtgacctacactgtcaggccagccagacaatctac gtgtggctgaactggatcagcagaagcccggcaagggcccccaagctgctgatctacaaggcca gcaacctgcacaccggcgtgccagcagatttctggcagcggctccggcaccgacttaccctg acaatcagctccctgagcccagggacattgccactactactgccagcagggccagacctacc cctacaccttggccagggcaccagctggaaatcaagaccaagggccccagccgtacgggtg ccgctcccagcgttcatctcccacctagcagcagcagcgtgaagtccggcagacccctgtcgt gtgctgtgaaacttctacccccgagggccaaagtgagtggaaggtggacaacgccctg cagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagc ctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcca agtgaccaccaggcctgtctgccccgtgaccaagagcttcaaccggggcagagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 309</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 33</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvcqtsgytftahilfwfrqapgrglewvvgwikpqygavnfggfrd rvltlrdivreiaymdirglkpdtdvayycardrsygdsswaldawgggttvvsaastkpsvfpla pcsrstsestaalglvkdypcpvtvswngaltsgvhtfpavllqssglyslssvvtvpssslgtkyt cnvdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvdvsq edpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssie ktiskakgprepqvylppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvl dsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhlealnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 310</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgdhlwlyqhkgpgrapklilhtssvedgvpsrfsgsfh tsfnltisdldqaddiatyycvqlqffgrgrslhikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfnypreak vqwkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstitliskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgrg ec</p>	<p>SEQ ID NO: 311</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlstctvsgfslsdygvhvrppgkglewlgviwagggtynpnlksrk tiskdtsknqvslklssvtaadvyyccardkgysyyyismdywgqgtvtvsssqqvlesgggvv qpgsrirlscaasgfftkawmhwwrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsk nlylqmnsraedtavyycrgvyyalspfdywggglvtvssrtastkgspsvflapcstrsstaal gclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkv dkrveskygppppcpapeflggpsvflfppkpdilmisrtpetvctvvdvsqedpevfqnwyv dgvevhnaktkpreeqfnstyrsvlvtlhdqdwlngkeykckvsnkglpssiectiskakgqprep qvctlpqsqeemtknqvsiscavkgyfypsdiavewesngqpennyktppvldsdsfllvskltv dksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 312</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsivtpgqpasiscskssqslvhnntylswylqkpgqspqsllykvsnrfsvprfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycgggtqypffgsgtkveikgqpkapdivltqspaslavspgq ratitcrasesveyvtslmqwyyqqkpgppkllifaasnvesgvparfsgsgsgtdftlinpvean dvanyycqqsrvpytfgqgkqleiktkgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnfyreak vqwkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrg ec</p>	<p>SEQ ID NO: 313</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 33</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>agagcccacctgggtcagctcggcaccgccaatgaagaaccaggcgcctctgtcgggtgctctg tcagacaagcggctcaccttcaccgccacatcctgttctggttccggcaggccccctggcagag gactggaatgggtggatggatcaagccccagatggcgcctgaactcggcggaggctccg ggatagagtgacctgacctgggacgtgtaccgcgagatgcctacatggacatccggggcctg aagcccgatgacaccgacctgtactactgcgacagagacagaagctacggcgacagcagctg ggctctggatgcttggggccaggccacaaccgtgggtgctgctgcccctctacaaaggcccctc gggttccctctggcccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgctctg gaaggactattcccagcccgtgacctgtcctggaactctgacgctgacaagcggcgtgca cacctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtctgacagtgcccag cagcagcctgggccaac tggaacaagcgggtggaatcaatgacggcccctcctgcccctcctgcccagcccctgatttctggg cggaccctccgtgtcctgttcccccaagccaaggaacaccctgatgatcagccgacccccg aagtgcactcgtgggtggatgtgtcccaggaagatcccaggtgacgttcaattggtacgtgg ccgggtgggttccgtgctgacctgctgaccaggactggctgaacggcaaaagatcaaatgca aagggtccaacaaggcctgcccagctcctcagagaaaacacacacacacacacacacacacacac gccccgcagcctcaagtgtataccctgcccctgcccaggaagagatgaccaagaaccagggtg tcctgtgggtctctgtaaaaggcttaccacagcagacattgcccgtggaatgggagagacaacggc cagcccagagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgta ctccaagctgacctggacaagaccgggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctcctgatg cagaggcccctgcacaaccactacaccagaagctccctgtctctgctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 314</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Tacatccacgtgaccagagccccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatca actgccagacctctcaggcggtggcagcagcctgcactggtatcagcacaagcctggcagagc ccccaaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagatttccggc agcggcttcacaccagcttcaacctgaccatcagcagatctgacggccgacgacattgccacct ctattgcaggtgctgagttcttggcagagggcagcagactgcacatcaagcgtacgggtggccgc tcccagcgtgtcatcttcccactagcagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgctgtgct ctgctgaacaactctacccccgagcgaagcgaagcagtggaaggtggacaacgcccctgacg agcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctga gcagaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgtacgctcgaagtg accaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 315</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagggtcagctgcaggaatctggccctggcctctgtaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccggctcagcctgagcgcactacggcgtgactgggtgcgcccagccacctggaaaag gcctggaatggctggcgtgatctggcctggcggaggaccaactacaaccccagcctgaagtc cagaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtccctgaagctgagcagcgtga cagccgagataccgctgtactactgcgcccagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggcaggaccaccctgaccctgtatcctctcaggtgacagctggggaatctg gcccggagtggtgcagcctggcagaagcctgagctgagctgtgcccagcggctcacctt cacaaggcctggatgactgggtgcccagcccctggaaagcagctggaatgggtggcca gatcaaggacaagagcaacagctacgcccactactacgcccagcagctgaaggccgggtca ccatcagccgggagcagcaagaacacccctgtacctgcagatgaacagcctgcccggcggag gacaccgctgtactactgtcggggcgtgtactatgcccagccccttgcattactggggcagg gaaccctcgtgaccgtgtctagctggaccgctcagcaaggccatcggtgtccctctggcccc ttgacgagaagcaccagcgaatctacagcccctggcctgctgtaaggactacttcccc agcccgtgaccgtgtcctggaactctggcctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtg tcagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtctgacagtgcccagcagcagcctgctgac caagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaagggtgacaagcgggtg aatctaagtacggccctccctgcccctctgcccagcccctgaatttctggcggaccctcctgctc ctgttcccccaagccaaggacacctgatgatcagccgacccccgaagtactgctgctg tggtgagtgctccaggaagatcccaggtgcagttcaattggtactgtgacggcgtggaagtc acaacgccaagaccaagcccagagaggaacagltcaacagcacctaccgggtgggtgctcgtg ctgaccgtgtgcaccaggtgctgaaacggcaaaagagtacaagtgcaaggtgtccaacaag ggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccagcggcctca agtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtg gtgaaaggcttaccaccagcagcattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagaaac aactacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctcattctcctggttccaagctgacc gtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctccgtgatgcagaggccctgc acaaccactacaccagaagtcctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 316</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagctcctgatctacaagggttcaacagattcagcggcgtgccc gacagattctccggcagcggctctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtgcccagggcaccagctacccttacccttggcagcggcacca agggtggaatacaaggccagcccaaggcccggcccccacatcgtgctgacacagagccctgta gcctggccgtgtcctctggacagagggccaccatcacctgtagagcagcagagcgtggaata ttacgtgaccagcctgatgacgtggtatcagcagaagcccggccagcccccaagctgctgattt cgccgcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagccagatttccggcagcggcctctggcaccga cttaccctgaccatcaacccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgcccagcagagc cggaaaggtgcccacaccttggccagggcaccagctggaatacaagccaagggccccagc cgtacggtgcccgtcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtcggcacc agcctctgtcgtgtcctgctgaacaacttaccccccgagggccaaagtgcagtggaaggtgg acaacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagagcagcaagagct ccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtg acgcctgcaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcg agtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 317</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 34</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvhltqsgpevrkpgtvskvscapgnltktydlhwrvsvpgqglqwmgwishgdskkiviverfk akvtidwdrstntaylqlsglsgdtavyycakgskhrlrdayldddgalnwavdvdylnlefwgq gtavtvssastkgpsvflapcsrstsestaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqss glyslsvvtvpsslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflppkp kdtlmsirtpevtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwl ngkeykckvsnkglpssiektiskagqprepqvylppcqeemtknqsvlwlclvkgfypsdiave wesngqpennykttppvlvsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhealhnhytqkslsislsg k</p>	<p>SEQ ID NO:318</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Dfvltqspshsvtpgesasiscksshlihgdrnylawyvvqkpgrspqllillassrasgvprdfsg sgsdfkftlkisrvetedvgtyycmqgrespwfgqgkvdikrtvaapsvfifppsdeqlksqtasv <u>vcllnfnypreakvqwkvdnalqsgnsgesvteqdskdstyslssltilskadyekhkvyacevthq</u> <u>glsspvtksfnrgec</u></p>	<p>SEQ ID NO: 319</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvkvscasgyfttsyihwvrqapggglewigsiypgnvntnyaq kfqgratlvdtsistaymelsrlrsddtavyycttrshygldwnfdvwwgkgtvtvsssqvqlvesgg gvvqpgsrllscaasgfttkawmhwwrqapgkqlewvaqikdknssyatyadsvkgrftisr ddsknlylqmnsraedtavyycrgvvyalspfdywgqglvtvssrtastkgspsvflapcsrst sestaalgclvkdyfepvtvswngaltsgvhtfpavllqssglyslsvvtvpssslgktytcndvh kpsntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpdltlmisrtpevtcvvvdvsqedpev qfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpsiektiskak gqprepqvctlpqsqeemtknqvsllscavkgyfypsdiavewesngqpennykttppvltdsdgsff lvskltvdksrwqegrvfscsvmhealhnhytqkslsislglk</p>	<p>SEQ ID NO: 320</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsivtppqpasisccksqslvhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsqvpdr fsgsgsgtdftlkisrveaedvgyycgggtqypitfgsgtkveikgqpkapdiqmtqspsslsas vgdrtvitcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpstrfsgsgsgtdftlisslqpedi atyycgqgqtpyftfgqgkileiktqpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvllnfnypreakv qwkvdnalqsgnsqesvteqskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvtksnrg ec</p>	<p>SEQ ID NO: 321</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 34</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtaaggtgtcct gcaaggccccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtgcgcagcgtgccaggac agggactgcagtgatgggtggtgatcagccacgagggcgacaagaagtatcgtggaacggt tcaaggccaaagtgacctgcactggacagaagcaccacaccgctacctgagctgagcg gcctgaccttggcgatacccccgtgactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagaga ctacgccctgtacgacgatgacggcgcctgaactggccggtgatggtgactacctgagaacc tggaaattcggggcagggcacagccgtgaccgtgtcatctgcttcgaccaaggccccctgggtg tcccttggccccctgcaagcagaagcaccagcgaatctacagcccccctgggctgctcgtgaa gactactttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacacc ttccagccgtgtccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtgcccagcagc agcctgggaccacaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtgga caagcgggtggaatctaagtacggccccctcctgcccccttgcaccgccccctgaatttctggcgg accctccgtgtcctgttcccccaagcccaaggacaccctgatgatcagccggaccccccgaag tgacctgcgtgggtggatgtgtcccaggaagatcccagggtgcagttcaattggtagctggacg gcgtggaaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccg ggtgggtccgtgctgaccgtgctgaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaag gtgtccaacaagggcctgccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcc ccgagcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtcc ctgtggtgtctcgtgaaaggcttaccaccagcgacattgcccgtggaatgggagagcaacggcca gcccagaaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcatttctctgtactc caagctgaccgtggacaagaccgggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgtccgtgatgac gaggccccgcacaaccactacaccagaagtccctgtctctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 322</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcatca gctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtagctgca gaagccccgcagatccccccagctgctgatctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcc cgatagattttcggcagcggcagcagacaaggactcacctgaagatcagccgggtggaacc gaggacgtgggacacctactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttggccagggca ccaaggtggacatcaagcgtacgggtgcccctcccagcgtgttcacttcccactagcagcag cagctgaagtccggcacagcctctgtgctgctgctgaacaacttacccccggagggccaa agtgcagtgaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgag caggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgacta cgagaagcacaaggtgtacgcctcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaa gagctcaaccggggcgaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 323</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagggtcagctgggtcagctctggcgccgaggtcgtgaaacctggccctctgtgagggtcctgc aaggccagcggctacaccttaccagctactacatccactgggtgcccaggccccctggacagg gactggaatggatcggcagcatctacccccggcaacgtgaacaccaactacgcccagaagtcca ggcagagaccacctgaccgtggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcagcagaccgcccgtgactactgacccggctccactacgcccctggatggaactcg acgtgtggggcaagggcaccaccgtgacaggtctagcagccaggtgagctggtggaatctgg cgccggagtggtgacgctggcagaagcctgagactgagctgtgcccagcagcggctcacctc accaaggcctggatgcactgggtgcccaggccccctggaagcagctggaatgggtggcccag atcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccgggtcacc atcagccgggacgacagcaagaacacctgtacctgagatgaacagcctgcccggccgagga caccgcccgtgactactgtcggggcgtgactatgcccctgagccccctcgattactggggccagga acctcgtgaccgtgtctagctggaccgccagcacaagggccccatcggtgtccctctggcccctt gcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgcccctgtgaggactactttcccga gcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacacctttccagccgtgt ccagagcagcggcctgactctctgagcagcgtctgacagctgcccagcagcagcagcggcacc aagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtgga atctaagtacggccctccctgcccctctgcccagccccctgaatttctgggcccagccctcgtgtcct gttcccccaagccaagcaccctgatgatcagccggacccccgaagtacctgctggtg gtggatgttcccaggaagatccccgaggtgcagttcaattgtacgtggacggcgtggaagtga caacgccaaagaccagcccagagaggaacagttcaacagcactaccgggtggtgcccgtgct gaccgtgtgaccaggactggctgaacggcaagagtagaagtgcaaggtgtccaacaag gctgcccagctccatcgagaaaacctcagcaagccaagggccagcccccgagcctcaa gtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggttccctgagctgtgccc gaaaggcttaccaccagcagcattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca actacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcatttctctggttccaagctgaccg tggacaagagccggtggcaggaaggaacgtgtcagctgctcctgatgcacagggcccctgca caaccctacaccagaagtcctctgtctgcccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 324</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaaacacctactctgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccctgctctatcacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgccc gacagattctccggcagcggctctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgactattgtgcccagggcaccagtagacccttacccttggcagcggcacc aggtggaatcaagggccagcccagcggcggcccccacatccagatgaccagagcccag cagcctgtctgccagcgtggcgacagagtgaccatcactgtcaggccagccagacaatctac gtgtggctgaactggatcagcagaagcccggcaagggcccccaagctgctgatcacaagggcca gcaacctgcacaccggcgtgcccagcagatttctggcagcggctcccggcaccgacttaccctg acaatcagctccctgagcccagggacattgcccactactctgcccagcagggccagacctacc cctacaccttggcagggcaccagctggaatcaagaccaagggccccagccgtagcgggtg ccgctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagcagctgaagtccggcagacccctgctg gtgctgctgaaacttctacccccgagggccaaagtgagtggaaggtggacaacgccctg cagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagc ctgagcagcaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcca agtgaccaccagggcctgtctgccccgtgaccaagagcttcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 325</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 35</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvhltsqspvrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwvrvpvgglqwmgwishegdkkiverfk akvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycakgskhrlrdaylydddgalnwavdvdylnlefwgq gtavtvssastkgpsvflapcsrstssestaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqss glylssvvtvpssslgktytcnvdhkpsntkvdkrveskyppcpcppapeflggpsvflfppkp kdtlmsirtpevtcvvvdvsqedpevfqnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdlw ngkeykckvsnkglpssiektiskakgprepqvylppcqeemtknqsvlwcvlkgyfypsdiave wesngqpennykttppvldsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhlealhnhytqkslsisl g</p>	<p>SEQ ID NO: 326</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Dfvltsphslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvvqkpggrspqlliylassrasgvprdfsg sgsdkdfllkisirvetedvgtyycmqgrespwfgqgkvdikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnfyreakvqkwkdnalqsgnsqesvsveqdsdstylsstllskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO:327</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtslctvsgfslsdygvhwrpqpqgkglewlgviwagggtynpnlksrk tiskdtsknqvslklssvtaadvyyccardkgyssyyysmdywgqgtvtvsssqqvqvesgggvv qpgsrslrscasgfttkawmhwrqapqgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsk ntlylqmnsraedavyyrcrvyyspfdywgqgtlvtsrstartkgspsvflapcsrstsestaal gclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavlqssgylsylvvtpssslgktytncvdkhpsntkv dkrveskygppppcpapeflggsvfifppkpdilmisrtpvctvvdvsqedpevqfnwyv dgvevhnaktkpreeqfnstyrsvlvtlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprep qvctlppsqeemtknqvslscavkgyfypsdiavewesngqpennykttppvldsdsqfflvskltv dksrwqegnfvscsvmhealnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 328</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsivtppqpasiscsksqslvhnantylswylqkpgqspqslykvsnrfsqvpdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycqggtqypffgsgtkveikgqpkapdivltqspaslavspgq ratitcrasesveyvtslmqwyyqqkpgppkllifaasnvesgvparfsgsgsgtdftlinpvean dvanyycqsrkvpqyftgqgkklkiktkgprsvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfyreak vqwkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrg ec</p>	<p>SEQ ID NO: 329</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 35</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccgaagtgcggaagcctggcacctctgtaaggtgtcct gcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtgcgcagcgtgccaggac agggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaagtgtatggaacggg tcaaggccaaagtgacctgcactggacagagaagcaccacaccgctacctgagctgagcg gacctgacctggcgatacccccgtgactactgcccgaagggcagcaagcaccggctgagaga ctacgccctgtacgacgatgacggcggcctgaactggccggtggtgactacctgagcaacc tggaaattctggggcagggcacagccgtgaccgtgtcatctgcttcgaccaaggcccctcggtgt tccctctggcccctgacagcagaagcaccagcgaatctacagcccccctgggctgctcgtgaag gactactttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacacc ttccagccgtgtccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtgcccagcagc agcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtgga caagcgggtggaatctaagtacggcccctcctgcccctcctgcccagcccctgaattctggcgg accctccgtgtcctgttcccccaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaag tgacctgcgtgggtggatgtgtcccaggaagatcccagggtgcagttcaattggtagctggacg gcgtggaggtcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctacc gggtgggtccgtgctgaccgtgtcaccaggactggctgaacggcacaagagtacaagtgaag gtgtccaacaagggcctgccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcc ccgagcctcaagtgtatacctgcccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtcc ctgtggtgtctcgtgaaaggcttaccacagcagacattgcccgtggaatgggagagcaacggcca gcccagaaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctctgtactc caagctgaccgtggacaagaccgggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgtcctgtagcaca gagccctgcacaaccctacaccagaagtccctgtctcgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 330</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacttcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcatca gctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtagctgca gaagcccggcagatcccccaagctgctgatctacctggccagcagagaccagcggcgtgcc cgatagatttctggcagcggcagcagacaaggactcacctgaagatcagccgggtggaacc gaggacgtgggacacctactactgtatgcagggcagagagagcccctggaccttggccagggca ccaaggtggacatcaagcgtacgggtggccgctcccagcgtgttcatctcccacctagcagcag cagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgctgctggaacaacttacccccggaggccaa agtgcagtgaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgag caggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgacta cgagaagcacaaggtgtacgcctcgaagtgaccaccaggcctgtctagcccctgaccaa gagctcaaccggggcgaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 331</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>cagggtcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccggctcagcctgagcgcactacggcgtgactgggtgcgcccagccacctggaaaag gcctggaatggctggcgtgatctggcctggcggaggaccaactacaaccccagcctgaagtc cagaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtccctgaagctgagcagcgtga cagccgagataccgctgtactactgcgcccagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggcaggaccaccctgaccgtgtatcctctcaggtgacgtggtggaatctg gcccggagtggtgacgctggcagaagcctgagactgagctgtgcccagcggctcacctt caccaggcctggatgactgggtgcccagcccctggaaagcagctggaatgggtggcca gatcaaggacaagagcaacagctacgcccactactacgccagcagctgaagggccggttca ccatcagccgggacgacagcaagaacacccctgtacctgcagatgaacagcctgcccggcag gacaccgctgtactactgtcggggcgtgtactatgcccagccccttgcattactggggcagg gaaccctcgtgaccgtgtctagtcggaccgctcagcaagggcccacgtgttcccttggcccc ttgacgagaagcaccagcgaatctacagcccctggcctgctcgtgaaggactacttcccc agcccgtgaccgtgtcctggaactctggcctcgtgacaagggcgtgcacaccttccagccgtg tcagagcagcggcctgtactctcgtgacgagcgtgacagtgcccagcagcagcctggccac caagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggaagcgggtg aatctaagtacggccctccctgcccctcctgcccagcccctgaatttctggcggaccctcgtt ctgttcccccaagccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtactgctggtg tggtggtatgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattggtacgtgacggcgtggaagtc acaacgccaagaccaagcccagagaggaacagltcaacagcacctaccgggtggttccgtg ctgaccgtgtgcaccaggtggtgaaacggcaagagtaacagtgcaaggtgtccaacaag ggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaagccaagggccagcccccgagcctca agtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtcc gtgaaaggcttaccaccagcagcattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagaaac aactacaagaccacccccctgtgtgacagcagcggctcattctcctggttccaagctgacc gtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctccgtgatgcagaggccctgc acaaccactacaccagaagtcctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 332</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactcagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagtcctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgccc gacagattctccggcagcggcctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtgcccagggcaccagtagcccttacccttggcagcggcacca agggtggaatacaagggccagcccaggcccggcccccacatcgtgctgacacagagccctgta gctgtgaccagcctgatgacgtggtatcagcagaagcccggccagcccccaagctgctgattt cgccgcccagcaacgtggaaagcggcgtgcccagccagatttccggcagcggcctgtggaccga cttaccctgaccatcaacccccggaagccaacgacgtggccaactactactgcccagcagagc cggaaaggtgccctacaccttggccagggcaccagctggaatacaagaccaagggccccagc cgtacggtgcccgtcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtcggccac agcctctgtcgtgtcctgctgaacaacttaccccccgagggccaaagtgcagtggaaggtgg acaacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaagggact ccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgt acgctgccaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcg agtg</p>	<p>SEQ ID NO: 333</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 36</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprggavnyarpl qgrvtmtrdvysdtafelrsltdtavyfctrgkncdynwdfehwrgtgvivssastkgpsvfpla pcsrstsestaalgclvkdyppevtvswngalstgvhtfpavlqssgylsylvvtvpssslgtkyt cnvdhkpsntkvdkrveskygppppcpapeflggpsvflfppkpkdlmirsptevtcvvdvdsq edpevqfnwyvdgvevhnaaktpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssie ktiskakgqprepqvylppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvl dsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhealnhhtqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 334</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiiscrtsqygslawyqrrpgqaprlviysgstraagipdrfsgsrwgpdy nltisnlesgdfgyvyyccqyefgqgikvqvdkrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypre akvqkwkdnalqsgnsqesvteqdsdstysslstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksf nrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 335</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvksckasgyftfsyihwvrqapggglewigsiypgnvntnyaq kfqgratlvtvdsistaymelsrlrsddtavyyctrshygldwnfdwvkggtvtvsssqqvqlvesgg gvvqpgsrslrscasgftfkawmhwrqapggkqlewaqikdksnsyatyadsvkgrftisr ddsnkntlylqmnsraedtavyycrgvyalsspfdywgggtlvvssrtastkgpsvflapcsrst sestaalgclvdyfepvtvswngaltsgvhtfpavlqssgylsissvtvpssslgtktytcnvdh kpsntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmsrtpvctvvvdvsqedpev qfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeyckvsnkglpssiiektiska kgqprepvctlpqsqeemtknqvsclscavkgyfypsdiavevesngqpennyktppvltdsdg sfflvskltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 336</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsivtpgqpasiscckssqslvhnnanty!swylqkpgqspqslykvsnrfsqvpdr fsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycggtqypitfgsgtkveikgqpkapdiqmtqspsslsa svgdvritcqasqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsqsgsgtdftlisslqpe diatyycqggqtpyffgqgktleiktgpsrtvaapsvfifppsdeqlksqstasvvcllnfnfyreak vqwkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltslkadyekhkvyacevthqglsspvtksfnr gec</p>	<p>SEQ ID NO: 337</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 36</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggcagctctggcggccagatgaagaaccgagagcagatcgggatcagc tgcagagccagcggctacaggtcatcagactgcaccctgaactgatcagactggcccctggcaa ggcggcctgagtgatgggatggctgaagcctagaggcggagccgtgaactacgccagacctctg cagggcagagtgaccatgaccgggacgtgtacagcgataccgcttctggaactgcggagc ctgaccgtgatgataccgctgtactctgcaccggggcaagaactcgactacaactggga ctctgagcactgggagagccaccctgtgatcgtgtcaagcgctgacccaagggcccctcg gtgtccctctggcccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctggctgcctcgtg aaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaaactctggcgtcctgacaagcgctgcac accittcagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagc agcagcctgggacccaagcctacactgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggt ggacaagcgggtggaatcgaatcagcggcctccctgcccctctgcccagcccctgaattctggg cggaccctccgtgtcctgttcccccaagcccagacaccctgatgatcagccggaaccccg aagtacctcgctggtggtgatgtgtcccaggaagatcccaggtgagtgcaattggtacgtgg ccgggtggtgtccgtgctgaccgtgtgaccagcactggctgaacggcaagagtaacaagtgc aagggtgccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggcca gcccgcgagcctcaaggtataccctgcccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtg tcctgtggtgtctctgtaaaaggcttaccacagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggc cagcccagagaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcattctctctgta ctccaagctgaccgtggacaagaccgggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctccgtgatg cagaggcccctgcacaaccactacaccagaagtcctctctctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 338</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatcatca gctgccggacaagccagtagcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacaggcccca gactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcggctccag atggggccctgactacaacctgacctagcaaacctgaaagcggcgacttccgctgtactact gccagcagtagcaggttctcggccaggccaccaaggcaggtgagtgacatcaagcgtacgggtgc cgtcccagcgtgttctctcccacctagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc gtgctcgtgtaacaacttacccccgcgaggccaaagtgcagtggaagggtggacaacgcccctg cagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagc ctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaagggttacgctcgga agtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 339</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctgggtcagctctggcgcgaggtcgtgaacctggcgcctctgtgaaggtgtcctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacagg gactggaatggatcggcagcatctacccccggcaactgtaacaccaactacgcccagaagtcca ggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcgcagacaccgcccgttactactgcaccggctccactacgcccctggattggaactcg acgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgctagcagccaggtgagctggtggaatctgg cgccggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgcccagcagcggcttcacctc accaagcctggatgcactgggtgcgccaggccccctggaagcagctggaatgggtggcccag atcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgccgacagcgtgaagggccgggtcacc atcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcccggccgagga caccgcccgtgactactgtcggggcgtgtactatgcctgagccccctcgattactggggccagga acctcgtgaccgtgtctagtcggaccgccagcacaagggccccatcggtgtccctctgcccctt gcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgcctcgtgaaggactactttcccga gcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacacctttcagccgtgtc ccagcagcggcctgactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcagcggcacc aagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtgga atctaagtacggccctccctgcccctctgcccagccccgaatttctgggcccagccctcgtgtcct gttcccccaagccaagcaccctgatgatcagccggaccccccgaagtacctcgtggtg gtggatgttcccaggaagatccccaggtgcagttcaattgtacgtgacggcgtggaagtga caacgccaaagaccagcccagagaggaacagttcaacagcactaccgggtggtgcccgtgct gaccgtgtgcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtccaacaag gctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccccgagcctcaa gtgtgtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtccct gaaaggcttaccaccagcgacattgcctggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca actacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcatttctcctggttccaagctgaccg tggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctcctgatgcacagggccctgca caaccctacaccagaagtcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 340</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactctgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagtcctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgccc gacagattctccggcagcggctctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtgcccagggcaccagtagtacccttcacctttgagcggcacc aggtggaatcaagggccagcccagcggcggcccccacatccagatgaccagagcccag cagcctgtctgccagcgtggcgacagagtgaccatcacctgtcaggccagccagacaatctac gtgtggctgaactggtatcagcagaagcccggcaagggccccaagctgctgatctacaaggcca gcaacctgcacaccgctgcccagcagatttctggcagcggctccggcaccgacttaccctg acaatcagctccctgagcccagggacattgccacctactactgccagcagggccagacctacc cctacaccttggcagggcaccagctggaatcaagaccaagggccccagccgtacgggtg ccgctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagcgtgaagtccggcagacccctgtcgt gtgctgtgaaacttctacccccgagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctg cagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagc ctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcca agtgaccaccagggcctgtctgccccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 341</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 37</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsggqmkkpgesmriscrasgyefidctlnwirlapgkrpewmgwlkprggavnyarpl qgrvmttrdvydstafelrsltdtavfctrknkdynwdfehwrgtprvsvssastkgspsvflpa pcsrstsestaalglvkdypcpvtvswngalstgvhtfpavllqssgylsllsvvtvpssslgtkyt cnvdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpevtcvvdvsq edpevqfnwyvdgvevhnaktpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssie ktiskakgprepqvylppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvl dsdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhcalhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 342</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Eivltqspgtlslspgetaiisrctsqygslawyqrrpgqaprliivysgstraagipdrfsgsrwgpdy nitisnlesgdfgyvycqyeffggtkvqvdkrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfypre akvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkvyacevthqglsspvtksf nrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 343</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlstctvsgfslsdygvhvrqppgkglewlgviwagggtynpslksrk tiskdtsknqvslklssvtaadvyyccardkgyssyyysmdywgqgtvtvsssqqvvesgggvv qpgsrslrIscaasgftfkawmhvrqapggkqlewwaqikdksnsyatyyadsvkgrftisrddsk ntlylqmnsIraedavyyrcrvyyspfdywgqgtlvvssrtastkpgsvfplapcsrstsestaal gclvkdyfpepvtvswngalstgvhtfpavlqssgylsllsvvtpssslgtkytncvdkhpsntkv dkrveskygppppcpapeflggpsvflfppkpkdilmisrtpetvsvvdsqedpevqfnwyy dgvevhnaktkpreeqfnstyrsvlvtlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgqprep qvctlpqsqeemtknqvsIscavkgyfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsvflvskltv dksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO:344</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplslsvtppqpasiscskssqslvhnntylswylqkpgqspqslykvsnrfsvdpdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycqggtqypffgsgtkveikgqpkapdivltqspaslavspgq ratitcrasesveyvtsImqwyyqqkpgppkllifaasnvesgvparfsgsgsgtdftlinpvean dvanyycqsrkvpytfgqgkIeiktkgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfyreak vqwkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltlskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrg ec</p>	<p>SEQ ID NO: 345</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 37</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgagctctggcggccagatgaagaaaccggcgagagcatgcgatcagc tgcagagccagcggctacaggtcatcagctgcacccctgaactggatcagactggcccctggcaa gcgccctgagtgatggatggatggctgaagcctagaggcggagcctgaactacgccagacctg cagggcagagtgacctgacccgggacgtgtacagcgataccgcctcctggaactcggagcc tgaccgtgatgataccggcgtgacttctgcacccggggcaagaactcgcactacaactgggact tcgagcactggggcagaggcaccctgtgatcgtgtcaagcgcgtcgaccaagggcccctcggt gtccctctggcccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgctcgtgaa ggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaacttggcgtcctgacaagcggcgtgcacac cttccagcgtgctccagagcagcggcctgacttctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcag cagcctgggcaaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtgg acaagcgggtggaatctaagtagccctcctgcccctcctgcccagcccctgaatttctgggagg accctcctggttctgttcccccaagcccgaaggacaccctgatgatcagcggacccccgaag tgacctgctggtggtggtgatgtcccaggaagatcccagggtgacgttcaattggtacgtggacg gctggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgg gtgggtcctgctgaccgtgctgcaccagagctggctgaacggcaagagtaacaagtgaaggt gtccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccc gagagcctcaagtgataccctgcccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctg tgggtctcgtgaaaggcttaccagcagcattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcc cgagaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtactccaa gctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgctcctgatgacagag gcccctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 346</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Gagatcgtgctgacacagagccctggcaccctgagcctgtctccaggcgagacagccatcatca gctgccggacaagccagtagcagcctggcctggtatcagcagaggcctggacaggcccca gactcgtgatctacagcggcagcacaagagccgcccgaatccccgatagattcagcggctccag atggggccctgactacaacctgacctagcaaacctggaaagcggcagcttccgctgactact gccagcagtagcagttctcggccagggcacaaggtgcaggtggacatcaagcgtacgggtggc cgctcccagcgtgtcatcttcccactagcagcagcagcagcgaagtccggcacagcctctgtcgtg tgcctgctgaacaacttaccctcggcagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcccctgc agagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcct gagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctcgtggaag tgaccaccagggcctgctagcccctgaccaagagctcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 347</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccggctcagcctgagcgaactacggcgtgactgggtgcgcccagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgactgtggcctggcggaggaccaactacaaccccagcctgaagtc cagaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtccctgaagctgagcagcgtga cagccgcgataccgcccgtgactactgcccagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtgtcctctcaggtgcagctggggaatctgg cggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgcccagcggctcacctca ccaaggcctggatgactgggtgcgcccagcccctggaaagcagctggaatgggtggccaga tcaaggacaagacaacagctacgccactactacgccagcgtgaaggccgggtcacca tcagccgggacgacagaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcccggcggaggac accgctgtactactgtcgggctgtactatgccctgagcccctgactactggggccagggaa cctcctgaccctgtctagtcggaccgctcagcaaggccatcgggttccctctgcccctgtc agcagaagcaccagcgaatctacagcccctgggtgctcctgtaaggactacttcccagc ccgtgaccgtgtctggaactctggcctcgtacaagcggcgtgcacaccttccagccgtctcca gagcagcggcctgactctctgagcagcgtctgacagtgcccagcagcagcctggcaccaga acctacacctgaactggaccacaagcccagcaacaccaagggtggacaagcgggtggaatct aagtacggccctccctgcccagcccctgaattctggcggaccctcctgcttctgtctc ccccaaagccaaggacaccctgatgatcagccggaccccgaagtgacctgctggtgggtg gatgtgtcccaggaagatcccaggtgacgttcaattgtagctggacggcgtggaagtgcacaa cgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgctcctgctgac cgtgtgcaccagactggctgaacggcaaaagatcaagtgcaaggttccaacaagggcct gccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagccccgcagcctcaagctg gtaccctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggttccctgagctgtccgtgaa aggcttctaccccagcagactgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaacta caagaccacccccctgtctggacagcagggctcattctctggttccaagctgaccgtgga caagagccgggtggcaggaaggcaactgtttagctgctcctgtagcacagggccctgcacaa cactacaccagaagtccctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 348</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctgggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagctcctgatctacaaggtgtccaacagattcagggcgtgccc gacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcacctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtggccagggcaccagtagtacccttccacttggcagcggcacca aggtggaatacaaggccagcccaaggccgccccgacatcgtgctgacacagagccctgcta gcctggccgtgtctctggacagagggccaccatcactgtagagccagcagagcgtggaat tacgtgaccagcctgatgagtggtatcagcagaagcccggccagcccccaagctgctgatttc gcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagcagatttccggcagcggctctggcaccgact tcacctgacctcaaccccgtggaagccaacgacgtggccaactactactgcccagcagagccg gaaggtgccctacaccttggccagggcaccagctggaatacaagaccaagggccccagccg tacgtggtccgctcccagcgtgttcatctcccactagcagcagcagctgaagtcggcagcagc ctctgctgctgctgtaacaacttacccccggcagggccaaagtgagtggaaggtggacaa cgccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacc tacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcc tgcaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcagctgt</p>	<p>SEQ ID NO: 349</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 38</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvksckasytftsyihwvrqapggglewigsyppgnvntnyaqkf qgratltvdsistaymelsrlrsddtavyyctrshyglwdnfdvvgkgtvtvssastkgpsvflpalc srstsestaalgclvdyfpepvtvswngaltsghvhtfpavlqssglyslssvvtppsslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdlimisrtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvylppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpenyktppvlds gsfflyskltvdksrwqegvnfscsvmhcalhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 350</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgrvtitcagqsnqiyvwlwvqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsrgsgs gtdftltisslqpediatyycqqgqtypyfgqgkcleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfy preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekhkyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 351</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrscqtsgyttfahilfwrqapgrglewvvgwikpqygavnfggfrd rvltlrdivreiaymdirglkpdtdtavycardrsygdsswaldawgqgtvvsasvqlvesggg vvqpgsrIrlscaasgfftkawmhvwrqapgkqlewwaqikdksnsyatyyadvskgrftisrdd skntlylqmnslraedtavyyrcrgvyyalspfdywgqgtlvvtssrtastkgpsvflapcsrstses aalgcivkdyfpepvtvswngalstgvhtfpavlgssgylssovvtvpssslgktytncvndhkps ntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpkdIImisrtpvctvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnatkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgg prepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsdgsfflv skltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslsislglk</p>	<p>SEQ ID NO: 352</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplslsvtppgqpasiscsksqslvhnnantylswylkpgqspqsllykvsnrfsvdpdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycqggtqypffgsgtkveikgqpkkaapyihvtqspsslsvisgd rvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgrapkliihtssvedgvpsrfsqsgfhtsnltisdldqaddiatyy cqvlqffgrsrhiktkgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfypreakvqwkvdnalq sgnsqesvteqdskdstyslstltskadyekhkyacevthqglsspvtksnfrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 353</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 38</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctgggtcagctctggcgcgaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtgctctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacagg gactggaatggatcggcagcatctacccccggcaactggaaccaactacgcccagaagtcca ggcagagcccacctgaccgtggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcagcagaccggcgtgactactgcaccgggtcccactacggcctggattggaacttcg acgtgtggggcaagggcaccacctgacagtgtctagcgcgtgaccaagggccccctgggttc cctctggccccctgacgacagaagcaccagcgaatctacagccgccccctgggtgcctctgtaagga ctacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacaccttc cagccgtgctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtcccagcagcag cctgggcaccaagacctacacctgtaacctggaccacaagcccagcaacaccaagggtggaca agcgggtggaatctaagtacggccccctcctgcctcctgcccagccccgaatttctggggacc ctcgggttctctgtcccccaagccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtga cctcgtgtgtgtggatgtgtcccaggaagatcccaggtgacgttcaattggtacgtggacggctg ggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggactggctgaacggcaaaaggtacaagtgaaggtgc caacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccgg agcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggt gtctcgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccga gaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcatttctctgtactccaagct gaccgtggacaagagccgggtggcaggaaggcaactgttcaagctgtcctgtatgcacgaggc cctgcacaaccactacaccagaagtccctgtctctgccccggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 354</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Gacatccagatgaccagagcccagcagcctgtctgacagcgtgggcgacagagtaccatc acctgtcagggcagccagaacatctacgtgtggctgaactggatcagcagaagccccggaagg cccccaagctgtgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtcccagcagatttctggc agcggctccggcaccgacttaccctgacaatcagctccctgcagcccaggacattggcaccta ctactgccagcagggccagacctaccctacaccttggccagggcaccaagctggaatcaag cgtacgggtggcgcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcaca gcctctgctgtgctgctgtaacaacttctacccccggaggccaaggtgacgtggaaggtggac aatgcccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactcca cctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 355</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>agagcccacctgggtcagctctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtcgggtgctctg tcagacaagcggctacacctaccgcccacatcctgtctgttccggcaggccctggcagagg actggaatgggtggatggatcaagccccagatggcgccgtgaactcggcggaggctccggg atagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatcgcctacatggacatccggggcctgaa gcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcgacagcagctggc tctggatgctggggccagggcacaaccgtgggtgtctgcctctcagggtcagctggggaatc ggcggcggagtgggtcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgacagcggctcacct caccaaggcctggatgactgggtgcccagcccctggaaagcagctggaatgggtggcca gatcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacggcagcagcgtgaaggccgggtcac catcagccgggacgacagaagaacacctgtactgacatgaacagcctgcccggccgagg acaccgctgtactactgtcggggcgtgtactatccctgagcccctcgattactggggccagg aacctcgtgaccgtgtctagtcggaccgctcgaaccaaggccatcggtgtccctctgcccct gcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgcctcgtgaaggactcttccga gcccgtgaccgtgtcctggaactctggcctctgacaagcggcgtgcacaccttccagccgtc cagagcagcggcctgactctgagcagcgtgacagtgcccagcagcagctggcagcagc agacctacactgtaactggaccacaagcccagcaacaccaagggtggacaagcgggtgaa tctaagtacggccctccctgcctcctgcccagcccctgaatttctgggcccaccctcgtctc tcccccaaaagccaaggacacctgatgacagccgacccccgaagtacctgcgtggtggt ggatgtcccaggaagatcccaggtgacgttaattggtacgtggacggcgtggaagtgcaca acgcaagaccaagcccagagaggaaacagttcaacagcacctaccgggtggtgtccgtgta ccgtgctcaccagactggctgaacggcaagagtacaagtcaaggttccaacaagggcc tcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccggcagcctcaagtgt gtacctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccagggttccctgagctgtccgtgaa aggcttaccaccagcagattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaacta caagaccacccccctgtctggacagcagggctatttctctggttccaagctgaccgtgga caagagccggtggcaggaaggcaactgttcaagctgctcctgatgcacagggccctgcacaac cactacaccagaagtccctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 356</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagctcctgatctacaagggtccaacagattcagggcgtgccc gacagatttccggcagcggctctggcaccgactcaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtggccagggcaccagtagtacccttacccttggcagcggcaca agggtgaaatcaaggccagcccaaggccgccccctacatccagtgaccagagccccagc agcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctcagggcgtgggacg cgacctgactgtatcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagc agcgtggaagatggcgtgccagcagatttccggcagcggcttccacaccagctcaacctgac catcagcagatctcagggcagcagattgccacctactattgtcagggtgctcagttctcggcaga ggcagcagactgcacatcaagaccaagggccccagcctgacgtggcggctcccagcgtgtc atcttccaccctagcagcagcagctgaagtccggcagacccctgtcgtgtgctgtaacaac tttaccaccccgagggcaaaagtgcagtggaagggtggaacagcccctgcagagcgggcaacagc caggaagcgtgaccgagcagcagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgac actgagcaagccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctcgaagtgaccaccagggcct gtctagcccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 357</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 39</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgyftfsyihwvrqapggglewigsyppgnvntnyaqkf qgratltvdsistaymelsrlrsddtavyyctrshyglwndvfwgkgtvtvssastkgpsvflpalc srstsestaalgclvdyfpepvtvswngaltsghvhtpavlqssglyslssvvtppsslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdlimisrtpetvcvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvylppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpenyktppvldsd gsfflyskltvdksrwqegvnfscsvmhcalhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 358</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgrvtitcagqsnqiyvwlwnyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsrgsgs gtdftltisslqpediatyycqqgqtypyfgqgkcleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfy preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssstllskadyekhkyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 359</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrvscqtsgytftahilwfrqapgrglewvvgwikpqygavnfvggfrd rvltlrdivreiaymdirglkppddtavvycardrsygdsswaldawgqgttvvvsadkthtqvqlves gggvvqpgrsrlrscasgfttkawmhvvrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyadsvkgrftis rddskntlylqmnsiraedtavyycrgvyalspfdywgqgtlvtvssdkthtastkgpsvflapcs rstsestaalgclvkdypvptvswngalstgvhtfpavlgssgylsylvvtvpssslgtkytvcnv dhkpsntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpkdltmistrpevtcvvvdvsqedp evqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrsvvltvlhqdwlingkeykckvsnkglpssiektisk akggprepqvctlpssqeemtknqvslscavkgyfypsdiavewesngqpennyktppvlidsdg sfilvskltvdkrsrqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 360</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsivtpgqpasiscsksqslvhnantylswylqkpgqspqslykvsnrfsvdpdrfs gsgsgdtflkisrveaedvgyycqggtqypffgsgtkveikdkthtyihvtqspsslsvsigdrvin cqtsqgvgsdlhwqyqhkgprapklilhtssvedgvpsrfsgsgfhtsfnltisdlqaddiatyyqcvl qffrgsrllhikdkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyfpreakvqwkvdnalqsgns qesvteqdsdstylsstltskadyekhkvyacevthqglsspvtksnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 361</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 39</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgcagctctggcggcaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtctctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcccagggccccggacag gactgggaatggatcggcagcactctacccccggcaactgaaacccaactacgcccagaagtcca ggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcgcagacaccgctgtactactgacccggtcccactacggcctggattggaactctg acgtgtgggcaaggcaccaccctgacagtgctagcgcgtcgaccaaggccccctcggtgttc cctctggccccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccccctggctgctctggaagga ctactttcccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgacaccttc cagccgtgctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtgcccagcagcag cctggcaccagaagcctacacctgtaactgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggaca agcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctcctgcccagcccgaattctggcggacc ctccgtgtcctgtcccccaagcccagaccctgatgatcagccggacccccgaagtga cctgcgtggtggtgatgtgtcccaggaagatcccaggtgacagttcaattggtacgtggacggct ggaagtgcacaacgccaagaccagcccagagaggaacaggtcaacagcaccctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgaccagagctggctgaacggcaaaagagtacaagtgcaaggtgtc caacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaagccaagggccagccccgg agcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggt gtctgtgaaaggcttctaccccagcagcattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccga gaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtactccaagct gaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaactgttcaagctgctcctgtatgcacagggc cctgcacaaccactacaccagaagctcctgtctctgtcctcgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 362</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatccagatgaccagagccccagcagcctgtctgcccagcgtggcgacagagtgaccatc acctgtcagggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagccccggaagg cccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcccagcagattttctggc agcggctccggcaccgactcaccctgacaatcagctcccctgagcccaggacattgccacctta ctactgccagcagggccagacctaccctacaccttggccagggcaccagaagctggaatcaag cgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagcagtgaggccgaca gcctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaggtgacgtggaaggtggac aatgccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactcca cctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 363</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>agagcccacctgggtcagctctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtcgggtgctctg tcagacaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggcccctggcagagg actggaatgggtggatggatcaagccccagatggcgccgtgaactcggcggaggcttccggg atagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatcgctacatggacatccggggcctgaa gcccgatgacaccgctgtactactgcccagagacagaagctacggcgacagcagctgggc tctggatgctggggcaggcacaaccgtgggtgtctgccgacaaaaccataccagggtgc agctggtggaatctggcggcggagtgggtcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccc cagcggctcacctcaccaggcctggatgactgggtgcccaggcccctggaaagcagctg gaaatgggtggccagatcaaggacaagagcaacagctacggccactactacggcagacgctg aaggcgggtcaccatcagccgggacgacagcaagaacacctgtacctgcagatgaacagc ctgcccggcaggacaccgctgtactactgtcggggcgtgtactatgcctgagcccctcgatt actggggccagggaacctcgtgacctgtctagtataagaccacaccgcttcgaccaaggg cccatcgggttcccttggcccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctg cctcgtgaaggactacttcccagcccgtgacctgtcctggaactctggcctctgacaagcgg cgtgcacaccttcagcggctcagagcagcggcctgtactctctgagcagctgtgacaagcgg gcccagcagcagcctggcaccaggacctacacctgtaactggaccacaagcccagcaaca ccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctctgcccagcccctgaat ttctggcggaccctcgttctgttcccccaagcccaaggacacctgatgatcagccgga ccccgaagtgacctgctgtgggtggatgtgtccaggaaagatcccagggtgagttcaattggt acgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgctgctgacctgtcaccaggactggctgaacggcaagagtaca agtcaaggtgtcaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaag gcccagcccgcgagcctcaagtgtgacctgccccctagccaggaaagagatgaccaagaacc aggtgtccctgagctgtcggtaaggtcttaccaccagcagactgcccgtggaatgggagagc aacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattct tctgtgtccaagctgacctggacaagagccggtggcagggaaggcaactgttcagctgctcc gtgatgcacgaggcctgcacaaccactacaccagaagtcctctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 364</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagctcctgatctacaaggtgtcaaacagattcagggcgtgccc gacagattctccggcagcggctctggcaccgacttcacctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtggcgtgtactattgtggccaggcaccagtagtacccttcaccttggcagcggcaca aggtggaatcaaggacaaaaccatacctacatccacgtgaccagagccccagcagcctgt cgtgtccatcggcagacagagtgacctcaactgcccagacctcagggcgtggcagcagcact gcaactggtatcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgt ggaagatggcgtgcccagcagatttccggcagcggctccacaccagctcaacctgacctca gcatctgaggccgacgacattgccacctactattgtaggtgctgagttctcggcagaggcag cagactgcacatcaaggataagaccataaccgtacgggtggccgctcccagcgtgtcatctccc acctagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgtcgtgtgctgtaacaacttacc ccgagggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaacagccaggaa agcgtgaccgagcagcagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgag caaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcaagtgaccaccaggcctgtctag ccccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 365</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 40</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvksckasgyftfsyihwvrqapggglewigsyppgnvntnyaqkf qgratltvdsistaymelsrlrddtavyyctrshyglwnfdvvgkgtvtvssastkgpsvfplap csrstsestaalgclvdyfpepvtvswnsгалtsgvhtfpavlqssgylsllsvvtpssslgktyc nvdhkpsntkvdkrveskyppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpvctcvvdsqe dpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiekt iskakqprepqvylppcqemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvid sdgsfflyskltvdksrwqegnfvfscsvmhelnhhtyqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 366</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgrvritcqsqniyvwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsqsgs gtdftltisslqpediatyycqqgqtypyftggqtkleikrtvaapsvfifppsdeqlksqtasvcllnnf ypreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltliskadyekhkvyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 367</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvesggvqvqgrsrlscaasgftfkawmhwrqapgkqlewaqikdksnsyatyyad svkgftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcgvyyalspfdywgqgtlvtsrslhvlvsgta mkkpgasvrvscqtsgyftahilfwfrqapgrglewvvgwikpqygavnfvggfrdrvlttrdyreia ymdirglkpdtdavyyccardrsygdsswaldawgqgtvvvsartastkgspsvflapcsrstset aalgcivkdyfpepvtvswnsгалtsgvhtfavlqssgylsylvvpssslgtkytvcnvdhkps ntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdlimisrtpcvvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgq prepqvctlpssqeemtknqvslscavkgyfypsdiavewesngqpennykttppvldsdsqfflv skltvdksrwqegnrvfscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 368</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgpgrapkliihtssvedgvpsrfgsgfh tsfnltisdqaddiatyycvqlfqqgrsrlhikgqpaapdivmtqtplsivtppqpasiscckssqsl vhnnantylswylqkpggspqsllykvsnrfsqvpdrfsgsgsgtdftlikisrveaedvgyycgqg tqypftfsgtkveiktgppsrtvaapsvflfppsdeqlksqstasvvcllnfyreakvqwkvdnalq sgnsqesvteqdsdstyslslstliskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 369</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 40</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgcagctctggcggcaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtctctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacagg gactgggaatggatcggcagcactctacccccggcaactgaaacccaactacgcccagaagtcca ggcagagccaccctgacctggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcgcagacaccgctgtactactgacccggctccactacggcctggattggaactcgc acgtgtgggcaaggcaccaccctgacagtgctagcgcgtcgaccaaggccccctcggtgttc cctctggccccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccccctggctgctctggaagga ctactttcccgagccccctgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacaccttc caagcgtgctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtgcccagcagcag cctggcaccacaagacctacacctgtaactgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggaca agcgggtggaatctaagtacggccccctcctgccccctctgcccagccccgaattctggcggacc ctccgtgtcctgtcccccaagcccagaccacctgatgatcagccggacccccgaagtga cctgcgtggtggtggtggtgtgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattggtacgtggacgct ggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacaggtcaacagcaccctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggtggtgaaacggcaaaagagtacaagtgcaaggtgct caacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaagccaagggccagccccgcg agcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggt gtctgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagccccga gaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcattctctgtactccaagct gaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaactgtttcagctgctcctgtatgcacagggc cctgcacaaccactacaccagaagctcctgtctctgtcctcgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 370</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatccagatgaccagagccccagcagcctgtctgcccagcgtggcgacagagtgaccatc acctgtcagggccagccagaacatctacgtgtggctgaaactggtatcagcagaagccccgcaagg cccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgccagcagattttctggc agcggctccggcaccgactcaccctgacaatcagctcccctgagcccaggacattgccacctta ctactgccagcagggccagacctaccctacaccttggccagggcaccagaagctggaatcaag cgtacgggtggcgtcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcaca gcctctgtcgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaggtgagtggaaggtggac aatgccccgagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactcca cctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 371</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctgggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccccagcggctcacctcaccacagggcctggatgactgggtgccagggccctggaaa gcagctggaatgggtggccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgccga cagcgtgaagggccggttaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgacctgcagat gaacagcctgcccggcagggacaccgcccgtgactactctgcccggcgtgactatgccctgagcc ccttcgattactggggccagggaaacctcgtgaccgtgtctagtagcagagcccacctggtgcagt ctggcaccgcatgaagaaaccagcgcctctgtgcccgggtcctgtcagacaagcggctacac ctaccgcccacatcctgttctgttccggcagggcccctggcagaggactggaatgggtggatg gatcaagcccagatggtgcccgtgaactcggcggaggctcccggatagagtgaccctgacc ccggcgtgaccgcgagatgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgcccgt gtactactgcccagagacagaagctacggcgacagcagctgggctctggatgctggggccag ggacaaccctggtggtgctgcccggaccgcccagcacaagggcccacgtggttccctctggc ccctgacagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgcccgtgaaaggactacttcc cgagcccgtgaccgtgctggaactcggcgtctgacaagcggcgtgcacaccttccagcccgt gctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggg accaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaaccacaaggtggacaagcgggt ggaatctaagtacggcctcccctgcccctctgcccagcccctgaattctggcgggaccctccgtgt tccgttcccccaagcccagacaccctgatgatcagccggacccccgaagtgacctgcgtg gtgggtgatgtgccaggaagatcccagggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaaagtg cacaacgccaagaccaagcccagagaggaaacagttcaacagcacctaccgggtgggtgcccgtg ctgaccgtgctgaccagggactggctgaacggcaagagtagaagtgaaggtgtccaacaag ggctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggcccagcccgcagcctca agtgtgtaccctgcccctagccaggaagagtagaccaagaaccaggtgtcccgtgacctgtgccc gtaaaggcttaccaccagcagattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca actacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctggttccaagctgaccgt ggacaagagcccgtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctcccgtgatgacagggcccctgca caaccctacaccagaagtcccctgctctgctcccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 372</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tacatccactgaccagagcccagcagcctgtccgtgcccagcagagtgaccatcaa ctgccagacctctcagggcgtgggacagcactgactggatcagcacaagcctggcagagcc cccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgccagcagatttccggca gcggcttccacaccagctcaacctgaccatcagcagatctgaggccgacgacattgccactact attgtcaggtgctgcagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaaggcccagcccaggcc gccccgacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgcca gcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggt atctgcagaagcccggccaagagccccagctccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcgg cgtgcccagcagattcggcagcggctctggcaccgactcaccctgaagatcagccgggtgg aagccgaggacgtggcgtgtactattgtggccagggcaccagctaccctcacccttggcagcg gcaccaaggtggaatcaagaccaagggcccagccgtacgggtggcctcccagcgtgtcat ctcccacctagcagcagcagctgaagtcggcagcagcctctgctgctgctgtaacaactt tacccccgcgaggccaaggtgagtggaaggtggacaacgcccctgcagagcggcaacagcca ggaagcgtgaccgagcagcagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacac tgagcaagggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcccgtgcaagtgaccaccagggcctgt ctagcccctgaccaagcctcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 373</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 41</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvkvsckasgyftfsyihwvrqapggglewigsyppgnvntnyaqkf qgratltvdsistaymelsrlrsddtavyyctrshyglndwnfdvvgkgtvtvssastkgpsvfplapc srstsestaalgclvdyfpepvtvswngaltsghvhtfpavlqssglyslssvvtppssllgktytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdlimisrtpcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqpreppvytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpenyktppvldsd gsflyskltvdksrwqegvnfscsvmhcalhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 374</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgrvtitcagqsnqiyvwlwyyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsrgsgs gtdftltisslqpediatyycqqgqtypyfgqgkcleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnfy preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekhkyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 375</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qvqlvesgggvvqprslrlscaasgfttkawmhvwrqapgkqlewvaqikdksnsyatyyads vkgrftisrddskntlylqmnsraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvvssdkthtrahlvqsgt amkkpgasvrvscqtsgytftahilwfrqapgrglewvkwipqygavnfgggfrdvtlrdvyrei aymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgqgtvvsadkthtastkgspsvflapcsrs tsestaalgclvkdypvptvswnsalgtsgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtkytcnvd hkpsntkvdrkeskygppcpcpapeflggsvfifppkpkdltlmsirtpvctvvdvsqedpe vqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiectiska kgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpennyktppvldsdgs fflvskltvdksrwqegnfvscsvmhlealnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 376</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgpgrapklhihtssvedgvpsrfsqsfh tsfnltisdlqaddiatyycqlvffgrsrlhikdkthtdivmtqtplslsvtppgpasisckssqslvhn nantylswylkqpgqspqsllykvsnrfsqvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyyccggtqyp fffgsgtkveikdkthtrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfyreakvqwkvdnalqsgns qesvteqdskdstyslssltliskadyekkhvyaevthqglsspvtksnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 377</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 41</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgcagctctggcggcaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtctctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacag gactggaatggatcggcagcactctacccccggcaactgaaacccaactacgccagaagttcca ggcagagccacctgacctggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcgcagacaccgctgtactactgcacccggtcccactacggcctggattggaactcg acgtgtgggcaaggcaccacctgacagtgctagcgcgtcgaccaaggccccctcggtgttc cctctggccccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccccctggctgctctggaagga ctactttcccgagcccgtgacctgtctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacaccttc cagccgtgctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtgcccagcagcag cctggcaccacaagacctacacctgtaactgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggaca agcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctctgcccagcccctgaattctggcggacc ctccgtgtctgtcccccaagcccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtgga cctgcgtggtggtggtggtgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattggtacgtggacggct ggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcactaccgggtg gtgtccgtgctgacctgctgaccagactggctgaacggcaaaagagtacaagtgcaaggtgtc caacaaggcctgcccagctccatcgaaaaaccatcagcaagccaagggccagccccgg agcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggt gtctgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggccagcccga gaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctcattctctgtactccaagct gacctggacaagagccggtggcaggaaggcaactgtttcagctgctcctgtatgcacagggc cctgcacaaccactacaccagaagctcctgtctgtcctctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 378</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatccagatgaccagagccccagcagcctgtctgcccagcgtggcgacagagtgaccatc acctgtcagggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagccccggaagg cccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgccagcagattttctggc agcggctccggcaccgactcaccctgacaatcagctccctgcagcccaggacattgccacctta ctactgccagcagggccagacctaccctacacctttggccagggcaccagaagctggaatcaag cgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcaca gcctctgtctgtgctgtaacaacttctacccccgagggccaaggtgagtggaaggtggac aatgccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggtcca cctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcgagtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 379</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagct gtgccgccagcggctcacctcaccaaggcctggatgactgggtgcccaggccctggaaa gcagctggaatgggtggccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgcga cagcgtgaagggccggttaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagat gaacagcctgcccgggagaccgcccgtgtactactgtcggggcgtgtactatccctgagcc ccttcgattactggggccagggaaacctcgtgaccgtgtctagtacaaaaccataaccagacc cacctggtgcagctggcaccgccatgaagaaccaggcgcctctgtgcccgggtgtcctgtcagac aagcggctacacctcaccccccacatcctgttctgttccggcaggcccctggcagaggactgga atgggtgggatggatcaagcccagatggcgcggtgaactcggcggaggcttccgggatagag tgaccctgaccgggacgtgtaccgcgagatgcctacatggacatccggggcctgaagcccga tgacaccgcccgtgtactactgtcgcagagacagaagctacggcgacagcagctgggtctggat gcttggggccagggcacaaccgtggtggtgtctgccgataagaccacaccgcccagcacaag ggccatcgggtgtcccttggcccctgacgacagaagcaccagcgaatctacagccgcccctggg ctgcccgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcctctgacaagc ggctgcacaccttccagcctgtccagagcagcggcctgtactctgtgacagcgtctgaca gtgccagcagcagcctggcaccacagctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaac accaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctctgcccagcccctga atttctgggggaccctcctgttctgttcccccaagcccaggacaccctgatgatcagccgg acccccgaagtacgtcgtggtggatgtgtcccaggaagatcccaggtgacgttcaattgg tacgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccagcccagagaggaacagttcaacag cacctaccgggtggtgtccgtgtcgtgaccgtgtgcaccaggactggctgaacggcacaagagta agtgcaaggtgtccaacaagggcctgccagctccatcgagaaaaccatcagcaagggccaag gccagcccgcgagcctcaagtgtgtaccctgcccctgcccaggaagagatgaccaagaacc aggtgtccctgagctgtccgtgaaaggcttaccaccagcagcattgcccgtggaatgggagagc aacggccagcccagacaactacaagaccacccccctgtgtggacagcagcggctcattct tccgtgttccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctcc gtgatgcacgaggccctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 380</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tacatccagtgaccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaa ctgccagacctctcagggcgtgggacgacacctgactggatcagcacaagcctggcagagcc ccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagtggcgtgccagcagatitccggca gcggcttccacaccagctcaacctgaccatcagcgtatctgaggccgacgacattgccactact attgtcaggtgctgcagttctcggcagaggcagcagactgcacatcaaggacaaaaccatacc gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcaacaacgccaacacactactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagctccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcc gacagatttccggcagcggcctcggcaccgactcacctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtggcggtgactattgtggccagggcaccagtagcccttacccttggcagcggcacca aggtggaatcaaggataagaccatacccgtacggtggcggctcccagcgtttcatctcccac cttagcagcagcagctgaagtccggcagcctctgtcgtgtgctgtgaacaacttaccccc gcgaggccaaagtgcagtggaaggtggacaacgcctgcagagcggcaacagccaggaag cgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagca aggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagcc ccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 381</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 42</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlstctvsgflsldygvhvrpppgkglewlgviwaggtynpnlksrk tiskdtsknqvsllkssvtaadtavyycardkgyssyysmdywggtvtvssastkgpsvflapc srstsestaalgclvdyfpepvtvswngalstgvhtfpavlqssglyslssvvtppsslgtkytcn vdhkpsntkvdrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdlimisrtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvlthqdwlingkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvylppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpenyktppvldsd gsflyskltvdksrwqegvnfscsvmhcalhnhytqkslslglk</p>	<p>SEQ ID NO: 382</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratitcrasesveyvvtlsmqwyqqkpgqppkllifaasnvesgvparfs gsgsgtdfltinpeandvanycqsrkvpvtyfgqgkkleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnfybreakvqkwkdnlqsgnsqesvteqdsdstylsstllskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 383</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasvrscqtsgyttahilfwrqapgrglewvvgwikpqygavnfgggfrd rvltlrdvyreiaymdirglkpdtdtavycardrsygdsswaldawgqgttvvvsasqvqlvesggg vvqpgsrIrlscaasgfftkawmhwrqapgkqlewwaqikdksnsyatyyadvskgrftisrdd skntlylqmnslraedtavycrgvyvialspfdywgqgtlvvssrastkqpsvfplapcsrstses aalgcldkdyfpepvtvswngalstgvtfpavlgssgylsllsvvtpssslgtkytncvndhkps ntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpkdIlmisrtpvctvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgq prepvcflppsqeemtknqvslscavkgyfypsdiavewesngqpenyktppvldsdgsvflv skltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 384</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplslsvtppqpasiscskssqslvhnantylswylkpgqspqslykvsnrfsvpgdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycqggtqypffgsgtkveikgqpkapyihvtqspsslsvsigd rvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgprapklIihhtssvedgvpsrfsqsgfhtsnfntisdldqaddiaty cqvlqffrgsrIhiktgprsrvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyypreakvqwkvdnalq sgnsqesvteqskdstylsllskadyekhkyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 385</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 42</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgccgcttcagcctgagcgactacggcgtgactgggtgcgccagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgactctgggctggcggaggcaccactacaacccagcctgaagtc cagaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccagggtgctcctgaagctgagcagcgtga cagcccgataccgctgactactcgcagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccaggccaccaccgtgaccgtgcatccgctgcaccaagggccctcgggtg ttcctctggcccttgagcagaagcaccagcgaatctacagccgcctgggctgctcgtgaa ggactacttcccagcccgtgaccgtgctcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacac ctttccagccgtgctccagagcagcggcctgactctcgtgagcagcgtcgtgacagtgcccagcag cagcctgggcaaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtgg acaagcgggtggaatctaagtacggccctcctgcccctcctgcccagcccctgaatttctgggcg gacctcctgttctgttcccccaaaagccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgctgtgtgtgatgttccaggaagatcccaggtgacgttcaattggtacgtggac ggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctacc gggtggtgctcgtgaccgtgctgaccaggactggctgaacggcaagagatacagtgcaa gggttccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagc cccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccagggtgc cctgtggtgctcgtgaaaggcttctaccccagcgacattgcccgtggaatgggagagcaacggcc agcccgagacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtac tccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtccctgtctgtcctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 386</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatcgtgctgacacagagccctgtagcctggcgtgctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtatcagcagaag cccggccagcccccaagctgctgatttccgcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagcca gatttccggcagcggctctggcaccgactcacccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgac gtggccaactactactgcccagagcgggaaggtgccctacaccttggccagggcaccaaagc tgaaatcaagcgtacggtgccgctcccagcgtgttcatttcccactagcagcagcagctga agtccggcacagcctctgctgctgctgaacaacttctacccccggagggccaaggtgcagt ggaagggtgacaatgccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggaca gcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaag cacaagggtacgcctgcgaagtgaccaccaggccctgtctagccccgtgaccaagagcttca accggggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 387</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>agagcccacctggtgcagctggcaccgccaatgaagaaccaggcgcctctgtcgggtgctctg tcagacaagcggtcaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccccctggcagag gactggaatgggtgggatggatcaagccccagatggcgccggaacttcggcggaggctccg ggatagagtaccctgaccgggacgtgtaccgagatcgccctacatggacatccggggcctg aagcccgatgacaccgctgtactactgcgagagacagaagctacggcgacagcagctg ggctctggatgcttggggccaggggacaaccgtggtggtgctctcaggtgcagctggtgga atctggggcgagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccccagcggcttc acctcaccaagcctggatgactgggtgcgagccctggaaagcagctggaatgggtgg ccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgccgacagcgtgaaggccggg ttaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagatgaacagcctgcggggc gaggacaccgctgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccccctgattactggggc agggaaacctctgtaccgtgtactgtcggacccttcgaccaaggcccatcgggttccctctgg cccttgacgagaagcaccagcgaatctacagcccccctgggctgcctcgtgaaggactctt cccgagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcctctgacaagggcggtgcacaccttccagcc gtgtccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctggg caccagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcggg tggaaatcaagtacggccctccctgccctctgccagcccctgaatttctggggcggaccctcgtg ttcctgtcccccaaaagccaagacacctgatgatcagccggacccccgaagtgcctgctg gggtggatgtgtccaggaagatcccaggtgcagttcaattgtacgtggcggcgtggaagt gcacaacgccaagaccaagcccagagaggaaacagttcaacagcacctaccgggtggtgctccg tgtgacctgtctgaccagactggctgaacggcaaaagagtacaagtgaaggtgtccaaca ggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcccgcgagcctc aagtgtaccctgcccctgaccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgc cgtgaaaggcttaccaccagcgacattgcctggaatgggagagcaacggccagcccagaaa caactacaagaccacccccctgtgctggacagcgacggctattctctggtgtccaagtgc cgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtgttcagctgtccctgatgcacgaggccctg cacaaccactacaccagaagtccctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 388</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagatca gctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagctcctgatctacaagggttccaacagattcagcggcgtgccc gacagattctccggcagcggctctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtgcccaggccaccagctacccttacccttggcagcggcacca agggtggaatcaagggccagcccaagggcccccctacatccagctgaccagagccccagc agcctgtccgtgtccatcggcagcagagtgaccatcaactgccagacctcagggcgtgggacg cgacctgactggtatcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaag cagcgtggaagatggcgtgccagcagatttccggcagcggcttccaccagcttaacctga ccatcagcagctgacagccgacgacattgccacctactattgtcaggtgctgcagttctcggcag aggcagcagactgcacatcaagaccaggcccagccgtacgggtggcgcctcccagcgtgt catctccaccctagcagcagcagctgaagtcggccacagcctctgctgctgctgctgaaaca cttctacccccgagggcaaaagtcagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaaca gccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctg acactgagcaagggcactacgagaagcacaagggtgacgctgcaagtgaccaccaggg cctgtctagcccgtgaccaagagcttaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 389</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 43</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqespgplvkpsqtlstctvsgfslsdygvhwvrpppgkglewlgviwagggtnynpslksr ktiskdtsknqvsllkssvtaadvyyvcardkgysyyysmdywgqgtvtvssastkgpsvflpap csrstsestaalgclvkdyppepvtvswngalstgvhtfpavlgssglyslssvvtvpssslgktyc nvdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpvctcvvdvsqe dpevqfnwyvdgvvehnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiekt iskakgqprepqvylppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvid sdgfsflyskltvdksrwqegnfvfscsvmhealhhnytqklsllslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 390</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratitcrasesveyvvtlsmqwyqqkpgqppklifaasnvesgvparfs gsgsgtdflltinpveandvanycqsrkvpytfgqgkkleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnnfypreakvqkwkdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltliskadyekhkvvacevth qglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO:391</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Rahlvqsgtamkkpgasrvscqtsgytftahilfwrqapgrglewvqwikpqygavnfggfrd rvltlrdrvreiyamdirglkpdtdavyyccardrsygdsswaldawgqgttvvsadkthtqvqlve sgggvvpqgrslrlscaasgfttkawmhwwrqapgkqlewwaqikdksnsyatyyadsvkgrfti srddskntlylqmnsiraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvvtssdkthtastkgspsvflapc srstsestaalgclvkdyfpepvtvswnsгалtsgvhtfpavlsqsglyslssvvtvpssslgktyctn vdhkpstkvdkrveskygppppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmsrtpetvvcvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlingkeykckvsnkglpssiecti skakgpprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgyfypsdiavewesngqpennykttppvlds dgsfflvskltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 392</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplslsvtppqpasiscsksqslvhnntylswylqkpgqspqslykvsnrfsqvpdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycgqgtqyptfsgtkeikdkthtyihvtqspsslsvsigdrvti ncqtsqgvgsdlhwyqhkgpgrapkllihhtssvedgvpsrfsqsgfhtsnltisdlqaddiatyycc vlqffgrgsrlhikdkthtrvaapsvfiifppsdeqlksgtasvcllnnfyreakvqkwkvdnalqsgn sqesvteqdsdstylsllstliskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 393</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 43</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccgcttcagcctgagcgactacggcgtgactgggtgcgccagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgactctgggctggcggaggcaccactacaacccagcctgaagtc cagaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccagggtgacctgaagctgagcagcgtga cagccgcataccgctgactactcgcagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactgggccaaggcaccaccctgaccgtgcatccgctgcaccaagggccctcgggtg ttccctctggcccttgagcagaagcaccagcgaatctacagccgcctgggctgcctcgtgaa ggactacttcccagcccgtgaccgtgctcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacac ctttccagccgtgctccagagcagcggcctgactctcgtgagcagcgtcgtgacagctcccagcag cagcctgggccaagacctacacctgtaactgtagcacaagcccagcaacaccaaggtgg acaagcgggtggaatctaagtagcggccctcctgcccctcctgcccagcccctgaattctgggcg gacctcctgttctgttcccccaaaagccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgctgtgtgtgatgtgtccaggaagatcccaggtgacgttaattggtacgtggac ggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctacc gggtggtgtccgtgctgaccgtgctgaccaggactggctgaacggcaagagatacagtgcaa gggttccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagc cccgcgagcctcaagtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccagggtgc cctgtggtgtcctgtaaaaggcttctaccccagcgacattgcccgtggaatgggagagcaacggcc agcccagagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtac tccaagctgaccgtgacaagagccggtggcaggaaggcaacgtttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtcctgtctgtcctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 394</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggcctgtctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtatcagcagaag cccggccagcccccaagctgctgatttccgcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagcca gatttccgagcggctctggcaccgactcacccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgac gtggccaactactactgcccagagcgggaaggtgccctacaccttggccagggccaacagc tgaaatcaagcgtacggtgccgctcccagcgtgttcattctcccactagcagcagcagctga agtcggcacagcctctgtgctgctgctgaacaacttctaccccggcagggccaaggtgcagt ggaaaggtggacaatgcccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggaca gcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaag cacaaggtgtacgctgcgaagtgaccaccaggccctgtctagcccctgaccaagagctca accggggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 395</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>agagcccacctggctcagctcggcaccgccaatgaagaaccaggcgccctctgtcgggtgctctg tcagacaagcggtcaccttcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggccccctggcagag gactggaatgggtgggatggatcaagccccagatggcgccggaactcggcggaggctccg ggatagagtgacctgaccgggacgtgtaccgagatcgccctacatggacatccggggcctg aagccccgatgaccgcccgtgtactactgcccagagacagaagctacggcgacagcagctg ggctctggatgcttggggccaggggacaaccgtgggtgctgtccgacaaaaccataccag gtgcagctggtggaatctggcggcgagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtg ccgccagcgctcaccctcaccaggcctggatgcactgggtgcgccaggccccctggaaagca gtggaatgggtggccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgcccgaca gctggaagggccggttcaccatcagccgggacgacagcaagaacacctgtacctgcagatga acagcctgcccggcagggacaccgcccgtgtactactgtcggggcgtgtactatgccctgagccc ttcattactggggccaggaaccctcgtgaccgtgtctagtataagaccacaccgcttcgacc aagggccccatcgggttccctctggccccttcagcagaagcaccagcgaatctacagcccct ggctgcccctgtaaggactcttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgaca agcggcgtgcacaccttccagcctgctccagagcagcggcctgtactctgacagcagctcgtg acagtgtcccagcagcagcctgggcaaccaagacctacacctgtaactgtgaccacaagcccag caacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgccctctgcccagcc cctgaattctggcggaccctcctgttctgttcccccaagcccaaggacacctgatgatca gccggacccccgaagtacctgctgtggtggatgtgtcccaggaagatcccagggtgacgttc aattggtagctggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagtt caacagcacctaccgggtgctcctgtcagcctgtgcaccaggactgctgaacggcaaa gagtacaagtcaagggtccaacaaggcctgcccagctccatcgaaaaaccatcagcaag gccaagggccagccccgagcctcaagtgtaccctgccccctagccaggaagagatgacc aagaaccaggtgtccctgagctgtccgtgaaaggcttctaccccagcagcattgccgtggaatg ggagagcaacggccagcccagagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcgac ggctcattctcctgtgtccaagctgaccgtggacaagaccggtggcaggaaggcaacgtgttc agctgtccgtgatgacagggccctgcaaacactacaccagaagtccctgtctgtccctg ggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 396</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctgggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagccccggccagagccccagctccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcc gacagattctccggcagcggctctggcaccgactcaccctgaagatcagcccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtggccagggcaccagtagcccttcaccttggcagcggcacca aggtggaatcaaggacaaaaccatacctacatccagctgaccagagccccagcagcctgt ccgtgtccatcggcgacagagtgaccatcaactgccagacctcaggcgtggggcagcagcct gcactggtatcagcacaagcctggcagagcccccaagctgctgatccaccacacaagcagcgt ggaagatggcgtgccagcagatttccggcagcggctccacaccagcttcaacctgacctca gcatctgacggccgacgacattgccacctactattgtaggtgctgagttcttcggcagaggca gcagactgcacatcaaggataagaccataaccgtacgggtggccgctcccagcgtgtcatctcc cacctagcagcagcagctgaagtcggcacagcctctgtcgtgtgctgtgaaacattctacc cccggaggccaaagtgcagtggaaggtgacaacgcctgcagagcggaacagccagga aagcgtgaccgagcagcagcaaggactccactacagcctgagcagcaccctgacactga gcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcctgcgaagtgaccaccaggcctgtcta gccccgtgaccaagagctcaaccggggcgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 397</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 44</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlsitctvsgfslsdygvhwvrppgkglewlgviwagggtynpnlksrk tiskdtsknqvslkssvtaadvyyccardkgyssyyysmdywggtvtvssastkgpsvfplapc srstsestaalgclvkdyppevtvswngaltsghvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmsrtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvytlppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktpvldsd gsfflyskltvdksrwqegnfvfscsvmhcalhnhytqkslslslglk</p>	<p>SEQ ID NO: 398</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratticrasesveyvvtlmlqwyqqkpgqppkllifaasnvesgvparfs gsgsgtdfltinpveandvanyccqsrkvpytfgqgikleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnfyreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstltskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 399</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvesggvvpqgrslrlscaasgfttkawmhvwrqapgkqlewaqikdksnsyatyyad svkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcgvvyalspfdywgqgtlvvsssrhvlvqsgta mkkpgasvrvscqtsgyftfahilwfrqapgrglewvvgwikpqygavnfgggfrdrvltlrdvyreia ymdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgqgtvvvsartastkgpsvflapcsrstset aalglvldyfpvptvswngalstgvtfavlqssgylsllsvvtpssslgtkytncvndhkps ntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpkdltlmsrtpevtcvvvdvsqedpevqfn wyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektiskakgq prepvcflppsqeemtknqvslscavkgyfypsdiavewesngqpennyktpvldsdgsfflv skltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 400</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgpgrapklhihtssvedgvpsrfgsgfh tsfnlitsldlqaddiatyycqlvffgrgrslrhikgqpaapdivmtqtplslsvtppgpasisckssqsl vhnnantylswylqkpgqspqsliykvsnrfsqvpdrfsgsgsgtdftlkisrveaedvgyycgggt qypffgsgtkveiktkgprsvaapsvffppsdeqlksgtasvcllnfyypreakvqkwkdnalqs gnsqesvteqdskdstyslslstliskadyekhkvyacevthqglsspvtkfmrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 401</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 44</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtcagctgcaggaatctggccctgctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgccgcttcagcctgagcgactacggcgtgactgggtgcgccagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgactctgggctggcggaggcaccactacaaccccagcctgaagtc cagaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccagggtgctcctgaagctgagcagcgtga cagcccgataccgctgactactcgcagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccaggccaccaccgtgaccgtgcatccgctgcaccaagggcccctcgggtg ttccctctggcccctgagcagaagcaccagcgaatctacagccgcctgggctgctcgtgaa ggactacttcccagcccgtgaccgtgctcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacac ctttccagccgtgctccagagcagcggcctgactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcag cagcctgggcaaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtgg acaagcgggtggaatctaagtacggccctcctgcccctcctgcccagcccctgaattctgggcg gacctcctgttctgttcccccaaaagccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgctgtgtgtgatgttccaggaagatcccaggtgacgttcaattggtacgtggac ggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctacc gggtggtgctcgtgaccgtgctgaccagactggctgaacggcaagagatacaagtcaaa gggtccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagc cccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccagggtgc cctgtggtgctcgtgaaaggcttctaccccagcgacattgcccgtggaatgggagagcaacggcc agcccgagacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtac tccaagctgacctggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtcctgtctgtcctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 402</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatcgtgctgacacagagccctgtagcctggcctgtctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtatcagcagaag cccggccagcccccaagctgctgatttccgcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagcca gatttccgagcggctctggcaccgactcacccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgac gtggccaactactactgcccagagccggaaggtgccctacaccttggccagggcaccaaagc tgaaatcaagcgtacggtgccgctcccagcgtgttcattctcccactagcagcagcagctga agtcggcacagcctctgctgctgctgaacaacttctacccccggagggccaaggtgcagt ggaagggtggaatgcccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggaca gcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaag cacaaggtgtaccctgcaagtgaccaccaggccctgtctagccccgtgaccaagagctca accggggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 403</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggTgcagctggTgaatctggcggcggagTgtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgcccagcggctcaccitcaccagcctggatgactgggtgcccaggcccctggaaa gcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgccg acagcgtgaaggccgggtcaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgacctgcag atgaacagcctgcccggcaggacaccgctgtactactgtcggggcgtgtactatgcccgtgag cccttcgattactggggccagggaaccctcgtgaccgtgtctagtagcagagcccactggtgca gtctggcaccgcatgaagaaccaggcgcctctgtgcgggtgtcctgtcagacaagcggctac accttcaccgcccacatcctgttctgttccggcaggcccctggcagaggactggaatgggtggga tggatcaagccccagatggcggcgtgaactcggcggaggctccgggatagagtgaccctgac ccgggacgtgtaccgagatgcctacatggacatccggggcctgaagcccgatgacaccgc cgtgtactactgcccagagacagaagctacggcgcacagcagctgggctctggatgcttggggc cagggcacaaccgtgtgtgtctgtcccggaccgcccagcacaagggcccactggtgtccctct ggcccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagcccccctgggctgcctcgtgaaggactac ttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggctgcacaccttccag ccgtgtccagagcagcggcctgtactctgtgacagcgtctgacagtgcccagcagcagcctg ggcaccaagacctacacctgtaactgtggaccacaagcccagcaacccaagggtggacaagcg ggtggaatctaagtacggccctcctgcccctcctgcccagcccctgaattctgggggaccctcc gtgtcctgttcccccaagcccaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtacctg cgtggtgggtgatgtgtccaggaaagatcccagggtgcagttcaattgtacgtggacggcgtgga agtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaaacagttcaacagcacctaccgggtgggt cagctgtgaccgtgtgaccaggactggctgaacggcaagagtagcaagtgcaaggtgtccaa caagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggcccagcccgcgag cctcaagtgtgacctgtccccctagccaggaaagagatgaccaagaaccagggtgcccctgagctg tggcgtgaaaggcttacccccagcgacattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccga gaacaactacaagaccacccccctgtgtgacagcgacggctcattctcctggtgtccaagct gaccgtggacaagagccggtgagcgaaggcaacgtgtcagctgctccgtgatgcagaggc cctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctgtcccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 404</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tacatccactgaccagagcccagcagcctgtccgtgtccatcgccgacagagtgaccatca actgccagacctctcaggcgtggggcagcagcctgactggtatcagcacaagcctggcagagc ccccaagctgtgatccaccacacaagcagcgtggaagatggcgtgcccagcagatttccggc agcggcttccacaccagctcaacctgaccatcagcagctgtcaggccgacgacattgccaccta ctattgtcagggtgtgacttctcggcagaggcagcagactgcacatcaagggccagcccagg ccgccccgacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgc cagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcacaacaacgccaacacctacctgagctg gtatctgcagaagcccggccagagccccagctccctgacttacaagggtgtccaacagattcagc ggcgtgcccagacagattctccggcagcggctctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtg gaagccgaggacgtggcgtgtactattgtggccagggcaccagctaccctcaccttggcag cggcaccaaggtggaatcaagaccaagggcccagcgtacggtggcggctcccagcgtgtt catcttccacctagcagcagcagctgaagtcggcagcagcctctgtcgtgtgctgctgaaaca ctttacccccgcagggccaaagtgagtggaaggtggacaacgccctgcagagcggcaaca gccaggaagcgtgaccgagcagcagcagcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctg acactgagcaagggcactcagagaagcacaagggtgacgctgcaagtgaccaccaggg cctgtctagcccgtgaccaagagctcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 405</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 45</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlstctvsgfslsdygvhvwvrpppgkglewlgviwagggnynpslksr ktiskdtsknqvslkssvtaadvyyvcardkgyssyyssmdywgqgtvtvssastkgpsvfplap csrstsestaalgclvkdyppepvtvswnsгалtsgvhtfpavlgssglyslssvvtvpssslgtkytc nvdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpcvvdvsqe dpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiekt iskakgqprepqvylppcqeemtknqvlwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvld sdgssfilyskltvdksrwqegnfvfscsvmhealhhnytqklsllslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 406</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratitcrasesveyvvtlsmqwyqqkpgqppklifaasnvesgvparfs gsgsgtdftltnpveandvanycqsrkvpytfgqgkcleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnnfypreakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsllstltskadyekhkvvacevth qglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 407</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>qvqlvesgggvvqpgsrIrlscaasgfttkawmhwrqapgkqlewaqikdksnsyatyad svkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcrvyalspfdywgqgtlvtsddkthtrahlvqs gtamkkpgasvrvcqstgyftahilfwrqapgrglewvkwipqygavnfgggfrdrvlttrdv reiyamdirglkpdtdavyycardrsygdsswaldawgggtvvsadkthtastkgpsvflapc srtsestaalgclvkdyfpepvtvswngaltsgvhtfpavIQSSgylsSsvvtvpssslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmsrtpetvvcvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwingkeykckvsnkglpssiikti skakgqprepqvctlppsqeemtknqvslscavkgyfypsdiavewesngqpennykttppvlds dgsfflvskltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 408</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Yihvtqspsslsvsigdrvtincqtsqgvgsdlhwyqhkgpgrakllihhtssvedgvpsrfsgsfh tsfnltisdqaddiatyycvqlfgrsrlhikdkthtdivmtqtpslsvtppgpasisckssqslvhn nantylswylqkpgqspqsllykvsnrfsygvprdfsgsgsgtdftlkisrveaedvgvyycgqgtqy pftfgsgtkveikdkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfyreakvqkwkdnalqsgn sqesvteqdskdstyslsslstliskadyekhkyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 409</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 45</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggTgcagTgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccggcttcagcctgagcgaactacggcgtgactgggtgcgccagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgactctgggctggcggaggcaccactacaaccccagcctgaagtc cagaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccagggtgctcctgaagctgagcagcgtga cagccgcataccgctgactactcgcgagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccaggccaccaccgtgaccgtgcatccgctgcaccaagggccctcgggtg ttcctctggcccttgagcagaagcaccagcgaatctacagccgcctgggctgctcgtgaa ggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacac ctttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcag cagcctgggcaaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtgg acaagcgggtggaatctaagtacggccctcctgcccctcctgcccagcccctgaattctgggcg gacctcctgttctgttcccccaaaagccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaa gtgacctgctgtgtgtggtgtgtccaggaagatcccaggtgacgttcaattggtacgtggac ggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctacc gggtggtgtccgtgctgaccgtgctgaccagactggctgaacggcaagagatacagtgcaa gggttccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagc cccgcgagcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccagggtgc cctgtggtgtcgtgaaaggcttctaccccagcgacattgccgtggaatgggagagcaacggcc agcccagagacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtac tccaagctgaccgtgacaagagccggtggcaggaaggcaacgtttcagctgctccgtgatgc acgaggccctgcacaaccactacacccagaagtcctgtctgtcctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 410</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatcgtgctgacacagagccctgtagcctggcctgtctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtatcagcagaag cccggccagcccccaagctgctgatttccgcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagcca gatttccggcagcggctctggcaccgactcacccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgac gtggccaactactactgcccagagcgggaaggtgccctacaccttggccagggcaccgaagc tgaaatcaagcgtacgggtggcgcctcccagcgtgttcattctcccactagcagcagcagctga agtccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttctaccccggcagggccaaggtgcagt ggaaggtggacaatgcccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggaca gcaaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaag cacaaggtgtacgcctgcgaagtgaccaccaggccctgtctagcccctgaccaagagctca accggggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 411</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgagcctggcagaagcctgagactgagct gtgccgccagcggttcacctcaccagggcctggatgactgggtgcccagggccctggaaa gcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacgcc acagcgtgaaggccgggttaccatcagccgggagcagcaagaacaccctgtactgag atgaacagcctgcccggcaggaccggcctgtactactgtcggggcgtgactatgcccag cccttcgattactggggccagggaacacctgtgaccgtgtactgtgacaaaaccataaccagag ccacctgggtgagctggcaccgcatgaagaaaccaggcgcctctgtgcccgttctgtcag acaagcggctacacctcaccgcccacatcctgttctggttccggcaggcccctggcagaggact ggaatgggtgggatggatcaagcccagatggtgcggcgtgaaactcggcggaggctccgggat agagtaccctgaccgggagctgtaccgagatgcctacatggacatccggggcctgaag cccgatgacaccgctgtactactgctccagagacagaagctacggcgacagcagctgggct ctggatgctggggccagggcacaaccgtgtggtgtctgcccataagaccacaccgccaagca caaaggcccatcgggttcccttgcccccttgacagcagaagcaccagcgaatctacagccgc cctgggctgctcgtgaaggactcttcccagcccgtgaccgtgtctggaactctggcgtcgtg acaagcggcgtgacaccttccagcgtgctccagagcagcggcctgtactctgtgacacaagct cgtgacagtgcccagcagcagcctgggcaccaagacctacacctgtaactgtggaccacaagcc cagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatctaagtacggccctcccctcctgcccc gccctgaattctgggggaccctccgttctcctgttcccccaagccaaggacaccctgatga tcagccggacccccgaagtacctgctggtggatggtgtcccaggaagatcccagggtgca gttcaatgtgtagctggagcggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaac agttcaacagcacctaccgggtggtgctcgtgtgaccgtgctgaccaggactggctgaacggc aaagagtacaagtgcaaggtgtcaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagc aaggccaaggccagccccgagcctcaagtgtagcctgccccctagccaggaagagatg accaagaaccagggtgctcctgagctgtcggtaaggcttaccaccagcagattgcccgtgga atgggagagcaacggccagcccagagacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcg acggctcattctctggttccaagctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaacgtg ttcagctgctccgtgatgcacgaggccctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctgtccc tgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 412</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>tacatccacgtgaccagagcccagcagcctgtcctgtccatcggcgacagagtgaccatca actgccagacctcagggcgtgggagcagcactgactggtatcagcacaagcctggcagagc cccaagctgctgatccaccacacaagcagcgtggaagtggcgtgccagcagatitccggc agcggcttcacaccagctcaacctgaccatcagcagatctgagggcagcagattgccacct ctattgtcaggtgtcagttcttcggcagagggcagcagactgacatcaaggacaaaaaccata ccgacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctggcagcat cagctgcaagagcagccagagcctgtgacacaacaagccaacacctacctgagctggtatctg cagaagccccggccagagccccagtcctgatctacaaggtgtccaacagattcagggcgtg ccgacagattctccggcagcggcctggcaccgactcacctgaagatcagccgggtggaagc cgaggactggcgtgtactattgtggccagggcaccagtagccctcaccttggcagcggcac caaggtggaatcaagataagaccataaccgtagcgggcccgtcccagcgtgtcattccc acctagcagcagcagctgaagtccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttacc ccgagggccaagtgagtggaaggtggacaacgcccctgagagcggcaacagcagga agcgtgaccgagcagcagcaagggactccactacagcctgagcagcaccctgacactgag caaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgctgcaagtgaccaccaggccctgctag ccccgtagcaagagctcaaccggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 413</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 46</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvkskasgyftfsyihwvrqapggglewigsyypgnvntnyaqkf qgratlvdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshyglwdfvwdwgkgtvtvssastkgpsvfplap csrstsestaalgclvdyfpepvivswngalstgvhtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtkytc nvdhkpsntkvdkrveskyppppcpapeflggpsvflfppkpdtlmirsrtpevtcvvvdvsqe dpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiekt iskakgqprepqvytlppcqeemtknqvslwclvkgyfypsdiavewesngqpennyktppvld sdgsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhealthhnytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 414</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgdrvtitcasqniyvwnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsqsgs gtdftlisslpediatyycqqgqtypyfqqgtkleikrtvaapsvfifppsdeqlksqtasvcllnnf ypreakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltilskadyekkhkyacevthqglssp vtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 415</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhlqtsgpevrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwrvsvpgglqwmgwishegdkkiverfk akvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavvycaqgskhrlrlyaldddgalnwavdvdylnlefwgg gtavtvsssqvqlvesgggvvqgrslrlscaasgfttkawmhwrqapqkqlewvaqikdksn syatyadsvkgftrfisdskntlylqmnslraedtavyycrgvyyalspfdywgqgtlvtvssrtas tkgpsvflapcsrstsestaalgclvdyfpepvtvswngaltsghvthfavlqssgylsissvvtv pssslgktytcndhkpnsntkvdkrveskygppcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtp vtcvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckv snkglpssiektiskakgqprepqvcllppsqeemtknqvsiscavkgfypsdiavevesngqp ennykttppvldsdsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhhealthnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 416</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplslsvtpgqpasickssqslvhnnantylswylqkpgqspqslykvsnrfsvdpdrfs gsgsgdtfltkisrveaedvgyycgqgtqypftfsgtkveikgqpkapdfvltqspshslsvtpge sasiscksshlihgdrnnylawyvvqkgrspqlliylassrasgvpdrrfsgsgsdktfltkisrvete dvgtyycmqgrespwftgqgtkvdiktgpsrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfpyre akvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstitlksadyekhkyacevthqglsspvtksf nrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 417</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 46</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggcagctctggcgcgaggtcgtgaacctggcgcctctgtgaaggtgtcctgc aaggccagcggctacaccttaccagctactacatccactgggtgcccagggcccctggacagg gactggaatggatcggcagcatctacccccggcaactggaacaccaactacgcccagaagtcca ggcagagccaccctgaccgtggaccagcatcagcaccgctacatggaacttctggcgg gagaagcgcagacaccgctgtactactgcaccggctccactacggcctggattggaactc acgtgtgggcaagggcaccaccgtgacaggtctagcgcctcgaaccaagggcccctcggtgt ccctctggccccttgacagcagaagcaccagcgaatctacagccgctcggctgcctcgtgaag gactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacacc ttccagccgtgtccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagc agcctggcaccagaactacacctgtaactggaccacaagcccagcaacaccaaggtgga caagcgggtggaatctaagtacggcccctcctgcccctcctgcccagcccctgaattctggcgg acctcctggttctgttcccccaagcccaaggacaccctgatgatcagccgagacccccgaag tgacctgcgtgggtggtgatgtgtccaggaagatcccagggtcagttcaattggtacgtggacg gctggaagtgacacaagccaagaccagcccagagaggaacagttcaacagcactaccg gggtggttccgtgctgaccgtgctgaccagactggctgaacggcacaagagtagaagtgcaag gtgtccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagcc ccgagcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccagggtgtcc ctgtggtgtctcgtgaaaggcttaccacagcagacattgctggaatgggagagcaacggcca gcccagagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctctgtactc caagctgaccgtggacaagaccgggtggcaggaaggcaactgttcagctgtcctcgtgatgcac gaggccctgcacaaccactacaccagaagtccctgtctgtctcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 418</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatccagatgaccagagccccagcagcctgtctgcccagcgtgggogacagagtgaccatc acctgcaggccagccagaacatctacgtgtgctgaactggtatcagcagaagcccggcaagg cccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgcccagcagatttctggc agcggctccggcaccgactcaccctgacaatcagctccctgcagcccaggacattgccacct ctactgccagcaggccagacctaccctacaccttggccaggccaccaagctggaatcaag cgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtccggcac agcctctgtcgtgtgctgtaacaactctacccccgagggccaagggtgagtggaaggtgg acaatgcccctgcagagcgggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactc cacctacagcctgagcagaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgta cgctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcga gtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 419</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtaaggtgtcct gcaaggcccctggcaacacctgaaaacctacgacctgactgggtgcgagcgtgccaggac agggactgcagtgatgggtggtgatcagccacgagggcgacaagaagtgatctggaacggt tcaaggccaaagtgacctcgtactggacagaagcaccacacccgctacctgagctgagcg gacctgacctggcgataccgctgtactactgcgccaagggcagcaagcaccggctgagaga ctacgccctgtacgacgatgacggcggcctgaactgggcccgtggatgtggactacctgagaacc tggaaftctggggcagggcacagccgtgaccgtgtcatctctcaggtgcagctggatctgg cgcgagtggtgacgacctggcagaagcctgagactgagctgtgccgacagcgtcaccctc accaaggcctggatgactgggtgcgacggcccctggaagcagctggaatgggtggcccag atcaaggacaagagcaacagctacgccacctactacggcagcgtgaagggcgggtcacc atcagccgggacgacagcaagaacacctgtacctgagatgaacagcctgcccggcagga caccgctgtactactgtcgggctgtactatgccctgagcccctcgtactgagggccagga accctgtgacctgtactgtgaccgcttcgaccaagggcccacgtggttcccttggcccctg cagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgacctgtaaggaacttcccgag ccgtgacctgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgacaccttccagccgtcc agagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctggccacca gacctacacctgtaactgtgaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaaggggtggaat ctaagtacggcccctcctgcccctctgcccagcccctgaattctgggcccacctcctgttctgt tcccccaagcccaggacacctgatgacagccggacccccgaagtgacctgctggtggt ggatgtgtcccaggaagatcccagggtgacgttcaattggtacgtggacggcgtggaagtgcaca acgccaagaccaagcccagagaggaaacagttcaacagcacctaccgggtggttccgtctga ccgtgtcgcaccagagctggctgaacggcacaagagtagaagtgcaaggttccaacaagggcc tggcagctccatcagaaaaccatcagcaaggccaagggcccagccccgcagcctcaaggtg gtacctgtccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtcctgagctgtccgtgaa aggctctaccccagcagactgacctggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaacta caagaccacccccctgtgtgacagcagcgtcattctcctggttccaagctgacctgga caagagccggtggcaggaaggcaactgttcagctgctcctgatgacagggcccctgcaaa ccactacaccagaagtccctgtctgtccttgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 420</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacgcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctgggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccctgacctgactacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcc gacagattcctccggcagcggctctggcaccgactcaccctgaagatcagcccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtggcagggcaaccagtagcccttccacttggcagcggcacca aggtggaatcaagggccagcccaagggcccctcctgctgacccagagccctcaca gcctgagcgtgacacctggcagagcgcgacatcagctgcaagagcagccactcctgatcc acggcgaccggaacaactacctggctggctgacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgct gatctacctggccagcagcagagccagcggcgtcccgatagatttctggcagcggcagcagc aaggactcaccctgaagatcagcccgggtgaaaccgaggcgtggcaccctactactgtatgc agggcagagagagcccctggaccttggccagggcaccaggtggacatcaagcaagggc cccagccgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtcc ggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttacccccggaggcacaagtgagctggaa pvtggacaaccccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagagacagcaa ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagggcactacgagaagcaca aggtgtacgctcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccg ggcgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 421</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 47</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvksckasgyftfsyihwvrqapqgglewigsyppgnvntnyaqkf qgratltdtsistaymelsrlrsddtavyyctrshyglwnfdvvgkgtvtvssastkgpsvfplpc srstsestaalgclvkdyppepvtvswngalstgvtfpavlqssgylssovvtvpssslgktyctn vdhkpsntkvdkrveskyppcpcpapeflgppsflfpkpkdltlmsirtpvctvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiectis kakgqprepqvylppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvltdsd gsfflyskltdksrwqegnfvscsvmhealnhhtyqkslsislglk</p>	<p>SEQ ID NO: 422</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgrvritcqsqnivyvlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsrgsgs gtdftllisslqpediatyycqqgqtpyftgqgkcleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfy preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltslkadyekhkyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 423</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhltqsgpevrkpgtvskvscapgnltktydlhwrvsvpgglqwmgwishegdkkivverfk akvtidwdrstntaylqlsgltsgdtavyycaqgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylnlefwgq gtavtvssdkthtqvqlvesggvqvpgrrlrlscaasgfttkawmhwwrqpapqkqlewwaqikd ksnsyatyyadsvkgrftisrddskntilylqmnslraedtavyyrcrvyvalspfdywgqgtlvtvss dkthtastkqpsvflapcsrstsestaalgclvkdypvptvswngalstgvhtfpavqlqssglys lssvvtvpssslgtkytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcpapeflgppsivflfppkpkdtl misrtpevtcvvdvsqedpevfwnvyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlng keykckvsnkglpssiectiskakgqprepqvctlpqsqeemtknqvslscavkgfypsdiavew esngqpennykttppvldsdsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhealthhnytklslsigk</p>	<p>SEQ ID NO: 424</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsivtpgqpasiscsqsqslvhnantylswylqkpgqspqsllykvsnrfsqvpdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycqggtqypffgsgtkveikdkthtdfvtqspshsvtpgesasi scksshlihgdrnnylawyvkpgrspqliylasrasgvpdrfsgsgsdkdfllkisrvetedvgt yycmqgrespwffgqtkvdikdkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvvcllnnyfpreakvq wkvdnalqsgnsqesvteqskdstylslltiskadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 425</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 47</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgcagctctggcggcaggtcgtgaaacctggcgcctctgtgaaggtctctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacagg gactggaatggatcggcagcactctacccccggcaactgaaacccaactacgcccagaagtcca ggcagagccaccctgaccgtggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcgcagacaccgctgtactactgacccggctccactacgacctggaactggaactcgc acgtgtgggcaaggcaccaccctgacagtgctagcgcgtcgaccaaggccccctcggtgttc cctctggccccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccccctggctgctctggaagga ctactttccgagccccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacaccttc caagcggctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtgcccagcagcag cctggcaccagaagcctacacctgtaactgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggaca agcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctctgcccagccccgaattctggcggacc ctccgtgtcctgtcccccaagcccagaccctgatgatcagccggacccccgaagtga cctgcgtggtggtggtggtgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattggtacgtggacggct ggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacagttcaacagcaccctaccgggtg gtgtccgtgctgaccgtgctgcaccaggtggtgaaacggcaaaagagtacaagtgcaaggtgtc caacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaagccaagggccagccccgcg agcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggt gtctgtgaaaggcttctacccagcagcattgccgtggaatgggagagcaacggccagccccga gaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctctgtactccaagct gaccgtggacaagagccggtggcaggaaggcaactgttcaagctgctcctgtatgcacagggc cctgcacaaccactacaccagaagctcctgtctctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 426</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatccagatgaccagagccccagcagcctgtctgcccagcgtggcgacagagtgaccatc acctgtcagggcagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagccccggaagg cccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgccagcagattttctggc agcggctccggcaccgactcaccctgacaatcagctcccctgagcccaggacattgccacctta ctactgccagcagggcagacctaccctacaccttggccagggcaccagaagctggaatcaag cgtacgggtggcgtcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc gcctctgctgtgcctgtgaaacaacttctacccccgagggccaaggtgagtggaaggtggac aatgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagcagcagcagcagcagcagcagc cctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 427</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggttctt gcaaggccccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtgcgcagcgtgccaggac agggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtgatctggaacggg tcaaggccaaagtaccatcagctgggacagaagcaccacaccgctactcagctgagcgc gctgacctctggcgtaccgctgtactactgcccaggcagcaagcaccggctgagaga ctacgcccctgacgacgatgacggcgcctgaactgggctggatgtggactacctgagcaacc tggaaattctggggccagggcacagccgtgaccgtgtcatctgacaaaaccatacccagggtcag ctgggtggaatctggcgcgagtggtgacgctggcagaagcctgagactgagctgtgcccca gcggttcaccttaccacaggcctggatgactgggtgcgaccggccctggaaagcagctgga atgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgccgacagcgtgaa gggcccgttaccatcagccgggacgacagcaagaacacctgtacctgagatgaacagcct gccccggaggacaccgctgtactactgtcgggcgtgtactatgccctgagccccttgaita ctggggccagggaacctctgaccgtgtactgtgataagaccacaccgcttcgaccaagggc ccatcggtgtccctctggcccctgacgagaagcaccagcgaatctacagccgcccctggctgc ctgtgaaggactacttcccagccctgaccgtgtcctggaactctggcctctgacaagcggc gtgcacaccttccagcgtgtccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtctgacagtg cccagcagcagcctgggaccaagacctacacctgtaactgtggaccacaagcccagcaaac caaggtggacaagcgggtggaatcaagtacggccctcctgcccctctgcccagcccctgaatt tctgggcccagccctccgtgtcctgttcccccaagcccaaggacaccctgatgatcagccggac ccccgaagtgcctgcgtgggtggatgttcccagggaagatcccagggtgcagttcaattgga cgtggacggcgtggaagtgcacaacgcaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagc acctaccgggtgtgtccgtgtgaccgtgtgaccagactggctgaacggcaagagataca agtgaagggttccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaacctacagcaaggccaag ggcagccccgcgagcctcaagtgtgtacctgcccctagccagggaagagatgaccaagaacc aggtgtcccctgagctgtcgtgaaaggcttaccaccagcagcattgccgtggaatgggagagc aacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgtgtgacagcagcagcctattct tccgtgtgtccaagctgaccgtggacaagagccgggtggcaggaaggcaactgttctagctctcc gtgatgcacgagggcctgcacaaccactacaccagaagctcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 428</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagatca gctgcaagagcagccagagcctgggtgcaacaacaacgcaaacacctactgagctggtatctgca gaagccccggcagagccccagctccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcc gacagatttcccggcagcggctctggcaccgacttaccctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtggcgctgactattgtggccagggcaccagtagtacccttacccttggcagcggcaca aggtggaatcaaggcaaaaaccataccgacttctgtctgaccagagccctcagcagcctgag cgtgacacctggcgagagcggcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc ccggaacaactacctggctgtgacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgtgtactacct ggccagcagcagagccagcggcgtgcccagatagatttctggcagcggcagcagcagcagcagc acctgaagatcagccgggtggaaccgaggacgtgggacactactactgtatgagggcaga gagagccccctggaccttggccagggcaccgaaggtggacatcaaggataagaccatacccgta cgggtggcgtcccagcgtgttctctccacctagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc ctgtctgtgtcctgtgaacaacttctacccccgagggcacaagtgagtggaaggtggacaac gcctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc acagcctgagcagcaccctgacactgagcaagcggcactacgagaagcacaaggtgtacgcct gcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 429</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 48</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvksckasgyftfsyihwvrqapqgglewigsyypgnvntnyaqkf qgratlvdsistaymelsrlrddtavyyctrshyglwnfdvngkgtvtvssastkgpsvflpalc srstsestaalgclvkdyfpepvtvswngaltsghvftpavlqssglyslssvvtvpssslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpdtlmirsrtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvytlppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennykttppvldsd gsfflyskltvdksrwqegnfvfscsvmhcalhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 430</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgrvritcqaqnivwlnwyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsrgsgs gtdftlisslqpediatyycqqgqtypyfgqgtkleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfy preakvqkwvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsllstliskadyekhkyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 431</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvesggvvpqgrslrlscaasgfttkawmhwrqapgkqlewaqikdksnsyatyyad svkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcgvvyalspfdywgqgtlvtsvssqvhltqsgpev rkpgtsvkvsckapgnlktkydlhwrvsvpggqlqwmgwishedgkdviverfkakvtidwdrstn taylqslgltsgdtavyycaqgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylnlefwgqgtavtvsrstast kgpsvflapcsrstsestaalgclvdyfpepvtvswnsalgtsgvhtfpavlqssglylssvvtvp ssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppccppapeflggpsvflfppkpkdtlmsirtpvt cvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvks nkglpssiekiskakgqprepvcvltppsqeemtknqvslscavkqfypsdiavewesngqpe nnykttppvlidsdgsfflvskltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 432</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Dfvltsphslsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvkpgrspqlliyllassrasgvprdfsg sgsdkdfllkisirvetedvgytycmqgrespwtfgqgtkvdikgqpkaapdivmtqtplslsvtpgq pasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsllykvsnrfsqgvprdfsgsgsgtdfllkisirvea edvgvvygcggtqyptffgsgtkveiktqgsrtaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnfyprea kvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsslitlkskadyekkhvyacevthqglsspvtksnr gec</p>	<p>SEQ ID NO: 433</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 48</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>cagggtcagctggtgagctctggcgccgaggtcgtgaaacctggcgccctctgtaaggtgctctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccctggacagg gactggaatggatcggcagcatctacccggcaacgtgaacaccaactacgccagaagtcca ggcagagccaccctgacctggacaccagcatcagcaccgcctacatggaactgagccggct gagaagcgacgacaccgcccgtgactactgcacccggctcccactacggcctgattggaacttc acgtgtggggcaagggcaccaccgtgacagtgcttagcgcgtcgaccaagggcccctcggttc cctctggccccttgagcagaagcaccagcgaatctacagccgcctggctgctgctgaagga ctacttcccgagcccgtgacctgctcctggaactctggcgtctgacaagcgcgctgcacaccttc cagccgtgctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcag cctgggcaccaagacctacacctgtaacctggaccacaagcccagcaacaccaaggtggaca agcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctcctgcccagcccctgaattctggcgacc ctccgtgttctgttcccccaagcccaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtga cctgctggtggtggtgatgtgtcccaggaagatcccagggtgacgtcaattggtacgtggacggct ggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacagttcaacagcactaccgggtg gtgtccgtgctgacctgctgcaccaggactggctgaacggcaagagtacaagtgaaggtgtc caacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccg agcctcaagtgtataccctgcccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtgtg gtctctgtaaaggcttaccaccagcagcattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccga gaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtactccaagct gaccgtggacaagagccgggtggcaggaaggcaacgtgtcagctgctccgtgatgcacagggc cctgcacaaccactacaccagaaagtccctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 434</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatccagatgaccagagccccagcagcctgtctgccagcgtgggcgacagagtgaccatc acctgtcagggcagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagcccggcaagg cccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccggcgtgccagcagattttctggc agcggctccggcaccgacttcacctgacaatcagctcccctgagcccaggacattgccacctta ctactgccagcagggcagacctaccctacacctttggccagggcaccagctggaatcaag cgtacgggtggccgctcccagcgtgtctatcttcccacctagcgacgagcagctgaagtccggcaca gcctctgtcgtgctgctgaacaacttctacccccggaggccaaggtgacgtggaaggtggac aatgccctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactcca cctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 435</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctgggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagct gtgccccagcggctcacctcaccaggcctggatgactgggtgcccaggccctggaaa gcagctggaatgggtggccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgcga cagcgtgaaggccggttaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgactgcagat gaacagcctgcccggcggagacaccgctgtactactctcggggcgtgtactatccctgagcc ccttcgattactggggccagggaaccctcgtgaccgtgtctagttagccaggtgacctgacacaga gcccgaagtgccgaagcctggcacctcgtgaaggtgtcctgcaaggccctggcaaac cctgaaaacctacgacctgactgggtgcgacgctgcccagacagggactgcagtgatggg ctggatcagccagggcgacaagaagtgatcgtggaacgggtcaaggccaagtaccat cgactgggacagaagcacaacaccgctacctgcagctgagggcctgacctggtgatacc gcccgtactactgcgcaaggcagcaagcaccgctgagagactacgccctgtacgacgat acggcgcctgaactggcctggatgtgactacctgagcaacctggaattctggggccaggg cacagccgtgacctgtatctcggaccgccagcacaaggggccatcggtgtcccttggccc cttgacagagaagcaccagcgaatctacagccgctgggctgacctggaaggactacttccc gagccctgaccgtgtcctggaaactcgtggcgtctgcaagcggcgtgacacctttccagccgtg ctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggca ccaagacctacacctgaactggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtg gaatctaagtacggccctccctgccccttggccagcccctgaatttctgggggacctccgtgt cctgtcccccaagcccaaggacacctgatgacagccggacccccgaagtacctgcgtg gtgggtgatgtgtcccaggaagatcccagggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt cacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgctcgtg ctgacctgctgcaccagactggctgaacggcaagaggtacaagtgcaaggtgtccaacaag ggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaggccagcccgcgagccctca agtggtaccctgcccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccc tgaaaggcttaccaccagcagattgcccgtggaatgggagagcaacggccagcccagagaaca actacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctatttctcgtgtccaagctgacctg ggacaagagccggtggcaggaaggcaactgttcagctgtccgtgatgcagaggccctgca caacctacaccagaagtcctctgtccttgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 436</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactcgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcatca gctgcaagagcagccactcctgatccacggcgaccggaacaactacctggctggtactgtgca gaagcccggcagatccccagctgctgatctacctggccagcagagccagcggcgtgccc cgatagatcttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggtggaacc gaggacgtgggacactactctgtatgagggcagagagcccctggaccttggccagggca ccaaggtggacatcaaggccagcccaaggccgccccgacatcgtgatgaccagaccccc ctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgcccagcagcagctgcaagagcagccagcctg gtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgcagaagcccggccagacccccagt ccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcccagacattctccggcagcggctctg gcaccgactcaccctgaagatcagccgggtggaagccgaggacgtggcgtgtactattgtggc cagggcaccagatccccttacccttggcagcggcaccgaaggtggaatcaagaccaagggc cccagccgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtcc ggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttacccccggaggccaagtgcagtggaag gtggacaacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagggacagcaaa ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcaca aggtgtacgctcgaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccg ggcgagtg</p>	<p>SEQ ID NO: 437</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 49</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlvqsgaevvkpgasvksckasgyftfsyihwvrqapqgglewigsyypgnvntnyaqkf qgratltdtsistaymelsrlrdsddtavyyctrshyglwnfdvvgkgtvtvssastkgpsvfplpc srstsestaalgclvdyfpepvtvswngalstgvtfpavlqssglyslsvvtvpssslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskyppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmsirtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvylppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvlstd gsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhhealhhnytqkslsislglk</p>	<p>SEQ ID NO: 438</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Diqmtqspsslsasvgrvitiqcasqnivyvwnlyqqkpgkapklliykasnlhtgvpsrfsrgsgs gtdftllisslqpediatyccqqgqtpyftgqgkcleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfy preakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslssltskadyekhkyacevthqglsspvt ksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 439</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvesggvvpqgrslrlscaasgfftkawmhwrqapgkqlewaqikdksnsyatyad svkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcgvvyalspfdywgqglvtvssdkthtqvhltqsg pevrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwrvsvpggqlqwmgwishegdkkiverfkakvtidwd rstntaylqlsgltsgdavyycaqgskhrlrdyalydddgalnwavdvlylnlefwgqgtavtvs dkthtastkgsplapcstrsstaalgclvkdypvptvswngalstgvhtfpavilqssglys lssvvtvpssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcpapeflgppsylvfpkpkdtl misrtpevtcvvvdvsqedpevfwnvyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrsvsvtlvhqdwling keyckvsnkglpssiaktiskakgqprepqvctlpqsqeemtknqvsiscavkgfypsdiavew esngqpennykttppvldsdsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhhealthnhytqkslsislk</p>	<p>SEQ ID NO: 440</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Dfvltsqshslsvtpgesasiscksshlihgdrnylawyvkpgrspqlliylassrasgvprdfsg sgsdkdfllkisirvetedvgytycmqgrespwtfgqgtkvdkdkthtdivmtqtplsivtpgqpasi sckssqslvhnnantylswylqkpgqspqliykvsnrfsgvprdfsgsgsgtdftlkisrveaedvg vyycgqgtqypffgsgtkveikdkthtrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnfnfyreakvqw kvdnalqsgnsqesvteqskdstylsstltskadyekkhvyacevthqglsspvtkfmrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 441</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 49</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctggtgcagctctggcggcaggtcgtgaaacctggcgcctctgtaagggtcctgc aaggccagcggctacacctttaccagctactacatccactgggtgcgccaggccccctggacagg gactgggaatggatcggcagcactctacccccggcaactgtaacaccaactacgccagaagtcca ggcagagccacctgacctggacaccagcatcagcaccgctacatggaactgagccggct gagaagcgcagacaccgctgtactactgacccggctccactacggcctggattggaactcgc acgtgtgggcaaggcaccacctgacagtgctagcgcgtcgaccaaggccccctcggtgtc cctctggccccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccccctggctgctctgtaagg ctactttcccgagccccgtgacctgtctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacaccttc caagcgtgctccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtgacagtgccagcagcagcagc cctggcaccagaagcctacacctgtaactgtggaccacaagcccagcaacaccaagggtggaca agcgggtggaatctaagtacggccccctcctgccccctctgcccagccccgaattctggcggacc ctccgtgtcctgtcccccaagcccagaccacctgatgatcagccggacccccgaagtga cctgcgtggtggtgatgtgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattggtacgtggacggct ggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacagttcaacagcactaccgggtg gtgtccgtgctgacctgctgcaccagactggctgaacggcaaaagagtacaagtgcaaggtgtc caacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaagccaagggccagccccgcg agcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgtggt gtctgtgaaaggcttctaccccagcagcattgcccgtggaatgggagagcaacggccagccccga gaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcagcgtcattcttctgtactccaagct gacctggacaagagccggtggcaggaaggcaactgttccagctgctcctgtatgcacagggc cctgcacaaccactacaccagaagctcctgtctctgtcctcgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 442</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatccagatgaccagagccccagcagcctgtctgcccagcgtggcgacagagtgaccatc acctgtcagggccagccagaacatctacgtgtggctgaactggtatcagcagaagccccggaagg cccccaagctgctgatctacaaggccagcaacctgcacaccgctgcccagcagattttctggc agcggctccggcaccgactcaccctgacaatcagctcccctgagcccaggacattgccacct ctactgccagcagggcagacctaccctacaccttggccagggcaccagaagctggaatcaag cgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagcagcagcagcagcagc gcctctgtcgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaggtgacgtggaaggtggac aatgccctgcagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagcaaggactcca cctacagcctgagcagcaccctgacctgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagctcaaccggggcgagtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 443</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctgggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccgcagcggctcacctcaccaggcctggatgactgggtgcccaggccctggaaa gcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgcoga cagcgtgaagggccggttaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgacctgcagat gaacagcctgcccggcaggacaccgcccgtgtactactgtcggggcgtgtactatccctgagcc ccttcgattactggggccagggaaccctcgtgaccgtgtctagtacaaaaccatacccaggtgc acctgacacagagcggaccccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgtcctgaaggc cctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtgcgagcgtgcccaggacaggact gcagtgatgggtggatcagccacgaggcgcacaagaagtgatcgtggaacgggtcaaggc caaagtgaccatcagctgggacagaagcacaacaccgacctacgtcagctgagcggcctgac ctctggcgataccgcccgtgtactactgccaaggcagcaagcaccggctgagagactacgcc ctgtacgacgatgacgcgcccgtgaactggccgtggtgactacctgagcaacctggaatt ctggggccaggccacagcccgtgaccgtgtactgtataagaccacaccgcccagcacaaggg cccatcgggtgtcccttggcccctgacagcagaagcaccagcgaatctacagcccctgggctg cctgtgaaggactctcccgagcccgtgaccgtgtcctggaaactctggcctgtgacaaggc cgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtctgacagt gcccagcagcagcctggcaccagaacctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaaca ccaaggtggaacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctctgcccagcccctgaat ttctggcggaccctccgtgttctgttcccccaagcccaggacacctgatgatcagccgga cccccgaagtgacctgcgtggtggtggtatgttcccagggaagtcccagggtgagttcaattggt acgtggacggcgtggaagtcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaaacag cacctaccgggtggtgtccgtgctgacctgctgaccaggaactggtgctgaaagcgaagagtaga agtgcaaggtgccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaacctacagcaaggccaagg gccagccccgcgagcctcaagtgtgtaccctgcccctagccagggaagagatgaccaagaacc aggtgtccctgagctgtgcccgtgaaagccttaccaccagcagcattgcccgtggaatgggagagc aacggccagcccagaaacaactacaagaccacccccctgtgtgacagcagcagcgtcattct tccgtgttccaagctgacctggacaagagccgggtggcaggaaggcaactgttctagctgctcc gtgatgcacgagggcctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 444</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactctgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcggcagcatca gctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggctggtactgtgca gaagcccggcagatccccagctgctgatctacctggccagcagagccagcggcgtgccc cगतatagatttctggcagcggcagcgaaggacttaccctgaagatcagccgggtggaacc gaggacgtgggacactactctgtatgagggcagagagcccctggaccttggccagggca ccaaggtgacatcaaggacaaaaccataccgacatcgtgatgaccagacccccctgagcc tgagcgtgacacctggacagcctgcccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcaca acaacgccaacacctactgagctggtatctgcagaagcccggccagagccccagctccctgat ctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcccagacagattctccggcagcggctctggcaccg acttaccctgaagatcagccgggtggaagccgagcagctggcgtgtactattgtggccagggc acccagtagcccttacccttggcagcggcaccagggtgaaatcaaggataagaccataccc gtacgggtggcctcccagcgtgttcatcttcccactagcagcagcagctgaagtcgggcaca gcctctgctgtgctgtgtaacaacttacccccggagccaaagtcagtggaaggtggac aacggcctgacagcggcacaacagccaggaaagcgtgaccgagcagcagcagcaaggactcca cctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccaggcctgtctagcccctgaccaagagcttcaaccggggcaggtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 445</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 50</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgflsldygvhvrppgkglewlgviwaggtgtnynpslksrk tiskdtsknqvsiklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtvtvssastkgpsvfplapc srstsestaalgclvkdyppepvtvswngalstgvtfpavlqssglylssvvtvpssslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpapeflgppsflfpkpkdtlmsirtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvylppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvlstds gsfflyskltvdksrwqegnvfscsvmhhealnhhtqkslsislglk</p>	<p>SEQ ID NO: 446</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppklifaasnvesgvparfs gsgsgdftltinpvveandvanyccqsrkvpytfgqgkkleirvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnfyreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylslltllskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 447</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhlqtsgpevrkpgtvskvscapgnlktlydlhwrvsvpgglqwmgwishegdkkivverfk akvtidwdrstntaylqlsgltsdgtavyycaakgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylnlefwgq gtavtvsssqvqlvesgggvvqgrsrlrscasagfttkawmhwwrqapgkqlwvvaqikdksn syatyadsvkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcgvyyalspfdywgqglvtvssrtast kgpsvflapcsrstsestaalclvdyfpepvtvswnsalgtsgvhtfpavlqssglylsssvtvp ssslgktytcvndhkpnsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmsrtpvt cvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvs nkglpssiektiskakgqprepvctlpssqeemtknqvslscavkgyfypsdiawewesngqpe nnykttppvltdsgsfflvskltvdkrsrqegnvfscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 448</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsvtpgqpasiscskssqslvhnntylswylqkpgqspqsllykvsnrfsvdpdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycgqgtqypffgsgtkveikgqpkapdfvltqspshsvtpge sasiscksshlihgdrnnylawyvkpgrspqlliylassrasgvpdrgsgsdkdflikisrvete dvgytycmqgrespwfmgqtkvdiktgprsvtaapsvfifpdsdeqlksgtasvvcllnnyfprea kvqkwvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsslitliskadyekkhvyacevthqglsspvtkfsnr gec</p>	<p>SEQ ID NO: 449</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 50</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccggctcagcctgagcactacggcgtgactgggtgcgcccagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgatctgggctggcggaggcaccactacaaccccagcctgaagtc cagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgcccctgaagctgagcagcgtga cagcccgatgataccgcccgtgactactcgcgacagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtgtcatccgctgacccaagggcccctcggtg ttcctctggcccctgagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgctcgtgaag gactacttcccagagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtcctgacaagcggcgtgcacacct ttccagccgtgctccagagcagcggcctgactctctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagc agcctggcaccagaactacacctgtaactgtgaccacaagcccagcaacaccaaggtgga caagcgggtggaatctaagtcaggcccctcctgcccctcctgcccagcccctgaattctggcggga cccctcgtgtcctgttcccccaagcccaaggacaccctgatgatcagccggacccccgaagt gacctcgtggtggtgatgtgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattgtactgtgacgg cgtggaagtgcacaacccaagaccagcccagagaggaacagttcaacagcactaccggg tgggtcctgctgactcctgctgaccagactggctgaacggcaagagtagaagtgcaaggtg tccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccg cgagcctcaagtgataccctgccccctgccaaggaagatgaccaagaaccaggtgtccctgt ggtgtcctgtaaaggcttctaccagcgcacattgcccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtactccaag ctgaccgtggacaagagccggtggcagggaaggcaactgtttagctgctcctgtagcagcag cccctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 450</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatcgtgctgacacagagccctgtagcctggcctgtctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgacagtggtatcagcagaagc ccggccagcccccaagctgctgatttccgcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagccag atttccggcagcggctctggcaccgactcaccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgacgt ggccaactactactgcccagcagagccggaaggtgcctacaccttggccagggcaccagcgtg gaaatcaagcgtacggtggcctcccagcgtgtcatctcccacttagcagcagcagcgtgaa gtccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaggtgacgtg gaaggtggacaatgcctgcagagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagcagcagc aaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagca caaggtgtacgctgcaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaac cggggcgaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 451</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccggaagtcggaagcctggcacctctgtaaggttctt gcaaggccccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtcgcagcgtccaggac agggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatcgtggaacggg tcaaggccaaagtaccatcagctgggacagaagcaccacaccgctactcagctgagcgtg gctgacctctggcgataccgctgtactactgccaagggcagcaagcaccggctgagaga ctacgccctgtacgacgatgacggcgcctgaactgggctggatgtggactacctgagcaacc tggaaftctggggccagggacacagcctgaccgtgtcatctctcaggtgcagctggtggaatctg cggcggagtggcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccccagcggctcacctca ccaaggcctggatgactgggtgcggcaggccccctggaaagcagctggaatgggtggccaga tcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgccacagcgtgaaggccgggtcacca tcagccgggacgacagaagaacaccctgtactcagatgaacagcctgcccggcggaggac accgctgtactactgtcgggctgtactatgccctgagccccctcattactggggccagggaa ccctcgtgacctgtctagtcggaccgcttcgaccaagggccccatcggtgtccctctggccccctg agcagaagcaccagcgaatctacagccgccccctggctgctgtaaggactacttcccggagc ccgtgacctgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacaccttccagcctgctcca gagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctggccaccaag acctacacctgtaacgtggaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtggaatct aagtacggccccctgccccctctgcccagccccctgaatttctgggaggacctccgtgtctctg cccccaagcccaaggacacctgatgatcagccgacccccgaagtacctcgtggtggtg gatgtgtcccaggaagatcccagggtgacgttcaattggtagctggacggcgtggaagtgcaca cgcaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagcacctaccgggtggtgctcgtgctgac cgtgctgaccagactggctgaacggcaaaagagtaacagtgcaaggtgtccaacaagggcct gcccagctccatcgagaaaacctcagcaagccaagggccagcccccgagcctcaaggtg gtacctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtccgtgaa aggcttacccccagcagcattcgggtggaatgggagagcaacggccagcccagagaacaacta caagaccacccccctgtgctggacagcggctcatttctcctggttccaagctgacctgga caagagccggtggcaggaagggcaacgtgttcagctgctcctgatgcacgaggccccctgcaaca cactacaccagaagtcctgtctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 452</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagatca gctgcaagagcagccagagcctgggtgcacaacaacgcaaacacctactgagctggtatctgca gaagccccggcagagccccagctccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcc gacagatttcccggcagcggctctggcaccgacttcacctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtgggctgtactattgtggccagggcaccagtagtacccttcaccttggcagcggcaca aggtggaatcaaggccagcccaaggccgccccgactcgtgctgacctagagccctcaca gcctgagcgtgacacctggcagagcgcagccatcagctgcaagagcagcactccctgatcc acggcgaccggaacaactacctggctggtacgtgcagaagcccggcagatccccccagctgct gatctacctggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagatttctggcagcggcagcgc aaggacttacctgaagatcagccgggtggaaccgaggcgtggcactactactgtatgc agggcagagagagccccctggaccttggcagggcaccaggtggacatcaagaccaagggc cccagccgtacgggtggcctcccagcgtgtcatcttcccacctagcagcagcagctgaagtc ggcacagcctctgctgtgctgctgtaacaacttaccctccgagggccaaggtgagtgga ggtggacaacgccccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagggacagca ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagggcactacgagaagcaca aggtgtacgctcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccctgaccaagagcttcaaccg ggcgaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 453</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 51</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlstctvsgflsldygvhvrppgkglewlgviwagggtnynpslksrk tiskdtsknqvsilkssvtaadtavyyccardkgysyyysmdywgqgtvtvssastkgpsvflapc srstsestaalgclvdyfpepvtvswngalstgvtfpavlqssgylssovvtvpssslgktytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflgppsflfpkpkdtlmsirtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiectis kakgqprepvyltppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpenyktppvltdsd gsfflyskltvdksrwqegnfvscsvmhcalhnytklsislslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 454</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppklifaasnvesgvparfs gsgsgtdftltinpvveandvanyccqsrkvpytfgqgkcleirktvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnfybreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslsltliskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 455</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvhltqsgpevrkpgtvskvscapgnltktydlhwrvsvpggqlqwmgwishegdkkivverfk akvtidwdrstntaylqlsdltsdgtavyycaqskshrlrlyalydddgalnwavdvdylnlefwgq gtavtvssdkthtqvqlvesgggvvqgrsrlrscasgfttkawmhwwrqapqkqlewwaqikd ksnsyatyyadsvkgrftisrddskntilylqmnslraedtavyyrcrvyyspfdywgqgtlvtvss dkthtastkgspsvflapcsrstsestaalgclvkdypvptvswngalstgvhtfpavilqssglys lssvvtvpssslgtkytcnvdhkpstnkvdkrveskygppcpapeflgppsylvfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvsqedpevfwnvyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvlthqdwling keykckvsnkglpssiektiskakgqprepvcvtlppsqeemtknqvslscavkgyfypsdiavew esngqpennykttppvldsdsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhhealthhnytklsllslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 456</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Divmtqtplsivtpgqpasiscskssqslvhnantylswylqkpgqspqsllykvsnrfsvdpdrfs gsgsgtdftlkisrveaedvgyycqggtqypffgsgtkveikdkthtdfvltqspshslsvtpgesasi scksshslhngdrnnylawyvkpgrspqliylasrasgvpdfrfsgsgsdkdfllkisrvetedvgt yycmqgrespwffgqgtkvdkdkthrtvaapsvfifppsdeqlksgtasvcllnnyfpreakvq wkvdnalqsgnsqesvteqskdstyslssltslkadyekhkvyacevthqglsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 457</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 51</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctctgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccggttcagcctgagcgcactacggcgtgcactgggtgcgcagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgtatctgggctggcggaggcaccactacaaccccagcctgaagtc cagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtccctgaagctgagcagcgtga cagccgctgataccgctgtactactgcgcagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccaggccaccaccgtgacctgtcatccgctgcagcaagggcccctcggtg ttccctctggcccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgctctggaag gactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggcgtgcacacct ttccagcctgtctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtctgacagtgacagtgacac agcctgggaccacaagacctacacctgtaacctggaccacaagcccagcaacaccaaggtgga caagcgggtggaatctaagtacggccctcctgcccctctgcccagcccctgaattctggcgga ccctccgtgtcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccgacccccgaagt gacctcgtgggtggtgatgtgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattggtacgtggacgg cgtggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacaggtcaacagcaccctaccggg tgggtcctgtgaccgtgtgcaccagactggctgaacggcaagagtagaagtgcaaggtg tccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccg cgagcctcaagtgtataccctgccccctgccaaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgt gggtgtcctgaaaggcttctaccaccagcagacattgcccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctctgtactccaag ctgaccgtggacaagagccggtgacaggaaggcaacgtgtcagctgctccgctgatcagcaggg ccctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctctgtccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 458</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggcctgtctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgcagtggtatcagcagaagc cgggccagcccccaagctgctgatttccgcccagcaacgtggaagcggcgtgccagccag atttccggcagcggctctggcaccgactcaccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgactg ggccaactactactgcccagcagagccggaaggtgcctacaccttggcaggccaccaagctg gaaatcaagcgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaa gtccggcacagcctctgtctgtgctgctgaacaacttctacccccgagggccaaggtgcagtg gaaggtggacaatgccctgacagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagc aaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaagggcagcactcagagaagca caaggtgtacgctgcaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaac cggggcaggtg</p>	<p>SEQ ID NO: 459</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcacctgacacagagcggaccggaagtgcggaagcctggcacctctgtaaggtgtcct gcaaggcccctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtgcgagcgtgccaggac agggactgcagtgatggctggatcagccacgagggcgacaagaaagtatcgtggaacgggt tcaaggccaaagtaccatcagctgggacagaagcaccacaccgctacctgagctgagcg gctgacctctggcgataccgcccgtgactactgcccaggcagcaagcaccggctgagaga ctacgccctgtacgacgatgacggcggcctgaactgggcccgtggatgtggactacctgagcaacc tggaaftctggggccaggggcacagccgtgaccgtgtcatctgacaaaaccatacccagggtgag ctgggtggaatctggcgcgagtggtgagcctggcagaagcctgagactgagctgtgcccca gaggcttacctcaccaggcctggatgactgggtgcgaccggcccctgaaagcagctgga atgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgccgacagcgtgaa gggcccgttaccatcagccgggacgacagcaagaacacctgtacctgagatgaacagcct gccccggaggacaccgcccgtgactactgtcgggcggtgactatgccctgagccccttgaita ctggggccagggaacctctgaccgtgtactgtgataagaccacaccgcttcgaccaagggc ccatcggtgtcccctgcccctgagcagaagcaccagcgaatctacagcccctgggctgc ctgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtctgacaagcggc gtgcacaccttccagcgtgtccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtctgacagtg cccagcagcagcctgggaccaagacctacacctgtaactggaccacaagcccagcaaac caaggtggacaagcgggtggaatcaagtacggccctcctgcccctctgcccagcccctgaatt tctgggcccagccctccgtgtcctgttcccccaagcccaggacaccctgatgatcagccggac ccccgaagtgcctgctgggtggatgtgtcccagggaagatcccagggtgcagttcaattgta cgtggacggcgtggaagtgcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaacagc acctaccgggtgtgtccgtgctgaccgtgtgaccaggtgctgaaacggcaagagatca agtgaagggttcaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaacctacagcaaggccaag ggcagccccgcgagcctcaagtgtgtacctgcccctagccagggaagagatgaccaagaacc aggtgtcccctgagctgtgcccgtgaaaggcttaccaccagcagcattgccgtggaatgggagagc aacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgtgtgacagcagcagcgtcattct tccgtgtgtccaagctgaccgtggacaagagccgggtggcaggaaggcaactgttctagctgtcc gtgatgcacgagggcctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 460</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gacatcgtgatgaccagacccccctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgccagcatca gctgcaagagcagccagagcctgggtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgca gaagcccggccagagccccagtcctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcggtgcc gacagatttcccggcagcggctctggcaccgacttcacctgaagatcagccgggtggaagccg aggacgtggcggtgactattgtggccagggcaccagtagtacccttcccttggcagcggcaca aggtggaatcaaggcaaaaaccataccgacttctgtctgaccagagccctcagcagcctgag cgtgacacctggcgagagcggcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcagc ccggaacaactacctggctgtgactgtcagaagcccggcagatccccccagctgtgacttacct ggccagcagcagagccagcggcgtgcccgatagatttctggcagcggcagcagcagaagcactc acctgaagatcagccgggtggaaccgaggacgtgggacactactgtatgacgggcaga gagagccccctggaccttggccagggcaccaggtggacatcaaggataagaccatacccgta cgggtggcgtcccagcgtgttcttcccactagcagcagcagcagcagcagcagcagcagcct ctgtcgtgtcctgtgaaacttctacccccgagggcacaagtgagtggaaggtggacaac gcctgcagagcggcaacagccaggaaggcgtgaccgagcagcagcagcagcagcagcagcagc acagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacgcct gcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccggggcaggtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 461</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 52</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlstctvsgflsldygvhvrqpqgkglewlgviwaggtynynpslksrk tiskdtsknqvslkssvtaadtavyycardkgyssyymsdywggtvtvssastkgpsvfplapc srstsestaalgclvkdyfpepvtvswngaltsghvtfpavlqssglyslssvvtvpssslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpdtlmirsrtpevtcvvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiektis kakgqprepqvylppcqeemtknqvslwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvldsd gsfflyskltvdksrwqegnfvfscsvmhcalhnhytqkslslslglk</p>	<p>SEQ ID NO: 462</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratitcrasesveyvvtlmlqwyqqkpgqppkllifaasnvesgvparfs gsgsgtdfltinpveandvanyccqsrkvpvtyfgqgtkleikrtvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnfyreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylsstllskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 463</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvesggvvpqgrslrlscaasgfttkawmhwrqapqkqlewaqikdksnsyatyyad svkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcgvvyalspfdywgqgtlvtsvssqvhltqsgpev rkpgtsvksckapgnlktkydlhwvrsvpqgglqwmqwishegdkkiviverfkakvtidwrdrstn taylqlsgltsqdtavyycaqgskhrlrdyalydddgalnwavdvdylnlefwgqgtavtvsrstast kppsylvplapcsrstsestaalgclvdyfpepvtvswnsalgtsgvhtfpavlqssglylssvvtvp ssslgtktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcpcpapeflggpsvflfppkpkdtlmisrtpvt cvvvdvsqedpevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvs nkglpssiektiskakgqprepvcctlppsqeemtknqvslscavkgfypsdiavewesngqpe nnykttppvltdsgsfflvskltvdksrwqegnfvscsvmhealhnhytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 464</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Dfvltsqspshsvtpgesasiscksshlihgdrnnylawyvkpgrspqlliylassrasgvprdfsg sgsdkdfllkisrvetedvgtyycmqgrespwftggqtkvdikgqpkapdivmtqtplslsvtpgg pasisckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsllykvsnrfsqvpdrfsgsgsgtdfllkisrvea edvgvyycgqgtqyptfsgtkveiktgpsrtvaapsvfifppsdeqlksqtasvcllnfnyprea kvqwkvdnalqsgnsqesvteqdskdstyslslstllskadyekhkvacevthqglsspvtksfnr gec</p>	<p>SEQ ID NO: 465</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 52</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccgctcagcctgagcactacggcgtgactgggtgcgcagccacctggaaaag gcctggaatggctggcgctgactctggcctggcggaggcaccactacaacccagcctgaagtc cagaaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccagggtgccctgaagctgagcagcgtga cagcccgataccgctgactactcgcagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccagggcaccaccgtgaccgtgtcatccgctgaccaagggccctcgtg ttccctctggccctcgtcagcagaagcaccagcgaatctacagccgctgggctgcctcgtgaag gactactttccgagcccgtagccgtgctggaactctggcgtcctgacaagcggcgtgcacacct ttccagccgtgctccagagcagcggcctgactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagc agcctgggcaccaagacctacacctgtaacgtggaccacaagccagcaacaccaaggtgga caagcgggtggaatctaagtacggccctcctgccctcctggccagccctgaattctggcgga ccctcgtgtcctgttcccccaagcccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagt gacctcgtggtggtgtagtgtcccaggaagatcccagggtcagttcaattggtacgtggacgg cgtggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacagttcaacagcactaccggg tgggtcctgctgaccgtgctgaccagactggctgaacggcaagagtagaagtgcaaggtg tccaacaaggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaagggccagccccg cgagcctcaagtgtataccctgccccctgcccaggaagagatgaccaagaaccaggttcctgt ggtgtcctgtaaggtcttaccagcgcacattgcccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctcattctctgtactccaag ctgaccgtggacaagagccggtggcaggaaaggcaacgtgtcagctgctccgtgatcacgagg cctgcacaaccactacaccagaagtccctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 466</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggcgtgtctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaataftacgtgaccagcctgatgagtggtatcagcagaagc ccggccagcccccaagctgctgatlttcgccagcaacgtggaaagcggcgtgcccagccag atlttcggcagcggctctggcaccgacttaccctgaccatcaacccgtggaagccaacgacgt ggccaactactactgcccagcagcgggaaggtgcctacaccttggcagggcaccagcctg gaaatcaagcgtacggtggcctccagcgtgtcatcttccacctagcagcagcagcgtgaa gtccggcacagcctctgctgtgctgctgaacaacttaccctggcagggccaaggtgacgtg gaaggtggacaatgccctgagcagcggcaacagccaggaaagcgtgaccgagcagggacagc aaggactccactacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagca caaggtgtacgctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagcccgtgaccaagagcttcaac cggggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 467</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagctgtgccccagcggctcacctcaccacagcctggatgactgggtgcccaggccctggaaa gcagctggaatgggtggcccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgcga cagcgtgaagggccggttaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgtacctgcagat gaacagcctgcccggcaggacaccgcccgtgtactactgtcggggcgtgtactatccctgagcc ccttcgattactggggccagggaaacctcgtgaccgtgtctagttagccaggtgacctgacacaga gggaccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgtcctgcaaggccctggcaaac cctgaaaacctacgacctgactgggtgcgacgctgcccagcagggactgcagtgatggg ctggatcagccagggcgacaagaagtgatcgtggaacgggtcaaggccaaagtacat cgactgggacagaagcaccacaccgctacctgcagctgagggcctgacctggtgatacc gccgtgtactactgcgcaagggcagcaagcaccgctgagagactacgccctgtacgacgat agggcgcctgaactggcggcgtggtgactacctgagcaacctggaattctggggccaggg cacagccgtgacctgtatctcggaccgccagcacaagggcccatcggtgtcccttggccc ctgacagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctgacctggaaggactacttccc gagcccgtgacctgtctggaactctggcgtctgcaagcggcgtgacaccttccagccgtg ccccagagcagcggcctgtactctgagcagcgtcgtgacagtgcccagcagcagcctgggca ccaagacctacacctgaactggtgaccacaagcccagcaacaccaaggtggacaagcgggtg gaatctaagtacggccctccctgccccttggcccagcccctgaatttctgggggacctccgtgt cctgtcccccaagcccaaggacacctgatgatcagccggacccccgaagtacctgctg gtgggtgatgtgtcccaggaagatcccagggtgcagttcaattggtacgtggacggcgtggaagt cacaacgccaagaccaagcccagagaggaaacagttcaacagcacctaccgggtggtgctcgtg ctgacctgtgcaccagactggctgaacggcaagaggtacaagtgcaaggtgtccaacaag ggccctgcccagctccatcgagaaaacctcagcaaggccaagggccagccccgcgagcccca agtgtgtacctgccccctagccaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgagctgtgccc tgaaaggtcttaccaccagcagattgcccgtggaatgggagagcaacggccagccccgagaaca actacaagaccacccccctgtgctggacagcagggctatttctcgtgtccaagctgacctg ggacaagagccggtggcaggaaggcaactgttcagctgtccgtgatgcagaggccctgca caacctacaccagaagtcctctgtccttgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 468</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactctgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcgagagcgcagcatca gctgcaagagcagccactcctgatccacggcgaccggaacaactacctggctggtactgtgca gaagcccggcagatccccagctgctgatctacctggccagcagagccagcggcgtgccc gatagatcttctggcagcggcagcgaaggaactcaccctgaagatcagccgggtggaacc gaggacgtgggacactactgtatgagggcagagagcccctggaccttggccaggggca ccaaggtggacatcaagggccagcccaagcggccccgacatcgtgatgaccagaccccc ctgagcctgagcgtgacacctggacagcctgcccagcagcagctgcaagagcagccagagcctg gtgcacaacaacgccaacacctactgagctggtatctgcagaagcccggccagagccccagt ccctgatctacaaggtgtccaacagattcagcggcgtgcccagacattctccggcagcggctctg gcaccgactcaccctgaagatcagccgggtggaagccgaggacgtggcgtgtactattgtggc cagggcaccagatccccctcacttggcagcggcaccgaaggtggaatcaagaccaagggc cccagccgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaagtcc ggcacagcctctgctgtgctgctgtaacaacttaccccccggaggccaagtgtagtgaa ggtggacaacgcccctgacagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagggacagcaa ggactccacctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaagggcactacgagaagcaca aggtgtacgctcgaagtgaccaccagggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaaccg gggcaggt</p>	<p>SEQ ID NO: 469</p>
<p>Secuencias de aminoácidos de la proteína de unión 53</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>Qvqlqesgpglvkpsqtlsltctvsgflsldygvhwvrppgkglewlgviwagggtnynpslksrk tiskdtsknqvsiklssvtaadtavyycardkgysyyysmdywgqgtvtvssastkgsfvflapc srstsestaalgclvdyfpepvtvswngalstgvtfpavlqssglylssvvtvpssslgtkytcn vdhkpsntkvdkrveskyppcpcpapeflgppsflfpkpkdtlmsirtpetvcvvdvsqed pevqfnwyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlngkeykckvsnkglpssiectis kakgqprepqvylppcqeemtknqvsllwclvkgfypsdiavewesngqpennyktppvlstds gsflyskltvdksrwqegnvfscsvmhhealhhnytqkslslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 470</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>Divltqspaslavspgqratitcrasesveyyvtslmqwyqqkpgqppklifaasnvesgparfs gsgsgdftltnpveandvanyccqsrkvpytfgqgkclekrtvaapsvfifppsdeqlksgtasv vcllnfyreakvqwkvdnalqsgnsqesvteqdsdstylslltlskadyekhkvyacevthq glsspvtksfnrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 471</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>Qvqlvesggvvpqgrslrlscaasgfttkawmhwrqapqkqlewaqikdksnsyatyad svkgrftisrddskntlylqmnslraedtavyyrcgvvyalspfdywgqglvtvssdkthtqhvltsqg pevrkpgtsvkvsckapgnltktydlhwvrsvpgqglqwmqwishegdkkiverfkakvtidwd rstntaylqlsgltsgdavyycaqgskhrlrdyalydddgalnwavdvlyslnefwgqgtavtvss dkthtastkgsplapcstrsstaalgclvkdypvptvswngalstgsvhtfpavilqssglys lssvvtvpssslgktytcnvdhkpsntkvdkrveskygppcpapeflgppsflfppkpkdtl misrtpevtcvvvdvsqedpevfwnvyvdgvevhnaktkpreeqfnstyrvsvltvlhqdwlng keykckvsnkglpssiectiskakgqprepqvctlpqsqeemtknqvslscavkgfypsdiavew esngqpennykttppvldsdsfflvskltvdksrwqegnvfscsvmhhealthhnytklslslgk</p>	<p>SEQ ID NO: 472</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>Dfvltsqshslsvtpgesasiscksshlihgdrnylavyvqkpgrspqlliylassrasgvprdfsg sgsdkdfllkisirvetedvgytycmqgrespwftgqgtkvdkdkthtdivmtqtplsivtpgqpasi sckssqslvhnnantylswylqkpgqspqsllykvsnrfsqgvprdfsgsgsgtdftlkisrveaedvg vyycgqgtqypffgsgtkveikdkthtrvaapsvfifppsdeqlksqstasvcllnnfyreakvqw kvdnalqsgnsqesvteqskdstyslsstltskadyekhkvyacevthqglsspvtkfmrgec</p>	<p>SEQ ID NO: 473</p>
<p>Secuencias de nucleótidos de la proteína de unión 53</p>		
<p>Cadena pesada A</p>	<p>caggtgcagctgcaggaatctggccctggcctcgtgaagcctagccagaccctgagcctgacctg taccgtgtccggcttcagcctgagcgcactacggcgtgcactgggtgcgcagccacctggaaaag gcctggaatggctgggctgtatctgggctggcggaggcaccactacaaccccagcctgaagtc cagaaagaccatcagcaaggacaccagcaagaaccaggtgtccctgaagctgagcagcgtga cagccgcataccgctgtactactgcgcagagacaagggctacagctactactacagcat ggactactggggccaggaccaccctgaccctgcatccgctgcagcaagggcccccctgggtg ttccctctggcccttgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgccctgggctgctcgtgaag gactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaactctggcgtcctgacaagcggcgtgcacacct ttccagcgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacagtgccagcagc agcctgggcaaccaagacctacacctgaacctggaccacaagcccagcaacaccaaggtgga caagcgggtggaatctaagtacggccctcctgcccctctgcccagcccctgaattctggcgga ccctcgtgtcctgttcccccaaagcccaaggacaccctgatgatcagccgacccccgaagt gacctcgtgggtggatgtgtcccaggaagatcccaggtgcagttcaattgtacgtggacgg cgtggaagtgcacaacgccaagaccagccagagaggaacagttcaacagcaccctaccggg tgggtcctgtgacctgctgcaccagactggctgaacggcaagagtagaagtgcaaggtg tccacaagggcctgcccagctccatcgagaaaaccatcagcaaggccaaagggccagccccg cgagcctcaagtgtataccctgccccctgccaaggaagagatgaccaagaaccaggtgtccctgt gggtctcgtgaaaggcttctaccaccagcagacattgcccgtggaatgggagagcaacggccagccc gagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggctcattctcctgtactccaag ctgaccgtggacaagagccggtgacaggaaggcaacgtgtcagctgctcctggtatgacagag ccctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctctgcccctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 474</p>
<p>Cadena ligera A</p>	<p>gacatcgtgctgacacagagccctgctagcctggcctgtctcctggacagagggccaccatcac ctgtagagccagcagagcgtggaatattacgtgaccagcctgatgacgtggtatcagcagaagc ccggccagcccccaagctgctgatttccgcccagcaacgtggaagcggcgtgcccagccag atttccggcagcggcctgaccgactcaccctgaccatcaaccccgtggaagccaacgacgt ggccaactactactgcccagcagcgggaaggtgcctacaccttggcaggccaccaagctg gaaatcaagcgtacgggtggcctcccagcgtgtcatctcccacctagcagcagcagctgaa gtccggcacagcctctgtctgtgctgtaacaacttctacccccgagggccaaggtgcagtg gaaggtggacaatgccctgacagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcaggacagc aaggactccacctacagcctgagcagcaccctgaccctgagcaaggccgactacgagaagca caaggtgtacgctgcaagtgaccaccaggcctgtctagccccgtgaccaagagcttcaac cggggcgagtgt</p>	<p>SEQ ID NO: 475</p>

<p>Cadena pesada B</p>	<p>caggtgcagctggtggaatctggcggcggagtggtgcagcctggcagaagcctgagactgagct gtgccgcagcggcttaccttcaccaaggcctggatgactgggtgcgccaggccctggaaa gcagctggaatgggtggccagatcaaggacaagagcaacagctacgccactactacgcga cagcgtgaagggccggttaccatcagccgggacgacagcaagaacaccctgactgcagat gaacagcctgcccgggagaccgctgtactactgtcggggcgtgactatccctgagcc ccttcgattactggggccagggaaacctcgtgaccgtgtctagtacaaaaccatacccaggtg acctgacacagagcggacccgaagtgcggaagcctggcacctctgtgaaggtgctcctcaagg cctggcaacaccctgaaaacctacgacctgactgggtgcgagcgtgcccaggacagggact gcagtggtgggtggtatcagccacgagggcgacaagaagtgatcgtggaacgggtcaaggc caaagtgaccatcactgggacagaagcacaacaccgctacctgcagctgagcggcctgac ctctggcgateaccgctgtactactgcgcaaggcagcaagcaccggctgagagactacgcc ctgtacgacgatgacgcgcccctgaactggccgtggtgactacctgagcaacctggaatt ctggggccagggcacagcctgaccgtgtactgtataagaccacaccgcccagcacaaggg cccctcgggttccctctggcccctgcagcagaagcaccagcgaatctacagccgcccctgggctg cctgtgaaggactacttcccagcccgtgaccgtgtcctggaaactctggcctctgacaagctg cgtgcacaccttccagccgtgctccagagcagcggcctgtactctctgagcagcgtcgtgacgt gcccagcagcagcctgggacacaagcctacacctgtaactggaccacaagcccagcaaca ccaaggtgacaagcgggtggaatctaagtacggccctccctgcccctctgcccagcccctgaa ttctggcggaccctccgtgttctgttcccccaagcccaggacaccctgatgatcagccgga ccccgaagtgacctgcgtggtggtggtatgttcccaggaagatcccaggtgagttcaattggt acgtggacggcgtggaagtcacaacgccaagaccaagcccagagaggaacagttcaaacg cactaccgggtggtgctccgtgctgaccgtgctgaccaggaactggtgctaacggcaagagata agtgaaggtgccaacaagggcctgcccagctccatcgagaaaacctacagcaaggccaag gcccagcccgcgagcctcaagtgtgacctgcccctagccaggaagagatgaccaagaacc aggtgcccctgagctgtgcccgtgaaagccttaccaccagcagcattgcccgtggaatgggagagc aacggccagcccgagaacaactacaagaccacccccctgtgctggacagcagcggcctattct tccgtgttccaagctgaccgtggacaagagccgggtggcaggaaggcaactgttctagctgctcc gtgatgcacgagggcctgcacaaccactacaccagaagtcctgtctgtcctgggcaag</p>	<p>SEQ ID NO: 476</p>
<p>Cadena ligera B</p>	<p>gactctgtgctgaccagagccctcacagcctgagcgtgacacctggcagagcgcagcagcatca gctgcaagagcagccactccctgatccacggcgaccggaacaactacctggcttggtacgtgca gaagcccggcagatccccagctgctgatctacctggccagcagagccagcggcgtgccc cgatagatcttctggcagcggcagcagcaaggacttaccctgaagatcagccgggtggaacc gaggacgtgggacactactactgtatgagggcagagagcccctggaccttggccaggggca ccaaggtggacatcaaggacaaaaccataaccgacatcgtgatgaccagacccccctgagcc tgagcgtgacacctggacagcctgcccagcatcagctgcaagagcagccagagcctggtgcaca acaacgccaacacctactgagctggtatctgcagaagcccggccagagccccagctccctgat ctacaaggttccaacagattcagcggcgtgcccagacagattctccggcagcggcctctggcaccg acttaccctgaagatcagccgggtggaagccgagcagctgggctgtactattgtggccagggc accagctacccttacccttggcagcggcaccaggtggaatcaaggataagaccataccc gtacggtggccgctcccagcgtgttcatcttcccactagcagcagcagctgaagtcgggcaca gcctctgtcgtgctgctgaacaacttacccccggagccaaagtgcagtggaaggtggac aacgcccctgagagcggcaacagccaggaagcgtgaccgagcagcagcagcaaggactcca cctacagcctgagcagcaccctgacactgagcaaggccgactacgagaagcacaaggtgtacg cctgcgaagtgaccaccagggcctgtctagcccgtgaccaagagcttcaaccggggcaggtg t</p>	<p>SEQ ID NO: 477</p>

Tabla A: secuencias CDR de las proteínas de unión

Ab	CDRH1	CDRH2	CDRH3	CDRL1	CDRL2	CDRL3
CD4BS "a"	dctln (SEQ ID NO: 248)	wikprggavnyarplqg (SEQ ID NO: 249)	gkncdynwdfeh (SEQ ID NO: 250)	rtsqygsia (SEQ ID NO: 266)	sgstraa (SEQ ID NO: 267)	qqyef (SEQ ID NO: 268)
CD4BS "b"	GYFTTAHI (SEQ ID NO: 251)	IKPQYGAV (SEQ ID NO: 252)	drsygdsswalda (SEQ ID NO: 253)	QGVGSD (SEQ ID NO: 269)	HTS (SEQ ID NO: 270)	qvlqf (SEQ ID NO: 271)
MPER	gfdfdnaw (SEQ ID NO: 254)	itgppegwsv (SEQ ID NO: 255)	tpkydydfwspypgeeyfqd (SEQ ID NO: 256)	rgdlsrshyas (SEQ ID NO: 272)	pknnrps (SEQ ID NO: 273)	ssrdksgrlsv (SEQ ID NO: 274)
dir. V1/V2 "a"	GNTLKYTD (SEQ ID NO: 257)	ISHEGDKK (SEQ ID NO: 258)	cakgskhrirdyalyddgalnwavdvdylnlefw (SEQ ID NO: 259)	hslihgdrnny (SEQ ID NO: 275)	las (SEQ ID NO: 276)	cmqgrespwtf (SEQ ID NO: 277)
dir. a V3	SGASISDSY (SEQ ID NO: 260)	VHKS GDT (SEQ ID NO: 261)	ARTLHGRRIYGVAFNEWFTYFYMDV (SEQ ID NO: 262)	SLGSRA (SEQ ID NO: 278)	NNQ (SEQ ID NO: 279)	HIWDSRVPTKWV (SEQ ID NO: 280)
dir. V1/V2 "b"	QFRFDGYG (SEQ ID NO: 263)	ISHDGKK (SEQ ID NO: 264)	CAKDLREDECEEWSDYYDFGKQLPCA SRGGVLGIADNW (SEQ ID NO: 265)	TSNIGNNF (SEQ ID NO: 281)	ETD (SEQ ID NO: 282)	atwaasfssarv (SEQ ID NO: 283)

Ab	CDRH1	CDRH2	CDRH3	CDRL1	CDRL2	CDRL3
Anti-CD28	GYTFTSY (SEQ ID NO: 479)	IYPGNVNT (SEQ ID NO: 480)	trshygl dwnfdv (SEQ ID NO: 481)	QNIYVW (SEQ ID NO: 488)	KAS (SEQ ID NO: 489)	qqgqtypyt (SEQ ID NO: 490)
Anti-CD28	GFSLSDYG (SEQ ID NO: 482)	IWAGGGT (SEQ ID NO: 483)	ardkgyssyysmd (SEQ ID NO: 484)	ESVEYYVTS (SEQ ID NO: 491)	AAS (SEQ ID NO: 492)	qqsrkvpyt (SEQ ID NO: 493)
Anti-CD3	GFTFTKAW (SEQ ID NO: 485)	IKDKSNS (SEQ ID NO: 486)	rgvyyal spfdy (SEQ ID NO: 487)	QSLVHNNANTY (SEQ ID NO: 494)	KVS (SEQ ID NO: 495)	gggtqyp (SEQ ID NO: 496)

Tabla B: secuencias CDR de los anticuerpos parentales

Ab	CDR_H1	CDR_H2	CDR_H3	CDR_L1	CDR_L3
CD4BS "a"	DCTLN (SEQ ID NO: 248)	LKPRGGAVNYARPLQ (SEQ ID NO: 497)	GKNCYNWDFEH (SEQ ID NO: 250)	RTSQYGLA (SEQ ID NO: 266)	QQYEF (SEQ ID NO: 268)
CD4BS "b"	GYFTTAHI (SEQ ID NO: 251)	IKPQYGAV (SEQ ID NO: 252)	DRSYGDSSWALDA (SEQ ID NO: 253)	QGVGSD (SEQ ID NO: 269)	QVLQF (SEQ ID NO: 271)
MPER	GFDFNAW (SEQ ID NO: 254)	ITGPGEWSV (SEQ ID NO: 255)	TGKYDFWWSGYPPEEYFQD (SEQ ID NO: 256)	SLRSHY (SEQ ID NO: 500)	SSRDKSGRSLV (SEQ ID NO: 274)
MPER_100W	GFDFNAW (SEQ ID NO: 254)	ITGPGEWSV (SEQ ID NO: 255)	TGKYDFWWSGYPPEEYFQD (SEQ ID NO: 498)	SLRSHY (SEQ ID NO: 500)	SSRDKSGRSLV (SEQ ID NO: 274)
Dirigido a V1/V2 "a"	GNTLKYD (SEQ ID NO: 257)	ISHEGDKK (SEQ ID NO: 258)	CAKGSKRLRLDYALYDDDGAL NWAVDYLNLSEFW (SEQ ID NO: 259)	HSLIHGRNNY (SEQ ID NO: 275)	CMQGRESPTWF (SEQ ID NO: 277)
Dirigido a V1/V2 "b"	QFRFDGYG (SEQ ID NO: 263)	ISHDGKK (SEQ ID NO: 264)	CAKDLREDECEEWWSYDF GKQLPCAHSRGLVGIADNW (SEQ ID NO: 265)	TSNIGNNF (SEQ ID NO: 281)	ATWAASLSARV (SEQ ID NO: 283)
Dirigido a V3	GASISDSY (SEQ ID NO: 499)	VHKSGDT (SEQ ID NO: 261)	ARTLHGRRIYGIVAFNEWFTYF YMDV (SEQ ID NO: 262)	SLGSRA (SEQ ID NO: 278)	HIWDSRVP TKWV (SEQ ID NO: 280)
CD28	GYFTFSY (SEQ ID NO: 479)	IYPGNVNT (SEQ ID NO: 480)	TRSHYGLDWNFDV (SEQ ID NO: 481)	QNIYVW (SEQ ID NO: 488)	QQGOTPYT (SEQ ID NO: 490)
CD28_2	GFSLSDYG (SEQ ID NO: 482)	IWAGGGT (SEQ ID NO: 483)	ARDKGSYYYSMD (SEQ ID NO: 484)	ESVEYYTSL (SEQ ID NO: 491)	QQSRKVPYT (SEQ ID NO: 493)
CD3	GFTFTKAW (SEQ ID NO: 485)	IKDKSNS (SEQ ID NO: 486)	RGVYALSPFDY (SEQ ID NO: 487)	QSLVHNNANTY (SEQ ID NO: 494)	GQGTQYP (SEQ ID NO: 496)

Tabla C: Secuencias de dominio variable de anticuerpos parentales

Nombre de Ab	V _H	V _L
CD4BS "a"	QVQLVQSGGQLMKPKGLSMIRISCRASGVEYFDCTLNWIRLAP GKRPEWVGWIKPQYGA VNYARPLQGRVITMIRDVYSIDTAF LELRSITVDDTAVYFCTRGKNCYDYNWDFEHWGRGTPVIVS S (SEQ ID NO: 502)	LIVLTQSPGTLSPGLTALISCRISDYGS LA WYQQ RPGQAPRLVYSGSTRAGIPDRFSGSRWGPDYNL TISNLESGDFGVYYCCQQLTEFFGGQTKVQVDIK (SEQ ID NO: 512)
CD4BS "b"	RAHLVQSGTAMKKPGASVRSVSCQTSQYTFETAHLFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGA VNFGGGRDRVTLTRD VYREIAY MDIRGLKPD DTA VYCARDRSYGDSSWALDAWGGQTTVV VSA (SEQ ID NO: 503)	YIHVTSQSPSSI SVSIGDRVTNQCQTSQGVGSDI HW YQHKPGRAPKLLIHHTSSVFDGVPSPRISGSGHITS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQDFGRGSRLLHIK (SEQ ID NO: 513)
CD4BS "b" (Aglicano)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRSVSCQTSQYTFETAHLFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGA VNFGGGRDRVTLTRD VYREIAY MDIRGLKPD DTA VYCARDRSYGDSSWALDAWGGQTTVV VSA (SEQ ID NO: 503)	YIHVTSQSPSSI SVSIGDRVTNQCQTSQGVGSDI HW YQHKPGRAPKLLIHHTSSVFDGVPSPRISGSGHITS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQDFGRGSRLLHIK (SEQ ID NO: 514)
CD4BS "b" (Aisomerización D55E)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRSVSCQTSQYTFETAHLFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGA VNFGGGRDRVTLTRD VYREIAY MDIRGLKPD DTA VYCARDRSYGDSSWALDAWGGQTTVV VSA (SEQ ID NO: 503)	YIHVTSQSPSSI SVSIGDRVTNQCQTSQGVGSDI HW YQHKPGRAPKLLIHHTSSVEFEGVPSRFSGSGFHTS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQDFGRGSRLLHIK (SEQ ID NO: 515)
CD4BS "b" (Aisomerización G56A)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRSVSCQTSQYTFETAHLFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGA VNFGGGRDRVTLTRD VYREIAY MDIRGLKPD DTA VYCARDRSYGDSSWALDAWGGQTTVV VSA (SEQ ID NO: 503)	YIHVTSQSPSSI SVSIGDRVTNQCQTSQGVGSDI HW YQHKPGRAPKLLIHHTSSVEDAVPSRFSGSGFHTS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQDFGRGSRLLHIK (SEQ ID NO: 516)
CD4BS "b" (Aglicano / Aisomerización D55E)	RAHLVQSGTAMKKPGASVRSVSCQTSQYTFETAHLFWFRQAP GRGLEWVGWIKPQYGA VNFGGGRDRVTLTRD VYREIAY MDIRGLKPD DTA VYCARDRSYGDSSWALDAWGGQTTVV VSA (SEQ ID NO: 503)	YIHVTSQSPSSI SVSIGDRVTNQCQTSQGVGSDI HW YQHKPGRAPKLLIHHTSSVFDGVPSPRISGSGHITS FNLTISDLQADDIATYYCQVLQDFGRGSRLLHIK (SEQ ID NO: 517)
MPER	EVRLVESGGGLVFRGGSLRLSCSASGFDIFD NAWVTWVRQP PKKGLIEWVGRITGPGEGWSDYAESVKGRFTISRDNKNTL YLEMNNVRTEDTGYFCARTGKYDFWGSYPPGEEYFOD WGQGTIVVSS (SEQ ID NO: 504)	ASELTQDPAVSVALKQTVTTCRGDLSRSHYASW YQKKPQAPVLLFYGKNNRPSGIPDRFSGSASGN RASLITITGAQAEDEADYYCSSRDKSGSRLSVFEGG GTKLTVL (SEQ ID NO: 518)
MPER_100W	EVRI VESGGGLVFRPGGSLRI SCASGFDIFD NAWVTWVRQP PKKGLIEWVGRITGPGEGWSDYAESVKGRFTISRDNKNTL YLEMNNVRTEDTGYFCARTGKYDFWVGYPPGEEYFOD WGQGTIVVSS (SEQ ID NO: 505)	ASFI TQDPAVSVALKQTVTTCRGDLSRSHYASW YQKKPQAPVLLFYGKNNRPSGIPDRFSGSASGN RASLITITGAQAEDEADYYCSSRDKSGSRLSVFEGG GTKLTVL (SEQ ID NO: 518)

Nombre de Ab	V _H	V _L
Dirigido a V1/V2 "a"	QVHLTQSGPEVVRKPGTSVVKVSKAPGNTLKYDILHWVRSV PGQGLQWVGWISHEGDKKVVVERFKAVTIDWDRSNTIAY LQLSGLTSGDTAVVYCAKGSKURKDYALYDDGALAWA VDVDLSNLEFWGQTAVTVSS (SEQ ID NO: 506)	DFVLTQSPHLSLVTPGESASISCKSSHSLHGDNRNN YLAWVYQKPGRSPQLLIYLASSRAVSGVPDRFSGS GSDKDFTLKISRVELEDVGTYYCMOGRSPWTFG OGTKVDIK (SEQ ID NO: 519)
Dirigido a V1/V2 "b"	QVQLVESGGGVVQPGTSLRSLSCAASQFRPDGYGMHWVRQ APGKLEWVASISHDGIKLYHAERVWGRFTISRDNKNTLY LQMNLRPLDTALYYCAKDLRLEDECELEWASDYDIDGKQLP CAKSRGGLVGIADNWQQTMTVTVSS (SEQ ID NO: 507)	QSVLTQPPSVSAAPGQKVTISCGVTSNIGNNFVS WYQRPGRAPQLLIYEDKRPSPGIDRFSASKSCT SCTLAITGLQGTDEADYYCATWAAASLSRARVIGT GTKVIVL (SEQ ID NO: 520)
Dirigido a V3	QMQIQPSGPGIVRPSFTI ¹ SLTCSVSGASISDSVWSWRRSPG KGLEWIGYVHKSGDINYSPLSKRVNLSLDTSKVQVLSLV AATAADSGKYVCARTLHGRRIYGI ² AFNEWFTVYMDVW GNGTQTVTVSS (SEQ ID NO: 508)	SDISVAPGETARISCGFKESI ³ GSRAVOWYQHRAGQ AFSLIYNQDRFSGIPERFSGSPDPFGTTATLIT SVEAGDEADYYCHW ⁴ DSRVTKWVFGGCTLTV I. (SEQ ID NO: 521)
CD28	QVQLVQSGAEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYIHWRQA PGQGLEWIGSIYPGVNTNYAQKPCRA ¹ TLTVDTISITAYM ELRLKSDDTAVYCYTRSHYGLDWNEDVWGGKGTITVTVSS (SEQ ID NO: 509)	DIQMTQSPSSLSASVGDIVTITCOASQNIYVWLN WYQQKPGKAPKLLIYKASNLHTGVPSRFSGSG TIDFTI ² ITSIQPEMIA ³ TYCQQGQTYPTITFGQGTK LEIK (SEQ ID NO: 522)
CD28_2	QVQLQESGPGLVVRPQTL ¹ SLTCTVSGESLSDYGVHWVRQPP GKGLFWIGVIWAGGGINYNPSIKSRKTSKDTSKNQVSIKL SSVTAADTAVYYCARDKGYSYYSMDYWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 510)	DIVI ² TQSPA ³ SI ⁴ VSPGQRA ⁵ TTTCRA ⁶ SESEVEYYVTS LMQWYQKPGQP ⁷ KLLIF ⁸ AASNVEGV ⁹ PARFSGS GSGTDFLTINPVEANDV ¹⁰ AVYYCQ ¹¹ QSRKVPY ¹² ITFG QGTKLEIK (SEQ ID NO: 523)
CD3	QVQLVESGGGVVQPGKSLRSLSCAASGFTFTKAWMHWVRQ APGKLEWVAQIKD ¹ SN ² SYAT ³ YADSVKGRFTISRD ⁴ SKNT LYLQMNLSLRAEDTA ⁵ VYCRGVY ⁶ YALSPE ⁷ DYWGQGT ⁸ LVTV SS (SEQ ID NO: 511)	DIVMTQPLSLSVTPGPASISCKSSQSLVHNNAN TYLSWYLOKPGQSPQSLIYKYNRFGV ¹ VPDRFSGS GSGTDFLTKISRV ² EADV ³ GVVY ⁴ CGG ⁵ IOY ⁶ PF ⁷ ITFG SGTKVEIK (SEQ ID NO: 524)

Las secuencias CDR están subrayadas.

Las modificaciones del dominio variable se muestran en negrita y cursiva.

LISTADO DE SECUENCIAS

- <110> Yang, Zhi-Yong
Nabel, Gary J.
Xu, Ling
- 5 Wei, Ronnie
Qui, Huawei
Beninga, Jochen
Kruip, Jochen
Rao, Ercole
- 10 Leuschner, Wulf Dirk
Beil, Christian
Lange, Christian
Connors, Mark
Mascola, John R.
- 15 Koup, Richard A.
Huang, Jinghe
Doria-Rose, Nicole A.
Zhou, Tongqing
Kwong, Peter D.
- 20 Kwon, Young Do
Pegu, Amarendra
<120> Proteínas de unión triespecíficas y/o trivalentes para la prevención o tratamiento de la infección por VIH
<130> 183952027041
<140> No asignado aún
- 25 <141> simultáneamente con la presente
<160> 526
<170> FastSEQ para la Versión 4.0 de Windows
<210> 1
<211> 450
- 30 <212> PRT
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Constructo sintético
<400> 1

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
 Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
 Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
 Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115 120 125
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130 135 140
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165 170 175
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180 185 190
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195 200 205
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210 215 220
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225 230 235 240
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245 250 255
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu
 420 425 430
 His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

<210> 2

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

ES 2 894 304 T3

<400> 2

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 3

5 <211> 611

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 3

ES 2 894 304 T3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130 135 140
 Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165 170 175
 Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180 185 190
 Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195 200 205
 Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210 215 220
 Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225 230 235 240
 Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245 250 255
 Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260 265 270

Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 4

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 4

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60

ES 2 894 304 T3

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
 115 120 125
 Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
 130 135 140
 Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
 145 150 155 160
 Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165 170 175
 Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
 180 185 190
 Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
 195 200 205
 Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 210 215 220
 Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 5

<211> 1350

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 5

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60
 agctgcagag ccagcgggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
 cctggaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180
 gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240
 ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
 aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcaccctgt gatcgtgtca 360
 agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420
 ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 480
 tcctggaatt ctggcgcctt gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540
 agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 600
 acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaaacca aggtggaaa gaagtgga 660
 cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccctgtc ctgccccga actgctggga 720
 ggccttccg tgttctgtt cccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780
 cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840
 tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac 900
 aacagcacct accgggtggt gtcctgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960

ES 2 894 304 T3

```

aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg ccccatcga gaaaaccatc 1020
agcaaggcca agggccagcc cgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcaggac 1080
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtga caagtcccg 1260
tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgctgcacg aggccctgca cagccactac 1320
accagaagt ccctgagcct gagccccggc

```

<210> 6

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 6

```

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcagggtg 300
gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcattt tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt

```

10 <210> 7

<211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 7

ES 2 894 304 T3

gaggttagac	tggtggagtc	aggagggggg	cttgtgaagc	ccggtgggtc	tctccgcctg	60
agctgttctg	cctccggcct	tgatttcgat	aacgcctgga	tgacctgggt	caggcagcct	120
ccaggtaaag	gactggagtg	ggtgggaaga	atcacaggtc	caggcgaggg	ctggtccgtg	180
gactacgcgg	aatctgttaa	agggcggttt	acaatctcaa	gggacaatac	caagaatacc	240
ttgtatttgg	agatgaacaa	cgtgagaact	gaagacaccg	gatattactt	ctgtgccaga	300
acaggcaaat	actacgactt	ctgggtccggc	tatccccctg	gcgaggaata	ttttcaagac	360
tggggtcagg	gaacccttgt	tatcgtgtcc	tccgacaaaa	cccataccca	ggtgcacctg	420
acacagagcg	gacccgaagt	gcggaagcct	ggcacctctg	tgaaggtgtc	ctgcaaggcc	480
cctggcaaca	ccctgaaaac	ctacgacctg	cactgggtgc	gcagcgtgcc	aggacagggg	540
ctgcagtgga	tgggctggat	cagccacgag	ggcgacaaga	aagtgatcgt	ggaacggttc	600
aaggccaag	tgaccatcga	ctgggacaga	agcaccaaca	ccgcctacct	gcagctgagc	660
ggcctgacct	ctggcgatag	cgccgtgtac	tactgcgcca	agggcagcaa	gcaccggctg	720
agagactacg	cctgttacga	cgatgacggc	gcctgaact	gggcccgtga	tgtggactac	780
ctgagcaacc	tggaattctg	gggcccaggc	acagccgtga	ccgtgtcatc	tgataagacc	840
cacaccgctt	ccaccaaggg	cccatcggtc	ttccccctgg	cacctcctc	caagagcacc	900
tctgggggca	cagcggccct	gggctgcctg	gtcaaggact	acttccccga	accggtgacg	960
gtgtcgtgga	actcagggcg	cctgaccagc	ggcgtgcaca	ccttccccgg	tgtcctacag	1020
tcctcaggac	tctactccct	cagcagcgtg	gtgaccgtgc	cctccagcag	cttgggcacc	1080
cagacctaca	tctgcaacgt	gaatcacaa	cccagcaaca	ccaaggtgga	caagaaagt	1140
gagcccaaat	cttgtgacaa	aactcacaca	tgcccaccgt	gcccagcacc	tgaactcctg	1200
gggggaccgt	cagtcttctc	cttcccccca	aaacccaagg	acaccctcat	gatctcccgg	1260
accctgagg	tcacatgcgt	ggtgggtggc	gtgagccacg	aagaccctga	ggtcaagttc	1320
aactggtatg	ttgacggcgt	ggaggtgcat	aatgccaaga	caaagcccgg	ggaggagcag	1380
tacaacagca	cgtaccgtgt	ggtcagcgtc	ctcaccgtcc	tgaccaggga	ctggctgaat	1440
ggcaaggagt	acaagtgcaa	ggtctccaac	aaagccctcc	cagcccccat	cgagaaaacc	1500

atctccaaag	ccaaagggca	gccccgagaa	ccacaggtgt	acaccctgcc	cccatgccgg	1560
gatgagctga	ccaagaatca	agtcagcctg	tggtgcctgg	taaaaggctt	ctatcccagc	1620
gacctgcgcg	tggagtggga	gagcaatggg	cagccggaga	acaactaaa	gaccacgcct	1680
cccgtctctg	actccgacgg	ctccttcttc	ctctactcaa	aactcaccgt	ggacaagagc	1740
aggtggcagc	aggggaacgt	cttctcatgc	tccgtgctgc	atgaggctct	gcacagccac	1800
tacacgcaga	agagcctctc	cctgtctccg	ggt			1833

<210> 8

<211> 1014

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 8

gacttcgtgc	tgaccagag	ccctcacagc	ctgagcgtga	cacctggcga	gagcggcagc	60
atcagctgca	agagcagcca	ctccctgatc	cacggcgacc	ggaacaacta	cctggcttgg	120
tacgtgcaga	agcccggcag	atccccccag	ctgctgatct	acctggccag	cagcagagcc	180
agcggcgtgc	ccgatagatt	ttctggcagc	ggcagcgaca	aggacttcac	cctgaagatc	240
agccgggtgg	aaaccgagga	cgtgggcacc	tactactgta	tgcagggcag	agagagcccc	300
tggacctttg	gccagggcac	caaggtggac	atcaaggaca	aaaccatac	cgcatccgaa	360
ctgactcagg	accctgccgt	ctctgtggca	ctgaagcaga	ctgtgactat	tacttgccga	420
ggcgactcac	tgcggagcca	ctacgcttcc	tggtatcaga	agaaacccgg	ccaggcacct	480
gtgctgctgt	tctacggaaa	gaacaatagg	ccatctggca	tccccgaccg	cttttctggc	540
agtgcatcag	ggaaccgagc	cagtctgacc	attaccggcg	cccaggctga	ggacgaaagc	600
gattactatt	gcagctcccg	ggataagagc	ggctccagac	tgagcgtgtt	cggaggagga	660
actaaactga	ccgtcctcga	taagaccat	accctgacgg	tggccgctcc	cagcgtgttc	720
atcttcccac	ctagcgacga	gcagctgaag	tccggcacag	cctctgtcgt	gtgcctgctg	780
aacaacttct	acccccgcga	ggccaaagtg	cagtggaagg	tggacaacgc	cctgcagagc	840
ggcaacagcc	aggaaagcgt	gaccgagcag	gacagcaagg	actccaccta	cagcctgagc	900
agcaccctga	cactgagcaa	ggccgactac	gagaagcaca	aggtgtacgc	ctgcgaagtg	960
accaccaggg	gcctgtctag	ccccgtgacc	aagagcttca	accggggcga	gtgt	1014

10

<210> 9

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 9

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1      5      10      15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20      25      30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35      40      45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50      55      60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65      70      75      80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100      105
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115      120      125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130      135      140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145      150      155      160

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165      170      175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180      185      190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195      200      205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210      215      220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225      230      235      240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245      250      255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260      265      270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275      280      285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290      295      300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305      310      315      320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325      330      335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340      345      350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355      360      365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370      375      380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385      390      395      400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405      410      415
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420      425      430
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435      440      445
Ser Pro Gly
 450

```

5

<210> 10

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 10

```

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
           20           25           30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
           35           40           45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65           70           75           80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
           85           90           95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
           100           105           110

Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
           115           120           125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
           130           135           140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145           150           155           160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
           165           170           175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
           180           185           190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
           195           200           205
Glu Cys
5           210

```

<210> 11

<211> 611

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 11

ES 2 894 304 T3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130 135 140
 Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165 170 175
 Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180 185 190
 Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195 200 205
 Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210 215 220
 Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225 230 235 240
 Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245 250 255
 Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260 265 270
 Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300

ES 2 894 304 T3

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 12

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 12

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
 115 120 125
 Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
 130 135 140
 Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
 145 150 155 160
 Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165 170 175
 Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
 180 185 190
 Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
 195 200 205
 Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 210 215 220
 Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 13

<211> 1353

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 13

agagcccacc tgggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgctgggtg 60
 tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
 ggcggaaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgctac 240
 atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgcccgtg actactgcgc cagagacaga 300
 agctaccggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgcccct ctacaaaggg cccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420
 tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
 gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgtgcag 540
 tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
 cagacctaca tctgcaactg gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
 gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtcccctt gtccctgcccc cgaactgctg 720
 ggagccctt cctgtttcct gttccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
 acccccgaag tgacctgcgt ggtggtgat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
 aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
 tacaacagca cctaccgggt ggtgtccctg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
 ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgccccat cgagaaaacc 1020
 atcagcaagg ccaagggcca gcccccgaa cccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080
 gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
 gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccaccccc 1200

 cctgtgctgg acagcgacgg ctccattctc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
 cgggtgcagc agggcaactg gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320
 tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

10

<210> 14

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 14

```
tacatccaag tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tgaagatgg cgtgccccagc 180
agatthtccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctcg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt                                     630
```

<210> 15

<211> 1833

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 15

```
gaggttagac tgggtggagtc aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggttaag gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgcbg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatthgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctgggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagc gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420
acacagagcg gaccgaagt ggcgaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
cctggcaaca cctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggg 540
ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggccaag tgaccatcga ctgggacaga agcacaaca ccgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg cctgtacga cgatgacggc ccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780
ctgagcaaac tggaaattct gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcgttc ttccccctgg caccctcctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcagggcg cctgaccagc ggctgcaca ccttccccgc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagt 1140
gagcccaaat ctgtgtgaaa aactcacaca tgcccaccgt gccagcacc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttccct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccg 1260
accctggag tccatagcgt ggtgggtggc gtgagccagc aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagcccg ggaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctaccctcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1500
atctccaaa ccaaaaggga gcccccagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatcatgctg caagaatca agtcagcctg tgggtgcctg taaaaggct ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccgggaga acaactaaa gaccacgct 1680
cccgtgctgg actcogacgg ctctctcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
```

15

```
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt                                     1833
```

<210> 16

<211> 1014

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 16

```

gacttcgtgc tgaccagag ccoctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgcacccgaa 360
ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccaggcacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga cgtcctcga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaag tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcacctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014
    
```

<210> 17

<211> 451

10 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 17

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1          5          10          15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20          25          30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50          55          60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65          70          75          80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100          105          110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115          120          125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130          135          140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145          150          155          160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165          170          175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180          185          190
    
```

15

ES 2 894 304 T3

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210 215 220
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225 230 235 240
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245 250 255
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 18

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 18

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140

ES 2 894 304 T3

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 19

<211> 611

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 19

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
 130 135 140
 His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro
 145 150 155 160
 Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp
 165 170 175
 Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
 180 185 190
 Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr
 195 200 205
 Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys
 210 215 220
 Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly
 225 230 235 240
 Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly
 245 250 255
 Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu
 260 265 270
 Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335

ES 2 894 304 T3

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 20

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 20

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20 25 30
 Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50 55 60
 Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
 85 90 95
 Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
 100 105 110
 His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr
 115 120 125

ES 2 894 304 T3

Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile
 130 135 140
 His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly
 145 150 155 160
 Arg Ser Pro Gln Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly
 165 170 175
 Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu
 180 185 190
 Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met
 195 200 205
 Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp
 210 215 220
 Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 21

<211> 1353

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 21

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
 tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
 ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgcctac 240
 atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgccc cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgcccct ctacaaagg cccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420
 tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtagcc 480
 gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540
 tccagcggcc tgtacagcct gagcagctc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
 cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
 gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
 ggaggccctt ccgtgttccct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
 acccccgaag tgacctgctt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
 aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
 tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
 ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
 atcagcaagg ccaagggcca gcccccgcaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080
 gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaggctt ctaccctcc 1140
 gatctgccc tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccacccc 1200
 cctgtgctgg acagcgacgg ctcatctctc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
 cgggtgcagc agggcaacgt gtccagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320
 tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

10 <210> 22

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 22

tacatccacg	tgaccagag	ccccagcagc	ctgtccgtgt	ccatcggcga	cagagtgacc	60
atcaactgcc	agacctctca	gggcgtgggc	agcgacctgc	actggtatca	gcacaagcct	120
ggcagagccc	ccaagctgct	gatccaccac	acaagcagcg	tggaagatgg	cgtgccccagc	180
agattttccg	gcagcggcct	ccacaccagc	ttcaacctga	ccatcagcga	tctgcaggcc	240
gacgacattg	ccacctacta	ttgtcagggtg	ctgcagttct	tcggcagagg	cagcagactg	300
cacatcaagc	gtacgggtggc	cgctcccagc	gtgttcatct	tcccacctag	cgacgagcag	360
ctgaagtccg	gcacagcctc	tgtcgtgtgc	ctgctgaaca	acttctaccc	ccgcgaggcc	420
aaagtgcagt	ggaaggtgga	caacgcctcg	cagagcggca	acagccagga	aagcgtgacc	480
gagcaggaca	gcaaggactc	cacctacagc	ctgagcagca	ccctgacact	gagcaaggcc	540
gactacgaga	agcacaaggt	gtacgcctgc	gaagtgaccc	accagggcct	gtctagcccc	600
5	gtgaccaaga	gcttcaaccg	gggcgagtgt			630

<210> 23

<211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 23

caggtgcacc	tgacacagag	cggaccggaa	gtgcggaagc	ctggcacctc	tgtgaagggtg	60
tcctgcaagg	cccctggcaa	caccctgaaa	acctacgacc	tgcactgggt	gcgcagcgtg	120
ccaggacagg	gactgcagtg	gatgggctgg	atcagccacg	agggcgacaa	gaaagtgatc	180
gtggaacggt	tcaaggccaa	agtgaccatc	gactgggaca	gaagcaccaa	caccgcctac	240
ctgcagctga	gcgccctgac	ctctggcgat	accgccgtgt	actactgcdc	caagggcagc	300
aagcaccggc	tgagagacta	cgccctgtac	gacgatgacg	gcgccctgaa	ctgggcccgtg	360
gatgtggact	acctgagcaa	cctggaattc	tggggccagg	gcacagccgt	gaccgtgtca	420
tctgacaaaa	cccataccga	ggttagactg	gtggagtca	gaggggggct	tgtgaagccc	480
gggtgggtctc	tccgctgag	ctgttctgcc	tccggctttg	atctcgataa	cgctgggatg	540
acctgggtca	ggcagcctcc	aggtaaggga	ctggagtggg	tgggaagaat	cacaggtcca	600
ggcgagggct	ggtccgtgga	ctacgcggaa	tctgttaaag	ggcggtttac	aatctcaagg	660
gacaatacca	agaataacct	gtatttgag	atgaacaacg	tgagaactga	agacaccgga	720
tattactctc	gtgccagaac	aggcaaatc	tacgacttct	ggtccggcta	tccccctggc	780
gaggaatatt	ttcaagactg	gggtcaggga	acctttgtta	tcgtgtcctc	cgataagacc	840
cacaccgctt	ccaccaagg	cccctcgctc	ttccccctgg	caccctcctc	caagagcacc	900
tctgggggca	cagcggccct	gggctgcctg	gtcaaggact	acttccccga	accggtgacg	960
gtgtcgtgga	actcagggcg	cctgaccagc	ggcgtgcaca	ccttcccggc	tgtcctacag	1020
tcctcaggac	tctactccct	cagcagcgtg	gtgaccgtgc	cctccagcag	cttgggcacc	1080
cagacctaca	tctgcaacgt	gaatcacaag	cccagcaaca	ccaaggtgga	caagaaagtt	1140
gagcccaaat	cttgtgacaa	aactcacaca	tgcccaccgt	gcccagcacc	tgaactcctg	1200
gggggaccgt	cagtcttctc	cttcccccca	aaaccacaag	acaccctcat	gatctcccgg	1260
accctgagg	tcacatgcgt	ggtggtggac	gtgagccacg	aagaccctga	ggtcaagttc	1320
aactggtatg	ttgacggcgt	ggaggtgcat	aatgccaaga	caaagcccg	ggaggagcag	1380
tacaacagca	cgtaccgtgt	ggtcagcgtc	ctcaccgtcc	tgcaccagga	ctggctgaat	1440
ggcaaggagt	acaagtgcaa	ggtctccaac	aaagccctcc	cagcccccat	cgagaaaacc	1500
atctccaag	ccaaggggca	gccccgagaa	ccacaggtgt	acaccctgcc	cccatgccgg	1560
gatgagctga	ccaagaatca	agtacgcctg	tggtgcctgg	taaaaggctt	ctatcccagc	1620
gacatcgccg	tggagtggga	gagcaatggg	cagccggaga	acaactaaa	gaccacgcct	1680
cccgtgctgg	actccgacgg	ctccttcttc	ctctactcaa	aactcaccgt	ggacaagagc	1740
aggtggcagc	aggggaacgt	cttctcatgc	tccgtgctgc	atgaggctct	gcacagccac	1800
tacacgcaga	agagcctctc	cctgtctccg	ggt			1833

<210> 24

15 <211> 1014

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 24

```

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaaccggc 120
caggcacctg tgctgctggt ctacggaaag aacaataggg catctggcat ccccgaccgc 180
ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
ggagaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaaccata ccgacttcgt gctgaccag 360
agccctcaca gcctgagcgt gacacctggc gagagcgcca gcatcagctg caagagcagc 420
cactccctga tccacggcga ccggaacaac tacctggctt ggtacgtgca gaagcccggc 480
agatccccc agctgctgat ctacctggcc agcagcagag ccagcggcgt gcccgataga 540
ttttctggca gcggcagcga caaggacttc accctgaaga tcagccgggt ggaaaccgag 600
gacgtgggca cctactactg tatgcagggc agagagagcc cctggacctt tggccagggc 660
accaaggtgg acatcaagga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcacctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
5 acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

```

<210> 25

<211> 450

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 25

```

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1          5          10
Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20          25          30
Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35          40          45
Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50          55          60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65          70          75
Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85          90          95
Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100         105         110
Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115         120         125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130         135         140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145         150         155
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165         170         175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180         185         190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195         200         205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210         215         220

```

ES 2 894 304 T3

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225 230 235 240
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245 250 255
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
 420 425 430 435
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

<210> 26

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 26

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175

ES 2 894 304 T3

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 27

<211> 611

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 27

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130 135 140
 Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165 170 175
 Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180 185 190
 Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195 200 205
 Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210 215 220
 Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225 230 235 240
 Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245 250 255
 Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260 265 270
 Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365

ES 2 894 304 T3

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 28

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 28

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
 115 120 125
 Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
 130 135 140
 Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
 145 150 155 160

ES 2 894 304 T3

Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165 170 175
 Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
 180 185 190
 Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
 195 200 205
 Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 210 215 220
 Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 29

<211> 1350

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 29

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60
 agctgcagag ccagcgggcta cgagttcacc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
 cctggcaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180
 gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240
 ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
 aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360
 agcgcgtoga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctacgagcaa gagcacatct 420
 ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 480
 tcctggaatt ctggcggcct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540
 agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccacg 600
 acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 660
 cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgccccgga actgctggga 720
 ggcccttccg tgttcctggt ccccccaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780
 cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840
 tggtagctgg acggcgtgga agtgacaac gcccaagaca agccaagaga ggaacagtac 900
 aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960
 aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg ccccatcga gaaaaccatc 1020
 agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1080
 gagctgacca agaaccaggt gtcctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
 atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
 gtgctggaca gcgacggctc attcttctct gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260
 tggcagcagg gcaacgtggt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctcga caaccactac 1320
 accagaagt ccctgagcct gagccccggc 1350

10 <210> 30

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 30

```

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggg atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300
gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcacat tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgagggc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctcg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt                                     630
    
```

<210> 31

5 <211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 31

```

gaggtagac tggaggagt caggaggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
agctgtctcg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccagtaaagg gactggagt ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgagg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctgggtgggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tgggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420
acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
cctggcaaca cctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggc 540
ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggcctaac tgaccatcga ctgggacaga agcacaaca ccgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg cctgtacga cgatgacggc gcctgaact gggcctgga tgtggactac 780
ctgagcaacc tggaaattct gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttccccctgg caccctctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaa cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140
gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccagcacc tgaactcctg 1200
gggggacogt cagtcttctt cttccccca aaaccaagg acaccctcat gatctccgg 1260
accctgagg tcacatgctt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgag ggaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1500
atctcctaaag ccaaagggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tgggtgcctg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccacgctt 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctcttctctc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt                                     1833
    
```

<210> 32

<211> 1014

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 32

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgacg cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgcacccgaa 360
ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccaggcacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccaggg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014
    
```

<210> 33

5 <211> 450

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 33

```

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1          5          10          15
Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20          25          30
Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35          40          45
Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50          55          60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65          70          75          80
Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85          90          95
Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100         105         110
Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115         120         125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130         135         140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145         150         155         160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165         170         175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180         185         190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195         200         205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210         215         220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225         230         235         240
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245         250         255
    
```


Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
 420 425 430
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

<210> 34

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 34

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205

Glu Cys
 210

<210> 35

<211> 602

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 35

```

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1          5          10          15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20          25          30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50          55          60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65          70          75          80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85          90          95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
 100         105         110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115         120         125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly
 130         135         140
Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val
 145         150         155         160
Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser
 165         170         175
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp
 180         185         190
Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp
 195         200         205
Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala
 210         215         220
Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile
 225         230         235         240
Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp
 245         250         255
Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His
 260         265         270
Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
 275         280         285
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
 290         295         300
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
 305         310         315         320
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
 325         330         335
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
 340         345         350
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
 355         360         365
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
 370         375         380
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 385         390         395         400

```

ES 2 894 304 T3

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 405 410 415
 Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
 420 425 430
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 435 440 445
 Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 450 455 460
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 465 470 475 480
 Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 485 490 495
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
 500 505 510
 Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
 515 520 525
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 530 535 540
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 545 550 555 560
 Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
 565 570 575
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 580 585 590
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 595 600

<210> 36

<211> 331

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 36

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
 1 5 10 15
 Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
 20 25 30
 Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
 35 40 45
 Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
 50 55 60
 Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
 65 70 75 80
 Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
 85 90 95
 Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
 100 105 110
 Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val
 115 120 125
 Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
 130 135 140
 Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys
 145 150 155 160
 Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser
 165 170 175
 Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu
 180 185 190
 Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser
 195 200 205

ES 2 894 304 T3

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr
 210 215 220
 Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
 225 230 235 240
 Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
 245 250 255
 Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
 260 265 270
 Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
 275 280 285
 Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
 290 295 300
 Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 37

<211> 1350

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 37

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60
 agctgcagag ccagcgggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
 cctggcaagc ggcttgagtg gatgggatgg ctgaagccta gagggcgagc cgtgaactac 180
 gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacacgca taccgccttc 240
 ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
 aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcaccctgt gatcgtgtca 360
 agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctacgagcaa gagcacatct 420
 ggcggaacag ccgccctggg gtgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480
 tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtc 540
 agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 600
 acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaagtgga 660
 cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 720
 ggcccttccg tgttctgtt cccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780
 cccgaagtga cctgcgtggt ggtgatgtg tcccacgag accctgaagt gaagtcaat 840
 tggtagctgg acggcgtgga agtgacaca gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900
 aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960
 aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgctg ccccatcga gaaaaccatc 1020
 agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc cagtggtgca cactgcccc aagcagggac 1080
 gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
 atgcgctggg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
 gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtga caagtcccgg 1260
 tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1320
 acccagaagt ccctgagcct gagccccgc 1350

10 <210> 38

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 38

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
 atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
 gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180

ES 2 894 304 T3

agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
 ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300
 gacatcaagc gtacgggtgc cgctcccagc gtgttcacat tcccacctag cgacgagcag 360
 ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgtgaaaca acttctacc cgcgagggcc 420
 aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
 gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
 gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
 gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 39

<211> 1806

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 39

gaggttagac tggaggagt c aggaggggg cttgtgaagc cgggtgggtc tctccgctg 60
 agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
 ccagtaagg gactggagt ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
 gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
 ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
 acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
 tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420
 caggagagcg gcctggact cgtgaagccc agcagagacc tgagcctgac atgcagcgtg 480
 agcggcgcca gcatacagca cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540
 ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600
 tccagggtga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660
 gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720
 tacggcatcg tggccttcaa cgagtgttc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780
 ggcacccagg tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840
 gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900
 ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960
 agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 1020
 gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080
 aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140
 acatgcccac cgtgccccag acctgaactc ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200
 ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtgggtg 1260
 gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag ttcaactgg atgttgacgg cgtggagggtg 1320
 cataatgcca agcaaaagcc gcgggagag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380
 gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440
 aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500
 gaaccacagg tgtacaccct gccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtacgc 1560
 ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcagacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620
 gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680
 ttctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740
 tgctccgtg tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800
 ccgggt 1806

10 <210> 40

<211> 993

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 40

ES 2 894 304 T3

```

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60
ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120
tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaaag ccccgacagc 180
cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240

tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt gggtgtttg cggcggcacc 300
accctgaccg tgcctggaaa aaccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccctc 360
tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420
tacgcttctt ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480
aacaataggc catctggcat ccccgaccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540
agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600
gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660
aagaccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720
cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgctgctga acaacttcta cccccgcgag 780
gccaaagtgc agtgggaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840
accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900
gccgactacg agaagcaciaa ggtgtacgcc tgcaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960
cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

```

<210> 41

<211> 450

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 41

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
 Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
 Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
 Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115 120 125
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130 135 140
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165 170 175
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180 185 190
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195 200 205
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210 215 220
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225 230 235 240
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245 250 255
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
 420 425 430
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

<210> 42

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

ES 2 894 304 T3

<400> 42

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 43

<211> 611

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 43

ES 2 894 304 T3

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
20 25 30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
50 55 60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
130 135 140
His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Leu Val Lys Pro
145 150 155 160
Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp
165 170 175
Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
180 185 190
Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr
195 200 205
Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys
210 215 220
Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly
225 230 235 240
Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly
245 250 255
Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu
260 265 270
Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
275 280 285
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
290 295 300
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
305 310 315 320
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
325 330 335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
340 345 350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
355 360 365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
370 375 380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385 390 395 400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
405 410 415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
420 425 430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
435 440 445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
450 455 460

ES 2 894 304 T3

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 44

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 44

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20 25 30
 Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50 55 60
 Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
 85 90 95
 Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
 100 105 110
 His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr
 115 120 125
 Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile
 130 135 140
 His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly
 145 150 155 160
 Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly
 165 170 175
 Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu
 180 185 190
 Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met
 195 200 205
 Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp
 210 215 220
 Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255

ES 2 894 304 T3

Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 45

<211> 1350

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 45

```

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60
agctgcagag ccagcggcta cgagttcate gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
cctggcaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gagggcgagc cgtgaactac 180
gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240
ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360
agcgcgtoga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420
ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480
tcctggaatt ctgggcacct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540
agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 600
acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaaaccca aggtggaaa gaagtgga 660
cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccttgtc ctgccccga actgctggga 720
ggccttccg tgttctgtt cccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780
cccgaagtga cctgcgtggt ggtgatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagtcaat 840
tggtaactgg acggcgtgga agtgacaaac gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac 900
aacagacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctg accaggactg gctgaacggc 960
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg ccccatcga gaaaaccatc 1020
agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1080
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
gtgctggaca gcgacggctc attcttctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccg 1260
tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgtctc gtgatgcacg aggcctgca caaccctac 1320
accagaagt ccctgagcct gagccccggc
    
```

10 <210> 46

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 46

```

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tctgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300
gacatcaagc gtacgggtgc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc ccgcgagggc 420
    
```

ES 2 894 304 T3

aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
 gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
 gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
 gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 47

<211> 1833

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 47

cagggtgcacc tgacacagag cggaccggaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60
 tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
 ccaggacagg gactgcagtg gatggcctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
 gtggaacggg tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
 ctgacagctga gggcctgac ctctggcgat accgcccgtg actactgccc caagggcagc 300
 aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggcccgtg 360
 gatgtggact acctgagcaa cctggaatc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
 tctgacaaaa cccataccga ggttagactg gtggagtca gaggggggct tgtgaagccc 480
 ggtgggtctc tccgcctgag ctgttctgcc tccggctttg atttcgataa cgcctggatg 540
 acctgggtca ggcagcctcc aggttaaggga ctggagtggg tgggaagaat cacaggtcca 600
 ggcgagggct ggtcogtggc ctacgcggaa tctgttaaag ggcggtttac aatctcaagg 660
 gacaatacca agaatacctt gtatttggag atgaacaacg tgagaactga agacaccgga 720
 tattacttct gtgccagaac aggcaaatc tacgacttct ggtggggcta tccccctggc 780
 gaggaatatt tcaagactg gggtcaggga acccttggtt tctgtctctc cgataagacc 840
 cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc tccccctgg caccctctc caagagcacc 900
 tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
 gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020
 tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
 cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagtt 1140
 gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccagcacc tgaactcctg 1200
 gggggaccgt cagtcttctc cttccccca aaacccaagg acaccctcat gatctcccgg 1260
 accctgagg tcacatgctt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
 aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgag ggaggagcag 1380
 tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctaccctcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
 ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1500
 atctccaaag ccaaggggca gccccagaaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
 gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggcgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620
 gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccacgctc 1680
 cccgtgctgg actccgacgg ctctctcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
 aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac 1800
 tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

10

<210> 48

<211> 1014

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15

<223> Constructo sintético

<400> 48

ES 2 894 304 T3

```

gcatccgaac tgactcagga cctgcccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttgcccag ggcactcact ggggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120
caggcacctg tgctgctggt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180
ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
ggagggaggaa ctaaaactgac cgtcctcgac aaaaccata ccgacttcgt gctgacccag 360
agccctcaca gcctgagcgt gacacctggc gagagcgcca gcatcagctg caagagcagc 420
cactccctga tccacggcga ccggaacaac tacctggctt ggtacgtgca gaagcccgcc 480

agatccccc agctgctgat ctacctggcc agcagcagag ccagcggcgt gccgataga 540
ttttctggca gggcagcga caaggacttc accctgaaga tcagccgggt ggaaaccgag 600
gacgtgggca cctactactg tatgcagggc agagagagcc cctggacctt tggccagggc 660
accaaggtgg acatcaagga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac cttagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccacctc cagcctgagc 900
agcacctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

```

<210> 49

<211> 450

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 49

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
 Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
 Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
 Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115 120 125
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130 135 140
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165 170 175
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180 185 190
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195 200 205
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210 215 220
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225 230 235 240
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245 250 255
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
 420 425 430
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

<210> 50

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

ES 2 894 304 T3

<400> 50

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 51

<211> 612

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 51

ES 2 894 304 T3

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser
20 25 30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65 70 75 80
Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
100 105 110
Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
115 120 125
Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser
130 135 140
Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys
145 150 155 160
Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser
165 170 175
Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly
180 185 190
Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp
195 200 205
Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr
210 215 220
Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg
225 230 235 240
Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala
245 250 255
Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr
260 265 270
Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly
275 280 285
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
290 295 300
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
305 310 315 320
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
325 330 335
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
340 345 350
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
355 360 365
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
370 375 380
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
385 390 395 400
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
405 410 415
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
420 425 430
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
435 440 445
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
450 455 460
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
465 470 475 480
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
485 490 495

ES 2 894 304 T3

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
 500 505 510
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln
 515 520 525
 Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
 530 535 540
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
 545 550 555 560
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
 565 570 575
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
 580 585 590
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
 595 600 605
 Leu Ser Pro Gly
 610

<210> 52

<211> 334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 52

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala
 115 120 125
 Arg Ile Ser Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp
 130 135 140
 Tyr Gln His Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn
 145 150 155 160
 Gln Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp
 165 170 175
 Ser Pro Phe Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala
 180 185 190
 Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro
 195 200 205
 Thr Lys Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys
 210 215 220
 Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
 225 230 235 240
 Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
 245 250 255
 Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
 260 265 270
 Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
 275 280 285

ES 2 894 304 T3

Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
 290 295 300
 Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
 305 310 315 320
 Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 53

<211> 1350

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 53

```
caggtgcagc tgggtcagtc tggcggccag atgaagaaac cggcgagag catgcggatc 60
agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
cctggcaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gagcgggagc cgtgaactac 180
gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240
ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcaccctgt gatcgtgtca 360
agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctacgagcaa gagcacatct 420
ggcggaaacag ccgcctcgtg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480
tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540
agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 600
acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaagtgga 660
cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccctgtc ctgccccga actgctggga 720
ggcccttccg tgttctgtt cccccaaag cccaaggaca cctgatgat cagccggacc 780
cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840
tggtagctgg acggcgtgga agtgacacaac gccaagacca agccaagaga ggaacagtac 900
aacagcacct accgggtggt gtccgtcgtg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgctg ccccatcga gaaaaccatc 1020
agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1080
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
atcgccgtgt actactgcca caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260
tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1320
accagaagt cctgagcct gagccccgc 1350
```

10 <210> 54

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 54

```
gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggoga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300
gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacct ccgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630
```

<210> 55

<211> 1836

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 55

```

cagatgcagc tgcaggagag cggccctgga ctcgtgaagc ccagcgagac cctgagcctg 60
acatgcagcg tgagcggcgc cagcatcagc gacagctact ggagctggat caggaggagc 120
cctggcaagg gcctggagtg gatcggctac gtgcacaaga gcggcgacac caactacagc 180
ccctccctga agtccagggt gaacctgtcc ctggacacca gcaagaacca ggtgagcctg 240
tccctggtgg ctgccacagc tgctgacagc ggcaagtact actgtgccag gaccctgcac 300
ggcaggagga tctacggcat cgtggccttc aacgagtggt tcacctactt ctacatggac 360
gtgtggggca acggcaccca ggtgaccgtg agctccgaca aaaccatac ccaggtgcac 420
ctgacacaga gcggacccga agtgcggaag cctggcacct ctgtgaaggt gtctctgcaag 480
gcccctggca acaccctgaa aacctacgac ctgcaactggg tgcgcagcgt gccaggacag 540
ggactgcagt ggatgggctg gatcagccac gaggcgaca agaaagtgat cgtggaacgg 600
ttcaaggcca aagtgacct cgactgggac agaagcacca acaccgcta cctgcagctg 660
agcggcctga cctctggcga taccgccgtg tactactcgc ccaaggcgag caagcacccg 720
ctgagagact acgcctgtg cgacgatgac ggcgcctga actgggcccgt ggatgtggac 780
tacctgagca acctggaatt ctggggccag ggcacagccg tgaccctgtc atctgataag 840
accacacccg ctccaccaaa gggcccctcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 900
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 960
acggctgtgt ggaactcagg gcacctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 1020
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagctggggc 1080
accagagcct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1140
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1200
ctggggggac cgtcagtcct cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 1260
cggacccttg agtccacatg cgtgggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaaac 1320
ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1380
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1440
aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagccc catcgagaaa 1500
accatctcca aagccaaagg gcagcccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatgc 1560
cgggatgagc tgaccaagaa tcaagttagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1620
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1680
cctccctgtc tggactccga cggctccttc ttctctact caaaactcac cgtggacaag 1740
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcattgaggc tctgcacaac 1800
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt
    
```

<210> 56

<211> 1002

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 56

```

gacttcgtgc tgaccacagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggoga gagcgcagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cagggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccagc ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac ctccgacatc 360
agcgtggccc ccggagagac agccaggatc tcctgcccgg agaagagcct gggaaagcag 420
gctgtgcagt ggtaccagca cagggcccga caggctccca gctgatcat ctacaacaac 480
caggacaggg ccagcggcat ccctgagagg ttcagcggaa gcccgcagc ccccttcgga 540
accacagcca cctgacctat cacaagcgtg gaagccggcg acgaggcoga ctactactgc 600
cacatctggg acagcagggt gccaccaag tgggtgtttg gcggcggcac caccctgacc 660
gtgctggata agaccatac ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720
agcagcagc agctgaagt cggcacagcc tctgtcgtgt gctgctgaa caacttctac 780
ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaagggt gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840
    
```

15

ES 2 894 304 T3

gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
 ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtac ccaccagggc 960
 ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 57

<211> 451

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 57

Arg	Ala	His	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Thr	Ala	Met	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala
1				5					10					15	
Ser	Val	Arg	Val	Ser	Cys	Gln	Thr	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ala	His
			20					25					30		
Ile	Leu	Phe	Trp	Phe	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Arg	Gly	Leu	Glu	Trp	Val
		35					40					45			
Gly	Trp	Ile	Lys	Pro	Gln	Tyr	Gly	Ala	Val	Asn	Phe	Gly	Gly	Gly	Phe
	50					55					60				
Arg	Asp	Arg	Val	Thr	Leu	Thr	Arg	Asp	Val	Tyr	Arg	Glu	Ile	Ala	Tyr
65					70					75					80
Met	Asp	Ile	Arg	Gly	Leu	Lys	Pro	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85					90					95	
Ala	Arg	Asp	Arg	Ser	Tyr	Gly	Asp	Ser	Ser	Trp	Ala	Leu	Asp	Ala	Trp
			100					105					110		
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Val	Val	Ser	Ala	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro
		115					120						125		
Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr
	130					135					140				
Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr
145					150					155					160
Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro
				165					170					175	
Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr
			180					185					190		
Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn
		195				200							205		
His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser
	210					215						220			
Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu
225					230					235					240
Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu
				245					250					255	
Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser
			260					265					270		
His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu
		275					280					285			
Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr
	290					295					300				
Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn
305					310					315					320
Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro
				325					330					335	
Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln
			340					345					350		
Val	Cys	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Arg	Asp	Glu	Leu	Thr	Lys	Asn	Gln	Val
		355					360					365			
Ser	Leu	Ser	Cys	Ala	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val
	370					375					380				
Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro
385					390					395					400

ES 2 894 304 T3

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 58

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 58

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

10 <210> 59

<211> 615

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 59

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

	35					40					45				
Gly	Arg	Ile	Thr	Gly	Pro	Gly	Glu	Gly	Trp	Ser	Val	Asp	Tyr	Ala	Glu
	50					55					60				
Ser	Val	Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Thr	Lys	Asn	Thr
	65				70					75					80
Leu	Tyr	Leu	Glu	Met	Asn	Asn	Val	Arg	Thr	Glu	Asp	Thr	Gly	Tyr	Tyr
				85					90					95	
Phe	Cys	Ala	Arg	Thr	Gly	Lys	Tyr	Tyr	Asp	Phe	Trp	Trp	Gly	Tyr	Pro
			100					105					110		
Pro	Gly	Glu	Glu	Tyr	Phe	Gln	Asp	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Ile
	115						120					125			
Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Gln	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser	Gly
	130					135					140				
Gly	Gly	Val	Val	Gln	Pro	Gly	Thr	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala
	145				150					155					160
Ser	Gln	Phe	Arg	Phe	Asp	Gly	Tyr	Gly	Met	His	Trp	Val	Arg	Gln	Ala
				165					170					175	
Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Ser	Ile	Ser	His	Asp	Gly	Ile
			180					185					190		
Lys	Lys	Tyr	His	Ala	Glu	Lys	Val	Trp	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg
	195						200					205			
Asp	Asn	Ser	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Pro
	210				215						220				
Glu	Asp	Thr	Ala	Leu	Tyr	Cys	Ala	Lys	Asp	Leu	Arg	Glu	Asp	Glu	
	225				230				235						240
Cys	Glu	Glu	Trp	Trp	Ser	Asp	Tyr	Tyr	Asp	Phe	Gly	Lys	Gln	Leu	Pro
				245					250					255	
Cys	Ala	Lys	Ser	Arg	Gly	Gly	Leu	Val	Gly	Ile	Ala	Asp	Asn	Trp	Gly
			260					265					270		
Gln	Gly	Thr	Met	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Ala	Ser
	275						280					285			
Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr
	290					295					300				
Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro
	305				310					315					320
Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val
				325					330					335	
His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser
			340					345					350		
Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile
	355						360					365			
Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val
	370				375						380				
Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala
	385				390					395					400
Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro
				405					410					415	
Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val
			420					425					430		
Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val
	435						440					445			
Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln
	450					455					460				
Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln
	465				470					475					480
Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala
			485						490					495	
Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro
			500					505					510		
Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr	Leu	Pro	Pro	Cys	Arg	Asp	Glu	Leu	Thr
	515						520					525			
Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Trp	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser
	530					535					540				
Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr
	545					550				555					560
Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr
				565					570					575	
Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	Val	Phe
			580					585					590		
Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys
	595						600					605			
Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro	Gly									
	610					615									

<210> 60

<211> 337

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 60

```

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1      5      10      15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
 20      25      30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
 35      40      45
Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
 50      55      60
Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
 65      70      75
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
 85      90      95
Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp
100      105      110
Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val
115      120      125
Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg
130      135      140
Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val
145      150      155
Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
165      170      175
Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly
180      185      190
Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys
195      200      205
Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
210      215      220
Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile
225      230      235
Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val
245      250      255
Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys
260      265      270
Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu
275      280      285
Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
290      295      300
Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr
305      310      315
His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu
325      330      335

```

Cys

10 <210> 61

<211> 1356

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

ES 2 894 304 T3

<400> 61

```

agagcccacc tgggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctgacagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcca gatcgctac 240
atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgocgtgt actactgccc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgcccgct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
tctgcccgaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
ggagggcctt ccgtgttccct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gcccccgcga ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatctctc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtgcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgagggcct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

```

<210> 62

<211> 630

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 62

```

tataccaagc tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtggc agcagcctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaaagtgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgagttct tccgagagc cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaagggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

```

10

<210> 63

<211> 1845

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 63

ES 2 894 304 T3

gaggttagac tgggtggagtc aggagggggg cttgtgaagc cgggtgggtc tctccgcctg 60
agctgttctg cctcoggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggttaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacggcg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctgggtgggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcagttg 420
gtggagtcct ggggagggcgt ggtccagcct gggacgtccc tgagactctc ctgtgcagcc 480
tctcaattca ggtttgatgg ttatggcatg cactgggtcc gccaggcccc aggcaagggg 540
ctggagtggg tggcatctat atcacatgat ggaattaaaa agtatcacgc agaaaaagtg 600
tggggccgct tcaccatctc cagagacaat tccaagaaca cactgtatct acaaatgaac 660
agcctgcgac ctgaggacac ggctctctac tactgtgcga aagatttgcg agaagacgaa 720
tgtgaagagt ggtggtcgga ttattacgat tttgggaaac aactcccttg cgcaagtca 780
cgcgggcggct tggttggaat tgcgtataac tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 840
tcagataaga cccacaccgc ttccaccaag ggcccatcgg tcttccccct ggcaccctcc 900
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tgggtcaagga ctacttcccc 960
gaaccggtga cgtgtcgtg gaactcaggc gcctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020
gctgtcctac agtccctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 1080
agcttgggca cccagaccga catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140
gacaagaaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgccacc gtgccagca 1200
cctgaactcc tggggggacc gtcagctctc ctcttcccc caaaacccaa ggacaccctc 1260
atgatctccc ggaccctga ggtcacatgc gtggtgggtg acgtgagcca cgaagaccct 1320
gaggtcaagt tcaactggtg tgttgacggc gtggaggtgc ataatgcaa gacaaagccg 1380
cgggagggag agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tccctaccgt cctgcaccag 1440
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagcccc 1500
atcgagaaaa ccatctcaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560
cccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtacgcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680
aagaccacgc ctcccgctgc ggactccgac ggtcctctct tccctactc aaaactcacc 1740
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggt 1800
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tcctctctc cgggt 1845

<210> 64

<211> 1011

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 64

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgtctcg gaaacacctc caacattggc aataattttg tgtcctggtg tcaacagcgc 120
cccggcagag ccccccaact cctcatttat gaaactgaca agcgaccctc agggattcct 180
gaccgattct ctgcttccaa gtctggtacg tcaggcacc cggccatcac cgggctgcag 240
actggggacg aggcggatta ttactgcgcc acatgggctg ccagcctgag ttccgcgctg 300
gtcttcggaa ctgggaccaa ggtcatcgtc ctggacaaaa cccataccgc atccgaactg 360
actcaggaac ctgcccgtctc tgtggcactg aagcagactg tgactattac ttgcccagggc 420
gactcactgc ggagccacta cgcttctctg tatcagaaga aaccggcca ggcaccctgtg 480
ctgctgttct acggaaagaa caataggcca tctggcatcc ccgaccgctt ttctggcagt 540
gcatcagggg accgagccag tctgaccatt accggcgccc aggctgagga cgaagccgat 600
tactattgca gctcccggga taagagcggc tccagactga gcgtgttcgg aggaggaact 660
aaactgaccg tcctcgataa gaccatacc cgtacgggtg ccgctcccag cgtgttcac 720
ttcccaccta gcgacgagca gctgaagtcc ggcaacgcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780
aacttctacc cccgcgaggg caaagtgcag tggaaaggtg acaacgccct gcagagcggc 840
aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900
accctgacac tgagcaaggg cgactaccag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960
caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

10 <210> 65

<211> 450

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 65

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
 Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
 Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
 Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115 120 125
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130 135 140
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165 170 175
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180 185 190
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195 200 205
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210 215 220
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225 230 235 240
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245 250 255
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
 420 425 430
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

5

<210> 66

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 66

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

5

<210> 67

<211> 615

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 67

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr

```

65               70               75               80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
      85
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
      100
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
      115
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
      130
Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala
      145
Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala
      165
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile
      180
Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg
      195
Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro
      210
Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu
      225
Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro
      245
Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly
      260
Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
      275
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
      290
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
      305
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
      325
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
      340
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
      355
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
      370
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
      385
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
      405
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
      420
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
      435
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
      450
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
      465
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
      485
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
      500
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr
      515
Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
      530
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
      545
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
      565
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
      580
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
      595
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
      610
      615

```

<210> 68

<211> 337

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

5 <400> 68

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1 5 10 15
 Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
 20 25 30
 Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
 35 40 45
 Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60
 Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
 65 70 75 80
 Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
 85 90 95
 Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp
 100 105 110
 Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val
 115 120 125
 Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg
 130 135 140
 Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val
 145 150 155 160
 Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
 165 170 175
 Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly
 180 185 190
 Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys
 195 200 205
 Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
 210 215 220
 Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile
 225 230 235 240
 Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val
 245 250 255
 Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys
 260 265 270
 Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu
 275 280 285
 Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
 290 295 300
 Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr
 305 310 315 320
 His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu
 325 330 335
 Cys

<210> 69

<211> 1350

<212> ADN

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 69

ES 2 894 304 T3

```

caggtgcagc tggcgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgoggatc 60
agctgcagag ccagcgggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
cctggcaagc ggccctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gagggcgagc cgtgaaactac 180
gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggagc tgtacagcga taccgccttc 240
ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360
agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420
ggcggaaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 480
tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540
agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccacag 600
acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaaaccca aggtggacaa gaaggtggaa 660
cccaagagct ggcacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgccccoga actgctggga 720
ggcccttccg tgttccctgtt ccccccaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780
cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840
tggtaactgg acggcgtgga agtgacacaac gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac 900
aacagacctc accgggtggt gtccgtcgtg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020
agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1080
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
atgcccgctg aatgggagag caacggccag ccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
gtgctggaca gcgacggctc attcttctcgt gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260
tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1320
accagaagt ccctgagcct gagccccgc 1350

```

<210> 70

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 70

```

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcagggtg 300
gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacct ccgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

```

10 <210> 71

<211> 1845

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 71

ES 2 894 304 T3

gaggttagac tgggtggagtc aggagggggg cttgtgaagc cgggtgggtc tctccgctg 60
 agctgttctg cctcoggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
 ccagtaaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
 gactacggg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
 ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
 acaggcaaat actacgactt ctgggtgggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
 tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcagttg 420
 gtggagtctg ggggaggcgt ggtccagcct gggacgtccc tgagactctc ctgtgcagcc 480
 tctcaattca ggtttgatgg ttatggcatg cactgggtcc gccaggcccc aggcaagggg 540
 ctggagtggg tggcatctat atcacatgat ggaattaaaa agtatcacgc agaaaaagtg 600
 tggggccgct tcaccatctc cagagacaat tccaagaaca cactgtatct acaaatgaac 660
 agcctgcgac ctgaggacac ggctctctac tactgtgcga aagatttgcg agaagacgaa 720
 tgtgaagagt ggtggtcggg ttattacgat tttgggaaac aactcccttg cgaaagtca 780
 cgcggcggct tggttggaat tctgtataac tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 840
 tcagataaga cccacaccgc tccaccaag ggccatcgg tcttccccct ggcaccctcc 900
 tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggcaagga ctacttcccc 960
 gaaccggtga cgtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020
 gctgtcctac agtctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtgaccgt gccctccagc 1080
 agcttgggca cccagaccga catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140
 gacaagaaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgccacc gtgccagca 1200
 cctgaactcc tggggggacc gtcagtcttc ctcttcccc caaaacccaa ggacaccctc 1260
 atgatctccc ggaccctga ggtcacatgc gtggtgggtg acgtgagcca cgaagaccct 1320
 gaggtcaagt tcaactggtg tgttgacggc gtggaggtgc ataatgccaa gacaaagccg 1380
 cgggaggagc agtacaacgc cacgtaccgt gtggtcagcg tccctaccgt cctgcaccag 1440
 gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagcccc 1500
 atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560
 cccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtacgcc tgtggtgcct ggtaaaaggg 1620
 ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680
 aagaccacgc ctcccgtgct ggactccgac ggctccttct tccctactc aaaactcacc 1740
 gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1800
 ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tcctgtctc cgggt 1845

<210> 72

<211> 1011

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 72

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
 tcctgctctg gaaacacctc caacattggc aataattht tgtoctggta tcaacagcgc 120
 cccggcagag ccccccaact cctcatttat gaaactgaca agcagccctc agggattcct 180
 gaccgattct ctgcttccaa gtctggtacg tcaggcaccc tggccatcac cgggctgcag 240
 actggggagc aggcgatta ttactgcgcc acatgggctg ccagcctgag ttccgcgctg 300
 gtcttcggaa ctgggaccaa ggtcatcgtc ctggacaaaa cccataccgc atccgaactg 360
 actcaggacc ctgccgtctc tgtggcactg aagcagactg tgactattac ttgccgaggg 420
 gactcactgc ggagccacta cgcttctctg tatcagaaga aaccgcggca ggcaccctgtg 480
 ctgctgttct acggaaagaa caataggcca tctggcatcc ccgaccgctt ttctggcagt 540
 gcatcagggg accgagccag tctgaccatt accggcgccc aggtgagga cgaagccgat 600
 tactattgca gctcccggga taagagcggc tccagactga gcgtgttcgg aggaggaact 660
 aaactgaccg tcctcgataa gaccataacc cgtacgggtg ccgctcccag cgtgttcatc 720
 ttcccacctg gcgacgagca gctgaagtcc ggcacagcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780
 aacttctacc cccgcgaggg caaagtgcag tggaaaggtg acaacgcctt gcagagcggc 840
 aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccactacag cctgagcagc 900
 accctgacac tgagcaagtc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960
 caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc gggcgagtg t 1011

10 <210> 73

<211> 450

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 73

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
 Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
 Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
 Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115 120 125
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130 135 140
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165 170 175
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180 185 190
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195 200 205
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210 215 220
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225 230 235 240
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245 250 255
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met
 420 425 430
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

5 <210> 74

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 74

```

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1          5          10          15
Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20          25          30
Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35          40          45
Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50          55          60
Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65          70          75          80
Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85          90          95
Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100         105         110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115         120         125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130         135         140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145         150         155         160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165         170         175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180         185         190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195         200         205
Glu Cys
 210
    
```

5 <210> 75

<211> 615

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 75

```

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr
 1          5          10          15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr
 20          25          30
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val
 50          55          60
Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
 65          70          75          80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr
    
```

ES 2 894 304 T3

```

100          105          110
Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu
115          120          125
Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser
130          135          140
Ser Asp Lys Thr His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly
145          150          155
Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly
165          170          175
Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly
180          185          190
Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp
195          200          205
Ser Val Asp Tyr Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg
210          215          220
Asp Asn Thr Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr
225          230          235
Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp
245          250          255
Phe Trp Trp Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly
260          265          270
Gln Gly Thr Leu Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
275          280          285
Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
290          295          300
Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
305          310          315
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
325          330          335
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
340          345          350
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
355          360          365
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
370          375          380
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
385          390          395
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
405          410          415
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
420          425          430
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
435          440          445
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
450          455          460
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
465          470          475
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
485          490          495
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
500          505          510
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr
515          520          525
Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
530          535          540
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
545          550          555
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
565          570          575
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
580          585          590
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
595          600          605

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
610          615

```

<210> 76

<211> 337

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 76

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20 25 30
 Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50 55 60
 Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
 85 90 95
 Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
 100 105 110
 His Thr Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro
 115 120 125
 Gly Gln Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly
 130 135 140
 Asn Asn Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln
 145 150 155 160
 Leu Leu Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
 165 170 175
 Phe Ser Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly
 180 185 190
 Leu Gln Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala
 195 200 205
 Ser Leu Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val
 210 215 220
 Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile
 225 230 235 240
 Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val
 245 250 255
 Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys
 260 265 270
 Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu
 275 280 285
 Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
 290 295 300
 Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr
 305 310 315 320
 His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu
 325 330 335
 Cys

5 <210> 77

<211> 1350

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 77

ES 2 894 304 T3

```

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgoggatc 60
agctgcagag ccagcgggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
cctggcaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gagggcgagc cgtgaactac 180
gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggagc tgtacagcga taccgccttc 240
ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360
agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 420
ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 480
tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540
agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 600
acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaaaccca aggtggacaa gaagtgtaa 660
cccaagagct ggcacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgccccga actgctggga 720
ggcccttccg tgttctctgt cccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780
cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840
tggtagctgg acggcgtgga agtgacaac gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac 900
aacagacctc accgggtggt gtccgtcgtg accgtcgtgc accaggactg gctgaacggc 960
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1020
agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1080
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
atgccctggg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
gtgctggaca gcgacggctc attcttctct gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1260
tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1320
accagaagt ccctgagcct gagccccgc 1350

```

<210> 78

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 78

```

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300
gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgagggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcagtggt 630

```

10 <210> 79

<211> 1845

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 79

```

caggtgcagt tgggtggatc tgggggaggc gtggtccagc ctgggacgtc cctgagactc 60
tcctgtgcag cctctcaatt caggtttgat ggttatggca tgcactgggt ccgccaggcc 120
ccaggcaagg ggtggagtg ggtggcatct atatcacatg atggaattaa aaagtatcac 180
gcagaaaaag tgtggggccc cttcaccatc tccagagaca attccaagaa cacactgtat 240

```

ES 2 894 304 T3

ctacaaatga acagcctgcg acctgaggac acggctctct actactgtgc gaaagatttg 300
cgagaagacg aatgtgaaga gtgggtggtcg gattattacg attttgggaa acaactcoct 360
tgcgcaaaagt cacgcggcgg cttggttggga attgctgata actggggcca agggacaatg 420
gtcacogtct cttcagacaa aaccatatacc gaggttagac tgggtggagt caggaggggg 480
cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg agctgttctg cctccggctt tgatttcgat 540
aacgcctgga tgacctgggt cagggcagcct ccaggtaagg gactggagtg ggtgggaaga 600
atcacaggtc caggcgaggg ctgggtccgtg gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt 660
acaatctcaa gggacaatac caagaatacc ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact 720
gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga acaggcaaat actacgactt ctggtccggc 780
tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc 840
tccgataaga cccacaccgc tccaccaag ggcccatcgg tcttccccct ggcaccctcc 900
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tgggtcaagg ctacttcccc 960
gaaccggtga cggtgtcgtg gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttcccg 1020
gctgtcctac agtccctcagg actctactcc ctcagcagcg tgggtaccgt gccctccagc 1080
agcttgggca ccagaccta catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaagggtg 1140
gacaagaaag ttgagcccaa atcttgtgac aaaactcaca catgcccacc gtgcccagca 1200
cctgaactcc tggggggacc gtcagtcttc ctcttcccc caaaacccaa ggacaccctc 1260
atgatctccc ggaccctga ggtcacatgc gtggtgggtg acgtgagcca cgaagacct 1320
gaggtcaagt tcaactggta tgttgacggc gtggaggtgc ataatgcaa gacaaaagccg 1380
cgggaggagc agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tcctcacctg cctgcaccag 1440
gactggctga atggcaagga gtacaagtgc aaggtctcca acaaagccct cccagcccc 1500
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaagg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560
cccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtcagcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620
ttctatccca ccgacatcgc cgtggagtgg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680
aagaccacgc ctcccgctgc ggactccgac ggctccttct tcctctactc aaaactcacc 1740
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgat gcatgaggct 1800
ctgcacaacc actacacgca gaagagcctc tcctgtctc cgggt 1845

<210> 80

<211> 1011

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 80

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcc ggtatcagaa gaaaccggc 120
caggcacctg tctgtctggt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180
ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagectgttc 300
ggaggaggaa ctaaaactgac cgtcctcgac aaaaccata cccagtctgt gctgacgcag 360
ccgccctcag tgtctgcggc cccaggacag aaggtcacca tctcctgctc tggaaacacc 420
tccaacattg gcaataatth tgtgtcctgg tatcaacagc gccccggcag agcccccaa 480
ctcctcattt atgaaactga caagcagccc tcagggattc ctgaccgatt ctctgcttc 540
aagtctggta cgtcaggcac cctggccatc accgggctgc agactgggga cgaggccgat 600
tattactgcg ccacatgggc tgccagcctg agttccgcgc gtgtcttcgg aactgggacc 660
aaggtcatcg tctggataa gaccatatac cgtacgggtg ccgctcccag cgtgttcate 720
ttcccaccta gcgacgagca gctgaagtcc ggacacgcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780
aacttctacc cccgcgaggg caaagtgcag tggaaaggtg acaacgcct gcagagcggc 840
aacagccagg aaagcgtgac cgagcagagc agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900
accctgacac tgagcaaggc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960
caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

10 <210> 81

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 81

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115 120 125
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130 135 140
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145 150 155 160
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165 170 175
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180 185 190
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210 215 220
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225 230 235 240
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245 250 255
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 82

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 82

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 83

<211> 611

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 83

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly

10

<400> 84

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
 115 120 125
 Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
 130 135 140
 Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
 145 150 155 160
 Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165 170 175
 Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
 180 185 190
 Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
 195 200 205
 Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 210 215 220
 Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 85

<211> 1356

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 85

ES 2 894 304 T3

```

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgocgtgt actactgcgc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgcctt gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtagcaca cctttccagc tgtgctgacg 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtctgcccc cgaactgctg 720
ggaggccctt cctgttccct gttcccccca aagccccagg acaccctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gcccccgaa ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagccccgaga acaactacaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatctctc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtgcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

```

<210> 86

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 86

```

tacaatccacg tgaccagag ccccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgccagc 180
agatttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagag cagcagactg 300
cacatcaagc gtagcggggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgagggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcaggtgt 630

```

10 <210> 87

<211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 87

```

gaggtagac tggcggagtc aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
agctgttctg cctccggcct tgatctcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggtaaag gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcagagg ctggtccgtg 180
gactacgogg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgcagca 300
acaggcaaat actacgactt ctggtggggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tgggtgcagg gaaccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataacca ggtgcacctg 420
acacagagcg gaccggaagt gcgggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480

```

ES 2 894 304 T3

```

cctggcaaca ccoctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggg 540
ctgcagtggg tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggccaag taccatcga ctgggacaga agcaccaca cgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatag cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gccctgaact gggccgtgga tgtggactac 780
ctgagcaacc tggattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttccccctgg caccctcctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcagggcg cctgaccagc ggcgtgcaca ccttccccgc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagt 1140
gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccagcacc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttccct cttcccccca aaacccaagg acaccctcat gatctccgg 1260
accctgagg tccatgctgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagcccg ggagagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500
atctccaaag ccaaggggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tggtgccctg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaca gaccacgct 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctccctcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1830

```

<210> 88

<211> 1014

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 88

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgcagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agccccgag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttac cctgaagatc 240
agccgggttg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgcattccga 360
ctgactcagg accctgcccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccaggcacc 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggtga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccacta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccagc gctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

```

10 <210> 89

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 89

ES 2 894 304 T3

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His

 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115 120 125
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130 135 140
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145 150 155 160
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165 170 175
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180 185 190
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210 215 220
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225 230 235 240
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245 250 255
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 90

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 90

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 91

<211> 602

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 91

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly
 130 135 140
 Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val
 145 150 155 160
 Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser

10

ES 2 894 304 T3

```

165 170 175
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp
180 185 190
Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp
195 200 205
Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala
210 215 220
Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile
225 230 235 240
Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp
245 250 255
Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His
260 265 270
Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
275 280 285
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
290 295 300
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
305 310 315 320
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
325 330 335
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
340 345 350
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
355 360 365
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
370 375 380
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
385 390 395 400
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
405 410 415
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
420 425 430
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
435 440 445
Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
450 455 460
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
465 470 475 480
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
485 490 495
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
500 505 510
Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
515 520 525
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
530 535 540
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
545 550 555 560
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
565 570 575
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
580 585 590
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
595 600

```

<210> 92

<211> 331

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 92

ES 2 894 304 T3

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
 1 5 10 15
 Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
 20 25 30
 Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
 35 40 45
 Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
 50 55 60
 Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
 65 70 75 80
 Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
 85 90 95
 Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
 100 105 110
 Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val
 115 120 125
 Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
 130 135 140
 Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys
 145 150 155 160
 Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser
 165 170 175
 Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu
 180 185 190
 Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser
 195 200 205
 Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr
 210 215 220
 Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
 225 230 235 240
 Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
 245 250 255
 Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
 260 265 270
 Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
 275 280 285
 Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
 290 295 300
 Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 93

<211> 1356

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 93

agagcccacc tgggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
 tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
 ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgga gatcgctac 240
 atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcdc cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgcccct ctacaaaggg ccccgagctg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420

ES 2 894 304 T3

```
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttccoga gcccgtagcc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtcccctt gtctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt cgtgttctt gttccccca aagccaag acacctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgctt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aagccctgc ctgccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa cccaggtgt gcacctgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaca gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356
```

<210> 94

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 94

```
tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcaggtgt 630
```

10 <210> 95

<211> 1806

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 95

ES 2 894 304 T3

gaggttagac tgggtggagtc aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
 agctgttctg cctcoggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
 ccaggttaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
 gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
 ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
 acaggcaaat actacgactt ctgggtgggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
 tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420
 caggagagcg gccctggact cgtgaagccc agcgagaccg tgagcctgac atgcagcgtg 480
 agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540
 ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600
 tccaggggta acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660
 gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720
 tacggcatcg tggccttcaa cgagtgttcc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780
 ggcaccacag tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840
 gtcttcccc ttggaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900
 ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggt acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 1020
 gtgggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080
 aagccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140
 acatgccac cgtgccacgc acctgaactc ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200
 ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260
 gacgtgagcc acgaagaccg tgaggtcaag ttcaactggt atggtgacgg cgtggagggtg 1320
 cataatgcca agacaaagcc gggggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380
 gtctcaccg tctctgacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440
 aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500
 gaaccacagg tgtacaccct gcccccctgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtacgc 1560
 ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620
 gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680
 ttctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740
 tgctccgtga tgcattgaggg tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800
 ccgggt 1806

<210> 96

<211> 993

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 96

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60
 ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120
 tacaacaacc aggacagggc cagcggcatc cctgagaggt tcagcgggaa ccccgacagc 180
 cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240
 tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt ggggtgttgg cggcggcacc 300
 accctgaccg tgtcggacaa aaccataacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc 360
 tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420
 tacgttctct ggtatcagaa gaaaccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480
 aacaataggc catctggcat ccccgaccgc tttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540
 agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600
 gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660
 aagaccata cccgtacggt ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720
 cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgctgctga acaactteta ccccccgag 780
 gccaaagtgc agtgaaggt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840
 accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900
 gccgactacg agaagcacia ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960
 cccgtgacca agagcttcaa ccggggcagag tgt 993

<210> 97

<211> 470

<212> PRT

10

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 97

5 Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ala Ser Thr
 130 135 140
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
 145 150 155 160
 Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 165 170 175
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 180 185 190
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 195 200 205
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
 210 215 220
 Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
 225 230 235 240
 Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 245 250 255
 Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 260 265 270
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 275 280 285
 Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 290 295 300
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
 305 310 315 320
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 325 330 335
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
 340 345 350
 Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 355 360 365
 Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
 370 375 380
 Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 385 390 395 400
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 405 410 415
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
 420 425 430
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
 435 440 445
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 450 455 460
 Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 465 470

<210> 98

<211> 219

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 98

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1           5           10           15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly

           20           25           30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35           40           45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50           55           60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65           70           75           80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
           85           90           95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
           100           105           110
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
           115           120           125
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
           130           135           140
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
           145           150           155           160
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
           165           170           175
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
           180           185           190
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
           195           200           205
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
           210           215

```

<210> 99

10 <211> 602

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 99

ES 2 894 304 T3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly
 130 135 140
 Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val
 145 150 155 160
 Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser
 165 170 175
 Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp
 180 185 190
 Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp
 195 200 205
 Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala

ES 2 894 304 T3

```

      210                215                220
Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile
225                230                235                240
Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp
      245                250                255
Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His
      260                265                270
Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
      275                280                285
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
      290                295                300
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
305                310                315                320
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
      325                330                335
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
      340                345                350
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
      355                360                365
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
      370                375                380
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
385                390                395                400
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
      405                410                415
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
      420                425                430
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
      435                440                445
Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
      450                455                460
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
465                470                475                480
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
      485                490                495
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
      500                505                510
Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
      515                520                525
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
      530                535                540
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
545                550                555                560
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
      565                570                575
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
      580                585                590
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
      595                600

```

<210> 100

<211> 331

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 100

```

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
 1                5                10                15
Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala

```

			20						25					30				
Gly	Gln	Ala	Pro	Ser	Leu	Ile	Ile	Tyr	Asn	Asn	Gln	Asp	Arg	Pro	Ser			
		35					40					45						
Gly	Ile	Pro	Glu	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Pro	Asp	Ser	Pro	Phe	Gly	Thr			
	50					55					60							
Thr	Ala	Thr	Leu	Thr	Ile	Thr	Ser	Val	Glu	Ala	Gly	Asp	Glu	Ala	Asp			
65					70				75						80			
Tyr	Tyr	Cys	His	Ile	Trp	Asp	Ser	Arg	Val	Pro	Thr	Lys	Trp	Val	Phe			
			85						90					95				
Gly	Gly	Gly	Thr	Thr	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Ala	Ser			
			100					105						110				
Glu	Leu	Thr	Gln	Asp	Pro	Ala	Val	Ser	Val	Ala	Leu	Lys	Gln	Thr	Val			
	115						120					125						
Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	Gly	Asp	Ser	Leu	Arg	Ser	His	Tyr	Ala	Ser	Trp			
	130					135						140						
Tyr	Gln	Lys	Lys	Pro	Gly	Gln	Ala	Pro	Val	Leu	Leu	Phe	Tyr	Gly	Lys			
145					150					155					160			
Asn	Asn	Arg	Pro	Ser	Gly	Ile	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ala	Ser			
				165					170						175			
Gly	Asn	Arg	Ala	Ser	Leu	Thr	Ile	Thr	Gly	Ala	Gln	Ala	Glu	Asp	Glu			
			180						185					190				
Ala	Asp	Tyr	Tyr	Cys	Ser	Ser	Arg	Asp	Lys	Ser	Gly	Ser	Arg	Leu	Ser			
	195						200						205					
Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Lys	Thr	His	Thr			
	210					215					220							
Arg	Thr	Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp	Glu			
225					230					235					240			
Gln	Leu	Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val	Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe			
				245						250					255			
Tyr	Pro	Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln			
			260						265					270				
Ser	Gly	Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp	Ser			
		275							280					285				
Thr	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu			
	290					295					300							
Lys	His	Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser			
305					310					315					320			
Pro	Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys								
				325						330								

<210> 101

<211> 1413

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 101

```

cagggtgcacc tgacacagag cggaccgcaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaagggtg 60
tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
ctgcagctga cggcctgac ctctggcgtg accgccgtgt actactgccc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgcctgtac gacgatgacg gcgcctgaa ctgggcccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
tctgcttcca ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct 480
ggcggaacag ccgcccctgg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 540
tcctggaatt ctggcgcctt gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 600
agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 660
acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 720
cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt ccccctgtc ctgccccca actgctggga 780

```

ES 2 894 304 T3

```

ggcccttccg tttcctggt ccccccagg cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840
cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg acctgaagt gaagttcaat 900
tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac gccaaagacca agccaagaga ggaacagtac 960
aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gcctgcctg ccccatcga gaaaaccatc 1080
agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1140
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1200
atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1260
gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1320
tggcagcagg gcaacgtggt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1380
accagaagt ccctgagcct gagccccggc aag 1413

```

<210> 102

<211> 657

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 102

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcggcagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgtg cgggtggccg tcccagcgtg 360
ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420
ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480
agcggcaaca gccaggaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540
agcagcacc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgctgcgaa 600
gtgaccacc agggcctgct tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

```

10 <210> 103

<211> 1806

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 103

ES 2 894 304 T3

gaggtagac tggtagatc aggagggggg cttgtgaagc cgggtgggtc tctccgctg 60
agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggttaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacggcg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctgggtgggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tgggtcagc gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca gatgcagctg 420
caggagagcg gccctggact cgtgaagccc agcgagaccg tgagcctgac atgcagcgtg 480
agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540
ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcgacacca actacagccc ctccctgaag 600
tccaggtgga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggtt 660
gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc 720
tacggcatcg tggccttcaa cgagtgttc acctacttct acatggacgt gtggggcaac 780
ggcaccagc tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg ctccaccaaa gggcccatcg 840
gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900
ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgcctgacc 960
agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 1020
gtggtgaccc tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080
aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140
acatgccac cgtgccagc acctgaactc ctggggggac cgtcagctt cctcttcccc 1200
ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260

gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag ttcaactggt atggtgacgg cgtggaggtg 1320
cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380
gtcctcaccg tctcgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440
aacaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500
gaaccacagg tgtacaccct gcccccagc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560
ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620
gggcagccgg agaacaacta caagaccagc cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680
ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtctctca 1740
tgctccgtga tgcagtaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctcctgtct 1800
ccgggt 1806

<210> 104

<211> 993

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 104

tccgacatca gctggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60
ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggtcccag cctgatcatc 120
tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcggaa ccccgacagc 180
cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240
tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt ggggtgttgg cggcggcacc 300
accctgaccg tgctggacaa aaccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgcccgc 360
tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgcccag gcgactcact gcggagccac 420
tacgcttctt ggtatcagaa gaaaccggc caggcaactg tgctgctgtt ctacggaaag 480
aacaataggc catctggcat ccccagccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540
agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600
gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660
aagaccata cccgtacggg ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720
cagctgaagt cggcagcagc ctctgtcgtg tgccctgctg acaacttcta cccccgag 780
gccaaagtgc agtggaaagt ggacaagccc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840
accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900
gccgactacg agaagcacia ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960
cccgtgacca agagcttcaa cggggcgag tgt 993

10

<210> 105

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 105

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1      5      10      15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20      25      30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35      40      45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50      55      60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65      70      75      80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85      90      95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100     105     110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115     120     125

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130     135     140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145     150     155     160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165     170     175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180     185     190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195     200     205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210     215     220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225     230     235     240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245     250     255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260     265     270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275     280     285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290     295     300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305     310     315     320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325     330     335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340     345     350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355     360     365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370     375     380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385     390     395     400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405     410     415
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420     425     430
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435     440     445
Ser Pro Gly
 450

```

5

<210> 106

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 106

5 Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 107

<211> 611

<212> PRT

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 107

ES 2 894 304 T3

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
 130 135 140
 His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro
 145 150 155 160
 Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp
 165 170 175
 Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu
 180 185 190
 Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr
 195 200 205
 Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys
 210 215 220
 Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly
 225 230 235 240
 Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly
 245 250 255
 Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu
 260 265 270

Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 108

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 108

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20 25 30
 Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50 55 60

Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
 85 90 95
 Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
 100 105 110
 His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr
 115 120 125
 Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile
 130 135 140
 His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly
 145 150 155 160
 Arg Ser Pro Gln Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly
 165 170 175
 Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu
 180 185 190
 Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met
 195 200 205
 Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp
 210 215 220
 Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 109

<211> 1356

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 109

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
 tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
 ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgctac 240
 atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcdc cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420
 tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtagcc 480
 gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggctgacaca cctttccagc tgtgctgcag 540
 tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
 cagacctaca tctgcaactg gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
 gaacccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
 ggaggccctt ccgtgttccct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
 acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
 aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
 tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggtgtaac 960

ES 2 894 304 T3

```

ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

```

<210> 110

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 110

```

tacaatccagc tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc ccgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca cctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

```

10 <210> 111

<211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 111

ES 2 894 304 T3

```

caggtgcacc tgacacagag cggaccogaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60
tcctgcaagg ccctggcaca caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
ccaggacaggt gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggcccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaatc tggggccagg gcacagccgt gaccctgtca 420
tctgacaaaa ccataaccga ggtagactg gtggagtacg gaggggggct tgtgaagccc 480
ggtaggtctc tccgctgag ctgttctgcc tccggctttg atttcgataa cgcctggatg 540
acctgggtca ggagcctcc aggtaaaggga ctggagtggg tgggaagaat cacaggtcca 600
ggcgagggtc ggtcogtggg ctacgogaa tctgttaaag ggoggtttac aatctcaagg 660
gacaatacca agaatacctt gtatttggag atgaacaacg tgagaactga agacaccgga 720
tattacttct gtgccagaac aggcaaatc tacgacttct ggtggggcta tccccctggc 780
gaggaatatt ttcaagactg gggtcaggga accctgttta tctgtctctc cgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc tccccctgg caccctctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcgccctt gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcagggc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttccccgc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactcctt cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaactg gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagt 1140
gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccagcacc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttctt cttccccca aaaccaagg acaccctcat gatctcccg 1260
acctctgagg tccatgctg ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgatc aatgccaaga caaagcccg ggaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagctc ctaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctc cagccccat cgagaaaacc 1500

atctccaaag ccaaagggca gccccgaaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgactgga ccaagaatca agtcagcctg tggtagctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccagcct 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctcttcttct ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
aggtggcagc aggggaactt cttctcatgc tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

```

<210> 112

<211> 1014

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 112

```

gcatccgaac tgactcagga cctgcccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttcccag ggcactcact gcggagccac tacgcttctt ggtatcagaa gaaaccggc 120
caggcacctg tctgtctgtt ctaccgaaag aacaataggt catctggcat ccccgaccgc 180
tttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
ggaggaggaa ctaaaactgac cgtcctcgac aaaaccata cggacttctg gctgaccag 360
agccctcaca gctgagcgt gacacctggc gagagcgcca gcatcagctg caagagcagc 420
cactccctga tccacggcga ccggaacaac tacctggctt ggtacgtgca gaagcccggc 480
agatccccc agctgctgat ctacctggcc agcagcagag ccagcggcgt gccgataga 540
tttctggca gcggcagcga caaggacttc accctgaaga tcagccgggt ggaaaccgag 600
gacgtgggca cctactactg tatgcagggc agagagagcc cctggacctt tggccagggc 660
accaaggtgg acatcaagga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagccagca gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaaagt cagtggagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccacctc cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagt 960
accaccaggt gcctgtctag ccccgtgacc aagagttca accggggcga gtgt 1014

```

10

<210> 113

<211> 470

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 113

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ala Ser Thr
 130 135 140
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
 145 150 155 160
 Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 165 170 175
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 180 185 190
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 195 200 205
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
 210 215 220
 Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
 225 230 235 240
 Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 245 250 255
 Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 260 265 270
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 275 280 285
 Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 290 295 300
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
 305 310 315 320
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 325 330 335
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
 340 345 350
 Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 355 360 365
 Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
 370 375 380
 Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 385 390 395 400
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 405 410 415
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
 420 425 430
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
 435 440 445
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 450 455 460
 Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 465 470

5

<210> 114

<211> 219

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

5 <400> 114

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1           5           10           15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
           20           25           30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
           35           40           45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50           55           60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65           70           75           80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
           85           90           95

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
           100           105           110
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
           115           120           125
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
           130           135           140
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
145           150           155           160
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
           165           170           175
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
           180           185           190
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
           195           200           205
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
           210           215

```

<210> 115

<211> 602

10 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 115

ES 2 894 304 T3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly
 130 135 140
 Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val
 145 150 155 160
 Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser
 165 170 175
 Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp
 180 185 190
 Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp
 195 200 205
 Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala
 210 215 220
 Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile
 225 230 235 240
 Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp
 245 250 255
 Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His
 260 265 270
 Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
 275 280 285

ES 2 894 304 T3

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
 290 295 300
 Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
 305 310 315 320
 Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
 325 330 335
 Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
 340 345 350
 Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
 355 360 365
 Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
 370 375 380
 Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 385 390 395 400
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 405 410 415
 Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
 420 425 430
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 435 440 445
 Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 450 455 460
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 465 470 475 480
 Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 485 490 495
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
 500 505 510
 Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
 515 520 525
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 530 535 540
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 545 550 555 560
 Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
 565 570 575
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 580 585 590
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 595 600

<210> 116

<211> 331

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 116

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
 1 5 10 15
 Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
 20 25 30
 Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
 35 40 45
 Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
 50 55 60
 Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
 65 70 75 80
 Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
 85 90 95

ES 2 894 304 T3

Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
 100 105 110
 Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val
 115 120 125
 Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
 130 135 140
 Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys
 145 150 155 160
 Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser
 165 170 175
 Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu
 180 185 190
 Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser
 195 200 205
 Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr
 210 215 220
 Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
 225 230 235 240
 Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
 245 250 255
 Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
 260 265 270
 Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
 275 280 285
 Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
 290 295 300
 Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 117

<211> 1413

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 117

cagggtcacc tgacacagag cggaccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt ggcgagcgtg 120
 ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
 gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
 ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300
 aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggcccgtg 360
 gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
 tctgcttoga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctacgagcaa gagcacatct 480
 ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 540
 tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 600
 agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 660
 acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 720
 cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgccccga actgctggga 780
 ggccttccg tgttcctggt cccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840
 cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 900
 tggtaactgg acggcgtgga agtgacaac gcccaagaca agccaagaga ggaacagtac 960
 aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020
 aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg ccccatcga gaaaaccatc 1080
 agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc cagggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1140
 gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1200
 atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac caccccccct 1260
 gtgctggaca gcgacggctc attcttctct gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg 1320
 tggcagcagg gcaacgtggt cagctgctcc gtgatgcagc aggccctgca caaccactac 1380
 acccagaagt cctgagcct gagccccggc aag 1413

10

<210> 118

<211> 657

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 118

```

---
gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccgagcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc cggatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgtg cgggtggccgc tcccagcgtg 360
ttcatcttc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420
ctgaacaact tetaccccc cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacia cgccctgcag 480
agcggcaaca gccaggaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540
agcagcacc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcttcgcaa 600
gtgaccacc aggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

```

<210> 119

<211> 1806

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 119

```

gaggtagac tgggtgagtc aggagggggg cttgtgaagc cgggtgggtc tctccgctg 60
agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccagtaaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgagg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatcttg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctgggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagc 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaa cccataccca gatgcagctg 420
caggagagcg gcctggact cgtgaagccc agcagagacc tgagcctgac atgcagcgtg 480
agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg agctggatca ggaggagccc tggcaagggc 540
ctggagtgga tcggctacgt gcacaagagc ggcagaccca actacagccc ctccctgaag 600
tccaggtgga acctgtccct ggacaccagc aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct 660
gccacagctg ctgacagcgg caagtactac tgtgccagga cctgcacgg caggaggatc 720
tacggcatcg tggccttcaa cgagtgttcc acctacttct acatggacgt gtgggcaac 780
ggcaccaccc tgaccgtgag ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840
gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900
ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960
agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc 1020
gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080
aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagocca aatcttgtga caaaactcac 1140
acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc ctggggggac cgtcagctct cctcttcccc 1200
ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccttg aggtcacatg cgtggtgggtg 1260
gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag ttcaactggt atggtgacgg cgtggagggtg 1320
cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380
gtcctcaccg tccctgacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440
aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa acctctcca aagccaaagg gcagccccga 1500
gaaccacagg tgtacaccct gcccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc 1560
ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcagacatcg cgtggagtg ggagagcaat 1620
gggcagccgg agaacaacta caagaccagc cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680
ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740
tgctccgtga tgcattgaggc tctgcacaa cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800

```

ccgggt

1806

<210> 120

<211> 993

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 120

```
tccgacatca gcgtagccccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60
ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120
tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcgggaag ccccgcacgc 180
cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgggcccgc 240
tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt ggggtgtttg cggcggcacc 300
accctgaccg tgctggacaa aaccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccctc 360
tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420
tacgcttctt ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480
aacaataggg catctggcat ccccgaccgc ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540
agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600
gataagagcg gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660
aagaccataa cccgtacggg ggccgctccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720
cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgctgctgta acaacttcta cccccgcgag 780
gccaaagtgc agtggaaagt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840
accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900
gccgactacg agaagcaciaa ggtgtacgcc tgccaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960
cccgtgacca agagcttcaa cgggggcgag tgt 993
```

<210> 121

<211> 451

10 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 121

```
Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1          5          10          15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20          25          30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50          55          60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65          70          75          80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100         105         110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115         120         125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130         135         140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145         150         155         160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165         170         175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180         185         190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
```

15

195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210 215 220
 Cys Asp Lys Thr His Thr Lys Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225 230 235 240
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245 250 255
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 122

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 122

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr

ES 2 894 304 T3

```

145             150             155             160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
             165             170             175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
             180             185             190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
             195             200             205
Glu Cys
             210

```

<210> 123

<211> 602

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 123

```

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1             5             10             15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
             20             25             30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
             35             40             45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
             50             55             60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
             65             70             75             80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
             85             90             95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
             100            105            110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
             115            120            125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly
             130            135            140
Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val
             145            150            155            160
Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser
             165            170            175
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp
             180            185            190
Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp
             195            200            205
Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala
             210            215            220
Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile
             225            230            235            240
Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp
             245            250            255
Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His
             260            265            270
Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
             275            280            285
Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
             290            295            300
Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
             305            310            315            320
Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
             325            330            335
Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln

```



```

          340          345          350
Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
          355          360          365
Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
          370          375          380
Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
385          390          395          400
Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
          405          410          415
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
          420          425          430
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
          435          440          445
Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
          450          455          460
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
465          470          475          480
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
          485          490          495
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
          500          505          510
Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
          515          520          525
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
          530          535          540
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
545          550          555          560
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
          565          570          575
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
          580          585          590
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
          595          600

```

<210> 124

<211> 331

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 124

```

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
 1          5          10          15
Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
          20          25          30
Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
          35          40          45
Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
          50          55          60
Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
65          70          75          80
Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
          85          90          95
Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
          100          105          110
Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val
          115          120          125
Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp
          130          135          140
Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys

```

ES 2 894 304 T3

```

145          150          155          160
Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser
          165          170          175
Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu
          180          185          190
Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser
          195          200          205
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr
          210          215          220
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
          225          230          235          240
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
          245          250          255
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
          260          265          270
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
          275          280          285
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
          290          295          300
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
          305          310          315          320
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
          325          330

```

<210> 125

<211> 1356

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 125

```

agagcccacc tggatgagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgagggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcca gatcgctac 240
atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgcccgtg actactgccc cagagacaga 300
agctaccggc acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgcctt gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacaccc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt ccgtgttccct gttccccca aagccccagg acaccctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggacctga agtgaagtcc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccctg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gcccccgcaa ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

```

10 <210> 126

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 126

tacatccacg	tgaccocagag	cccagcagc	ctgtccgtgt	ccatcggcga	cagagtgacc	60
atcaactgcc	agacctctca	gggcgtgggc	agcgacctgc	actggtatca	gcacaagcct	120
ggcagagccc	ccaagctgct	gatccaccac	acaagcagcg	tgggaagatgg	cgtgcccagc	180
agattttccg	gcagcggcct	ccacaccagc	ttcaacctga	ccatcagcga	tctgcaggcc	240
gacgacattg	ccacctacta	ttgtcaggtg	ctgcagttct	tcggcagagg	cagcagactg	300
cacatcaagc	gtacgggtggc	cgctcccagc	gtgttcacct	tcccacctag	cgacgagcag	360
ctgaagtccg	gcacagcctc	tgtcgtgtgc	ctgctgaaca	acttctaccc	ccgcgaggcc	420
aaagtgcagt	ggaaggtgga	caacgcctcg	cagagcggca	acagccagga	aagcgtgacc	480
gagcaggaca	gcaaggactc	cacctacagc	ctgagcagca	ccctgacact	gagcaaggcc	540
gactacgaga	agcacaaggt	gtacgcctgc	gaagtgacct	accagggcct	gtctagcccc	600
gtgaccaaga	gcttcaaccg	gggcgagtgt				630

<210> 127

5 <211> 1806

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 127

gaggtagac	tgggtgagtc	aggagggggg	cttgtgaagc	ccgggtgggtc	tctccgcctg	60
agctgttctg	cctccggcct	tgatttcgat	aacgcctgga	tgacctgggt	caggcagcct	120
ccaggtgaagg	gactggagtg	ggtgggaaga	atcacaggtc	caggcgaggg	ctggtccgtg	180
gactacgcgg	aatctgttaa	agggcggttt	acaatctcaa	gggacaatac	caagaatacc	240
ttgtatttgg	agatgaacaa	cgtgagaact	gaagacaccg	gatattactt	ctgtgccaga	300
acaggcaaat	actacgactt	ctgggtccggc	tatccccctg	gcgaggaata	ttttcaagac	360
tggggtcagg	gaacccttgt	tatcgtgtcc	tccgacaaaa	cccataccca	gatgcagctg	420
caggagagcg	gccctggact	cgtgaagccc	agcgagaccc	tgagcctgac	atgcagcgtg	480
agcggcgcca	gcacagcga	cagctactgg	agctggatca	ggaggagccc	tggcaagggc	540
ctggagtgga	tccggtacgt	gcacaagagc	ggcgacacca	actacagccc	ctccctgaag	600
tccaggtgta	actgtcccct	ggacaccagc	aagaaccagg	tgagcctgtc	cctggtggct	660
gccacagctg	ctgacagcgg	caagtactac	tgtgccagga	ccctgcacgg	caggaggatc	720
tacggcatcg	tggccttcaa	cgagtgttcc	acctacttct	acatggacgt	gtggggcaac	780
ggcaccacag	tgaccgtgag	ctccgataag	accacaccgg	cttccaccaa	gggcccatcg	840
gtcttcccc	tggcaccctc	ctccaagagc	acctctgggg	gcacagcggc	cctgggctgc	900
ctggtcaagg	actacttccc	cgaaccgggtg	acgggtgtcgt	ggaactcag	cgccctgacc	960
agcggcgtgc	acaccttccc	ggctgtccta	cagtccctcag	gactctactc	cctcagcagc	1020
gtggtgaccg	tgcctccag	cagcttgggc	accagacct	acatctgcaa	cgtgaatcac	1080
aagcccagca	acaccaaggt	ggacaagaaa	gttaggccca	aatcttgtga	caaaaactcac	1140
acatgccca	cgtgccccagc	acctgaactc	ctggggggac	cgtcagttct	cctcttcccc	1200
ccaaaaccca	aggacaccct	catgatctcc	cggacccctg	aggtcacatg	cgtggtgggtg	1260
gacgtgagcc	acgaagaccc	tgagggtcaag	ttcaactggg	atggtgacgg	cgtggagggtg	1320
cataatgcca	agacaaaagcc	gcgggagggag	cagtacaaca	gcacgtaccg	tgtggtcagc	1380
gtcctcaccg	tccctgcacca	ggactggctg	aatggcaagg	agtacaagtg	caaggtctcc	1440
aacaaaagccc	tcccagcccc	catcgagaaa	accatctcca	aagccaaaagg	gcagccccga	1500
gaaccacagg	tgtacaccct	gccccatgc	cgggatgagc	tgaccaagaa	tcaagtcaagc	1560
ctgtggtgcc	tggtaaaagg	cttctatccc	agcgacatcg	ccgtggagtg	ggagagcaat	1620
gggcagccgg	agaacaacta	caagaccacg	cctcccgtgc	tggactccga	cggctccttc	1680
ttcctctact	caaaaactcac	cgtggacaag	agcaggtggc	agcaggggaa	cgtcttctca	1740
tgctccgtga	tgcatgaggc	tctgcacaac	cactacacgc	agaagagcct	ctccctgtct	1800
ccgggt						1806

<210> 128

<211> 993

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 128

```
tccgacatca gogtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcggcga gaagagcctg 60
ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120
tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcgggaag ccccgcagc 180
cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240
tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt ggggtgttgg cggcggcacc 300
accctgaccg tgctggacaa aaccatacc gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc 360
tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt acttgccgag gcgactcact gcggagccac 420
tacgcttctt ggtatcagaa gaaacccggc caggcacctg tgctgctgtt ctacggaaag 480
aacaataggg catctggcat ccccgaccgc tttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc 540
agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag gacgaagccg attactattg cagctcccgg 600
gataagcagc gctccagact gagcgtgttc ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgat 660
aagaccata cccgtacggg gggcgtccc agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag 720
cagctgaagt cggcacagc ctctgtcgtg tgctgctga acaacttcta cccccgcgag 780
gccaaagtgc agtggaaagg ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840
accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900
gccgactacg agaagcacia ggtgtacgcc tgcaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960
cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993
```

<210> 129

5 <211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 129

```
Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1          5          10
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20        25        30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35        40        45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50        55        60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65        70        75
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85        90        95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100       105       110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115       120       125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130       135       140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145       150       155
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165       170       175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180       185       190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195       200       205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210       215       220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225       230       235
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245       250       255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
```

ES 2 894 304 T3

260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 130

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 130

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys

210

10

<210> 131

<211> 612

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 131

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
 130 135 140
 His Thr Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro
 145 150 155 160
 Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser
 165 170 175
 Asp Ser Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu
 180 185 190
 Trp Ile Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser
 195 200 205
 Leu Lys Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val
 210 215 220
 Ser Leu Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr
 225 230 235 240
 Cys Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe
 245 250 255
 Asn Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr
 260 265 270
 Gln Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly
 275 280 285
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
 290 295 300
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
 305 310 315 320
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
 325 330 335
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
 340 345 350
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
 355 360 365
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
 370 375 380
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
 385 390 395 400
 Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

ES 2 894 304 T3

405 410 415
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
 420 425 430
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
 435 440 445
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
 450 455 460
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
 465 470 475 480
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
 485 490 495
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
 500 505 510
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln
 515 520 525
 Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
 530 535 540
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
 545 550 555 560
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
 565 570 575
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
 580 585 590
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
 595 600 605
 Leu Ser Pro Gly
 610

<210> 132

<211> 334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 132

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
 1 5 10 15
 Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
 20 25 30
 Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
 35 40 45
 Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
 50 55 60
 Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
 65 70 75 80
 Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
 85 90 95
 Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Asp Phe
 100 105 110
 Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser
 115 120 125
 Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg
 130 135 140
 Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln
 145 150 155 160
 Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg
 165 170 175
 Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg
 180 185 190
 Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu

ES 2 894 304 T3

```

          195                200                205
Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys
   210                215                220
Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
225                230                235                240
Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
   245                250                255
Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
   260                265                270
Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
   275                280                285
Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
   290                295                300
Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
305                310                315                320
Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
   325                330

```

<210> 133

<211> 1356

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 133

```

agagcccacc tgggtcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagoggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt cggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgcct ctacaaaggg cccagcgtg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ctttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
gaacccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt ccgtgttccct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
accccgaag tgacctgctg ggtggtggat gtgtcccag aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagttc 1260
cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

```

10 <210> 134

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 134

```

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

```


ES 2 894 304 T3

```

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgccccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gaccgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tccggcagag cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacct ccgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctcg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

```

<210> 135

<211> 1836

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 135

```

caggtgcacc tgacacagag cggaccggaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaagggtg 60
tcctgcaagg ccctgggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
ccaggacaggg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacgggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
ctgcagctga gcgccctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcgc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggcccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccctgtca 420
tctgacaaaa ccataccca gatgcagctg caggagagcg gccctggact cgtgaagccc 480
agcgagaccc tgagcctgac atgcagcgtg agcggcgcca gcatcagcga cagctactgg 540
agctggatca ggaggagccc tggcaagggc ctggagtgga tccggtactg gcacaagagc 600
ggcgacacca actacagccc ctccctgaag tccaggggtga acctgtccct ggacaccagc 660
aagaaccagg tgagcctgtc cctggtggct gccacagctg ctgacagcgg caagtactac 720
tgtgccagga ccctgcacgg caggaggatc tacggcatcg tggccttcaa cgagtgggtc 780
acctacttct acatggacgt gtggggcaac ggcaccaggg tgaccgtgag ctccgataag 840
accacacccg ctccaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 900
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 960
acgggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 1020
cagtccctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 1080
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1140
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaactc 1200
ctggggggac cgtcagctct cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 1260
cggacccctg aggtcacatc cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tggaggtcaag 1320
ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1380
cagtacaaca gcactgaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1440
aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1500
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacaggtgtacaccct gccccatgc 1560
cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1620
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat ggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1680
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctact caaaactcac cgtggacaag 1740
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcattgagcc tctgcacaac 1800
cactacacgc agaagagcct ctccctgtct ccgggt 1836

```

10 <210> 136

<211> 1002

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 136

tccgacatca gcgtggcccc cggagagaca gccaggatct cctgcgggcga gaagagcctg 60
 ggaagcaggg ctgtgcagtg gtaccaaacac agggccggac aggctcccag cctgatcatc 120
 tacaacaacc aggacaggcc cagcggcatc cctgagaggt tcagcgggaag ccccgcacagc 180

cccttcggaa ccacagccac cctgaccatc acaagcgtgg aagccggcga cgaggccgac 240
 tactactgcc acatctggga cagcagggtg cccaccaagt ggggtgtttgg cggcggcacc 300
 accctgaccg tgctggacaa aaccataacc gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc 360
 ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc atcagctgca agagcagcca ctcccctgatc 420
 cacggcgacc ggaacaacta cctggccttg tacgtgcaga agcccggcag atccccccag 480
 ctgctgatct acctggccag cagcagagcc agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc 540
 ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc 600
 tactactgta tgcagggcag agagagcccc tggacctttg gccagggcac caaggtggac 660
 atcaagata agaccatac ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720
 agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780
 ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaagtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840
 gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
 ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960
 ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 137

<211> 451

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 137

Arg	Ala	His	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Thr	Ala	Met	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala
1				5					10					15	
Ser	Val	Arg	Val	Ser	Cys	Gln	Thr	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ala	His
			20					25					30		
Ile	Leu	Phe	Trp	Phe	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Arg	Gly	Leu	Glu	Trp	Val
		35					40					45			
Gly	Trp	Ile	Lys	Pro	Gln	Tyr	Gly	Ala	Val	Asn	Phe	Gly	Gly	Gly	Phe
	50					55				60					
Arg	Asp	Arg	Val	Thr	Leu	Thr	Arg	Asp	Val	Tyr	Arg	Glu	Ile	Ala	Tyr
65					70					75				80	
Met	Asp	Ile	Arg	Gly	Leu	Lys	Pro	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85					90					95	
Ala	Arg	Asp	Arg	Ser	Tyr	Gly	Asp	Ser	Ser	Trp	Ala	Leu	Asp	Ala	Trp
				100				105					110		
Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Val	Val	Ser	Ala	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro
		115					120					125			
Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr
	130					135					140				
Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr
145					150					155				160	
Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro
				165						170				175	
Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr
		180						185					190		
Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn
		195					200					205			
His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser
210						215						220			
Cys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu
225					230					235				240	
Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu
				245						250				255	
Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser
			260					265					270		
His	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu
		275					280					285			
Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr
		290					295				300				
Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn

10

305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 138

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 138

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

10 <210> 139

<211> 602

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 139

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser
 20 25 30
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
 100 105 110
 Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
 115 120 125
 Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Glu Val Arg Leu Val Glu Ser
 130 135 140
 Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser
 145 150 155 160
 Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp Met Thr Trp Val Arg Gln
 165 170 175
 Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly
 180 185 190
 Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
 195 200 205
 Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn
 210 215 220
 Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys
 225 230 235 240
 Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln
 245 250 255
 Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile Val Ser Ser Asp Lys Thr His
 260 265 270
 Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
 275 280 285
 Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
 290 295 300
 Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
 305 310 315 320
 Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
 325 330 335
 Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
 340 345 350
 Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
 355 360 365
 Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
 370 375 380
 Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 385 390 395 400
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 405 410 415
 Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
 420 425 430
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 435 440 445
 Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

ES 2 894 304 T3

```

      450              455              460
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
465              470              475              480
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
      485              490              495
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
      500              505              510
Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
      515              520              525
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
      530              535              540
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
545              550              555              560
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
      565              570              575
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
      580              585              590
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
      595              600

```

<210> 140

<211> 331

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 140

```

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1              5              10              15
Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20              25              30
Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
 35              40              45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50              55              60
Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65              70              75              80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
      85              90              95
Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr
 100              105
His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser
 115              120              125
Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His
 130              135              140
Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg
 145              150              155              160
Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe
      165              170              175
Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu
 180              185              190
Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp
 195              200              205
Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr
 210              215              220
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
 225              230              235              240
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
      245              250              255
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

```

ES 2 894 304 T3

	260		265		270
Ser	Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser				
	275		280		285
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu					
	290		295		300
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser					
305		310		315	320
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys					
	325		330		

<210> 141

<211> 1356

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 141

```

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt cggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcg cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgcccgt ctacaaaggg cccagcgtg tccctctgg cccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtagc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggctgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt ccgtgttcct gttccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgctg ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aagccctgct ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaaccgc cagcccagaga acaactaaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatctctc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cggcggcagc agggcaactg gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

```

10 <210> 142

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 142

```

tacaaccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcagctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaagatgg cgtgccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcagtg ctgcagttct tggcagagag cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccactag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgctc ctgctgaaca acttctacc cgcgagggc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctc cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600

```

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt

630

<210> 143

<211> 1806

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 143

```

cagatgcagc tgcaggagag cggccctgga ctcgtgaagc ccagcgagac cctgagcctg 60
acatgcagcg tgagcggcgc cagcatcagc gacagctact ggagctggat caggaggagc 120
cctggcaagg gcctggagtg gatcggctac gtgcacaaga gcggcgacac caactacagc 180
ccctccctga agtccagggt gaacctgtcc ctggacacca gcaagaacca ggtgagcctg 240
tccctggtgg ctgccacagc tgctgacagc ggcaagtact actgtgccag gaccctgcac 300
ggcaggagga tctacggcat cgtggccttc aacgagtggg tcacctactt ctacatggac 360
gtgtggggca acggcaccca ggtgaccgtg agctccgaca aaaccctac cgaggttaga 420
ctggtggagt caggaggggg gcttgtgaag cccggtgggt ctctccgcct gagctgttct 480
gcctccggct ttgatttcga taacgcctgg atgacctggg tcaggcagcc tccaggttag 540
ggactggagt ggtggggaag aatcacaggt ccaggcgagg gctggctcct ggactacgcg 600
gaatctgtta aagggcgggt tacaatctca agggacaata ccaagaatac cttgtatttg 660
gagatgaaca acgtgagaac tgaagacacc ggatattact tctgtgccag aacaggcaaa 720
tactacgact tctggtccgg ctatccccct ggcgaggaat attttcaaga ctggggtcag 780
ggaacccttg ttatcgtgtc ctccgataag acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg 840
gtcttcccc cggcacccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 900
ctggctcaagg actacttccc cgaaccgggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960
agcggcgtgc acaccttccc ggtgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 1020
gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 1080
aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140
acatgcccac cgtgccacgc acctgaactc ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200
ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggacccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260
gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atggtgacgg cgtggagggtg 1320
cataatgcc aagacaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380
gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440
aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1500
gaaccacagg tgtacaccct gccccatgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtccagc 1560
ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1620
gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680
ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740
tgctccgtga tgcattgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctcctgtct 1800
ccgggt 1806
    
```

10 <210> 144

<211> 993

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 144

ES 2 894 304 T3

```

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttgccgag gcgactcact ggggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaacccggc 120
caggcacctg tgctgctggt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180
ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
ggaggaggaa ctaaaactgac cgtcctcgac aaaaccata cctccgacat cagcgtggcc 360
cccggagaga cagccaggat ctctgctggc gagaagagcc tgggaagcag ggctgtgcag 420
tggtagcaac acagggcccg acaggctccc agcctgatca tctacaacaa ccaggacagg 480
cccagcggca tccttgagag gttcagcggg agccccgaca gcccttcgg aaccacagcc 540
accctgacca tcacaagcgt ggaagccggc gacgagggcg actactactg ccacatctgg 600
gacagcaggg tgcccaccaa gtgggtgttt ggcggcggca ccaccctgac cgtgctggat 660

aagaccata ccggtacggt ggccgctccc agcgtgttca tttcccacc tagcgacgag 720
cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg tgctgctga acaacttcta ccccgcgag 780
gccaaagtgc agtgggaagt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg 840
accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctgac actgagcaag 900
gccgactacg agaagcacia ggtgtacgcc tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc 960
cccgtagcca agagcttcaa ccggggcgag tgt 993

```

<210> 145

<211> 460

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 145

ES 2 894 304 T3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro
 130 135 140
 Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val
 145 150 155 160
 Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala
 165 170 175
 Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly
 180 185 190
 Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly
 195 200 205
 Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys
 210 215 220
 Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys
 225 230 235 240
 Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
 245 250 255
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
 260 265 270
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys
 275 280 285
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
 290 295 300
 Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
 305 310 315 320
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
 325 330 335
 Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
 340 345 350
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
 355 360 365
 Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
 370 375 380
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
 385 390 395 400
 Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
 405 410 415
 Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
 420 425 430
 Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
 435 440 445
 His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 450 455 460

<210> 146

<211> 215

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

ES 2 894 304 T3

<400> 146

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20 25 30
 Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50 55 60
 Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
 85 90 95
 Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gln Pro
 100 105 110
 Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu
 115 120 125
 Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro
 130 135 140
 Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala
 145 150 155 160
 Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala
 165 170 175
 Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg
 180 185 190
 Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr
 195 200 205
 Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
 210 215

<210> 147

<211> 612

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 147

10 Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
 1 5 10 15

ES 2 894 304 T3

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser
 20 25 30
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
 100 105 110
 Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
 115 120 125
 Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser
 130 135 140
 Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys
 145 150 155 160
 Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser
 165 170 175
 Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly
 180 185 190
 Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp
 195 200 205
 Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr
 210 215 220
 Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg
 225 230 235 240
 Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala
 245 250 255
 Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr
 260 265 270
 Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly
 275 280 285
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
 290 295 300
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
 305 310 315 320
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
 325 330 335
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
 340 345 350
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
 355 360 365
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
 370 375 380
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
 385 390 395 400
 Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
 405 410 415
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
 420 425 430
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
 435 440 445
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
 450 455 460
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
 465 470 475 480
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
 485 490 495
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
 500 505 510
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln

ES 2 894 304 T3

```

          515                520                525
Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
  530                535                540
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
  545                550                555                560
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
          565                570                575
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
          580                585                590
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
          595                600                605
Leu Ser Pro Gly
  610

```

<210> 148

<211> 334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 148

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
  1          5          10          15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
          20          25          30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
          35          40          45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
          50          55          60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
  65          70          75          80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
          85          90          95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
          100          105          110
Asp Lys Thr His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala
          115          120          125
Arg Ile Ser Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp
          130          135          140
Tyr Gln His Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn
  145          150          155          160
Gln Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp
          165          170          175
Ser Pro Phe Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala
          180          185          190
Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro
          195          200          205
Thr Lys Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys
  210          215          220
Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
  225          230          235          240
Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
          245          250          255
Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
          260          265          270
Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
          275          280          285
Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
          290          295          300
Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
          305          310          315          320
Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
          325          330

```

<210> 149

<211> 1383

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 149

```

gaggttagac tggtagagtc aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggtaaag gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgagg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctgggtccgc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc 420
cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg 480
aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc 540
gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg 600
acagtgccc gacgtctctt gggcacccag acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc 660
agcaacacca agtgggacaa gaaggtggaa cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt 720
cccccttgtc ctgccccga actgctggga ggccttccg tgttctgtt cccccaaag 780
cccaaggaca cctgatgat cagccggacc cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg 840
tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat tggtagctgg acggcgtgga agtgcaaac 900
gccaagacca agccaagaga ggaacagtac aacagcacct accgggtggt gtccctgctg 960
accgtgctgc accaggactg gctgaacggc aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag 1020
gccctgctca ccccacatga gaaaaccatc agcaaggcca agggccagcc ccgcaacc 1080
caggtgtgca cactgcccc aagcagggac gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc 1140
tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat atcgccgtgg aatgggagag caacggccag 1200
cccgagaaca actacaagac cacccccctt gtgctggaca gcgacggctc attcttctg 1260
gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc 1320
gtgatgcacg aggccctgca caaccactac acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1380
aag 1383
    
```

<210> 150

10 <211> 645

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 150

```

gcatccgaac tgactcagga cctgcctgc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttctt ggtatcagaa gaaaccggc 120
caggcacctg tctgtctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180
ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccc attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcagt cagcccaagg ctgccccctc ggtcactctg 360
ttcccgccct cgagtgagga gcttcaagcc aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt 420
gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc tggaaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg 480
ggagtggaga ccaccacacc ctccaacaa agcaacaaca agtacgcggc cagcagctac 540
ctgagcctga cgctgagca gtggaagtcc cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat 600
gaaggagca ccgtggagaa gacagtggcc cctacagaat gttca 645
    
```

<210> 151

<211> 1836

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 151

```

cagatgcagc  tgcaggagag  cggccctgga  ctctgtgaagc  ccagcgagac  cctgagcctg  60
acatgcagcg  tgagcggcgc  cagcatcagc  gacagctact  ggagctggat  caggaggagc  120
cctggcaagg  gcctggagtg  gatcggctac  gtgcacaaga  gcggcgacac  caactacagc  180
ccctccctga  agtccagggt  gaacctgtcc  ctggacacca  gcaagaacca  ggtgagcctg  240
tcctcgtgg  ctgccacagc  tgctgacagc  ggcaagtact  actgtgccag  gaccctgcac  300
ggcaggagga  tctacggcat  cgtggccttc  aacgagtggt  tcacctactt  ctacatggac  360
gtgtggggca  acggcaccca  ggtgaccctg  agctccgaca  aaaccatac  ccaggtgcac  420
ctgacacaga  gcggacccga  agtgcggaag  cctggcacct  ctgtgaaggt  gtcctgcaag  480
gcccctggca  acaccctgaa  aacctacgac  ctgcaactgg  tgcgcagcgt  gccagacag  540
ggactgcagt  ggatgggctg  gatcagccac  gagggcgaca  agaaagtgat  cgtggaacgg  600
ttcaaggcca  aagtgaccat  cgactgggac  agaagcacca  acaccgccta  cctgcagctg  660
agcggcctga  cctctggcga  taccgccgtg  tactactgcg  ccaagggcag  caagcaccgg  720
ctgagagact  acgccctgta  cgacgatgac  ggccctctga  actgggcccgt  ggatgtggac  780
tacctgagca  acctggaatt  ctggggccag  ggcacagccg  tgaccgtgtc  atctgataag  840
accacacacc  cttccaccaa  gggcccatcg  gtcttcccc  tggcaccctc  ctccaagagc  900
acctctgggg  gcacagcggc  cctgggctgc  ctggtcaagg  actacttccc  cgaaccgggt  960
acgggtgctg  ggaactcagg  cgccctgacc  agcggcgtgc  acaccttccc  ggctgtccta  1020
cagtcctcag  gactctactc  cctcagcagc  gtggtgaccg  tgccctccag  cagcttgggc  1080
accagacct  acatctgcaa  cgtgaatcac  aagcccagca  acaccaaggt  ggacaagaaa  1140
gttgagccca  aatcttgtga  caaaactcac  acatgccac  cgtgcccagc  acctgaactc  1200
ctggggggac  cgtcagctct  cctcttcccc  caaaacccta  aggacaccct  catgatctcc  1260
cggaccctgt  aggtcacact  cgtggtggtg  gacgtgagcc  acgaagacc  tgaggtcaag  1320
ttcaactgtg  atgttgacgg  cgtggaggtg  cataatgcca  agacaaagcc  gcgggaggag  1380
cagtacaaca  gacagtagc  tgtggtcagc  gtctcaccg  tcctgcacca  ggactggctg  1440
aatggaagg  agtacaagtg  caaggtctcc  acaaaagccc  tcccagcccc  catcgagaaa  1500
accatctcca  aagccaaagg  gcagccccga  gaaccacag  tgtacaccct  gccccatgc  1560
cgggatgagc  tgaccaagaa  tcaagtcagc  cgtggtgccc  tggtaaaagg  cttctatccc  1620
agcgacatcg  ccgtggagtg  ggagagcaat  ggcagccgg  agaacaacta  caagaccag  1680
cctcccgtgc  tggactccga  cggctccttc  ttctctact  caaaactcac  cgtggacaag  1740
agcaggtggc  agcaggggaa  cgtcttctca  tgctccgtga  tgcattgagg  tctgcacaac  1800
cactacacgc  agaagagcct  ctccctgtct  ccgggt  1836

```

5 <210> 152

<211> 1002

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 152

```

gacttcgtgc  tgaccagag  cctcacagc  ctgagcgtga  cacctggcga  gagcgcagc  60
atcagctgca  agagcagcca  ctccctgac  cacggcgacc  ggaacaacta  cctggcttgg  120
tacgtgcaga  agcccggcag  atccccccag  ctgctgatct  acctggccag  cagcagagcc  180
agcggcgtgc  ccgatagatt  ttctggcagc  ggcagcgaca  aggacttcac  cctgaagatc  240
agccgggtgg  aaaccgagga  cgtgggcacc  tactactgta  tgcagggcag  agagagcccc  300
tggacctttg  gccagggcac  caaggtggac  atcaaggaca  aaaccatac  ctccgacatc  360
agcgtggccc  ccggagagac  agccaggatc  tcctgcggcg  agaagagcct  gggaaagcag  420
gctgtgcagt  ggtaccaaca  cagggcccga  caggctccca  gcctgatcat  ctacaacaac  480
caggacaggg  ccagcggcat  ccctgagagg  ttcagcggaa  gccccgacag  ccccttggga  540
accacagcca  cctgaccat  cacaagcgtg  gaagccggcg  acgagccga  ctactactgc  600
cacatctggg  acagcagggt  gccaccaag  tgggtgtttg  gcggcggcac  caccctgacc  660
gtgctggata  agaccatac  ccgtacggtg  gccgtccca  gcgtgttcat  cttcccacct  720
agcgacgagc  agctgaagtc  cggcacagcc  tctgtcgtgt  gcctgctgaa  caacttctac  780
cccccgagg  ccaaagtcga  gtggaaggtg  gacaacgccc  tgcagagcgg  caacagccag  840
gaaagcgtga  ccgagcagga  cagcaaggac  tcccctaca  gcctgagcag  caccctgaca  900
ctgagcaagg  ccgactacga  gaagcacaa  gtgtacgcct  gcgaagtgac  ccaccagggc  960

ctgtctagcc  ccgtgaccaa  gagcttcaac  cggggcgagt  gt  1002

```

<210> 153

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 153

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1          5          10          15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20          25          30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50          55          60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65          70          75          80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100         105         110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115         120         125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130         135         140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145         150         155         160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165         170         175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180         185         190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195         200         205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210         215         220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225         230         235         240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245         250         255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260         265         270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275         280         285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290         295         300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305         310         315         320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325         330         335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340         345         350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355         360         365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370         375         380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385         390         395         400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405         410         415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420         425         430
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435         440         445
Ser Pro Gly
 450

```

<210> 154

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 154

```

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
           20           25           30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
           35           40           45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65           70           75           80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
           85           90           95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
           100          105          110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
           115          120          125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130          135          140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145          150          155          160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
           165          170          175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
           180          185          190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
           195          200          205
Glu Cys
 210
    
```

<210> 155

10 <211> 612

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 155

```

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
 1           5           10           15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser
           20           25           30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
           35           40           45
Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
    
```


ES 2 894 304 T3

```

      50                      55                      60
Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
65                                     70                                     75                                     80
Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala
      85                                     90                                     95
Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
      100                                105
Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
      115                                120                                125
Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser
      130                                135                                140
Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys
145                                150                                155                                160
Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser
      165                                170                                175
Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly
      180                                185                                190
Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp
      195                                200                                205
Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr
      210                                215                                220
Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg
225                                230                                235                                240
Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala
      245                                250                                255
Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr
      260                                265                                270
Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly
      275                                280                                285
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly
      290                                295                                300
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val
305                                310                                315                                320
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe
      325                                330                                335
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
      340                                345                                350
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val
      355                                360                                365
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys
      370                                375                                380
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu
385                                390                                395                                400
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
      405                                410                                415
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
      420                                425                                430
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
      435                                440                                445
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
      450                                455                                460
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
465                                470                                475                                480
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
      485                                490                                495
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
      500                                505                                510
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln
      515                                520                                525
Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
530                                535                                540
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
545                                550                                555                                560

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
      565                                570                                575
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
      580                                585                                590
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
      595                                600                                605
Leu Ser Pro Gly
      610

```

<210> 156

<211> 334

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 156

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1          5          10          15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
          20          25          30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
          35          40          45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
          50          55          60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65          70          75          80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
          85          90          95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
          100          105          110
Asp Lys Thr His Thr Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala
          115          120          125
Arg Ile Ser Cys Gly Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp
          130          135          140
Tyr Gln His Arg Ala Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn
145          150          155          160
Gln Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp
          165          170          175
Ser Pro Phe Gly Thr Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala
          180          185          190
Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro
          195          200          205
Thr Lys Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu Asp Lys
          210          215          220
Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
225          230          235          240
Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
          245          250          255
Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
          260          265          270
Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
          275          280          285
Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
          290          295          300
Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
305          310          315          320
Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
          325          330

```

<210> 157

<211> 1356

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 157

ES 2 894 304 T3

```

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgccctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaaactc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgcccgtg actactgcgc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgcct ctacaaaggg cccagcgtg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgatgaca cttttccagc tgtgctgacg 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt ccgtgttccct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcct ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aagccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gcccccgaa ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccc tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaca gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtgcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggcaag 1356

```

<210> 158

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 158

```

tacaatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaaagtgg cgtgccacgc 180
agatthtccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tggcagagc cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacct ccgagaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcaggtgt 630

```

10 <210> 159

<211> 1836

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 159

ES 2 894 304 T3

cagatgcagc tgcaggagag cggccctgga ctcgtgaagc ccagcgagac cctgagcctg 60
 acatgcagcg tgagcggcgc cagcatcagc gacagctact ggagctggat caggaggagc 120
 cctggcaagg gctcggagt gacatcgctac gtgcacaaga gcggcgacac caactacagc 180
 ccctccctga agtccagggt gaacctgtcc ctggacacca gcaagaacca ggtgagcctg 240
 tccctgggtg ctgccacagc tgctgacagc ggcaagtact actgtgccag gaccctgcac 300
 ggcagaggga tctacggcat cgtggccttc aacgagtggg tcacctactt ctacatggac 360
 gtgtggggca acggcaccga ggtgaccgtg agctccgaca aaaccatac ccaggtgcac 420
 ctgacacaga gcggacccca agtgccgaag cctggcacct ctgtgaaggt gtccctgcaag 480
 gcccttgga acaccctgaa aacctacgac ctgcaactggg tgcgcagcgt gccaggacag 540
 ggactgcagt ggatgggctg gatcagccac gagggcgaca agaaagtgat cgtggaacgg 600
 ttcaaggcca aagtgacat cgactgggac agaagcacca acaccgcta cctgcagctg 660
 agcggcctga cctctggcga taccgccgtg tactactgcg ccaagggcag caagcaccgg 720
 ctgagagact acgccctgta cgacgatgac ggcgccctga actgggcccgt ggatgtggac 780
 tacctgagca acctggaatt ctggggccag ggcacagcct tgaccgtgtc atctgataag 840
 acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 900
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 960
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 1020
 cagtccctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 1080
 accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaagt ggacaagaaa 1140
 gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaactc 1200
 ctggggggac cgtcagctctt cctcttcccc caaaaacca aggacaccct catgatctcc 1260
 cggaccctctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 1320
 ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaaagcc gcgggaggag 1380
 cagtacaaca gcactacgg tgtggtcagc gtccctcacc tctgcacca ggactggctg 1440
 aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1500
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatgc 1560
 cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtcagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1620
 agcgacatcg ccgtggagt ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1680
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctact caaaactcac cgtggacaag 1740
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1800
 cactacacgc agaagagcct ctcctgtct cccgggt 1836

<210> 160

<211> 1002

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 160

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
 atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
 tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
 agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
 tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac ctccgacatc 360
 agcgtggccc ccggagagac agccaggatc tctgcccgcg agaagagcct ggggaagcagg 420
 gctgtgcagt ggtaccaaca cagggccgga caggctccca gcctgatcat ctacaacaac 480
 caggacaggg ccagcggcat ccctgagagg ttcagcggaa gccccgacag ccccttcgga 540
 accacagcca ccctgacct cacaagcgtg gaagccggcg acgagggcga ctactactgc 600
 cacatctggg acagcagggt gccaccaag tgggtgtttg gcggcggcac caccctgacc 660
 gtgctggata agaccatac ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720
 agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780
 ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840
 gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
 ctgacaaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960
 ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

10 <210> 161

<211> 470

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 161

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
 130 135 140
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
 145 150 155 160
 Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 165 170 175
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 180 185 190
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 195 200 205
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
 210 215 220
 Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
 225 230 235 240
 Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 245 250 255
 Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 260 265 270
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 275 280 285
 Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 290 295 300
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
 305 310 315 320
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 325 330 335
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
 340 345 350
 Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 355 360 365
 Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
 370 375 380
 Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 385 390 395 400
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 405 410 415
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
 420 425 430
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
 435 440 445
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 450 455 460

Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 465 470

5

<210> 162

<211> 219

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

5 <400> 162

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1          5          10          15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
          20          25          30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
          35          40          45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
          50          55          60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65          70          75          80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
          85          90          95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
          100          105          110
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
          115          120          125
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
130          135          140
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
145          150          155          160
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
          165          170          175
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
          180          185          190
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
          195          200          205
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
          210          215

```

<210> 163

<211> 592

<212> PRT

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 163

```

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1          5          10          15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
          20          25          30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
          35          40          45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
          50          55          60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
65          70          75          80
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr

```

ES 2 894 304 T3

				85					90				95		
Phe	Cys	Ala	Arg	Thr	Gly	Lys	Tyr	Tyr	Asp	Phe	Trp	Ser	Gly	Tyr	Pro
			100					105					110		
Pro	Gly	Glu	Glu	Tyr	Phe	Gln	Asp	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Ile
			115				120					125			
Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Arg	Ala	His	Leu	Val	Gln	Ser	Gly
			130			135					140				
Thr	Ala	Met	Lys	Lys	Pro	Gly	Ala	Ser	Val	Arg	Val	Ser	Cys	Gln	Thr
			145		150					155					160
Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ala	His	Ile	Leu	Phe	Trp	Phe	Arg	Gln	Ala
			165					170						175	
Pro	Gly	Arg	Gly	Leu	Glu	Trp	Val	Gly	Trp	Ile	Lys	Pro	Gln	Tyr	Gly
			180					185					190		
Ala	Val	Asn	Phe	Gly	Gly	Gly	Phe	Arg	Asp	Arg	Val	Thr	Leu	Thr	Arg
			195				200					205			
Asp	Val	Tyr	Arg	Glu	Ile	Ala	Tyr	Met	Asp	Ile	Arg	Gly	Leu	Lys	Pro
			210			215					220				
Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Ala	Arg	Asp	Arg	Ser	Tyr	Gly	Asp
			225		230					235					240
Ser	Ser	Trp	Ala	Leu	Asp	Ala	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Thr	Val	Val	Val
			245					250						255	
Ser	Ala	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe
			260				265						270		
Pro	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ala	Ala	Leu
			275			280						285			
Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Trp
			290		295						300				
Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu
			305		310					315					320
Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser
			325					330						335	
Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gln	Thr	Tyr	Ile	Cys	Asn	Val	Asn	His	Lys	Pro
			340				345						350		
Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Lys	Val	Glu	Pro	Lys	Ser	Cys	Asp	Lys
			355			360						365			
Thr	His	Thr	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Pro
			370			375					380				
Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser
			385		390					395					400
Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	His	Glu	Asp
			405					410						415	
Pro	Glu	Val	Lys	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn
			420				425							430	
Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Tyr	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val
			435			440						445			
Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu
			450		455						460				
Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys
			465		470					475					480
Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr
			485					490						495	
Leu	Pro	Pro	Cys	Arg	Asp	Glu	Leu	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Trp
			500				505						510		
Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu
			515			520						525			
Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu
			530		535						540				
Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys
			545		550					555					560
Ser	Arg	Trp	Gln	Gln	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu
			565					570						575	
Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro	Gly
			580				585							590	

<210> 164

<211> 329

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 164

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu
 100 105 110
 Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile
 115 120 125
 Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln
 130 135 140
 Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn
 145 150 155 160
 Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn
 165 170 175
 Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp
 180 185 190
 Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe
 195 200 205
 Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr
 210 215 220
 Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu
 225 230 235 240
 Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro
 245 250 255
 Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly
 260 265 270
 Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr
 275 280 285
 Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His
 290 295 300
 Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val
 305 310 315 320
 Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325

<210> 165

<211> 1413

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 165

ES 2 894 304 T3

caggtgcacc tgacacagag cggaccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60
 tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
 ccaggaacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
 gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
 ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgcccgtg actactgcgc caagggcagc 300
 aagcacccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgcccctgaa ctgggcccgtg 360
 gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
 tctgcttcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctacgagcaa gagcacatct 480
 ggccggaacag ccgcccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 540
 tcctggaatt ctggcgcctt gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 600
 agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcacccag 660
 acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gaagtgaggaa 720
 cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgcccccca actgctggga 780
 ggcccttccg tgttcctgtt cccccaaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840
 cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagtcaat 900
 tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac 960
 aacagcacct accgggtggt gtccgtcgtg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020
 aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgcctg ccccatcga gaaaaccatc 1080
 agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcaggac 1140
 gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgcccgtg aaggcttcta cccctccgat 1200
 atgcgccgtg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1260
 gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccg 1320
 tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1380
 acccagaagt ccctgagcct gagccccggc aag 1413

<210> 166

<211> 657

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 166

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgcagc 60
 atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
 tacgtgcaga agcccggcag atcccccaag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
 agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggacgacaca aggacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
 tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgtg cggtggccc tcccagcgtg 360
 ttcatcttc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420
 ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480
 agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540
 agcagcacc tgacactgag caaggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600
 gtgaccacc accggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

10 <210> 167

<211> 1776

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 167

gaggtagac tgggtgagtc aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
 agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
 ccagtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
 gactacggg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
 ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
 acagcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
 tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccag agcccacctg 420

ES 2 894 304 T3

gtgcagtctg gcaccgccat gaagaaacca ggccctctg tgcgggtgtc ctgtcagaca 480
 agcggctaca ccttcaccgc ccacatcctg ttctggttcc ggcaggcccc tggcagagga 540
 ctggaatggg tgggatggat caagccccag tatggcgccg tgaacttcgg cggaggtctc 600
 cgggatagag tgaccctgac ccgggacgtg taccgcgaga tgcctacat ggacatccgg 660
 ggccctgaagc cggatgacac cgccgtgtac tactgcgcca gagacagaag ctacggcgac 720
 agcagctggg ctctggatgc ttggggccag ggcacaaccg tgggtggtgtc tgccgataag 780
 acccacaccg cttccaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 840
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 900
 acgggtgctg ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 960
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 1020
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1080
 gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1140
 ctggggggac cgtcagctct cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 1200
 cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 1260
 ttcaactggg atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 1320
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 1380
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc acaaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1440
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatgc 1500
 cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtccagc ctgtggtgccc tggtaaaagg cttctatccc 1560
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat ggcagccgg agaacaacta caagaccagc 1620
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctact caaaactcac cgtggacaag 1680
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcattgaggc tctgcacaac 1740
 cactacacgc agaagagcct ctcctgtctc ccgggt 1776

<210> 168

<211> 987

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 168

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
 atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
 ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaaagtgg cgtgcccagc 180
 agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
 gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
 cacatcaagg acaaaaccca taccgcatcc gaactgactc aggaccctgc cgtctctgtg 360
 gcaactgaagc agactgtgac tattacttgc cgaggcgact cactgcggag ccactacgct 420
 tcctggtatc agaagaaacc cggccaggca cctgtgctgc tgttctacgg aaagaacaat 480
 aggccatctg gcatccccga ccgcttttct ggcagtgcac cagggaaaccg agccagtctg 540
 accattaccg gcgcccaggc tgaggacgaa gccgattact attgacgctc ccgggataag 600
 agcggctcca gactgagcgt gttcggagga ggaactaaac tgaccgtcct cgataagacc 660
 catacccgtg cgtggccgc tcccagcgtg ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg 720
 aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa 780
 gtgcagtggg aggtggacaa cgccctgcag agcggcaaca gccaggaag cgtgaccgag 840
 caggacagca aggactccac ctacagcctg agcagcacc tgacactgag caaggccgac 900
 tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa gtgaccacc agggcctgtc tagccccgtg 960
 accaagagct tcaaccgggg cgagtg 987

10 <210> 169

<211> 470

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 169

ES 2 894 304 T3

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr

20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
 130 135 140
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
 145 150 155 160
 Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 165 170 175
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 180 185 190
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 195 200 205
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
 210 215 220
 Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
 225 230 235 240
 Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 245 250 255
 Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 260 265 270
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 275 280 285
 Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 290 295 300
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
 305 310 315 320
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 325 330 335
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
 340 345 350
 Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 355 360 365
 Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
 370 375 380
 Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 385 390 395 400
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 405 410 415
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
 420 425 430
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
 435 440 445
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 450 455 460
 Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 465 470

<210> 170

<211> 219

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 170

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1           5           10           15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
           20           25           30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
           35           40           45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
           50           55           60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65           70           75           80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
           85           90           95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
           100          105          110
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
           115          120          125
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
130          135          140
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
145          150          155          160
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
           165          170          175
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
           180          185          190
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
           195          200          205
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
           210          215

```

<210> 171

5 <211> 550

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 171

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1           5           10           15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
           20           25           30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
           35           40           45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
50           55           60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
65           70           75           80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
           85           90           95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
           100          105          110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Glu
           115          120          125
Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser
130          135          140
Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp

```

145 150 155 160
 Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly
 165 170 175
 Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu Ser
 180 185 190
 Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr Leu
 195 200 205
 Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr Phe
 210 215 220
 Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro Pro
 225 230 235 240
 Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile Val
 245 250 255
 Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe
 260 265 270
 Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu
 275 280 285
 Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp
 290 295 300
 Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu
 305 310 315 320
 Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser
 325 330 335
 Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro
 340 345 350
 Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys
 355 360 365
 Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Gly Gly Pro
 370 375 380
 Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
 385 390 395 400
 Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp
 405 410 415
 Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
 420 425 430
 Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
 435 440 445
 Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
 450 455 460
 Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
 465 470 475 480
 Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
 485 490 495
 Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp
 500 505 510
 Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
 515 520 525
 Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
 530 535 540
 Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 545 550

<210> 172

<211> 329

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 172

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln

ES 2 894 304 T3

1				5						10				15	
Thr	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	Gly	Asp	Ser	Leu	Arg	Ser	His	Tyr	Ala
			20					25					30		
Ser	Trp	Tyr	Gln	Lys	Lys	Pro	Gly	Gln	Ala	Pro	Val	Leu	Leu	Phe	Tyr
		35					40					45			
Gly	Lys	Asn	Asn	Arg	Pro	Ser	Gly	Ile	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser
	50					55				60					
Ala	Ser	Gly	Asn	Arg	Ala	Ser	Leu	Thr	Ile	Thr	Gly	Ala	Gln	Ala	Glu
65					70					75					80
Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr	Tyr	Cys	Ser	Ser	Arg	Asp	Lys	Ser	Gly	Ser	Arg
			85						90					95	
Leu	Ser	Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Lys	Thr
			100					105					110		
His	Thr	Tyr	Ile	His	Val	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu	Ser	Val	Ser
		115					120					125			
Ile	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Asn	Cys	Gln	Thr	Ser	Gln	Gly	Val	Gly
	130					135				140					
Ser	Asp	Leu	His	Trp	Tyr	Gln	His	Lys	Pro	Gly	Arg	Ala	Pro	Lys	Leu
145					150					155					160
Leu	Ile	His	His	Thr	Ser	Ser	Val	Glu	Asp	Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe
				165					170					175	
Ser	Gly	Ser	Gly	Phe	His	Thr	Ser	Phe	Asn	Leu	Thr	Ile	Ser	Asp	Leu
			180					185					190		
Gln	Ala	Asp	Asp	Ile	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Val	Leu	Gln	Phe	Phe
		195					200					205			
Gly	Arg	Gly	Ser	Arg	Leu	His	Ile	Lys	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Arg	Thr
	210					215					220				
Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp	Glu	Gln	Leu
225					230					235					240
Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val	Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe	Tyr	Pro
				245					250					255	
Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ser	Gly
			260					265						270	
Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp	Ser	Thr	Tyr
		275					280					285			
Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu	Lys	His
	290					295					300				
Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	Val
305					310					315					320
Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys							
				325											

<210> 173

<211> 1413

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 173

```

cagggtgcacc tgacacagag cggaccggaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaagggtg 60
tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt ggcgagcgtg 120
ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcacaa caccgcctac 240
ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgccc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgcctgaa ctgggcccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
tctgtctcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctacgagcaa gagcacatct 480
ggcggaaacag ccggcctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 540
tcctggaatt ctggcgccct gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagctc 600
agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 660

```

ES 2 894 304 T3

```

acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaaacacca aggtggacaa gaaggtggaa 720
cccaagagct ggcacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgccccga actgctggga 780
ggcccttccg tgttctgtt cccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 840
cccgaagtga cctgctggtt ggtggatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 900
tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac 960
aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1020
aaagagtaca agtgaaggt gtccaacaag gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc 1080
agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc caggtgtgca cactgcccc aagcagggac 1140
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1200
atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1260
gtgctggaca gcgacggctc attcttctc gtgtccaagc tgacagtgga caagtccgg 1320
tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1380
accagaagt ccctgagcct gagccccggc aag 1413

```

<210> 174

<211> 657

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 174

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cagggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgtgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgtg cgggtggccgc tcccagcgtg 360
ttcatcttc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420
ctgaacaact tctaccccc cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480
agcggcaaca gccaggaaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540
agcagcacc tgacactgag caagccgac tacgagaagc acaaggtgta cgctgcgaa 600
gtgaccacc aggccctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657

```

10 <210> 175

<211> 1776

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 175

ES 2 894 304 T3

agagcccacc tggcaccgctc tggcaccgccc atgaagaaac caggcgcctc tgtgocgggtg 60
 tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctgggt cggcagggc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaaacttc 180
 ggcggagggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgctac 240
 atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgcccgtg actactgcgc cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgcccaga aaaccatac cgaggttaga ctggtggagt caggaggggg gcttgtgaag 420
 cccggtgggt ctctccgct gagctgttct gcctccggct ttgatttcga taaccctgg 480
 atgacctggg tcaggcagcc tccaggtaag ggactggagt ggggtgggaag aatcacaggt 540
 ccagcgagg gctggtcctg ggactacgcg gaatctgta aagggcgggt tacaatctca 600
 agggacaata ccaagaatac cttgtatttg gagatgaaca acgtgagaac tgaagacacc 660
 ggatattact tctgtgccag aacaggcaaa tactacgact tctggtccgg ctatcccct 720
 ggcgaggaat attttcaaga ctggggctcag ggaacccttg ttatcgtgtc ctccgataag 780
 acccaacccg cttccaccaa gggcccacg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 840
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 900
 acgggtgctg ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 960
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagctggggc 1020
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaaa 1080
 gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaactc 1140

ctgggggggac cgtcagctct cctcttcccc caaaaccaca aggacaccct catgatctcc 1200
 cggaccocctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 1260
 ttcaactggt atgttgacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gggggaggag 1320
 cagtacaaca gcagtcaccg tgtggtcagc gtccctaccg tccctgcacca ggactggctg 1380
 aatggcaagg agtacaagtg caaggctctc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1440
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatgc 1500
 cgggatgagc tgaccaagaa tcaagttagc ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc 1560
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccagc 1620
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctact caaaactcac cgtggacaag 1680
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgetccgtga tgcattgaggc tctgcacaac 1740
 cactacacgc agaagagcct ctcctgtct ccgggt 1776

<210> 176

<211> 987

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 176

gcattccgaac tgactcagga ccctgccctc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
 acttgccgag gcgactcact ggggagccac tacgcttccct ggtatcagaa gaaaccgggc 120
 caggcacctg tgctgctggt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180
 ttttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
 gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
 ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcgac aaaaccata cctacatcca cgtgacccag 360
 agccccagca gcctgtccgt gtccatcggc gacagagtga ccatcaactg ccagacctct 420
 caggcgctgg gcagcgacct gcaactggtat cagcacaagc ctggcagagc ccccaagctg 480
 ctgatccacc acacaagcag cgtggaagat ggcgtgccc gcaagatttc cggcagcggc 540
 ttccacacca gcttcaacct gaccatcagc gatctgcagg ccgacgacat tgccacctac 600
 tattgtcagg tgctgcagtt cttcggcaga ggcagcagac tgcacatcaa ggataagacc 660
 catacccgtc cgttggccgc tcccagcgtg ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg 720
 aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa 780
 gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag agcggcaaca gccaggaag cgtgaccgag 840
 caggacagca aggactccca ctacagcctg agcagcacc tgacactgag caaggccgac 900
 tacgagaagc acaaggtgta cgccctgcga gtgaccacc agggcctgtc tagccccgtg 960
 accaagagct tcaaccgggg cgagtg 987

10

<210> 177

<211> 460

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 177

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro
 130 135 140
 Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val
 145 150 155 160
 Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala
 165 170 175
 Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly
 180 185 190
 Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly
 195 200 205
 Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys
 210 215 220
 Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys
 225 230 235 240
 Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
 245 250 255
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
 260 265 270
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys
 275 280 285
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
 290 295 300
 Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
 305 310 315 320
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
 325 330 335
 Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
 340 345 350
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
 355 360 365
 Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
 370 375 380
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
 385 390 395 400
 Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
 405 410 415
 Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
 420 425 430
 Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
 435 440 445
 His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 450 455 460

5

<210> 178

<211> 215

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 178

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20 25 30
 Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Phe Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50 55 60
 5 Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
 85 90 95
 Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gln Pro
 100 105 110
 Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu
 115 120 125
 Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro
 130 135 140
 Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala
 145 150 155 160
 Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala
 165 170 175
 Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg
 180 185 190
 Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr
 195 200 205
 Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
 210 215

<210> 179

<211> 602

<212> PRT

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 179

ES 2 894 304 T3

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Gln
 115 120 125
 Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser
 130 135 140
 Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp
 145 150 155 160
 Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly
 165 170 175
 Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys
 180 185 190
 Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu
 195 200 205
 Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 210 215 220
 Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp
 225 230 235 240
 Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu
 245 250 255
 Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His

260 265 270
 Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
 275 280 285
 Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
 290 295 300
 Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
 305 310 315 320
 Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
 325 330 335
 Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
 340 345 350
 Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
 355 360 365
 Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
 370 375 380
 Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 385 390 395 400
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 405 410 415
 Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
 420 425 430
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 435 440 445
 Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 450 455 460
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 465 470 475 480
 Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 485 490 495
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
 500 505 510
 Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
 515 520 525
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 530 535 540
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 545 550 555 560
 Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
 565 570 575
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 580 585 590
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 595 600

<210> 180

<211> 332

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 180

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile

ES 2 894 304 T3

65					70					75					80
Ser	Arg	Val	Glu	Thr	Glu	Asp	Val	Gly	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Met	Gln	Gly
				85					90					95	
Arg	Glu	Ser	Pro	Trp	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Val	Asp	Ile	Lys
			100					105					110		
Asp	Lys	Thr	His	Thr	Tyr	Ile	His	Val	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu
		115					120					125			
Ser	Val	Ser	Ile	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Asn	Cys	Gln	Thr	Ser	Gln
	130					135					140				
Gly	Val	Gly	Ser	Asp	Leu	His	Trp	Tyr	Gln	His	Lys	Pro	Gly	Arg	Ala
145					150					155					160
Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	His	His	Thr	Ser	Ser	Val	Glu	Asp	Gly	Val	Pro
				165					170					175	
Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Phe	His	Thr	Ser	Phe	Asn	Leu	Thr	Ile
		180						185					190		
Ser	Asp	Leu	Gln	Ala	Asp	Asp	Ile	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Val	Leu
		195				200						205			
Gln	Phe	Phe	Gly	Arg	Gly	Ser	Arg	Leu	His	Ile	Lys	Asp	Lys	Thr	His
	210					215					220				
Thr	Arg	Thr	Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp
225					230					235					240
Glu	Gln	Leu	Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val	Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn
				245					250					255	
Phe	Tyr	Pro	Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu
			260					265					270		
Gln	Ser	Gly	Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp
		275					280					285			
Ser	Thr	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr
	290					295					300				
Glu	Lys	His	Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser
305					310					315					320
Ser	Pro	Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys				
				325					330						

<210> 181

<211> 1383

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 181

```

gaggttagac tgggtggagtc aggagggggg cttgtgaagc cgggtgggtc tctccgctg 60
agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccagtaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgagg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctggctccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tategtgtcc tccgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc 420
cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg 480
aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg tectggaatt ctggcgcctt gaccagcggc 540
gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg 600
acagtcccc aacgactctt gggcaccag acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc 660
agcaaaccca agtggaaca gaaggtggaa cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt 720
cccccttctc ctgccccga actgctggga ggcccttcog tgttctgtt ccccccaaag 780
cccaaggaca cctgatgat cagccggacc cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg 840
tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac 900
gccaagacca agccaagaga ggaacagtac aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg 960
accgtgctgc accagactg gctgaacggc aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag 1020
gcctgcctg cccccatcga gaaaaccatc agcaaggcca agggccagcc ccgcgaacct 1080
cagggtgtgca cactgcccc aagcagggac gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc 1140

```

ES 2 894 304 T3

```
tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat atcgccgtgg aatgggagag caacggccag 1200
cccgagaaca actacaagac cccccccct gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg 1260
gtgtccaagc tgacagtgga caagtcccgg tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc 1320
gtgatgcacg aggccctgca caaccactac acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1380
aag 1383
```

<210> 182

<211> 645

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 182

```
gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaaccggc 120
caggcacctg tgctgctggt ctacggaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180
tttctggca gtgcatcagg gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
ggagaggaa ctaactgac cgtcctcagt cagccaagg ctgccccctc ggtcactctg 360
ttcccgccct cgagtgagga gcttcaagcc aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt 420
gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc tggaaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg 480
ggagtggaga ccaccacacc ctccaaacaa agcaacaaca agtacgcggc cagcagctac 540
ctgagcctga cgcctgagca gtggaagtcc cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat 600
gaaggagca ccgtggagaa gacagtggcc cctacagaat gttca 645
```

10 <210> 183

<211> 1806

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 183

ES 2 894 304 T3

```

agagcccacc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt cggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaaactc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgctgtgt actactgccc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgaca aaaccatac ccaggtgcac ctgacacaga gccgaccgca agtgccgaa 420
cctggcacct ctgtgaaggt gtccctgcaag gccctggca acaccctgaa aacctacgac 480
ctgcaactggg tgcgcagcgt gccaggacag ggactgcagt ggatgggctg gatcagccac 540
gaggcgaca agaaagtgat cgtggaacgg ttcaaggcca aagtgaccat cgactgggac 600
agaagcacca acaccgccta cctgcagctg agcggcctga cctctggcga taccgccgtg 660
tactactgcg caagggcag caagcaccgg ctgagagact acgccctgta cgacgatgac 720
ggcgccttga actgggcccgt ggatgtggac tacctgagca acctggaatt ctggggccag 780
aagcccagca aaccaaggt atctgataag accacaccg cttccacca gggcccatcg 840
gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc acctctggg gcacagcgc cctgggctgc 900
ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 960
agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 1020
gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaaatca 1080
aagcccagca aaccaaggt ggacaagaaa gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 1140
acatgccac cgtgcccagc acctgaaact ctggggggac cgtcagtctt cctcttcccc 1200
ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg 1260
gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag ttcaactggt atggtgacgg cgtggagggtg 1320
cataatgcca agacaaagcg gccgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 1380
gtcctcaccg tctgacacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc 1440
aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa acctctcca aagccaaagg gcagccccga 1500
gaaccacagg tgtacaccct gcccccctgc cgggatgagc tgaccaagaa tcaagtacgc 1560
ctgtggtgcc tggtaaaagg cttctatccc agcgcacatc cctgggagtg ggagagcaat 1620

gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggctccttc 1680
ttcctctact caaaactcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1740
tgctccgtga tgcagagggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtct 1800
ccgggt 1806

```

<210> 184

<211> 996

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 184

```

gactctgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgcagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctgpcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac ctacatccac 360
gtgaccagca gcccagcag cctgtccgtg tccatcggcg acagagtgc catcaactgc 420
cagacctctc agggcgtggg cagcagactg cactggtatc agcacaagcc tggcagagcc 480
cccaagctgc tgatocacca cacaagcagc gtggaagatg gcgtgccag cagattttcc 540
ggcagcggct tccacaccag cttcaacctg acctcagcg atctgcagc cgacgacatt 600
gccacctact attgtcaggt gctgcagttc ttccgagag gcagcagact gcacatcaag 660
gataagaccc ataccctgac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcagc 720
gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780
gagcccaag tgcatggaa ggtggacaac gccctgcaga gccggcaacag ccaggaaagc 840
gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900
aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgaccacca gggcctgtct 960
agcccgtgca ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

```

10

<210> 185

<211> 460

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 185

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro
 130 135 140
 Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val
 145 150 155 160
 Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala
 165 170 175

 Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly
 180 185 190
 Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly
 195 200 205
 Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys
 210 215 220
 Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys
 225 230 235 240
 Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
 245 250 255
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
 260 265 270
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys
 275 280 285
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
 290 295 300
 Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
 305 310 315 320
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
 325 330 335
 Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
 340 345 350
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
 355 360 365
 Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
 370 375 380
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
 385 390 395 400
 Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
 405 410 415
 Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
 420 425 430
 Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
 435 440 445
 His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 450 455 460

5

<210> 186

<211> 215

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 186

```

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1      5      10      15
Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
      20      25      30
Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
      35      40      45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
      50      55      60
Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
65      70      75      80
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
      85      90      95
Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gln Pro
      100      105      110
Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu
      115      120      125

Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro
      130      135      140
Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala
145      150      155      160
Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala
      165      170      175
Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His Arg
      180      185      190
Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr
      195      200      205
Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
5      210      215

```

<210> 187

<211> 602

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 187

ES 2 894 304 T3

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
 130 135 140
 His Thr Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro
 145 150 155 160
 Gly Ala Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr
 165 170 175
 Ala His Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu
 180 185 190
 Trp Val Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly
 195 200 205
 Gly Phe Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile
 210 215 220
 Ala Tyr Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp
 245 250 255
 Ala Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His
 260 265 270
 Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser
 275 280 285
 Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp
 290 295 300
 Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr
 305 310 315 320

ES 2 894 304 T3

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr
 325 330 335
 Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln
 340 345 350
 Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp
 355 360 365
 Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro
 370 375 380
 Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 385 390 395 400
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 405 410 415
 Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn
 420 425 430
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 435 440 445
 Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 450 455 460
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 465 470 475 480
 Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 485 490 495
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp
 500 505 510
 Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe
 515 520 525
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 530 535 540
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 545 550 555 560
 Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly
 565 570 575
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 580 585 590
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 595 600

<210> 188

<211> 332

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 188

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Asp Phe Val Leu
 100 105 110
 Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser
 115 120 125

ES 2 894 304 T3

Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn
 130 135 140
 Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu
 145 150 155 160
 Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 165 170 175
 Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu
 180 185 190
 Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro
 195 200 205
 Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys Thr His
 210 215 220
 Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
 225 230 235 240
 Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
 245 250 255
 Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
 260 265 270
 Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
 275 280 285
 Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
 290 295 300
 Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
 305 310 315 320
 Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 189

<211> 1383

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 189

gaggtagac tggtagagtc aggagggggg cttgtgaagc cgggtgggtc tctccgctg 60
 agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
 ccagtaaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
 gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
 ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
 acaggcaaat actacgactt ctggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
 tggggtcagg gaacccttgt tctcgtgtcc tccgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc 420
 cctctggccc ctagcagcaa gagcacatct ggcggaacag ccgccctggg ctgcctcgtg 480
 aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg tcttgggaatt ctggcgccct gaccagcggc 540
 gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg 600
 acagtgcaca gcagctctct gggcaccag acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc 660
 agcaacacca agtggacaa gaaggtggaa cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt 720
 ccccctgtgc ctgcccccca actgctggga ggcccttccg tgttccctgtt ccccccaaag 780
 cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc ccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg 840
 tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac 900
 gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg 960
 accgtgctgc accaggactg gctgaacggc aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag 1020
 gccctgcctg cccccatcga gaaaaccatc agcaaggcca agggccagcc ccgcgaacct 1080
 cagggtgtga cactgcccc aagcagggac gagctgacca agaaccaggt gtccttgagc 1140
 tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat atgcctgtg aatgggagag caacggccag 1200
 cccgagaaca actacaagac cccccccct gtgctggaca gcgacggctc attcttctg 1260
 gtgtccaagc tgacagtga caagtcccgg tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc 1320
 gtgatgcacg aggccctgca caaccactac acccagaagt ccctgagcct gagccccggc 1380
 aag 1383

10 <210> 190

<211> 645

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 190

```

gcatccgaac tgactcagga ccctgccgtc tctgtggcac tgaagcagac tgtgactatt 60
acttgccgag gcgactcact gcggagccac tacgcttcct ggtatcagaa gaaaccggc 120
caggcacctg tgtgctgtt ctacggaaag aacaataggc catctggcat ccccgaccgc 180
ttttctggca gtgcatcagc gaaccgagcc agtctgacca ttaccggcgc ccaggctgag 240
gacgaagccg attactattg cagctcccgg gataagagcg gctccagact gagcgtgttc 300
ggaggaggaa ctaaactgac cgtcctcagt cagccaagg ctgcccctc ggtcactctg 360
ttcccgcct cgagtgagga gcttcaagcc aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt 420
gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc tggaaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg 480
ggagtggaga ccaccacacc ctccaacaa agcaacaaca agtacgcggc cagcagctac 540
ctgagcctga cgctgagca gtggaagtcc cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat 600
5 gaaggagca ccgtggagaa gacagtggcc cctacagaat gttca 645

```

<210> 191

<211> 996

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 191

```

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtggc agcagcctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagc cagcagactg 300
cacatcaagg aaaaaaccca taccgacttc gtgctgaccc agagccctca cagcctgagc 360
gtgacacctg gcgagagcgc cagcatcagc tgcaagagca gccactccct gatccacggc 420
gaccggaaca actacctggc ttggtacgtg cagaagcccg gcagatcccc ccagctgctg 480
atctacctgg ccagcagcag agccagcggc gtgcccgata gattttctgg cagcggcagc 540
gacaaggact tcacctgaa gatcagccgg gtggaacccg aggacgtggg cacctactac 600
tgtatgcagg gcagagagag cccctggacc tttggccagg gcaccaaggt ggacatcaag 660
gataagacc ataccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcagc 720
gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780
gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840
gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagaccct gacactgagc 900
aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gctgcgaag tgaccacca gggcctgtct 960
agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

```

<210> 192

15 <211> 996

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

20 <400> 192

ES 2 894 304 T3

```

tacatccaag tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgccacgc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagg acaaaaccca taccgacttc gtgctgaccc agagccctca cagcctgagc 360
gtgacacctg gcgagagcgc cagcatcagc tgcaagagca gccactccct gatccacggc 420

gaccggaaca actacctggc ttggtacgtg cagaagcccg gcagatcccc ccagctgctg 480
atctacctgg ccagcagcag agccagcggc gtgcccgata gattttctgg cagcggcagc 540
gacaaggact tcacctgaa gatcagccgg gtggaaaccg aggacgtggg cacctactac 600
tgtatgcagg gcagagagag cccctggacc tttggccagg gcaccaaggt ggacatcaag 660
gataagacct ataccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgc 720
gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780
gaggccaaag tcagtgga ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaagc 840
gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcacct gacactgagc 900
aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgaccacca gggcctgtct 960
agcccctgta ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

```

<210> 193

<211> 450

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 193

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
 Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
 Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
 Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115 120 125
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
 130 135 140
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165 170 175
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180 185 190
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
 195 200 205
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
 210 215 220
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly
 225 230 235 240
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 245 250 255
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His
 260 265 270
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
 275 280 285
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
 290 295 300
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
 305 310 315 320
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 325 330 335
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val
 340 345 350
 Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser
 355 360 365
 Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu
 370 375 380
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val
 405 410 415
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu
 420 425 430
 His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser
 435 440 445
 Pro Gly
 450

<210> 194

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 194

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 195

<211> 615

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 195

ES 2 894 304 T3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Trp Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
 130 135 140
 Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala
 145 150 155 160
 Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala
 165 170 175
 Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile
 180 185 190
 Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg
 195 200 205
 Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro
 210 215 220
 Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu
 225 230 235 240
 Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro
 245 250 255
 Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly
 260 265 270
 Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
 275 280 285
 Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
 290 295 300
 Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
 305 310 315 320
 Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
 325 330 335
 His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
 340 345 350
 Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
 355 360 365
 Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
 370 375 380
 Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
 385 390 395 400
 Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
 405 410 415
 Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
 420 425 430
 Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
 435 440 445
 Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
 450 455 460
 Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
 465 470 475 480
 Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

ES 2 894 304 T3

485 490 495
 Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
 500 505 510
 Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr
 515 520 525
 Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
 530 535 540
 Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
 545 550 555 560
 Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
 565 570 575
 Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
 580 585 590
 Ser Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys
 595 600 605
 Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 610 615

<210> 196

<211> 337

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 196

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1 5 10 15
 Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
 20 25 30
 Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
 35 40 45
 Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60
 Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
 65 70 75 80
 Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
 85 90 95
 Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp
 100 105 110
 Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val
 115 120 125
 Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg
 130 135 140
 Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val
 145 150 155 160
 Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
 165 170 175
 Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly
 180 185 190
 Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys
 195 200 205
 Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
 210 215 220
 Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile
 225 230 235 240
 Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val
 245 250 255
 Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys
 260 265 270
 Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu

ES 2 894 304 T3

275 280 285
 Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
 290 295 300
 Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr
 305 310 315 320
 His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu
 325 330 335

Cys

<210> 197

<211> 1350

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 197

```

caggtgcagc tgggtcagtc tggcggccag atgaagaaac cggcgcagag catgcggatc 60
agctgcagag ccagcgggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
cctgcaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180
gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240
ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcaccctgt gatcgtgtca 360
agcgcgtcga ccaagggccc cagcgtgttc cctctggccc ctacgagcaa gagcacatct 420
ggcggaaacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccgagcc cgtgaccgtg 480
tcctggaatt ctggcgcctt gaccagcggc gtgcacacct ttccagctgt gctgcagtcc 540
agcggcctgt acagcctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagctctct gggcaccag 600
acctacatct gcaacgtgaa ccacaagccc agcaacacca aggtggaaa gaaggtggaa 660
cccaagagct gcgacaagac ccacacctgt cccccttgtc ctgccccga actgctggga 720
ggccttccg tgttctctgt cccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 780
cccgaagtga cctgcgtggt ggtgatgtg tcccacgagg accctgaagt gaagttcaat 840
tggtagctgg acggcgtgga agtgacaac gccaaagaca agccaagaga ggaacagtac 900
aacgacacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 960
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag gccctgctg ccccatcga gaaaaccatc 1020
agcaaggcca agggccagcc ccgcgaaccc cagtggtgca cactgcccc aagcagggac 1080
gagctgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta cccctccgat 1140
atcgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1200
gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgacagtga caagtcccgg 1260
tggcagcagg gcaacgtgtt cagctgctcc gtgctgcatg aggctctgca cagccactac 1320
acgcagaaga gcctctccct gtctccgggt 1350
  
```

10 <210> 198

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 198

```

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcc aagtagcag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcagggtg 300
gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacct ccgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
  
```

gtgaccaaga gcttcaaccg gggcagtggt

630

<210> 199

<211> 1845

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 199

```

gaggtagac tggtagagc aggaggggg cttgtgaagc cggtagggc tctccgctg 60
agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggtaaag gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcagagg ctggtccgtg 180
gactacgogg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatcttg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctggtagggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcagttg 420
gtggagtgct ggggagggct ggtccagcct gggacgtccc tgagactctc ctgtgcagcc 480
tctcaattca ggtttgatgg ttatggcatg cactgggtcc gccaggcccc aggcaagggg 540
ctggagtggt tggcatctat atcacatgat ggaattaaaa agtatcacgc agaaaaagtg 600
tggggccgct tcaccatctc cagagacaat tccaagaaca cactgtatct acaaatgaac 660
agcctgcgac ctgaggacac ggctctctac tactgtgcga aagatttgcg agaagacgaa 720
tgtgaagagt ggtggtcgga ttattacgat tttgggaaac aactcccttg cgcaaagtca 780
cgcgggcggc tggttggaat tgctgataac tggggccaag ggacaatggt caccgtctct 840
tcagataaga cccacaccgc ttccaccaag ggcccatcgg tcttccccct ggcaccctcc 900
tccaagagca cctctggggg cacagcggcc ctgggctgcc tggtaggga ctacttccc 960
gaaccggtga cgggtgctgt gaactcaggc gccctgacca gcggcgtgca caccttccc 1020
gctgtcctac agtctcagg actctactcc ctcagcagcg tggtagaccg gccctccagc 1080
agcttgggca cccagacctc catctgcaac gtgaatcaca agcccagcaa caccaaggtg 1140
gacaagaaa ttgagcccaa atcttctgac aaaactcaca catgcccacc gtgccagca 1200
cctgaactcc tggggggacc gtcagtcttc ctcttcccc caaaaccaa ggacaccctc 1260
atgatctccc ggaccctga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca cgaagaccct 1320
gaggtagaag tcaactggta tggtagcggc gtggaggtgc ataatgcaa gacaaagccg 1380
cgggagggag agtacaacag cacgtaccgt gtggtcagcg tcctcaccgt cctgcaccag 1440
gactggtgta atggcaagga gtacaagtgc aaggctcca acaaagccct cccagcccc 1500
atcgagaaaa ccatctccaa agccaaaggg cagccccgag aaccacaggt gtacaccctg 1560
ccccatgcc gggatgagct gaccaagaat caagtacgcc tgtggtgcct ggtaaaaggc 1620
ttctatccca gcgacatcgc cgtggagtg gagagcaatg ggcagccgga gaacaactac 1680
aagaccacgc ctcccgctgt ggactccgac ggctccttct tcctctactc aaaactcacc 1740
gtggacaaga gcaggtggca gcaggggaac gtcttctcat gctccgtgct gcatgaggct 1800
ctgcacagcc actacacgca gaagagcctc tcctgtctc cgggt 1845
    
```

10 <210> 200

<211> 1011

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 200

ES 2 894 304 T3

```

cagtctgtgc tgacgcagcc gccctcagtg tctgcggccc caggacagaa ggtcaccatc 60
tcctgctctg gaaacacctc caacattggc aataattttg tgtcctggta tcaacagcgc 120
cccgcagag ccccccaact cctcatttat gaaactgaca agcgcacctc agggattcct 180
gaccgattct ctgcttccaa gtctggtacg tcaggcacc cggccatcac cgggctgcag 240
actggggacg aggcgatta ttactgcgcc acatgggctg ccagcctgag ttccgcgcgt 300
gtcttcggaa ctgggaccaa ggtcatcgtc ctggacaaaa cccataccgc atccgaactg 360
actcaggacc ctgccgtctc tgtggcactg aagcagactg tgactattac ttgccgaggg 420
gactcactgc ggagccacta cgcttcctgg tatcagaaga aaccggcca ggcacctgtg 480
ctgctgttct acgaaagaa caataggcca tctggcatcc cgcaccgctt ttctggcagt 540
gcatcagggg accgagccag tctgaccatt accggcgccc aggctgagga cgaagccgat 600
tactattgca gctcccggga taagagcggc tccagactga gcgtgttcgg aggaggaact 660

aaactgaccg tcctcgataa gaccataacc cgtacgggtg ccgctcccag cgtgttcatc 720
ttccacctta gcgacgagca gctgaagtcc ggcacagcct ctgtcgtgtg cctgctgaac 780
aacttctacc ccgcgagggc caaagtgcag tggaaagggtg acaacgcctt gcagagcggc 840
aacagccagg aaagcgtgac cgagcaggac agcaaggact ccacctacag cctgagcagc 900
accctgacac tgagcaaggc cgactacgag aagcacaagg tgtacgcctg cgaagtgacc 960
caccagggcc tgtctagccc cgtgaccaag agcttcaacc ggggcgagtg t 1011

```

<210> 201

<211> 451

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 201

ES 2 894 304 T3

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115 120 125
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130 135 140
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145 150 155 160
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165 170 175
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180 185 190
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210 215 220
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225 230 235 240
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245 250 255
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 202

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 202

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 203

<211> 615

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 203

10 Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15

ES 2 894 304 T3

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
 130 135 140
 Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala
 145 150 155 160
 Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala
 165 170 175
 Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile
 180 185 190
 Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg
 195 200 205
 Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro
 210 215 220
 Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu
 225 230 235 240
 Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro
 245 250 255
 Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly
 260 265 270
 Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser
 275 280 285
 Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
 290 295 300
 Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
 305 310 315 320
 Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
 325 330 335
 His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
 340 345 350
 Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
 355 360 365
 Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val
 370 375 380
 Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
 385 390 395 400
 Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
 405 410 415
 Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
 420 425 430
 Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
 435 440 445
 Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
 450 455 460
 Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
 465 470 475 480
 Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
 485 490 495
 Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
 500 505 510
 Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr

ES 2 894 304 T3

```

          515                520                525
Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
   530                535                540
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
545                550                555                560
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
          565                570                575
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
          580                585                590
Ser Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys
          595                600                605
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
   610                615

```

<210> 204

<211> 337

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 204

```

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1          5          10          15
Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
   20          25          30
Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
   35          40          45
Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
   50          55          60
Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
65          70          75          80
Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
   85          90          95
Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu Asp
100          105          110
Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val
115          120          125
Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg
130          135          140
Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val
145          150          155          160
Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg
   165          170          175
Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly
180          185          190
Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys
195          200          205
Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
210          215          220
Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile
225          230          235          240
Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val
   245          250          255
Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys
260          265          270
Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu
275          280          285
Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
290          295          300
Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr
305          310          315          320
His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu
          325          330          335
Cys

```

10

<210> 205

<211> 1353

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 205

```

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac cagggcgctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgctac 240
atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtg actactgca cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgcccct ctacaaagg cccagcgtg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggctgcaca ctttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagctc gtgacagtgc ccagcagtc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
gaaccacaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt ccgtgttctt gttccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
accccgaag tgacctgctt ggtggtgat gtgtcccagc aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aagccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccagggtg gcacactgcc ccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca gagtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccagga acaactaca gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatctctc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccc 1320
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1353
    
```

<210> 206

10 <211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 206

```

tacaatccagc tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgacgttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cccgagggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctc cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca cctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630
    
```

<210> 207

<211> 1845

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 207

```

gaggttagac  tggtagagtc  aggagggggg  cttgtgaagc  cgggtgggtc  tctccgctg  60
agctgttctg  cctccggcct  tgatttcgat  aacgcctgga  tgacctgggt  caggcagcct  120
ccaggtaaag  gactggagtg  ggtgggaaga  atcacaggtc  caggcgaggg  ctggtccgtg  180
gactacgagg  aatctgttaa  agggcggttt  acaatctcaa  gggacaatac  caagaatacc  240
ttgtatttgg  agatgaacaa  cgtgagaact  gaagacaccg  gatattactt  ctgtgccaga  300
acaggcaaat  actacgactt  ctggtccggc  tatccccctg  gcgaggaata  ttttcaagac  360
tggggtcagg  gaacccttgt  tatcgtgtcc  tccgacaaaa  cccataccca  ggtgcagttg  420
gtggagtcctg  ggggaggcgt  ggtccagcct  gggacgtccc  tgagactctc  ctgtgcagcc  480
tctcaattca  ggtttgatgg  ttatggcatg  cactgggtcc  gccaggcccc  aggcaagggg  540
ctggagtggg  tggcatctat  atcacatgat  ggaattaaaa  agtatcacgc  agaaaaagtg  600
tggggccgct  tcaccatctc  cagagacaat  tccaagaaca  cactgtatct  acaaatgaac  660
agcctgcgac  ctgaggacac  ggctctctac  tactgtgcga  aagatttgcg  agaagacgaa  720
tgtgaagagt  ggtggtcggg  ttattacgat  tttgggaaac  aactcccttg  cgcaaagtca  780
cgcggcggct  tggttggaat  tgctgataac  tggggccaag  ggacaatggt  caccgtctct  840
tcagataaga  cccacaccgc  ttccaccaag  ggcccatcgg  tcttccccct  ggcaccctcc  900
tccaagagca  cctctggggg  cacagcggcc  ctgggtgcc  tggccaagga  ctacttcccc  960
gaaccgggtg  cggtgtcgtg  gaactcaggc  gccctgacca  gcggcgtgca  caccttcccg  1020
gctgtcctac  agtccctcagg  actctactcc  ctcagcagcg  tggtgaccgt  gccctccagc  1080
agcttgggca  cccagacctc  catctgcaac  gtgaatcaca  agcccagcaa  caccaaggtg  1140
gacaagaaag  ttgagcccaa  atcttgtgac  aaaactcaca  catgcccacc  gtgccagca  1200
cctgaactcc  tggggggacc  gtcagtcttc  ctcttcccc  caaaacccaa  ggacaccctc  1260
atgatctccc  ggaccctga  ggtcacatgc  gtggtggtgg  acgtgagcca  cgaagacct  1320
gaggtcaagt  tcaactggtc  tggtgacggc  gtggaggtgc  ataatgcaa  gacaaagccg  1380
cgggaggagc  agtacaacag  cacgtaccgt  gtggtcagcg  tcctcaccgt  cctgcaccag  1440
gactggtcga  atggaagga  gtacaagtgc  aaggtctcca  acaaagccct  cccagcccc  1500
atcgagaaaa  ccatctccaa  agccaaaggg  cagccccgag  aaccacaggt  gtacaccctg  1560
ccccatgcc  gggatgagct  gaccaagaat  caagtcaagc  tgtggtgcct  ggtaaaaggc  1620
ttctatccca  cggacatcgc  cgtggagtgg  gagagcaatg  ggcagccgga  gaacaactac  1680
aagaccagc  ctcccgtgct  ggactccgac  ggctccttct  tcctctactc  aaaactcacc  1740
gtggacaaga  gcaggtggca  gcaggggaac  gtcttctcat  gctccgtgct  gcatgaggct  1800
ctgcacagcc  actacacgca  gaagagcctc  tcctgtctc  cgggt  1845

```

5 <210> 208

<211> 1011

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 208

```

cagtctgtgc  tgacgcagcc  gccctcagtg  tctgcggccc  caggacagaa  ggtcaccatc  60
tcctgctctg  gaaacacctc  caacattggc  aataattttg  tgtcctggtc  tcaacagcgc  120
cccggcagag  ccccccaact  cctcatttat  gaaactgaca  agcagccctc  agggattcct  180
gaccgattct  ctgcttccaa  gtctggtacg  tcaggcacc  tggccatcac  cgggctgcag  240
actggggagc  aggcogatta  ttactgcgcc  acatgggctg  ccagcctgag  ttccgcgcgt  300
gtcttcggaa  ctgggaccaa  ggtcatcgtc  ctggacaaaa  cccataccgc  atccgaactg  360
actcaggacc  ctgcccgtctc  tgtggcactg  aagcagactg  tgactattac  ttgccagggc  420
gactcactgc  ggagccacta  cgcttctctg  tatcagaaga  aaccgggcca  ggcacctgtg  480
ctgctgttct  acggaaagaa  caataggcca  tctggcatcc  ccgaccgctt  ttctggcagt  540
gcctcagggg  accgagccag  tctgaccatt  accggcgccc  aggctgagga  cgaagccgat  600
tactattgca  gctcccggga  taagagcggc  tccagactga  gcgtgttcgg  aggaggaact  660
aaactgaccg  tcctogataa  gacccatacc  cgtacgggtg  ccgctcccag  cgtgtctatc  720
ttcccacctc  cgcagcagca  gctgaagtcc  ggcaagcct  ctgtcgtgtg  cctgtgtaac  780
aacttctacc  cccgcgagcc  caaagtgcag  tggaaaggtg  acaacgcctc  gcagagcggc  840
aacagccagg  aaagcgtgac  cgagcaggac  agcaaggact  ccacctacag  cctgagcagc  900

accctgacac  tgagcaaggg  cgactacgag  aagcacaagg  tgtacgcctg  cgaagtgacc  960
caccagggcc  tgtctagccc  cgtgaccaag  agcttcaacc  gggcgagtg  t  1011

```

<210> 209

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 209

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1          5          10          15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20          25          30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50          55          60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65          70          75
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100          105          110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115          120          125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130          135          140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145          150          155
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165          170          175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180          185          190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195          200          205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210          215          220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225          230          235
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
245          250          255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
260          265          270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
275          280          285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
290          295          300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305          310          315
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
325          330          335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
340          345          350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
355          360          365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
370          375          380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385          390          395
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
405          410          415
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
420          425          430
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
435          440          445
Ser Pro Gly
450

```

<210> 210

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 210

```

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
           20           25           30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
           35           40           45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65           70           75
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
           85           90           95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
           100          105          110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
           115          120          125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130          135          140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145          150          155          160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
           165          170          175
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
           180          185          190
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
           195          200          205
Glu Cys
 210
    
```

<210> 211

10 <211> 611

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 211

```

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1           5           10           15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
           20           25           30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
           35           40           45
    
```

ES 2 894 304 T3

Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130 135 140
 Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165 170 175
 Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180 185 190
 Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195 200 205
 Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210 215 220
 Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225 230 235 240
 Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245 250 255
 Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260 265 270
 Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<211> 338

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 212

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1           5           10           15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
          20           25           30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
          35           40           45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
          50           55           60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65          70           75           80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
          85           90           95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
          100          105          110
Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
          115          120          125
Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
          130          135          140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
          145          150          155          160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
          165          170          175
Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
          180          185          190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
          195          200          205
Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
          210          215          220
Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
          225          230          235          240
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
          245          250          255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
          260          265          270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
          275          280          285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
          290          295          300
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
          305          310          315          320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
          325          330          335
Glu Cys

```

<210> 213

<211> 1353

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 213

ES 2 894 304 T3

```

agagcccacc tggcagcgtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgccctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctgggt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgcccgtg actactgcgc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgcccgtc ctacaaaggg ccccagcgtg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gcccgtagcc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtagcaca cctttccagc tgtgctgacg 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
gaaccaaga gctgagcaca gaccacacc tgtccccctt gtctgcccc cgaactgctg 720
ggaggccctt cgtgttccct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gcccccgcaa ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccc tggaatggga gagcaacggc cagccccgaga acaactaca gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatctctc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc gcc 1353

```

<210> 214

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 214

```

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaaagtgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcgggct ccacaccagc ttccagctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacct ccgagaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgaggtg 630

```

10 <210> 215

<211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 215

ES 2 894 304 T3

gaggttagac tgggtggagt c aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgctg 60
agctgttctg cctcoggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccagtaaagg gactggagt ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgagg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctggctcggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccatacca ggtgcacctg 420
acacagagcg gaccogaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagga 540
ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaca ccgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatag cgccgtgtac tactgcccga agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg cctgtacga cgatgacggc gcctgaact gggccgtgga tgtggactac 780
ctgagcaacc tggattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttccccctgg caccctctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggctgcaca ccttccccgc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgacctgac cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagt 1140
gagcccaaat ctgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccaccagc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttctt cttccccca aaacccaagg acaccctcat gatctccgg 1260
accctgagg tcacatgctt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaaga caaagcccg ggaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtg ggtcagcgtc ctaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500
atctccaag ccaaggggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tgggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatgccc tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccacgct 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctctctctc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

<210> 216

<211> 1014

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 216

gacttctgtc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgcagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccgagc atccccccag ctgtgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagca cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggaccttgg gccagggcag caaggtggac atcaaggaca aaaccatcag cgcatccgaa 360
ctgactcagg accctgcccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccaggacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccacctc cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccagc gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

10 <210> 217

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 217

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1      5      10      15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20      25      30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35      40      45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50      55      60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65      70      75      80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85      90      95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100     105     110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115     120     125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130     135     140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145     150     155     160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165     170     175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180     185     190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195     200     205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210     215     220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225     230     235     240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245     250     255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260     265     270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275     280     285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290     295     300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305     310     315     320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325     330     335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340     345     350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355     360     365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370     375     380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385     390     395     400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405     410     415
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420     425     430
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435     440     445
Ser Pro Gly
 450

```

5

<210> 218

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 218

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

5

<210> 219

<211> 611

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 219

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80

Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130 135 140
 Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165 170 175
 Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180 185 190
 Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195 200 205
 Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210 215 220
 Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225 230 235 240
 Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245 250 255
 Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260 265 270
 Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

 580 585 590
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 220

<211> 338

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 220

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
 115 120 125
 Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
 130 135 140
 Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
 145 150 155 160
 Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165 170 175
 Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
 180 185 190
 Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
 195 200 205
 Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 210 215 220
 Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335

5 Glu Cys

<210> 221

<211> 1353

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 221

ES 2 894 304 T3

```

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgccctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctgggt cggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgcctac 240
atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgcctgt actactgccc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgcccct ctacaaaggg cccagcgtg ttccctctgg cccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggctgcaca cttttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccct gtccctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt ccgtgttctt gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
accccgaag tgacctgctt ggtggtgat gtgtcccagc aggaccctga agtgaagtcc 840
aattgtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaaacg 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatacgcc tggaaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

```

<210> 222

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 222

```

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcgccga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagaagg cgtgccagc 180
agattttccg gcagcggctt ccaccaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtgc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gttcaaccg gggcagtggt 630

```

10 <210> 223

<211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 223

```

gaggttagac tgggtgagtc aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgctg 60

```

ES 2 894 304 T3

```

agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggtaaagg gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgcgg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctggtcgggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420
acacagagcg gaccogaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggg 540
ctgcagtggg tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggccaaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatag cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gcctgaact gggccgtgga tgtggactac 780
ctgagcaacc tggaaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttccccctgg caccctctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcagggcg cctgaccagc ggcgtgcaca ccttccccggc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagt 1140
gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccccagacc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttccct cttccccca aaacccaagg acaccctcat gatctccgg 1260
accctgagg tccatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaaga caaagcccg ggagagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagccccat cgagaaaacc 1500
atctccaaaag ccaaggggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tgggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtgagg gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccacgct 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctctctcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
agggtgcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

```

<210> 224

<211> 1014

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 224

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcggcagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgate cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agccggcgag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc cogatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgcataccgaa 360
ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccaggcacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattaactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaaagt cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcacctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccaggg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gttg 1014

```

10 <210> 225

<211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 225

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115 120 125
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 130 135 140
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145 150 155 160
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165 170 175
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180 185 190
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 210 215 220
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 225 230 235 240
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 245 250 255
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 226

5 <211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 226

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Ala Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 227

5 <211> 611

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 227

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110

ES 2 894 304 T3

Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130 135 140
 Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165 170 175
 Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180 185 190
 Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195 200 205
 Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210 215 220
 Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225 230 235 240
 Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245 250 255
 Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260 265 270
 Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355 360 365
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370 375 380
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
 385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly

610

<210> 228

<211> 338

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 228

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1      5      10      15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20      25      30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35      40      45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50      55      60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65      70      75      80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100      105      110
Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
 115      120
Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
 130      135      140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
 145      150      155      160
Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165      170      175
Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
 180      185      190
Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
 195      200      205
Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 210      215      220
Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225      230      235      240
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245      250      255
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260      265      270
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275      280      285
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290      295      300
Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305      310      315      320
Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325      330      335
Glu Cys

```

5 <210> 229

<211> 1353

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 229

ES 2 894 304 T3

```

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgcccct ctacaaaggg cccagcgtg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ctttccagc tgtgctgacg 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtg 660
gaaccaaga gctgcgacaa gaccacacc tgtccccctt gtctgccc cgaactgctg 720
ggaggccctt ccgtgttctt gttccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gcccccgaa ccccagggtg gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaca gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtgcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc gcc 1350

```

<210> 230

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 230

```

tacaatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgc cgtgccagc 180
agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcagtg ctgcagttct tggcagag cagcagactg 300
cacatcaagc gtaagggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccactag cgcagagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagcgggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcagtggt 630

```

10 <210> 231

<211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 231

```

gaggtagac tggcggagtc aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgctg 60
agctgttctg cctccggctt tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggtaaag gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcggagg ctggtccgtg 180
gactacgccc aatctgtaa agggcgtttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattact ctgtgcacaga 300

```

ES 2 894 304 T3

```

acaggcaaat actacgactt ctgggtccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccatacca ggtgcacctg 420
acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
cctggcaaca cctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggg 540
ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatag cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg cctgttacga cgatgacggc gcctgaact gggccgtgga tgtggactac 780
ctgagcaacc tggaaattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttccccctgg caccctcctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggctgcaca ccttccccgc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaa cccagcaaca ccaaggtgga caagaagtt 1140
gagcccaaat ctgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gcccagcacc tgaactcctg 1200
gggggaccgt cagtcttctt cttcccccca aaaccaagg acaccctcat gatctccggg 1260
acccctgagg tcacatgcgt ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaaga caaagcccg gaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1500
atctccaag ccaaggggca gccccagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tgggtgcctg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccc tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccacgct 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

```

<210> 232

<211> 451

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 232

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1          5          10          15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20          25          30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50          55          60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65          70          75          80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100          105          110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115          120          125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130          135          140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145          150          155          160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165          170          175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180          185          190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195          200          205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser

```

ES 2 894 304 T3

```

      210                      215                      220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225                      230                      235                      240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
                      245                      250                      255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
                      260                      265                      270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
                      275                      280                      285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
                      290                      295                      300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
305                      310                      315                      320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
                      325                      330                      335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
                      340                      345                      350
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
                      355                      360                      365
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
                      370                      375                      380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
385                      390                      395                      400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
                      405                      410                      415
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
                      420                      425                      430
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
                      435                      440                      445
Ser Pro Gly
                      450

```

<210> 233

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 233

```

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
1                      5                      10                      15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
                      20                      25                      30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
                      35                      40                      45
His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50                      55                      60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65                      70                      75                      80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
                      85                      90                      95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
                      100                      105                      110
Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
                      115                      120                      125
Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
130                      135                      140
Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
145                      150                      155                      160
Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr

```

ES 2 894 304 T3

Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 165 170 175
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 234

<211> 611

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 234

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130 135 140
 Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145 150 155 160
 Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165 170 175
 Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180 185 190
 Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195 200 205
 Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210 215 220
 Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225 230 235 240
 Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245 250 255
 Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260 265 270
 Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275 280 285
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290 295 300
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305 310 315 320
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325 330 335
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn

```

          355                360                365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
  370                375                380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
385                390                395                400
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
          405                410                415
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
          420                425                430
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
          435                440                445
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
          450                455                460
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
465                470                475                480
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
          485                490                495
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
          500                505                510
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
          515                520                525
Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
          530                535                540
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
545                550                555                560
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
          565                570                575
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
          580                585                590
Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
          595                600                605
Ser Pro Gly
          610

```

<210> 235

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 235

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
  1                5                10                15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
          20                25                30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
          35                40                45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
          50                55                60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65                70                75                80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
          85                90                95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
          100                105                110
Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
          115                120                125
Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
          130                135                140
Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro

```


ES 2 894 304 T3

145 150 155 160
 Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165 170 175
 Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr
 180 185 190
 Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp
 195 200 205
 Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr
 210 215 220
 Val Leu Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 236

<211> 1353

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 236

agagcccacc tgggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
 tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
 ggcgaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcca gatcgctac 240
 atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgccc cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgcccct ctacaaaggg ccccgagctg ttccctctgg ccctagcag caagagcaca 420
 tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
 gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540
 tccagcggcc tgtacagcct gaggcagctc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
 cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
 gaaccaaga gctgcgacaa gaccacaccc tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
 ggagccctt ccgtgttctt gttccccca aagccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
 acccccgaag tgacctgctg ggtggtggat gtgtcccacg aggacctga agtgaagtcc 840
 aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
 tacaacagca cctaccgggt ggtgtccctg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
 ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
 atcagcaagg ccaagggcca gcccccggaa cccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080
 gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
 gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1200
 cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
 cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgaggccct gcacagccac 1320
 tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

10 <210> 237

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 237

```
tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagaagag cgtgccccagc 180
agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttccagctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tccgcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacct ccgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctcg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt                630
```

<210> 238

5 <211> 1833

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 238

```
gaggtagac tggtagagt caggaggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgcctg 60
agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
ccaggtaaag gactggagt ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
gactacgogg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
acaggcaaat actacgactt ctggctccggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
tgggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa cccataccca ggtgcacctg 420
acacagagcg gaccogaagt gcggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
cctggcaaca cctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggg 540
ctgacgtgga tgggctggat cagccacagag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc 600
aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga agcacaaca ccgcctacct gcagctgagc 660
ggcctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
agagactacg cctgtacga cgatgacggc gcctgaact gggcctgga tgtggactac 780
ctgagcaacc tggattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttccccctgg caccctctc caagagcacc 900
tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaaggact acttccccga accggtgacg 960
gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020
tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaagt 1140
gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccagcacc tgaactcctg 1200
gggggacogt cagtcttctt cttccccca aaaccaagg acaccctcat gatctccgg 1260
accctgagg tcacatgct ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagcccg ggaggagcag 1380
tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctaccgtcc tgcaccagga ctggctgaat 1440
ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1500
atctcacaag ccaaggggca gccccgagaa ccacaggtgt acaccctgc cccatgccgg 1560
gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tgggtgcctg taaaaggctt ctatcccagc 1620
gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccacgctt 1680
cccgtgctgg actccgacgg ctccctcttc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt                1833
```

<210> 239

<211> 1014

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 239

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgcacccgaa 360
ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccagcacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagaccat acccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccaggg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014
    
```

<210> 240

5 <211> 451

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 240

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1          5          10          15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20        25        30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35        40        45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50        55        60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65        70        75        80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85        90        95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
100       105       110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
115       120       125
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
130       135       140
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
145       150       155       160
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
165       170       175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
180       185       190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
195       200       205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
210       215       220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu
225       230       235       240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
    
```

ES 2 894 304 T3

245 250 255
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 260 265 270
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 275 280 285
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 290 295 300
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 305 310 315 320
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 325 330 335
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 340 345 350
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 355 360 365
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 370 375 380
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 405 410 415
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 420 425 430
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 435 440 445
 Ser Pro Gly
 450

<210> 241

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 241

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Ala Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

10

<210> 242

<211> 611

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 242

```

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1          5          10
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20          25          30
Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35          40          45
Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50          55          60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65          70          75
Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85          90          95
Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100         105         110
Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115         120         125
Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly
 130         135         140
Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala
 145         150         155
Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val
 165         170         175
Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp
 180         185         190
Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp
 195         200         205
Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser
 210         215         220
Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu
 225         230         235
Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val
 245         250         255
Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala
 260         265         270
Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 275         280         285
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr
 290         295         300
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 305         310         315
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 325         330         335
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 340         345         350
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn
 355         360         365
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser
 370         375         380
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu

```

ES 2 894 304 T3

385 390 395 400
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 405 410 415
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 420 425 430
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 435 440 445
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr
 450 455 460
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 465 470 475 480
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro
 485 490 495
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 500 505 510
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val
 515 520 525
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 530 535 540
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 545 550 555 560
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 565 570 575
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 580 585 590
 Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 Ser Pro Gly
 610

<210> 243

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 243

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser
 115 120 125
 Val Ala Leu Lys Gln Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu
 130 135 140
 Arg Ser His Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro
 145 150 155 160
 Val Leu Leu Phe Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp
 165 170 175
 Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr

ES 2 894 304 T3

	180		185		190										
Gly	Ala	Gln	Ala	Glu	Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr	Tyr	Cys	Ser	Ser	Arg	Asp
	195		200		205										
Lys	Ser	Gly	Ser	Arg	Leu	Ser	Val	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr
	210		215		220										
Val	Leu	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Arg	Thr	Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe
225				230					235						240
Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp	Glu	Gln	Leu	Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val
			245						250						255
Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe	Tyr	Pro	Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp
		260						265						270	
Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ser	Gly	Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr
		275					280							285	
Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp	Ser	Thr	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr
	290				295						300				
Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu	Lys	His	Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val
305				310						315					320
Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly
				325					330						335

Glu Cys
<210> 244

<211> 1353

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 244

```

agagcccacc tgggtgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgctgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcca gatcgectac 240
atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgccc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtgggtg 360
tctgccgcct ctacaaaggg ccccagcgtg ttcctctggt cccctagcag caagagcaca 420
tctggcggaa cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga attctggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca cctttccagc tgtgctgcag 540
tccagcggcc tgtacagcct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagctc tctgggcacc 600
cagacctaca tctgcaacgt gaaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaagggtg 660
gaacccaaga gctgcgacaa gaccacacac tgtccccctt gtccctgccc cgaactgctg 720
ggagccctt cgtgttcct gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 780
accccgaag tgacctgctg ggtggtggat gtgtcccacg aggaccctga agtgaagttc 840
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagccaag agaggaacag 900
tacaacagca cctaccgggt ggtgtccctg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 960
ggcaaagagt acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ctgcccccat cgagaaaacc 1020
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgaa ccccaggtgt gcacactgcc cccaagcagg 1080
gacgagctga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccctcc 1140
gatatcgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1200
cctgtgctgg acagcgacgg ctcattcttc ctggtgtcca agctgacagt ggacaagtcc 1260
cgggtggcagc agggcaacgt gttcagctgc tccgtgctgc acgagggcct gcacagccac 1320
tacaccaga agtccctgag cctgagcccc ggc 1353

```

10 <210> 245

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 245

ES 2 894 304 T3

tacatccaag tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
 atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
 ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tgggaagatgc cgtgccccagc 180
 agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttccagctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
 gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
 cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
 ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgagggcc 420
 aaagtgcagt ggaagggtgga caacgcctcg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
 gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
 gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
 gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 246

<211> 1833

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 246

gaggtagac tgggtggagt aggagggggg cttgtgaagc ccggtgggtc tctccgctg 60
 agctgttctg cctccggcct tgatttcgat aacgcctgga tgacctgggt caggcagcct 120
 ccaggtaaag gactggagtg ggtgggaaga atcacaggtc caggcgaggg ctggtccgtg 180
 gactacgagg aatctgttaa agggcggttt acaatctcaa gggacaatac caagaatacc 240
 ttgtatttgg agatgaacaa cgtgagaact gaagacaccg gatattactt ctgtgccaga 300
 acaggcaaat actacgactt ctggctcggc tatccccctg gcgaggaata ttttcaagac 360
 tggggtcagg gaacccttgt tatcgtgtcc tccgacaaaa ccataacca ggtgcacctg 420
 acacagagcg gaccogaagt ggggaagcct ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc 480
 cctggaaca cctgaaaac ctacgacctg cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggg 540
 ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacgggtc 600
 aaggccaag tgaccatcga ctgggacaga agcaccaaca ccgctacct gcagctgagc 660
 ggctgacct ctggcgatac cgccgtgtac tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg 720
 agagactacg ccctgtacga cgatgacggc gcctgaact gggccgtgga tgtggactac 780
 ctgagcaacc tggattctg gggccagggc acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc 840
 cacaccgctt ccaccaaggg cccatcggtc ttccccctgg caccctctc caagagcacc 900
 tctgggggca cagcggccct gggctgcctg gtcaggact acttccccga accggtgacg 960
 gtgtcgtgga actcaggcgc cctgaccagc ggcgtgcaca ccttcccggc tgtcctacag 1020
 tcctcaggac tctactccct cagcagcgtg gtgaccgtgc cctccagcag cttgggcacc 1080
 cagacctaca tctgcaacgt gaatcacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagaaggtt 1140
 gagcccaaat cttgtgacaa aactcacaca tgcccaccgt gccagcacc tgaactcctg 1200
 gggggaccgt cagtcttctt cttccccca aaacccaagg acaccctcat gatctccgg 1260
 accctgagg tcacatgctg ggtggtggac gtgagccacg aagaccctga ggtcaagttc 1320
 aactggtatg ttgacggcgt ggaggtgcat aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag 1380
 tacaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc ctaccgtcc tgcaccagga ctggtgaaat 1440
 ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac aaagccctcc cagcccccat cgagaaaacc 1500
 atctccaag ccaaaggcca gccccagaa ccacaggtgt acaccctgcc cccatgccgg 1560
 gatgagctga ccaagaatca agtcagcctg tgggtgcctgg taaaaggctt ctatcccagc 1620
 gacatcgccg tggagtggga gagcaatggg cagccggaga acaactaaa gaccagcct 1680
 cccgtgctgg actccgacgg ctctctctc ctctactcaa aactcaccgt ggacaagagc 1740
 aggtggcagc aggggaacgt cttctcatgc tccgtgctgc atgaggctct gcacagccac 1800
 tacacgcaga agagcctctc cctgtctccg ggt 1833

10 <210> 247

<211> 1014

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 247

ES 2 894 304 T3

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgac cagggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agccccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgcacccgaa 360
ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccaggcacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccactctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attaccggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccc ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagaccat acccgtagc tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctgagcagca gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccagag gctgtctag ccccgtagcc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

```

<210> 248

<211> 5

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 248

```

Asp Cys Thr Leu Asn
 1             5

```

10 <210> 249

<211> 17

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 249

```

Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu Gln
 1             5             10             15
Gly

```

<210> 250

<211> 12

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 250

```

Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His
 1             5             10

```

25 <210> 251

<211> 8
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 5 <223> Constructo sintético
 <400> 251
Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile
1 5
 <210> 252
 <211> 8
 10 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 252
Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val
 15 **1 5**
 <210> 253
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 20 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 253
Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala
1 5 10
 <210> 254
 25 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 30 <400> 254
Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala Trp
1 5
 <210> 255
 <211> 10
 <212> PRT
 35 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 255
 Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val
 1 5 10

5 <210> 256
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>

10 <223> Constructo sintético
 <400> 256
 Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu
 1 5 10 15
 Tyr Phe Gln Asp
 20

<210> 257
 <211> 8

15 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 257
 Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp
 1 5

<210> 258
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

25 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 258
 Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys
 1 5

<210> 259

30 <211> 36
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético

<400> 259

Cys Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp
 1 5 10 15
 Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn
 20 25 30
 Leu Glu Phe Trp
 35

<210> 260

<211> 9

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 260

10 Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr
 1 5

<210> 261

<211> 7

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 261

Val His Lys Ser Gly Asp Thr
 1 5

<210> 262

20 <211> 26

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

25 <400> 262

Ala Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn
 1 5 10 15
 Glu Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val
 20 25

<210> 263

<211> 8

<212> PRT

30 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 263
Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr Gly
 1 5

<210> 264
 <211> 8
 5 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 264
Ile Ser His Asp Gly Ile Lys Lys
 10 1 5

<210> 265
 <211> 40
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 15 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 265
Cys Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu Cys Glu Glu Trp Trp Ser Asp
 1 5 10 15
Tyr Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly
 20 25 30
Leu Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp
 35 40

<210> 266
 20 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 25 <400> 266
Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 1 5

<210> 267
 <211> 7
 <212> PRT
 30 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 267

Ser Gly Ser Thr Arg Ala Ala
1 5

<210> 268

<211> 5

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 268

Gln Gln Tyr Glu Phe
1 5

10 <210> 269

<211> 6

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 269

Gln Gly Val Gly Ser Asp
1 5

<210> 270

<211> 3

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 270

His Thr Ser
1

25 <210> 271

<211> 5

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

30 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 271

Gln Val Leu Gln Phe
1 5

<210> 272

<211> 11
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 5 <223> Constructo sintético
 <400> 272
Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala Ser
 1 5 10
 <210> 273
 <211> 7
 10 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 273
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser
 1 5
 <210> 274
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 20 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 274
Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg Leu Ser Val
 1 5 10
 <210> 275
 25 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 30 <400> 275
His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr
 1 5 10
 <210> 276
 <211> 3
 <212> PRT
 35 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 276
Leu Ala Ser
1

5 <210> 277
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>

10 <223> Constructo sintético
 <400> 277
Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe
1 5 10

<210> 278
 <211> 6

15 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 278
Ser Leu Gly Ser Arg Ala
1 5

20 <210> 279
 <211> 3
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

25 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 279
Asn Asn Gln
1

<210> 280

30 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético

35 <400> 280

His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val
 1 5 10
 <210> 281
 <211> 8
 <212> PRT
 5 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 281
 Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn Phe
 1 5
 10 <210> 282
 <211> 3
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 15 <223> Constructo sintético
 <400> 282
 Glu Thr Asp
 1
 <210> 283
 <211> 12
 20 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 283
 Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu Ser Ser Ala Arg Val
 25 1 5 10
 <210> 284
 <211> 33
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 30 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 284

Arg Arg Arg Asn Glu Gln Glu Leu Leu Glu Leu Asp Lys Trp Ala Ser
 1 5 10 15
 Leu Trp Asn Trp Phe Asp Ile Thr Asn Trp Leu Trp Tyr Ile Arg Arg
 20 25 30

Arg

<210> 285

<211> 4

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 285

Gly Gly Gly Gly
 1

10 <210> 286

<211> 5

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 286

Gly Gly Gly Gly Gly
 1 5

<210> 287

<211> 6

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 287

Gly Gly Gly Gly Gly Gly
 1 5

25 <210> 288

<211> 7

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

30 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 288

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

1 5
 <210> 289
 <211> 8
 <212> PRT
 5 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 289
 Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
 1 5
 10 <210> 290
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 15 <223> Constructo sintético
 <400> 290
 Gly Gly Gly Gly Ser
 1 5
 <210> 291
 <211> 10
 20 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 291
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 25 1 5 10
 <210> 292
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 30 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 292
 Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
 1 5 10 15
 <210> 293
 35 <211> 5

<212> PRT
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Constructo sintético
5 <400> 293
Thr Lys Gly Pro Ser
1 5
<210> 294
<211> 5
<212> PRT
10 <213> Secuencia artificial
<220>
<223> Constructo sintético
<400> 294
Thr Val Ala Ala Pro
1 5
15 <210> 295
<211> 5
<212> PRT
<213> Secuencia artificial
<220>
20 <223> Constructo sintético
<400> 295
Gln Pro Lys Ala Ala
1 5
<210> 296
<211> 5
25 <212> PRT
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Constructo sintético
<400> 296
Gln Arg Ile Glu Gly
30 **1 5**
<210> 297
<211> 7
<212> PRT
<213> Secuencia artificial
35 <220>

<223> Constructo sintético
 <400> 297
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 1 5
 <210> 298
 5 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 10 <400> 298
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser
 1 5
 <210> 299
 <211> 7
 <212> PRT
 15 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 299
Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro
 1 5
 20 <210> 300
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 25 <223> Constructo sintético
 <400> 300
His Ile Asp Ser Pro Asn Lys
 1 5
 <210> 301
 <211> 1014
 30 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 301

ES 2 894 304 T3

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgac cagggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgcacccgaa 360
ctgactcagg accctgccgt ctctgtggca ctgaagcaga ctgtgactat tacttgccga 420
ggcgactcac tgcggagcca ctacgcttcc tggatcaga agaaaccgg ccaggcacct 480
gtgctgctgt tctacggaaa gaacaatagg ccatctggca tccccgaccg cttttctggc 540
agtgcacag ggaaccgagc cagtctgacc attacggcg cccaggctga ggacgaagcc 600
gattactatt gcagctcccg ggataagagc ggctccagac tgagcgtgtt cggaggagga 660
actaaactga ccgtcctcga taagaccat acccgtagc tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttcccac ctgagcagca gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccagag gcctgtctag ccccgtagcc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

```

<210> 302

<211> 449

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 302

ES 2 894 304 T3

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115 120 125
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
 130 135 140
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145 150 155 160
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165 170 175
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180 185 190
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
 195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr
 210 215 220
 Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro
 225 230 235 240
 Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
 245 250 255
 Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp
 260 265 270
 Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
 275 280 285
 Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val
 290 295 300
 Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
 305 310 315 320
 Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys
 325 330 335
 Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
 340 345 350
 Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp
 355 360 365
 Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
 370 375 380
 Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
 385 390 395 400
 Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
 405 410 415
 Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
 420 425 430
 Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly
 435 440 445
 Lys

<210> 303

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 303

ES 2 894 304 T3

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 304

<211> 571

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 304

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95

ES 2 894 304 T3

Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser
 115 120 125
 Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 130 135 140
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
 145 150 155 160
 Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
 165 170 175
 Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
 180 185 190
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
 195 200 205
 Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr
 210 215 220
 Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
 225 230 235 240
 Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
 245 250 255
 Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu
 260 265 270
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly
 275 280 285
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser
 290 295 300
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
 305 310 315 320
 Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr
 325 330 335
 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro
 340 345 350
 Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 355 360 365
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 370 375 380
 Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn
 385 390 395 400
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 405 410 415
 Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 420 425 430
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 435 440 445
 Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 450 455 460
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu
 465 470 475 480
 Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe
 485 490 495
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 500 505 510
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 515 520 525
 Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly
 530 535 540
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 545 550 555 560
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 305

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 305

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser
 115 120 125
 Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala
 130 135 140
 Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
 145 150 155 160
 Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly
 165 170 175
 Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
 180 185 190
 Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
 195 200 205
 Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu
 210 215 220
 Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 306

<211> 1347

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 306

ES 2 894 304 T3

```

agagcccacc tggcagcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgccctc tgtgogggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgca gatcgctac 240
atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300
agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgccgct ctacaaaggg ccctctggtg tccctctgg cccttgacag cagaagcacc 420
agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc ggctgcaca cctttccagc cgtgctccag 540
agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc 600
aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg 660
gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc 720
tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa 780
gtgacctgcg tgggtggtgga tgtgtcccag gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac 840
gtggacggcg tggaaagtga caacgccaag accaagccca gagaggaaca gttcaacagc 900
acctaccggg tgggtgctcg tctgacctg ctgacaccag actggctgaa cggcaaaagag 960
tacaagtga agtgtccaa caagggcctg cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag 1020
gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg tataccctgc ccccttgcca ggaagagatg 1080
accaagaacc agtgtccct gtgggtgtctc gtgaaggct tctaccccag cgacattgcc 1140
gtggaatggg agagcaacgg ccagcccag aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg 1200
gacagcgacg gctcattctt cctgtactcc aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag 1260
gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg cacgaggccc tgcacaacca ctaccccag 1320
aagtcctctg ctctgtccct gggcaag 1347

```

<210> 307

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 307

```

tacaatccag tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaaagtgg cgtgcccagc 180
agatthtccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgagaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

```

10 <210> 308

<211> 1713

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 308

ES 2 894 304 T3

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgag gtctgtgaaac ctggcgccctc tgtgaaggtg 60
 tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt ggcgccaggcc 120
 cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctacccc gcaacgtgaa caccaactac 180
 gccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
 atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300
 tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
 agccaggtgc agctgggtgga atctggcggc ggagtgggtgc agcctggcag aagcctgaga 420
 ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480
 gcccttgaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540

acctactacg ccgacagcgt gaagggcccg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600
 accctgtacc tgacagatgaa cagcctgccc gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660
 ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720
 tctagtccga ccgccagcac aaagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780
 agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccagagcc 840
 gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900
 ctccagagca gccgcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgccag cagcagcctg 960
 ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020
 cgggtggaat ctaagtacgg cctcctctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080
 ggaccctccg tgttctctgt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140
 cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccagagt gcagttcaat 1200
 tggtagctgg acggcgtgga agtgacacaac gccaaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260
 aacagcacct accgggtggt gtccgtctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320
 aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggccctgccc gctccatcga gaaaaccatc 1380
 agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgcccc tagccaggaa 1440
 gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500
 attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1560
 gtgctggaca gcgacggctc attcttctct gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620
 tggcaggaag gcaacgtggt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680
 acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

<210> 309

<211> 1014

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 309

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
 atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
 tatctgcaga agcccggcca gagccccag tcctgatctt acaaggtgtc caacagattc 180
 agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
 ttcacctttg gcagcggcac caaggtgaa atcaagggcc agcccaaggc cgccccgac 360
 atccagatga cccagagccc cagcagcctg tctgccagcg tgggcgacag agtgaccatc 420
 acctgtcagg ccagccagaa catctacgtg tggctgaact ggtatcagca gaagcccggc 480
 aaggccccca agctgctgat ctacaaggcc agcaacctgc acaccggcgt gccacagaga 540
 tttctggcca gcggctccgg caccgacttc acctgacaa tcagctcctt gcagcccagc 600
 gacattgcca cctactactg ccagcagggc cagacctacc cctacacctt tggccagggc 660
 accaagctgg aatcaagac caagggcccc agccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
 atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
 aacaacttct acccccgcga ggccaaagtg cagtggaaag tggacaacgc cctgcagagc 840
 ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccacctc cagcctgagc 900
 agcacctgca cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
 10 acccaccagc gcctgtctag cccctgagc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

<210> 310

<211> 449

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 310

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro
 115 120 125
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr
 130 135 140
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr
 145 150 155 160
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro
 165 170 175
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr
 180 185 190
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp
 195 200 205
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr
 210 215 220
 Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro
 225 230 235 240
 Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
 245 250 255
 Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp
 260 265 270
 Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
 275 280 285
 Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val
 290 295 300
 Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
 305 310 315 320
 Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys
 325 330 335
 Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
 340 345 350
 Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp
 355 360 365
 Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
 370 375 380
 Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
 385 390 395 400
 Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
 405 410 415
 Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
 420 425 430
 Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly
 435 440 445
 Lys

5 <210> 311

<211> 210

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 311

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 312

5 <211> 571

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 312

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser
 115 120 125
 Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 130 135 140
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
 145 150 155 160
 Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
 165 170 175
 Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
 180 185 190

ES 2 894 304 T3

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
 195 200 205
 Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr
 210 215 220
 Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
 225 230 235 240
 Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
 245 250 255
 Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu
 260 265 270
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly
 275 280 285
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser
 290 295 300
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
 305 310 315 320
 Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr
 325 330 335
 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro
 340 345 350
 Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 355 360 365
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 370 375 380
 Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn
 385 390 395 400
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 405 410 415
 Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 420 425 430
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 435 440 445
 Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 450 455 460
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu
 465 470 475 480
 Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe
 485 490 495
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 500 505 510
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 515 520 525
 Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly
 530 535 540
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 545 550 555 560
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 313

<211> 342

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 313

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30

ES 2 894 304 T3

Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala
 115 120 125
 Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala
 130 135 140
 Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln
 145 150 155 160
 Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn
 165 170 175
 Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
 180 185 190
 Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn
 195 200 205
 Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly
 210 215 220
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala
 225 230 235 240
 Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 245 250 255
 Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 260 265 270
 Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 275 280 285
 Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 290 295 300
 Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 305 310 315 320
 Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 325 330 335
 Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 314

<211> 1347

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 314

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
 tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
 cctgacagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
 ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgcctac 240
 atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgctgtgt actactgocg cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgccgcct ctacaaaggg cccctcggtg ttccctctgg ccccttgacg cagaagcacc 420
 agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc gtgaaggact actttcccga gccctgacc 480
 gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc ggctgcaca cctttccagc cgtgctccag 540
 agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc 600
 aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg 660
 gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct tgcccagccc ctgaatttct gggcgggacc 720

ES 2 894 304 T3

```
tccgtgttcc tgttcccc aaagcccaag gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa 780
gtgacctgcg tgggtggtgga tgtgtcccag gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac 840
gtggacggcg tggaaagtgca caacgcccaag accaagccca gagaggaaca gttcaacagc 900
acctaccggg tgggtgcccgt gctgaccgtg ctgcaccagg actgggtgaa cggcaaaag 960
tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag 1020
gccaagggcc agccccgcga gcctcaagtg tataccctgc ccccttgcca ggaagagatg 1080
accaagaacc aggtgtccct gtggtgtctc gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc 1140
gtggaatggg agagcaacgg ccagcccggag aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg 1200
gacagcgacg gctcattctt cctgtactcc aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag 1260
gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg cacgaggccc tgcacaacca ctacaccag 1320
aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1347
```

<210> 315

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 315

```
tacatccaag tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaaagtgg cgtgccagc 180
agatthtccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgaggcc 420
aaagtgcagt ggaagggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca cctgacact gagcaaggcc 540
gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
gtgaccaaga gcttcaaccg gggcagatgt 630
```

10 <210> 316

<211> 1713

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 316

ES 2 894 304 T3

caggtgcagc	tcaggaatc	tggccctggc	ctcgtgaagc	ctagccagac	cctgagcctg	60
acctgtaccg	tgtccggcct	cagcctgagc	gactacggcg	tgcactgggt	gcccagcca	120
cctggaaaag	gcttgggaatg	gctgggcgtg	atctgggctg	gcccagggcac	caactacaac	180
cccagcctga	agtccagaaa	gaccatcagc	aaggacacca	gcaagaacca	ggtgtccctg	240
aagctgagca	gcgtgacagc	cgccgatacc	gccgtgtact	actgcgccag	agacaagggc	300
tacagctact	actacagcat	ggactactgg	ggccagggca	ccaccgtgac	cgtgtcatcc	360
tctcaggtgc	agctgggtgga	atctggcggc	ggagtgggtg	agcctggcag	aagcctgaga	420
ctgagctgtg	cgccagcggg	cttcaccttc	accaaggcct	ggatgcaactg	ggtgcgccag	480
gccccctgaa	agcagctgga	atgggtggcc	cagatcaagg	acaagagcaa	cagctacgcc	540
acctactacg	ccgacagcgt	gaagggccgg	ttcaccatca	gccgggacga	cagcaagaac	600
accctgtacc	tcagatgaa	cagcctgcgg	gccgaggaca	ccgccgtgta	ctactgtcgg	660
ggcgtgtact	atgccctgag	ccccttcgat	tactggggcc	agggaaccct	cgtgaccgtg	720
tctagtccga	cgcttcgac	caagggccca	tcggtgttcc	ctctggcccc	ttgcagcaga	780
agcaccagcg	aatctacagc	cgccctgggc	tgccctcgtg	aggactactt	tcccagagccc	840
gtgaccgtgt	cctggaaactg	tggcgctctg	acaagcggcg	tgcacacctt	tccagccgtg	900
ctccagagca	gcggcctgta	ctctctgagc	agcgtcgtga	cagtgccccag	cagcagcctg	960
ggcaccaga	cctacacctg	taacgtggac	cacaagccca	gcaacaccaa	ggtggacaag	1020
cgggtggaat	ctaagtacgg	ccctccctgc	cctccttggc	cagcccctga	atttctgggc	1080
ggaccctcgg	tgttctgtt	cccccaaaag	cccaaggaca	cctgatgat	cagccggacc	1140
cccgaagtga	cctgcgtggt	ggtggatgtg	tcccaggaag	atcccagagt	gcagttcaat	1200
tggtacgtgg	acggcgtgga	agtgcacaac	gccaaagacca	agcccagaga	ggaacagttc	1260
aacagcacct	accgggtggt	gtccgtgctg	accgtgctgc	accaggactg	gctgaacggc	1320
aaagagtaca	agtccaaggt	gtccaacaag	ggcctgccca	gctccatcga	gaaaaccatc	1380
agcaaggcca	aggccagcc	ccgcgagcct	caagtgtgta	ccctgccccc	tagccaggaa	1440
gagatgacca	agaaccaggt	gtccctgagc	tgtgccgtga	aaggcttcta	ccccagcgac	1500
attgcccgtg	aatgggagag	caacggccag	cccgagaaca	actacaagac	cacccccctt	1560
gtgctggaca	gcgacggctc	attcttctctg	gtgtccaagc	tgaccgtgga	caagagccgg	1620
tggcaggaag	gcaacgtgtt	cagctgctcc	gtgatgcacg	aggccctgca	caaccactac	1680
accagaagt	ccctgtctct	gtccctgggc	aag			1713

<210> 317

<211> 1026

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 317

gacatcgtga	tgaccagac	ccccctgagc	ctgagcgtga	cacctggaca	gcctgccagc	60
atcagctgca	agagcagcca	gagcctggtg	cacaacaacg	ccaacaccta	cctgagctgg	120
tatctgcaga	agcccggcca	gagccccag	tcctgatct	acaaggtgtc	caacagattc	180
agcggcgtgc	ccgacagatt	ctccggcagc	ggctctggca	ccgacttcac	cctgaagatc	240
agcccgggtg	aagccgagga	cgtgggcgtg	tactattgtg	gccagggcac	ccagtacccc	300
ttcaccttg	gcagcggcac	caaggtggaa	atcaagggcc	agcccaaggc	cgcccccgac	360
atcgtgctga	cacagagccc	tgctagcctg	gccgtgtctc	ctggacagag	ggccaccatc	420
acctgtagag	ccagcgagag	cgtggaatat	tacgtgacca	gcctgatgca	gtggtatcag	480
cagaagcccg	gccagcccc	caagctgctg	attttcgccg	ccagcaacgt	ggaaagcggc	540
gtgccagcca	gattttccgg	cagcggctct	ggcaccgact	tcaccctgac	catcaacccc	600
gtggaagcca	acgacgtggc	caactactac	tgccagcaga	gccggaaggt	gccctacacc	660
tttgccaggg	gcaccaagct	ggaaatcaag	accaagggcc	ccagccgtac	ggtggccgct	720
cccagcgtgt	tcactttccc	acctagcag	gagcagctga	agtccggcac	agcctctgtc	780
gtgtgcctgc	tgaacaactt	ctacccccgc	gaggccaaag	tgagtgga	ggtggacaac	840
gccctgcaga	gcggcaacag	ccaggaagc	gtgaccgagc	aggacagcaa	ggactccacc	900
tacagcctga	gcagcaccct	gacactgagc	aaggccgact	acgagaagca	caaggtgtac	960
gcctgcgaag	tgaccacca	ggcctgtct	agccccgtga	ccaagagctt	caaccggggc	1020
gagtg						1026

10

<210> 318

<211> 468

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 318

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
 130 135 140
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser
 145 150 155 160
 Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 165 170 175
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 180 185 190
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 195 200 205
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys
 210 215 220
 Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu
 225 230 235 240
 Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu
 245 250 255
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 260 265 270
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 275 280 285
 Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 290 295 300
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
 305 310 315 320
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 325 330 335
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
 340 345 350
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 355 360 365
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
 370 375 380
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 385 390 395 400
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 405 410 415
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 420 425 430
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 435 440 445
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 450 455 460
 Ser Leu Gly Lys
 465

5

<210> 319

<211> 219

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

5 <400> 319

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1          5          10          15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
          20          25          30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
          35          40          45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50          55          60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65          70          75          80
Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
          85          90          95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
          100          105          110
Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
          115          120          125
Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
          130          135          140
Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
          145          150          155          160
Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
          165          170          175
Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
          180          185          190
Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
          195          200          205
Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
          210          215

```

<210> 320

<211> 571

10 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 320

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser
 115 120 125
 Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 130 135 140
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
 145 150 155 160
 Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
 165 170 175
 Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
 180 185 190
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
 195 200 205
 Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr
 210 215 220
 Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
 225 230 235 240
 Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
 245 250 255
 Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu

ES 2 894 304 T3

260 265 270
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly
 275 280 285
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser
 290 295 300
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
 305 310 315 320
 Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr
 325 330 335
 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro
 340 345 350
 Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 355 360 365
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 370 375 380
 Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn
 385 390 395 400
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 405 410 415
 Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 420 425 430
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 435 440 445
 Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 450 455 460
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu
 465 470 475 480
 Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe
 485 490 495
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 500 505 510
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 515 520 525
 Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly
 530 535 540
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 545 550 555 560
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 321

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 321

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

	100		105		110										
Gly	Gln	Pro	Lys	Ala	Ala	Pro	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser
	115						120					125			
Ser	Leu	Ser	Ala	Ser	Val	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Gln	Ala
	130						135					140			
Ser	Gln	Asn	Ile	Tyr	Val	Trp	Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly
145					150					155					160
Lys	Ala	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	Lys	Ala	Ser	Asn	Leu	His	Thr	Gly
				165					170					175	
Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu
			180					185					190		
Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Pro	Glu	Asp	Ile	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln
	195						200					205			
Gln	Gly	Gln	Thr	Tyr	Pro	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu
	210					215					220				
Ile	Lys	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Arg	Thr	Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe
225					230					235					240
Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp	Glu	Gln	Leu	Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val
				245				250						255	
Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe	Tyr	Pro	Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp
		260						265					270		
Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ser	Gly	Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr
	275						280					285			
Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp	Ser	Thr	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr
	290					295					300				
Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu	Lys	His	Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val
305					310					315					320
Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly
				325				330						335	

Glu Cys

<210> 322

<211> 1404

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 322

```

cagggtgcacc tgacacagag cggaccgcaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60
tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
ctgcagctga cggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcdc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgcctgtac gacgatgacg gcgcctgaa ctgggcccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
tctgcttoga ccaagggccc ctcggtgttc cctctggccc ctgacagcag aagcaccagc 480
gaatctacag cggccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 540
tcctggaact ctggcgctct gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 600
agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccta gcagcagcct gggcaccaag 660
acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcgggtggaa 720
tctaagtaog gccctccctg coctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 780
gtgttcctgt tcccccaaaa gcccaaggac accctgatga tcagccggac ccccgaagtg 840
acctcgtgtg tgggtggatg gtcccaggaa gatcccagg tgcagttcaa ttggtacgtg 900
gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagtt caacagcacc 960
taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 1020
aagtgaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaacat cagcaaggcc 1080
aaggccagc cccgcgagcc tcaagtgtat accctgcccc cttgccagga agagatgacc 1140
aagaaccagg tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgccgtg 1200
gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccaccccccc tgtgctggac 1260

```

```

agcgacggct cattcttct gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1320
ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta caccagaag 1380
tcctgtctc tgtccctggg caag 1404

```

10

<210> 323

<211> 657

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 323

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccgagc atccccccag ctgtgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgtc cggtggccgc tcccagcgtg 360
ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420
ctgaacaact tctacccccg cgaggccaaa gtgcagtgga aggtggacaa cgccctgcag 480
agcggcaaca gccaggaagc cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540
agcagcaccg tgacactgag caagggccgc tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600
gtgaccaccg agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657
    
```

<210> 324

<211> 1713

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 324

```

caggtgcagc tgggtgcagt tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgccctc tgtgaagggtg 60
tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120
cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180
gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
atggaactga gccggctgag aagcgcagc accgcccgtg actactgcac ccggtcccac 300
tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
agccaggtgc agctgggtga atctggcggc ggagtgggtg agcctggcag aagcctgaga 420
ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480
gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540
acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600
accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgcccgtgta ctactgtcgg 660
ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaacct cgtgaccgtg 720
tctagtccga ccgccagcac aaagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780
agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgccctgtga aggactactt tcccagccc 840
gtgaccgtgt cctggaactc tggcgtctcg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900
ctccagagca cggcctgtga ctctctgagc agcgtcgtga cagtgccag cagcagcctg 960
ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020
cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080
ggaccctccg tgttccctgt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140
cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccaggt gcagtcaat 1200
tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac gccaaagacca agcccagaga ggaacagttc 1260
aacagcacct accgggtggt gtccgtctcg accgtgctgc accagactg gctgaacggc 1320
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggccctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380
agcaaggcca agggccagcc ccgagagcct caagtgtgta ccctgcccc tagccaggaa 1440
gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500
attgcccgtg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1560
gtgcctggaca cgcagcggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620
tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcagc aggcctgca caaccactac 1680
accagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713
    
```

15

<210> 325

<211> 1014

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

5 <400> 325

```

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
tatctgcaga agcccggcca gagccccag tccctgatct acaaggtgtc caacagattc 180
agcgcgtgac ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aagccgagga cgtgggctgt tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agccaaggc cgccccgac 360
atccagatga cccagagccc cagcagcctg tctgccagcg tgggcgacag agtgaccatc 420
acctgtcagg ccagccagaa catctacgtg tggctgaact ggtatcagca gaagcccggc 480
aaggccccc aagctgctgat ctacaaggcc agcaacctgc acaccggcgt gccagcaga 540
ttttctggca gcggctccgg caccgacttc accctgacaa tcagctccct gcagcccag 600
gacattgcca cctactactg ccagcagggc cagacctacc cctacacctt tggccagggc 660
accaagctgg aatcaagac caagggcccc agccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720
atcttccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaaagt cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 900
agcacctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccagg gcctgtctag ccccgtagc aagagcttca accggggcga gtgt 1014
    
```

<210> 326

<211> 468

<212> PRT

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 326

```

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1          5          10          15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20          25          30
Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35          40          45
Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50          55          60
Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65          70          75          80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100          105          110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115          120          125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
130          135          140
Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser
145          150          155          160
Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
165          170          175
Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
180          185          190
Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
195          200          205
    
```

ES 2 894 304 T3

Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys
 210 215 220
 Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu
 225 230 235 240
 Ser Lys Tyr Gly Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu
 245 250 255
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 260 265 270
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 275 280 285
 Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 290 295 300
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
 305 310 315 320
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 325 330 335
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
 340 345 350
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 355 360 365
 Val Tyr Thr Leu Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
 370 375 380
 Ser Leu Trp Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 385 390 395 400
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 405 410 415
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
 420 425 430
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 435 440 445
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 450 455 460
 Ser Leu Gly Lys
 465

<210> 327

<211> 219

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 327

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu
 115 120 125
 Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe
 130 135 140

ES 2 894 304 T3

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln
 145 150 155 160
 Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser
 165 170 175
 Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu
 180 185 190
 Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser
 195 200 205
 Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210 215

<210> 328

<211> 571

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 328

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser
 115 120 125
 Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 130 135 140
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
 145 150 155 160
 Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
 165 170 175
 Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
 180 185 190
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
 195 200 205
 Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr
 210 215 220
 Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
 225 230 235 240
 Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
 245 250 255
 Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu
 260 265 270
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly
 275 280 285
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser
 290 295 300
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
 305 310 315 320
 Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr
 325 330 335

ES 2 894 304 T3

Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro
 340 345 350
 Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 355 360 365
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 370 375 380
 Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn
 385 390 395 400
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 405 410 415
 Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 420 425 430
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 435 440 445
 Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 450 455 460
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu
 465 470 475 480
 Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe
 485 490 495
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 500 505 510
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 515 520 525
 Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly
 530 535 540
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 545 550 555 560
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 329

<211> 342

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 329

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala
 115 120 125
 Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala
 130 135 140
 Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln
 145 150 155 160
 Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn
 165 170 175

ES 2 894 304 T3

Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
 180 185 190
 Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn
 195 200 205
 Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly
 210 215 220
 Thr Lys Leu Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala
 225 230 235 240
 Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 245 250 255
 Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 260 265 270
 Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 275 280 285
 Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 290 295 300
 Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 305 310 315 320
 Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 325 330 335
 Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 330

<211> 1404

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 330

cagggtgcacc tgacacagag cggaccggaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60
 tcctgcgaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
 ccaggacag gactgcagt gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
 gtggaacgg tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
 ctgcagctga gggcctgac ctctggcgat accgccgtgt actactgcmc caagggcagc 300
 aagcaccggc tgagagacta cgcctgtac gacgatgacg gcgcctgaa ctgggcccgtg 360
 gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccctgtca 420
 tctgcttoga ccaagggccc ctgggtgttc cctctggccc cttgcagcag aagcaccagc 480
 gaatctacag ccgcctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 540
 tcctggaact ctggcgctct gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 600
 agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagcagcct gggcaccag 660
 acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcgggtggaa 720
 tctaagtacg gccctccctg cctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 780
 gtgttcctgt tcccccaaaa gcccaaggac acctgatga tcagccggac ccccgaagtg 840
 acctgcgtgg tgggggatgt gtcccaggaa gatcccagag tgcagttcaa ttggtacgtg 900
 gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagt caacagcacc 960
 taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 1020
 aagtgaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaacct cagcaaggcc 1080
 aaggccagc ccgcgagcc tcaagtgtat acctgcccc cttgccagga agagatgacc 1140
 aagaaccag tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgccgtg 1200
 gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccaccccc tgtgctggac 1260
 agcgacggct cattcttcc gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1320
 ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta caccagaag 1380
 tcctgtctc tgcctctgg caag 1404

10 <210> 331

<211> 657

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 331

```

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccgagcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaagcgtg cgggtggccgc tcccagcgtg 360
ttcatcttcc cacctagcga cgagcagctg aagtccggca cagcctctgt cgtgtgcctg 420
ctgaacaact tctacccccg cgaggcmeta gtgcagtgga aggtggmeta cgcctgcag 480
agcggcaaca gccaggaag cgtgaccgag caggacagca aggactccac ctacagcctg 540
agcagacccc tgactctgag caagggccgac tacgagaagc acaaggtgta cgcctgcgaa 600
gtgaccaccc agggcctgtc tagccccgtg accaagagct tcaaccgggg cgagtgt 657
    
```

<210> 332

5 <211> 1713

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 332

```

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctctggaagc ctagccagac cctgagcctg 60
acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
cctggaaaag gcctggaatg gctgggctg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gcctgtact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg gcccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
tctcaggtgc agctgggtgga atctggcggc ggagtgggtgc agcctggcag aagcctgaga 420
ctgagctgtg ccgccagcgg ctccacctc accaaggcct ggatgactg ggtgcgccag 480
gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540
acctactacc ccgacagcgt gaagggccgg ttaccatca gccgggacga cagcaagaac 600
accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtcgg 660
ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccctg 720
tctagtcgga ccgcttcgac caagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780
agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgccctgtga aggactactt tcccagcccc 840
gtgaccctgt cctggaactc tggcgtctg acaagcggcg tgcacacctt tccagccctg 900
ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtctgta cagtgcccaag cagcagcctg 960
ggcaccaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020
cgggtggaat ctaagtacgg ccctccctgc cctccttgc cagccccctga atttctgggg 1080
ggaccctccg tgttcctggt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140
cccgaagtga cctgcctggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccaggt gcagttcaat 1200
tggtagctgg acggcgtgga agtgcaaac gcccaagaca agcccagaga ggaacagttc 1260
aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggccctgcca gctccatcga gaaaaccatc 1380
agcaaggcca agggccagcc ccgagagcct caagtgtgta ccctgcccc tagccaggaa 1440
gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgcccgtg aaggcttcta ccccagcgac 1500
attgcccgtg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1560
gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccctgga caagagccgg 1620
tggcaggaag gcaacgtggt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680
accagaagt ccctgtctct gtcctgggc aag 1713
    
```

<210> 333

<211> 1026

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 333

```

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
atcagctgca agagcagcca gagcctggg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
tatctgcaga agcccggcca gagccccag tcctgatct acaaggtgtc caacagattc 180
agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caaggtgaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360
atcgtgctga cacagagccc tgctagcctg gccgtgtctc ctggacagag ggccaccatc 420
acctgtagag ccagcgagag cgtggaatat tacgtgacca gcctgatgca gtggtatcag 480
cagaagcccg gccagcccc caagctgctg attttcgccg ccagcaacgt ggaaagcggc 540
gtgccagcca gattttccgg cagcggctct ggcaccgact tcaccctgac catcaacccc 600
gtggaagcca acgacgtggc caactactac tgccagcaga gccggaaggt gccctacacc 660
tttggccagg gcaccaagct ggaaatcaag accaagggcc ccagccgtac ggtggccgct 720
cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac gagcagctga agtccggcac agcctctgtc 780
gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac 840
gccctgcaga gcggcaacag ccaggaagc gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc 900
tacagcctga gcagcaccct gacactgagc aaggccgact acgagaagca caaggtgtac 960
gcctgcgaag tgaccacca gggcctgtct agccccgtga ccaagagctt caaccggggc 1020
gagtgt                                     1026
    
```

<210> 334

<211> 448

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 334

```

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1      5      10      15
Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20     25     30
Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35     40     45
Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50     55     60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65     70     75     80
Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85     90     95
Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
100    105    110
Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115    120    125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
130    135    140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145    150    155    160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165    170    175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180    185    190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
195    200    205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
210    215    220
Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
225    230    235    240
Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
245    250    255
Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
260    265    270
    
```

10

Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
 275 280 285
 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
 290 295 300
 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
 305 310 315 320
 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
 325 330 335
 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu
 340 345 350
 Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys
 355 360 365
 Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
 370 375 380
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
 385 390 395 400
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
 405 410 415
 Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala
 420 425 430
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 335

<211> 210

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 335

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

10 <210> 336

<211> 571

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 336

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val Gln Leu Val Glu Ser
 115 120 125
 Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
 130 135 140
 Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln
 145 150 155 160
 Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser
 165 170 175
 Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr
 180 185 190
 Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser
 195 200 205
 Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr
 210 215 220
 Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val
 225 230 235 240
 Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala
 245 250 255
 Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu
 260 265 270
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly
 275 280 285
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser
 290 295 300
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu
 305 310 315 320
 Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr
 325 330 335
 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro
 340 345 350
 Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro
 355 360 365
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 370 375 380
 Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn
 385 390 395 400
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg
 405 410 415
 Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val
 420 425 430

ES 2 894 304 T3

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser
 435 440 445
 Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys
 450 455 460
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu
 465 470 475 480
 Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe
 485 490 495
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu
 500 505 510
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe
 515 520 525
 Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly
 530 535 540
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 545 550 555 560
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 337

<211> 338

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 337

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser
 115 120 125
 Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala
 130 135 140
 Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
 145 150 155 160
 Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly
 165 170 175
 Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
 180 185 190
 Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
 195 200 205
 Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu
 210 215 220
 Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 245 250 255
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 260 265 270

ES 2 894 304 T3

Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 275 280 285
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 290 295 300
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 305 310 315 320
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 325 330 335
 Glu Cys

<210> 338

<211> 1344

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 338

```
caggtgcagc tgggtgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60
agctgcagag ccagcgggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
cctggcaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gaggcggagc cgtgaactac 180
gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggacg tgtacagcga taccgccttc 240
ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcaccctgt gatcgtgtca 360
agcgcgtcga ccaagggccc ctcggtgttc cctctggccc cttgcagcag aagcaccagc 420
gaatctacag cgcctctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 480
tcctggaaact ctggcgtctc gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 540
agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagcagcct gggcaccaag 600
acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcgggtggaa 660
tctaagtaag gcctccctg ccctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 720
gtgttcctgt tcccccaaaa gcccaaggac accctgatga tcagccggac ccccgaagtg 780
acctgcgtgg tgggtggatgt gtcccaggaa gatcccagag tgcagttcaa ttggtacgtg 840
gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagtt caacagcacc 900
taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 960
aagtgaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaaccat cagcaaggcc 1020
aagggccagc ccgcgagcgc tcaagtgtat accctgcccc cttgccagga agagatgacc 1080
aagaaccagg tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgcccgtg 1140
gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccaccccccc tgtgctggac 1200
agcgcaggct cattcttcct gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1260
ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta caccagaag 1320
tcctgtctc tgcctctggg caag 1344
```

10 <210> 339

<211> 630

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 339

```
gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
gccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
ttcggcgtgt actactgcca gcaactcagc ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcagggtg 300
gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcactc tcccacctag cgacgagcag 360
ctgaagtccg gcaacagcctc tgcctcgtgc ctgctgaaca acttctacc cgcgcaggcc 420
aaagtgcagt ggaaggtgga caacgcctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
```

ES 2 894 304 T3

gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgaccc accagggcct gtctagcccc 600
 gtgaccaaga gcttcaaccg gggcgagtgt 630

<210> 340

<211> 1713

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 340

caggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgag gtctgtgaaac ctggcgccctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120
 cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctacccc gcaacgtgaa caccaactac 180
 gcccaagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
 atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgcccgtgt actactgcac ccggtcccac 300
 tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
 agccaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtgggtgc agcctggcag aagcctgaga 420
 ctgagctgtg ccgccagcgg cttcaccttc accaaggcct ggatgcactg ggtgcgccag 480
 gcccttgaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540
 acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600
 accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgcccgtgta ctactgtcgg 660
 ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaccct cgtgaccgtg 720
 tctagtccga ccgccagcac aaagggccca tcggtgttcc ctctggccc ttgcagcaga 780
 agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgctcgtga aggactactt tcccagccc 840
 gtgaccgtgt cctggaactc tggcgctctg acaagcggcg tgcacacct tccagccgtg 900
 ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgccag cagcagcctg 960
 ggcaccaaga cctacacctg taacgtggac cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 1020
 cgggtggaat ctaagtacgg cctcctcctgc cctccttgcc cagcccctga atttctgggc 1080
 ggaccctccg tgttccctgt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140
 cccgaagtga cctgcctggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccaggt gcagttcaat 1200
 tggtaactgg acggcctgga agtgacacaac gccaaagaca agcccagaga ggaacagttc 1260
 aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320
 aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggccctgccc gctccatcga gaaaaccatc 1380
 agcaaggcca agggccagcc ccgagcgcct caagtgtgta ccctgcccc tagccaggaa 1440
 gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgcccgtga aaggcttcta ccccagcgac 1500
 attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1560
 gtgctggaca gcgacggctc attcttcctg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620
 tggcaggaag gcaacgtggt cagctgctcc gtgatgcacg aggccctgca caaccactac 1680
 acccagaagt ccctgtctct gtccctgggc aag 1713

10 <210> 341

<211> 1014

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 341

ES 2 894 304 T3

```

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
tatctgcaga agcccggcca gagcccccag tcctgatct acaagggtgc caacagattc 180
agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caaggaggaa atcaagggcc agcccaaggc cgtcccccagc 360
atccagatga cccagagccc cagcagcctg tctgccagcg tgggcgacag agtgaccatc 420
acctgtcagg ccagccagaa catctacgtg tggctgaact ggtatcagca gaagcccggc 480
aaggccccc aagtgtgat ctacaaggcc agcaacctgc acaccggcgt gccagcaga 540
ttttctggca gcggctccgg caccgacttc accctgacaa tcagctccct gcagcccagc 600
gacattgcca cctactactg ccagcagggc cagacctacc cctacacctt tggccagggc 660
accaagctgg aaatcaagac caagggcccc agccgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 720

atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 780
aacaacttct acccccgcga ggccaaaagt cagtggaagg tggacaacgc cctgcagagc 840
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccacctc cagcctgagc 900
agcaccctga cactgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 960
accaccaggg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 1014

```

<210> 342

<211> 448

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 342

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
 Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
 Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50 55 60
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
 Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 115 120 125
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
 130 135 140
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 165 170 175
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 180 185 190
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
 195 200 205
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
 210 215 220
 Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
 225 230 235 240
 Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
 245 250 255
 Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
 260 265 270
 Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
 275 280 285
 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
 290 295 300
 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
 305 310 315 320
 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
 325 330 335
 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu
 340 345 350
 Pro Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys
 355 360 365
 Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
 370 375 380
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
 385 390 395 400
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
 405 410 415
 Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala
 420 425 430
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 343

<211> 210

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 343

ES 2 894 304 T3

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe
 100 105 110
 Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val
 115 120 125
 Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp
 130 135 140
 Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr
 165 170 175
 Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val
 180 185 190
 Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly
 195 200 205
 Glu Cys
 210

<210> 344

<211> 571

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 344

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

ES 2 894 304 T3

	35					40					45				
Gly	Val	Ile	Trp	Ala	Gly	Gly	Gly	Thr	Asn	Tyr	Asn	Pro	Ser	Leu	Lys
	50					55					60				
Ser	Arg	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Asp	Thr	Ser	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu
	65				70					75					80
Lys	Leu	Ser	Ser	Val	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Ala
				85				90						95	
Arg	Asp	Lys	Gly	Tyr	Ser	Tyr	Tyr	Tyr	Ser	Met	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln
			100					105						110	
Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser
	115							120						125	
Gly	Gly	Gly	Val	Val	Gln	Pro	Gly	Arg	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala
	130					135					140				
Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Thr	Lys	Ala	Trp	Met	His	Trp	Val	Arg	Gln
	145				150					155					160
Ala	Pro	Gly	Lys	Gln	Leu	Glu	Trp	Val	Ala	Gln	Ile	Lys	Asp	Lys	Ser
				165						170				175	
Asn	Ser	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Asp	Ser	Val	Lys	Gly	Arg	Phe	Thr
			180					185						190	
Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Ser	Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Ser
	195						200						205		
Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Arg	Gly	Val	Tyr	Tyr
	210				215						220				
Ala	Leu	Ser	Pro	Phe	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val
	225				230					235					240
Ser	Ser	Arg	Thr	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Pro	Leu	Ala
				245					250					255	
Pro	Cys	Ser	Arg	Ser	Thr	Ser	Glu	Ser	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu
			260					265						270	
Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Trp	Asn	Ser	Gly
	275						280							285	
Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Ser
	290					295					300				
Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu
	305				310					315					320
Gly	Thr	Lys	Thr	Tyr	Thr	Cys	Asn	Val	Asp	His	Lys	Pro	Ser	Asn	Thr
				325					330					335	
Lys	Val	Asp	Lys	Arg	Val	Glu	Ser	Lys	Tyr	Gly	Pro	Pro	Cys	Pro	Pro
			340					345						350	
Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Phe	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val	Phe	Leu	Phe	Pro
	355						360						365		
Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr
	370				375						380				
Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	Gln	Glu	Asp	Pro	Glu	Val	Gln	Phe	Asn
	385				390					395					400
Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys	Thr	Lys	Pro	Arg
				405					410					415	
Glu	Glu	Gln	Phe	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val	Val	Ser	Val	Leu	Thr	Val
			420					425						430	
Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys	Cys	Lys	Val	Ser
	435						440					445			
Asn	Lys	Gly	Leu	Pro	Ser	Ser	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Lys
	450					455					460				
Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Cys	Thr	Leu	Pro	Pro	Ser	Gln	Glu
	465				470					475					480
Glu	Met	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Ser	Cys	Ala	Val	Lys	Gly	Phe
				485					490					495	
Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn	Gly	Gln	Pro	Glu
			500					505						510	
Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe
	515						520					525			
Phe	Leu	Val	Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys	Ser	Arg	Trp	Gln	Glu	Gly
	530					535					540				
Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr
	545				550					555					560
Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Leu	Gly	Lys					
				565					570						

<210> 345

<211> 342

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 345

```

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1           5           10           15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
          20           25           30
Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
          35           40           45
Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
          50           55           60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65          70           75           80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
          85           90           95
Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
          100          105          110
Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala
          115          120          125
Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala
          130          135          140
Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln
145          150          155          160
Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn
          165          170          175
Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
          180          185          190
Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn
          195          200          205
Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly
          210          215          220
Thr Lys Leu Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala
225          230          235          240
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
          245          250          255
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
          260          265          270
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
          275          280          285
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
          290          295          300
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
305          310          315          320
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
          325          330          335
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
          340

```

5

<210> 346

<211> 1344

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 346

ES 2 894 304 T3

caggtgcagc tggcgcagtc tggcggccag atgaagaaac ccggcgagag catgcggatc 60
 agctgcagag ccagcggcta cgagttcatc gactgcaccc tgaactggat cagactggcc 120
 cctggcaagc ggctgagtg gatgggatgg ctgaagccta gagggcgagc cgtgaaactac 180
 gccagacctc tgcagggcag agtgaccatg acccgggagc tgtacagcga taccgccttc 240
 ctggaactgc ggagcctgac cgtggatgat accgccgtgt acttctgcac ccggggcaag 300
 aactgcgact acaactggga cttcgagcac tggggcagag gcacccctgt gatcgtgtca 360
 agcgcgtoga ccaagggccc ctccggtgtc cctctggccc cttgcagcag aagcaccagc 420
 gaatctacag ccgccctggg ctgcctcgtg aaggactact ttcccagacc cgtgaccgtg 480
 tcctggaact ctggcgctct gacaagcggc gtgcacacct ttccagccgt gctccagagc 540
 agcggcctgt actctctgag cagcgtcgtg acagtgccca gcagcagcct gggcaccaag 600
 acctacacct gtaacgtgga ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa gcggtggaa 660
 tctaagtacg gccctccctg cctccttgc ccagcccctg aatttctggg cggaccctcc 720
 gtgttctctg tcccccaaa gcccaaggac acctgatga tcagccggac ccccgaagt 780
 acctgcgtgg tggatggatgt gtcccaggaa gatcccggag tgcagttcaa ttggtacgtg 840
 gacggcgtgg aagtgcacaa cgccaagacc aagcccagag aggaacagt caacagcacc 900
 taccgggtgg tgtccgtgct gaccgtgctg caccaggact ggctgaacgg caaagagtac 960
 aagtgaagg tgtccaacaa gggcctgccc agctccatcg agaaaaccat cagcaaggcc 1020
 aaggccagc ccgcgcagcc tcaagtgtat acctgcccc cttgccagga agagatgacc 1080
 aagaaccag tgtccctgtg gtgtctcgtg aaaggcttct accccagcga cattgcccgtg 1140
 gaatgggaga gcaacggcca gcccgagaac aactacaaga ccaccccc tgtgctggac 1200
 agcgcaggct cattcttctc gtactccaag ctgaccgtgg acaagagccg gtggcaggaa 1260
 ggcaacgtgt tcagctgctc cgtgatgcac gaggccctgc acaaccacta caccagaag 1320
 tcctgtctc tgtccctggg caag 1344

<210> 347

<211> 630

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 347

gagatcgtgc tgacacagag ccctggcacc ctgagcctgt ctccaggcga gacagccatc 60
 atcagctgcc ggacaagcca gtacggcagc ctggcctggt atcagcagag gcctggacag 120
 gcccccagac tcgtgatcta cagcggcagc acaagagccg ccggaatccc cgatagattc 180
 agcggctcca gatggggccc tgactacaac ctgaccatca gcaacctgga aagcggcgac 240
 ttcggcgtgt actactgcca gcagtacgag ttcttcggcc agggcaccaa ggtgcaggtg 300
 gacatcaagc gtacgggtggc cgctcccagc gtgttcatct tcccacctag cgacgagcag 360
 ctgaagtccg gcacagcctc tgtcgtgtgc ctgctgaaca acttctaccc ccgcgaggcc 420
 aaagtgcagt ggaaggtgga caacgccctg cagagcggca acagccagga aagcgtgacc 480
 gagcaggaca gcaaggactc cacctacagc ctgagcagca ccctgacact gagcaaggcc 540
 gactacgaga agcacaaggt gtacgcctgc gaagtgacct accagggcct gtctagcccc 600
 gtgaccaaga gcttcaaccg gggcaggtgt 630

10 <210> 348

<211> 1713

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 348

caggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
 acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcccagcca 120

ES 2 894 304 T3

cctggaaaag gcctggaatg gctgggctg atctgggctg gctggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
aagctgagca gctgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
tctcaggtgc agctggtgga atctggcggc ggagtggtgc agcctggcag aagcctgaga 420
ctgagctgtg ccgccagcgg ctccaccttc accaaggcct ggatgactg ggtgcgccag 480
gcccctggaa agcagctgga atgggtggcc cagatcaagg acaagagcaa cagctacgcc 540
acctactacg ccgacagcgt gaagggccgg ttcaccatca gccgggacga cagcaagaac 600
accctgtacc tgcagatgaa cagcctgcgg gccgaggaca ccgccgtgta ctactgtogg 660
ggcgtgtact atgccctgag ccccttcgat tactggggcc agggaaacct cgtgaccgtg 720
tctagtccga ccgcttcgac caagggccca tcggtgttcc ctctggcccc ttgcagcaga 780
agcaccagcg aatctacagc cgccctgggc tgcctcgtga aggactactt tcccagccc 840
gtgaccgtgt cctggaactc tggcgtctcg acaagcggcg tgcacacctt tccagccgtg 900
ctccagagca gcggcctgta ctctctgagc agcgtcgtga cagtgccag cagcagcctg 960
ggcaccaga cctacacgtg taacgtggac cacaagccca gcaacacca ggtggacaag 1020
cgggtggaat ctaagtacgg cctccctgc cctccttggc cagcccctga atttctgggc 1080
ggaccctccg tgttcctggt ccccccaaag cccaaggaca ccctgatgat cagccggacc 1140
cccgaagtga cctgcgtggt ggtggatgtg tcccaggaag atcccaggt gcagttcaat 1200
tggtagctgg acggcgtgga agtgcacaac gccaaagaca agcccagaga ggaacagttc 1260
aacagcacct accgggtggt gtccgtgctg accgtgctgc accaggactg gctgaacggc 1320
aaagagtaca agtgcaaggt gtccaacaag ggctgccca gctccatcga gaaaaccatc 1380
agcaaggcca agggccagcc ccgcgagcct caagtgtgta ccctgcccc tagccaggaa 1440
gagatgacca agaaccaggt gtccctgagc tgtgccgtga aaggcttcta ccccagcgc 1500
attgccgtgg aatgggagag caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccccct 1560
gtgctggaca gcgacggctc attcttctcg gtgtccaagc tgaccgtgga caagagccgg 1620
tggcaggaag gcaacgtgtt cagctgctcc gtgatgcacg aggcctgca caaccactac 1680
accagaagt ccctgtctct gtcctgggc aag 1713

<210> 349

<211> 1026

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 349

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacacctc cctgagctgg 120
tatctgcaga agcccggcca gagccccag tcctgatct acaaggtgtc caacagattc 180
agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aagccgagga cgtggcgtg tactattgtg gccaggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360
atcgtgctga cacagagccc tgctagcctg gccgtgtctc ctggacagag ggccaccatc 420
acctgtagag ccagcgagag cgtggaatat tacgtgacca gcctgatgca gtggtatcag 480
cagaagcccg gccagcccc caagctgctg attttcgccc ccagcaactg ggaagcggc 540
gtgccagcca gattttccgg cagcggctct ggcaccgact tcacctgac catcaacccc 600
gtggaagcca acgacgtggc caactactac tgccagcaga gccggaaggt gccctacacc 660
tttgccagg gcaccaagct ggaaatcaag accaagggcc ccagccgtac ggtggccgct 720
cccagcgtgt tcactttccc acctagcagc gagcagctga agtccggcac agcctctgtc 780
gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc gaggccaag tgcagtggaa ggtggacaac 840
gccctgcaga gcggcaacag ccaggaagc gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc 900
tacagcctga gcagcaccct gacactgagc aaggccgact acgagaagca caaggtgtac 960
gcctgcgaag tgaccacca gggcctgtct agccccgtg ccaagagctt caaccggggc 1020
gagtgat 1026

10 <210> 350

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 350

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 351

<211> 214

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 351

ES 2 894 304 T3

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
 100 105 110
 Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 115 120 125
 Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 130 135 140
 Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 145 150 155 160
 Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 165 170 175
 Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 180 185 190
 Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 195 200 205
 Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210

<210> 352

<211> 573

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 352

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ser Gln Val Gln Leu Val
 115 120 125
 Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser
 130 135 140

ES 2 894 304 T3

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val
 145 150 155 160
 Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp
 165 170 175
 Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg
 180 185 190
 Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met
 195 200 205
 Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val
 210 215 220
 Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
 225 230 235 240
 Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro
 245 250 255
 Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly
 260 265 270
 Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn
 275 280 285
 Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln
 290 295 300
 Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser
 325 330 335
 Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys
 340 345 350
 Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
 355 360 365
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
 370 375 380
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln
 385 390 395 400
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
 405 410 415
 Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
 420 425 430
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
 435 440 445
 Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
 450 455 460
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
 465 470 475 480
 Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
 485 490 495
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
 500 505 510
 Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
 515 520 525
 Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
 530 535 540
 Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
 545 550 555 560
 His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 353

<211> 334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 353

ES 2 894 304 T3

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser
 115 120 125
 Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr
 130 135 140
 Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly
 145 150 155 160
 Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly
 165 170 175
 Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu
 180 185 190
 Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
 195 200 205
 Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Thr Lys
 210 215 220
 Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
 225 230 235 240
 Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
 245 250 255
 Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
 260 265 270
 Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
 275 280 285
 Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
 290 295 300
 Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
 305 310 315 320
 Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 354

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 354

cagggtcagc tgggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaagggtg 60
 tcttgcgaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt ggcgccaggcc 120
 cctggacaggg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180
 gcccaagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
 atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300
 tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttcctt ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagccc ccttgggctg cctcgtgaa gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480

ES 2 894 304 T3

```

tggaaactctg ggcctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tccttgccc gcccctgaat ttctggggcg accctccgtg 720
ttcctgttc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt cgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt ccctgtggtc tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gcctcgaca accactaac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

```

<210> 355

<211> 642

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 355

```

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcca cagagtgacc 60
atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggtga actggtatca gcagaagccc 120
ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180
agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcacctga caatcagctc cctgcagccc 240
gaggacattg ccacctacta ctgccagcag gccagacct accctacac ctttggccag 300
ggcaccgaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctocca gcgtgttcat cttcccacct 360
agcgcagagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagctcaac cggggcgagt gt 642

```

10 <210> 356

<211> 1719

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 356

ES 2 894 304 T3

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgocgggtg 60
 tcctgtcaga caagcgggcta caccttcacc gccacatcc tgttctgggt cggcagggc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
 ggcggaggtc tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgctac 240
 atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac accgccgtgt actactgcgc cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgcctctc agtgagctg ggtggaatct ggccggcggag tggcgcagcc tggcagaagc 420
 ctgagactga gctgtgccgc cagcggcttc accttcacca aggcctggat gcactgggtg 480
 cgccaggccc ctggaaagca gctggaatgg gtggcccaga tcaaggacaa gagcaacagc 540
 tacgccacct actacgccga cagcgtgaa ggccgggtca ccatcagccg ggacgacagc 600
 aagaaccccc tgtacctgca gatgaacagc ctgcccggcc aggacaccgc cgtgtactac 660
 tgtcggggcg tgtactatgc cctgagcccc ttcgattact ggggccaggg aaccctcgtg 720
 accgtgtcta gtcggaccgc ttcgaccaag ggccatcgg tgttccctct ggccccttgc 780
 agcagaagca ccagcgaatc tacagccgcc ctgggctgcc tctggaagga ctactttccc 840
 gagcccgtag ccgtgtcctg gaactctggc gctctgacaa gcggcgtgca cacctttcca 900
 gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagcg tctgtacagt gccacgagc 960
 agcctgggca ccaagacctc cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaaggtg 1020

gacaagcggg tggaaatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgccccagc ccctgaattt 1080
 ctgggcggac cctccgtggt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140
 cggacccccg aagtacctg cgtggtgggt gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200
 ttcaattggt acgtggacgg cgtggaagtg cacaacgccca agaccaagcc cagagaggaa 1260
 cagttcaaca gcacctaccg ggtggtgtcc gtgctgaccg tgctgcacca ggactgggtg 1320
 aacggcaaaag agtacaagtg caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380
 accatcagca aggccaaagg ccagccccgc gaggctcaag tgtgtaccct gccccctagc 1440
 caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaag cttctacccc 1500
 agcagacatt ccgtggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560
 cccctctgtc tggacagcga cggctcattc ttctggtgt ccaagctgac cgtggacaag 1620
 agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tgctccgtga tgcacgagc cctgcacaac 1680
 cactaccccc agaagtccct gtctctgtcc ctgggcaag 1719

<210> 357

<211> 1002

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 357

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
 atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacacctc cctgagctgg 120
 tatctgcaga agcccggcca gagccccag tcctgatct acaaggtgtc caacagattc 180
 agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
 ttccactttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agccaaggc cgccccctac 360
 atccacgtga ccagagccc cagcagcctg tccgtgtcca tcggcgacag agtgaccatc 420
 aactgccaga cctctcaggg cgtgggcagc gacctgcaact ggtatcagca caagcctggc 480
 agagccccca agctgctgat ccaccacaca agcagcgtgg aagatggcgt gccacgacaga 540
 ttttccggca gggcttcca caccagcttc aacctgacca tcagcgatct gcaggccgac 600
 gacattgcca cctactattg tcaggtgctg cagttcttcg gcagaggcag cagactgcac 660
 atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccctccca gcgtgttcat cttcccacct 720
 agcagcagc agctgaagt cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780
 ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgacagcgg caacagccag 840
 gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggc tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
 ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960
 ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

<210> 358

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 358

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110

 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

5 <210> 359

<211> 214

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 359

```

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 20           25           30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35           40           45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65           70           75           80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
 85           90           95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
 100          105          110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 115          120          125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 130          135          140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 145          150          155          160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 165          170          175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 180          185          190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 195          200          205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210

```

5 <210> 360

<211> 580

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 360

ES 2 894 304 T3

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Gln
 115 120 125
 Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser
 130 135 140
 Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp
 145 150 155 160
 Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala
 165 170 175
 Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 180 185 190
 Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu
 195 200 205
 Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
 210 215 220
 Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln
 225 230 235 240
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr
 245 250 255
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser
 260 265 270

ES 2 894 304 T3

Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 275 280 285
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 290 295 300
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys
 325 330 335
 Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu
 340 345 350
 Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu
 355 360 365
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 370 375 380
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 385 390 395 400
 Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 405 410 415
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
 420 425 430
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 435 440 445
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
 450 455 460
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 465 470 475 480
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
 485 490 495
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 500 505 510
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 515 520 525
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 530 535 540
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 545 550 555 560
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 565 570 575
 Ser Leu Gly Lys
 580

<210> 361

<211> 332

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 361

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95

Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu
 115 120 125
 Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln
 130 135 140
 Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala
 145 150 155 160
 Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro
 165 170 175
 Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile
 180 185 190
 Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu
 195 200 205
 Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His
 210 215 220
 Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
 225 230 235 240
 Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
 245 250 255
 Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
 260 265 270
 Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
 275 280 285
 Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
 290 295 300
 Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
 305 310 315 320
 Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 362

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 362

cagggtcagc tgggtcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgccctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt ggcgccaggcc 120
 cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctacccc gcaacgtgaa caccaactac 180
 gcccaagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
 atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgcccgtg actactgcac ccgggtcccac 300
 tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagccg cctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggccctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gccctgaat ttctgggagg accctccgtg 720
 ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
 tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
 ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
 cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
 tgcaagggtg ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
 ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
 aaccaggtgt cctgtgggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
 tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
 gacggctcat tcttctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggg 1260
 aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320

10 ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 363

<211> 642

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 363

```

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgcc a gctggggcga cagagtgacc 60
atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120
ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180
agatthctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240
gaggacattg ccacctacta ctgccagcag gccagacct acccctacac ctttgccag 300
ggcacciaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360
agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaagggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642
    
```

<210> 364

<211> 1740

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 364

```

agagcccacc tggcgcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
tcctgtcaga caagcgggcta caccttacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaacttc 180
ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcca gatgcctac 240
atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgcccgtg actactgcgc cagagacaga 300
agctaccggc acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
tctgcccaca aaaccatac ccaggtgcag ctggtggaat ctggcggcgg agtggtgca 420
cctgcagaaa gctgagact gagctgtgcc gccagcggct tcaccttcac caaggcctgg 480
atgactggg tgcgccagcc ccctggaaag cagctggaat ggggtggcca gatcaaggac 540
aagagcaaca gctacgccac ctactacgcc gacagcgtga agggccggtt caccatcagc 600
cgggacgaca gcaagaacac cctgtacctg cagatgaaca gcctgcccgc cgaggacacc 660
gccgtgtact actgtcgggg cgtgtactat gccctgagcc ccttcgatta ctggggccag 720
ggaaccctcg tgaccgtgtc tagtgataag acccacaccg cttcgaccaa gggcccctcg 780
gtgttccctc tggccccttg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840
ctcgtgaagg actactttcc cgagcccgtg accgtgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900
agcggcgtgc acacctttcc agccgtgctc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960
gtcgtgacag tgcccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020
aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccctgccc 1080
ccttggcccag cccctgaatt tctgggcgga ccctccgtgt tcctgttccc cccaaagccc 1140
aaggacacc tgatgatcag ccggaccccc gaagtgacct gcgtgggtgt ggatgtgtcc 1200
caggaagatc ccgaggtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260
aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcacctacc ggggtggtgtc cgtgctgacc 1320
gtgctcagc aggactggct gaacggcaaa gactacaagt gcaagggttc caacaagggc 1380
ctgccagct ccacagagaa aaccatcagc aaggccaagg gccagccccg cgagcctcaa 1440
gtgtgtaccc tgccccttag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500
gccgtgaaag gcttctaccc cagcgacatt gccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560
gagaacaact acaagaccac cccccctgtg ctggacagcg acggctcatt cttcctggtg 1620
tccaagctga ccgtggacaa gagccggtgg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680
15 atgcacgagg ccctgcacaa coactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740
    
```

<210> 365

<211> 996

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

5 <400> 365

```

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
tatctgcaga agcccggcca gagccccag tcctgatct acaaggtgtc caacagattc 180
agcgcgtgac cgcacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaaggaca aaaccatac ctacatccac 360
gtgaccaga gccccagcag cctgtccgtg tccatcggcg acagagtgc catcaactgc 420
cagacctctc agggcgtggg cagcgacctg cactggtatc agcacaagcc tggcagagcc 480
cccaagctgc tgatccacca cacaagcagc gtggaagatg gcgtgccag cagattttcc 540
ggcagcggct tccacaccag cttcaacctg accatcagcg atctgcaggc cgacgacatt 600
gccacctact attgtcaggt gctgcagttc ttcggcagag gcagcagact gcacatcaag 660
gataagacc ataccctgac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720
gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780
gaggccaaag tcagtgga ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840
gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900
aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gcctgcgaag tgaccaccca gggcctgtct 960
agccctgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996
    
```

<210> 366

<211> 447

<212> PRT

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 366

```

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1          5          10          15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20          25          30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35          40          45
Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50          55          60
Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65          70          75          80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85          90          95
Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100         105         110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115         120         125
Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130         135         140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145         150         155         160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165         170         175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180         185         190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195         200         205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
    
```


ES 2 894 304 T3

```

      210                215                220
Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
225                230                235                240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
      245                250                255
Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
      260                265                270
Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
      275                280                285
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
      290                295                300
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
      305                310                315                320
Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
      325                330                335
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
      340                345                350
Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
      355                360                365
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
      370                375                380
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
      385                390                395                400
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
      405                410                415
Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
      420                425                430
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
      435                440                445

```

<210> 367

<211> 214

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 367

```

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1                5                10                15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
      20                25                30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
      35                40                45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
      50                55                60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
      65                70                75                80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
      85                90                95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
      100                105                110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
      115                120                125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
      130                135                140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
      145                150                155                160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
      165                170                175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

```

ES 2 894 304 T3

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 180 185 190
 195 200 205
 Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210

<210> 368

<211> 573

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 368

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
 20 25 30
 Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Arg Ala His Leu Val Gln
 115 120 125
 Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Arg Val Ser Cys
 130 135 140
 Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu Phe Trp Phe Arg
 145 150 155 160
 Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp Ile Lys Pro Gln
 165 170 175
 Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp Arg Val Thr Leu
 180 185 190
 Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp Ile Arg Gly Leu
 195 200 205
 Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Ser Tyr
 210 215 220
 Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val
 225 230 235 240
 Val Val Ser Ala Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro
 245 250 255
 Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly
 260 265 270
 Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn
 275 280 285
 Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln
 290 295 300
 Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser
 325 330 335
 Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys
 340 345 350
 Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
 355 360 365
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu

ES 2 894 304 T3

```

    370          375          380
Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln
385          390          395          400
Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
    405          410          415
Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
    420          425          430
Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
    435          440          445
Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
    450          455          460
Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
465          470          475          480
Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
    485          490          495
Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
    500          505          510
Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
    515          520          525
Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
    530          535          540
Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
545          550          555          560
His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
    565          570

```

<210> 369

<211> 334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 369

```

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1          5          10          15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20          25          30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35          40          45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50          55          60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65          70          75          80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85          90          95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile
100          105          110
Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro
115          120          125
Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala
130          135          140
Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln
145          150          155          160
Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg
165          170          175
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg
180          185          190
Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln
195          200          205
Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys

```

ES 2 894 304 T3

210						215										220
Gly	Pro	Ser	Arg	Thr	Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	
225					230					235					240	
Ser	Asp	Glu	Gln	Leu	Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val	Val	Cys	Leu	Leu	
				245						250				255		
Asn	Asn	Phe	Tyr	Pro	Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	
			260						265				270			
Ala	Leu	Gln	Ser	Gly	Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	
		275					280						285			
Lys	Asp	Ser	Thr	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	
	290					295					300					
Asp	Tyr	Glu	Lys	His	Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	
305					310					315					320	
Leu	Ser	Ser	Pro	Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys			
				325						330						

<210> 370

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 370

```

caggtgcagc tgggtgcagtc tgggcgcgag gtcgtgaaac ctgggcgctc tgtgaaggctg 60
tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120
cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccocg gcaacgtgaa caccaactac 180
gccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
atggaactga gccggctgag aagcgcagac accgccgtgt actactgcac ccggtcccac 300
tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
gcgctgacca agggcccctc ggtgttcctt ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
tctacagccg cctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgctcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tcttgccca gccctgaat ttctgggcyg accctccgtg 720
ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcggtggtg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcaacaacg caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt ccctgtgggt tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttctgtg ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactaac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

```

10 <210> 371

<211> 642

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 371

```

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgcca gcgtgggca cagagtgacc 60
atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120
ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcaaccgg cgtgcccagc 180
agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240

```

ES 2 894 304 T3

gaggacattg ccacctacta ctgccagcag gccagacct accoctacac ctttgccag 300
 ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacgggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360
 agcgcagcagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
 cccccgaggg ccaaggtgca gtggaagggtg gacaatgcc tgcagagcgg caacagccag 480
 gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
 ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
 ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

<210> 372

<211> 1719

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 372

cagggtgcagc tgggtggaatc tggcgccgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60
 agctgtgccg ccagcggcct caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccagggc 120
 cctggaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180
 tactacgccg acagcgtgaa gggcccggtc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240
 ctgtacctgc agatgaacag cctgcccggc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300
 gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360
 agtagcagag ccacactggt gcagtctggc accgccatga agaaaccagg cgcctctgtg 420
 cgggtgtcct gtcagacaag cggctacacc ttcaccgcc acatcctgtt ctggttccgg 480
 caggcccctg gcagaggact ggaatgggtg ggatggatca agccccagta tggcgcctgtg 540
 aacttcggcg gagcttccg ggatagagtg accctgaccg gggacgtgta ccgcgagatc 600
 gcctacatgg acatccgggg cctgaagccc gatgacaccg ccgtgtacta ctgcgccaga 660
 gacagaagct acggcgacag cagctgggct ctggatgctt ggggcccagg cacaaccgtg 720
 gtggtgtctg cccggaccgc cagcacaag ggcccacggt tgttccctct ggccccttgc 780
 agcagaagca ccagcgaatc tacagcccgc ctgggctgcc tgcgtgaagga ctactttccc 840
 gagcccgtga ccgtgtcctg gaactctggc gctctgacaa gcggcgtgca cacctttcca 900
 gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagcg tgcgtgacagt gccagcagc 960
 agcctgggca ccaagaccta cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaagggtg 1020
 gacaagcggg tggaaatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgcccagc ccctgaattt 1080
 ctgggcggac cctccgtggt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140
 cggacccccg aagtgacctg cgtgggtggg gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200
 ttcaattggt acgtggacgg cgtggaagtg cacaacgccca agaccaagcc cagagaggaa 1260
 cagttcaaca gcaacctaccg ggtggtgtcc gtgtgaccg tgctgcacca ggactggctg 1320
 aacggcaaaag agtacaagtg caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380
 accatcagca aggccaaagg ccagccccgc gagcctcaag tgtgtaccct gccccctagc 1440
 caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaagg cttctacccc 1500
 agcgacattg ccgtggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560
 cccccgtgctc tggacagcga cggctcattc ttctcgtgtt ccaagctgac cgtggacaag 1620
 agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tgctccgtga tgcacgaggc cctgcacaac 1680
 cactacacc aqaatccct qtctctatcc ctqqcaaa 1719

10 <210> 373

<211> 1002

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 373

ES 2 894 304 T3

```

tacaatccaag tgacccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgcccagc 180
agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagg gccagcccaa ggccgcccc gacatcgtga tgaccagac cccctgagc 360
ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc atcagctgca agagcagcca gagcctggtg 420

cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg tatctgcaga agcccggcca gagccccag 480
tccctgatct acaaggtgtc caacagattc agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc 540
ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg 600
tactattgtg gccagggcac ccagtacccc ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa 660
atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 720
agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780
ccccgcgagg ccaaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

```

<210> 374

<211> 447

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 374

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 375

<211> 214

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 375

ES 2 894 304 T3

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
 100 105 110
 Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 115 120 125
 Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 130 135 140
 Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 145 150 155 160
 Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 165 170 175
 Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 180 185 190
 Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 195 200 205
 Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210

<210> 376

<211> 580

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 376

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
20 25 30
Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Arg Ala
115 120 125
His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140
Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu
145 150 155 160
Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp
165 170 175
Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp
180 185 190
Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp
195 200 205
Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220
Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln
225 230 235 240
Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr
245 250 255
Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser
260 265 270
Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
275 280 285
Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
290 295 300
Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
305 310 315 320
Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys
325 330 335
Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu
340 345 350
Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu
355 360 365
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
370 375 380
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
385 390 395 400
Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
405 410 415
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
420 425 430
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
435 440 445
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
450 455 460
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
465 470 475 480
Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
485 490 495
Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
500 505 510
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
515 520 525
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
530 535 540
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
545 550 555 560
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
565 570 575
Ser Leu Gly Lys
580

<210> 377

<211> 332

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 377

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met
 100 105 110
 Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser
 115 120 125
 Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr
 130 135 140
 Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu
 145 150 155 160
 Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 165 170 175
 Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu
 180 185 190
 Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro
 195 200 205
 Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His
 210 215 220
 Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
 225 230 235 240
 Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
 245 250 255
 Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
 260 265 270
 Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
 275 280 285
 Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
 290 295 300
 Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
 305 310 315 320
 Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

325

330

10 <210> 378

<211> 1341

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 378

ES 2 894 304 T3

```

caggtgcagc tggcgcagtc tggcgcagc gtctgtaaac ctggcgcctc tgtgaaggtg 60
tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120
cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctacccc gcaacgtgaa caccaactac 180
gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgcccgtgt actactgcac ccggtcccac 300
tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttcctt ctggcccctt gcagcagaag caccagcga 420
tctacagccg cctggggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagcccgtgt ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tccctgccc gcccctgaat ttctggggcg accctccgtg 720
ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcggtggtg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag ccagagaggg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt cctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtgga 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt cctggggcaa g 1341

```

<210> 379

<211> 642

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 379

```

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcca cagagtgacc 60
atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120
ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcaacccgg cgtgccagc 180
agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240
gaggacattg ccacctacta ctgccagcag gccagaccct acccctacac ctttggccag 300
ggcaccgaag tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctcca gcgtgttcat cttcccacct 360
agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaagggt gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

```

10 <210> 380

<211> 1740

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 380

ES 2 894 304 T3

caggtgcagc tgggtggaatc tggcggcggga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60
 agctgtgocg ccagcggcctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt ggcgccaggcc 120
 cctggaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180
 tactacgccc acagcgtgaa gggccgggtt accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240
 ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300
 gtgtactatg cctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360
 agtgacaaa cccataccag agcccacctg gtgcagtctg gcaccgccat gaagaaacca 420
 ggcgcctctg tgcgggtgtc ctgtcagaca agcggctaca ccttcaccgc ccacatcctg 480
 ttctggttcc ggcaggcccc tggcagagga ctggaatggg tgggatggat caagccccag 540
 tatggcggcg tgaacttcgg cggagccttc cgggatagag tgaccctgac ccgggacgtg 600
 taccgcgaga tgcctacat ggacatccgg ggctgaagc ccgatgacac cgccgtgtac 660
 tactgcgcca gagacagaag ctacggcgac agcagctggg ctctggatgc ttggggccag 720
 ggcacaaccg tgggtgtgtc tgccgataag acccacaccg ccagcacaac gggcccatcg 780
 gtgtccctc tggcccttg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840
 ctctggaag cctactttcc cgagcccgtg accgtgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900
 agcggcgtgc acacctttcc agccgtgtc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960
 gtcgtgacag tgcccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020
 aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccctgccct 1080
 cctgtcccag ccctgaatt tctgggcgga ccctccgtgt tctgttccc cccaaagccc 1140
 aaggcacccc tgatgatcag ccggacccc gaagtgcact gcgtgggtgt ggatgtgtcc 1200
 caggaagatc ccgaggtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260
 aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcaacctacc ggggtgtgtc cgtgtgacc 1320
 gtgtgcacc aggactggct gaacggcaaa gagtacaagt gcaaggtgtc caacaagggc 1380
 ctgccagct ccatcgagaa aacctcagc aaggccaagg gccagcccgc cgagcctcaa 1440
 gtgtgtacc tgcctcctag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500
 gccgtgaaag gcttctaccc cagcgacatt gccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560
 gagaacaact acaagaccac cccccctgtg ctggacagcg acggctcatt cttcctgggtg 1620
 tccaagctga ccgtggacaa gagccggtgg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680
 atgcacgagg cctgcacaa ccactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740

<210> 381

<211> 996

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 381

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
 atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcagcctgc actggtatca gcacaagcct 120
 ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggaaagtgg cgtgccacg 180
 agattttccg gcagcggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
 gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tggcagagag cagcagactg 300
 cacatcaagg acaaaaccca taccgacatc gtgatgaccc agacccccct gagcctgagc 360
 gtgacacctg gacagcctgc cagcatcagc tgcaagagca gccagagcct ggtgcacaac 420
 aacgccaaca cctacctgag ctggtatctg cagaagcccg gccagagccc ccagtccctg 480
 atctacaagg tgtccaacag attcagcggc gtgcccagca gattctccgg cagcggctct 540
 ggcaccgact tcacctgaa gatcagccgg gtggaagccg aggacgtggg cgtgtactat 600
 tgtggccagg gacccagta ccccttcacc tttggcagcg gcaccaaggt ggaaatcaag 660
 gataagaccc ataccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720
 gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780
 gaggccaaag tgcagtggaa ggtggacaac gccctgcaga gcggcaacag ccaggaaagc 840
 gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900
 aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gctgcgaag tgaccacca gggcctgtct 960
 agccccgtga ccaagagcct caaccggggc gagtgt 996

10 <210> 382

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 382

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Arg Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 383

5 <211> 218

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 383

```

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1           5           10           15
Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
 20           25           30
Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35           40           45
Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50           55           60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65           70           75           80
Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
 85           90           95
Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
 100          105          110
Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
 115          120          125
Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
 130          135          140
Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145          150          155          160
Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
 165          170          175
Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
 180          185          190
His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
 195          200          205
Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210          215
    
```

<210> 384

<211> 573

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 384

```

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1           5           10           15
Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20           25           30
Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35           40           45
Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50           55           60
Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65           70           75           80
Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85           90           95
Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
    
```

10

ES 2 894 304 T3

100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Ser Gln Val Gln Leu Val
 115 120 125
 Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser
 130 135 140
 Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met His Trp Val
 145 150 155 160
 Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp
 165 170 175
 Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg
 180 185 190
 Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met
 195 200 205
 Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val
 210 215 220
 Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
 225 230 235 240
 Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro
 245 250 255
 Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly
 260 265 270
 Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn
 275 280 285
 Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln
 290 295 300
 Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser
 325 330 335
 Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys
 340 345 350
 Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
 355 360 365
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
 370 375 380
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln
 385 390 395 400
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
 405 410 415
 Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
 420 425 430
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
 435 440 445
 Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
 450 455 460
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
 465 470 475 480
 Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
 485 490 495
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
 500 505 510
 Pro Glu Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
 515 520 525
 Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
 530 535 540
 Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
 545 550 555 560
 His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 385

<211> 334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 385

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser
 115 120 125
 Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr
 130 135 140
 Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly
 145 150 155 160
 Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly
 165 170 175
 Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu
 180 185 190
 Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
 195 200 205
 Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Thr Lys
 210 215 220
 Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
 225 230 235 240
 Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
 245 250 255
 Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
 260 265 270
 Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
 275 280 285
 Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
 290 295 300
 Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
 305 310 315 320
 Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 386

<211> 1341

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 386

caggTgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctctgtaagc ctagccagac cctgagcctg 60
 acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcaactgggt gcgccagcca 120
 cctggaaaag gcctggaatg gctggggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180

10

ES 2 894 304 T3

```

cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg gccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcгаа 420
tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tccttgcccа gccctgaat ttctgggсgg accctccgtg 720
ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtгacc 780
tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tcctatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaagg 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

```

<210> 387

<211> 654

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 387

```

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctccctggaca gagggccacc 60
atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggat 120
cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180
ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300
acctttggcc agggcaccaa gctggaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
aacaacttct accccgcga ggccaaggtg cagtggaaagg tggacaatgc cctgcagagc 480
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540
agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600
accaccaggt gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

```

10 <210> 388

<211> 1719

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 388

ES 2 894 304 T3

agagcccacc tgggtcagtc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgcctc tgtgcgggtg 60
 tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gccacatcc tgttctggtt ccggcaggcc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaaactc 180
 ggcggaggct tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgcga gatcgctac 240
 atggacatcc ggggcctgaa gcccgatgac accgocgtgt actactgocg cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgcctctc agtgagctt ggtggaatct ggccggcggag tgggtcagcc tggcagaagc 420
 ctgagactga gctgtgccgc cagcgccttc accttcacca aggcctggat gcactgggtg 480
 cgccaggccc ctggaaagca gctggaatgg gtggcccaga tcaaggacaa gagcaacagc 540
 tacgccacct actacgccga cagcgtgaag ggccggttca ccatcagccg ggacgacagc 600
 aagaacaccc tgtacctgca gatgaacagc ctgcgggccc aggacaccgc cgtgtactac 660
 tgtcggggcg tgtactatgc cctgagcccc ttcgattact ggggccaggg aaccctcgtg 720

accgtgtcta gtccgaccgc ttcgaccaag ggcccacatc tgttccctct ggccccttgc 780
 agcagaagca ccagcgaatc tacagccgcc ctgggctgcc tegtgaagga ctactttccc 840
 gagcccgatg cctgtcctg gaactctggc gctctgacaa gcggcgtgca cacctttcca 900
 gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagcg tegtgacagt gccacgacg 960
 agcctgggca ccaagaccta cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaagggtg 1020
 gacaagcggg tggatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgccagc ccctgaattt 1080
 ctgggcggac cctccgtgtt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140
 cggacccccg aagtgacctg cgtggtggtg gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200
 ttcaattggt acctggacgg cgtggaatg cacaacgcc aagaccaagcc cagagaggaa 1260
 cagttcaaca gcaacctacc ggtggtgtcc gtgtgaccg tegtgcacca ggactggctg 1320
 aacggcaaa agtacaagt caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380
 acctcagca aggccaagg ccagcccgcc gagcctcaag tegtgtaccct gccccctagc 1440
 caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaagg cttctacccc 1500
 agcagacatt cctgggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560
 cccctgtgct tggacagcga cggctcattc ttctggtgt ccaagctgac cgtggacaag 1620
 agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tegtccgtga tgcacgaggc cctgcacaac 1680
 cactacaccc agaagtccct gtctctgtcc ctgggcaag 1719

<210> 389

<211> 1002

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 389

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
 atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
 tctctgcaga agcccgcca gagccccag tccctgatct acaagggtgt caacagattc 180
 agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aagccgagga cgtgggctgt tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
 ttcacctttg gcagcggcct caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgccccctac 360
 atccacgtga cccagagccc cagcagcctg tccgtgtcca tcggcgacag agtgaccatc 420
 aactgccaga cctctcaggg cgtgggcagc gacctgcaact ggtatcagca caagcctggc 480
 agagccccc aactgctgat ccaccacaca agcagcgtgg aagatggcgt gccacgacga 540
 tttccggca gcgcttcca caccagcttc aacctgacca tcagcgatct gcaggccgac 600
 gacattgcca cctactattg tcaggtgctg cagttcttcg gcagaggcag cagactgcac 660
 atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccgctcca gcgtgttcat cttcccacct 720
 agcagcagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 780
 ccccgcgagg ccaagtgcga gtggaagggt gacaacgccc tgcagagcgg caacagccag 840
 gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
 ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960
 ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

10

<210> 390

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 390

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

5 <210> 391

<211> 218

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 391

```

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1           5           10           15
Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
      20           25           30
Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
      35           40           45
Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50           55           60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65           70           75           80
Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
      85           90           95
Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
      100           105           110
Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
      115           120           125
Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
 130           135           140
Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145           150           155           160
Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
      165           170           175
Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
      180           185           190
His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
      195           200           205
Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
      210           215

```

5 <210> 392

<211> 580

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 392

ES 2 894 304 T3

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Gln
 115 120 125
 Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser
 130 135 140
 Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp
 145 150 155 160
 Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala
 165 170 175
 Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 180 185 190
 Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu
 195 200 205
 Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
 210 215 220
 Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln

225 230 235 240
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr
 245 250 255
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser
 260 265 270
 Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 275 280 285
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 290 300
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys
 325 330 335
 Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu
 340 345 350
 Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu
 355 360 365
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 370 375 380
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 385 390 395 400
 Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 405 410 415
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
 420 425 430
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 435 440 445
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
 450 455 460
 Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 465 470 475 480
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
 485 490 495
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 500 505 510
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 515 520 525
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 530 535 540
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 545 550 555 560
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 565 570 575
 Ser Leu Gly Lys
 580

<210> 393

<211> 332

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 393

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

ES 2 894 304 T3

50	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Ile
65	Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Val	Gly	Val	Tyr	Tyr	Cys	Gly	Gln	Gly
				85						90					95	
	Thr	Gln	Tyr	Pro	Phe	Thr	Phe	Gly	Ser	Gly	Thr	Lys	Val	Glu	Ile	Lys
				100					105					110		
	Asp	Lys	Thr	His	Thr	Tyr	Ile	His	Val	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu
			115					120					125			
	Ser	Val	Ser	Ile	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Asn	Cys	Gln	Thr	Ser	Gln
			130			135						140				
	Gly	Val	Gly	Ser	Asp	Leu	His	Trp	Tyr	Gln	His	Lys	Pro	Gly	Arg	Ala
	145				150						155					160
	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	His	His	Thr	Ser	Ser	Val	Glu	Asp	Gly	Val	Pro
					165					170					175	
	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Phe	His	Thr	Ser	Phe	Asn	Leu	Thr	Ile
				180				185						190		
	Ser	Asp	Leu	Gln	Ala	Asp	Asp	Ile	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Val	Leu
			195				200						205			
	Gln	Phe	Phe	Gly	Arg	Gly	Ser	Arg	Leu	His	Ile	Lys	Asp	Lys	Thr	His
				210		215						220				
	Thr	Arg	Thr	Val	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp
	225				230					235						240
	Glu	Gln	Leu	Lys	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser	Val	Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn
				245						250					255	
	Phe	Tyr	Pro	Arg	Glu	Ala	Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu
				260				265						270		
	Gln	Ser	Gly	Asn	Ser	Gln	Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp
			275				280						285			
	Ser	Thr	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr
			290			295						300				
	Glu	Lys	His	Lys	Val	Tyr	Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser
	305				310						315					320
	Ser	Pro	Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys				
				325						330						

<210> 394

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 394

```

cagggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctctggaagc ctagccagac cctgagcctg 60
acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
cctgaaaag gcttgggaatg gctgggctg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
aagctgagca cgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
tctacagccg ccttgggctg cctctggaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctcccctgcc tcttggccca gccctgaat ttctgggctg accctccgtg 720
ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt cgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020

```

ES 2 894 304 T3

```
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt ccctgtgggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggg 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gcctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341
```

<210> 395

<211> 654

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 395

```
gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctccctggaca gagggccacc 60
atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggat 120
cagcagaagc cgggccagcc cccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180
ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300
acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
atcttcccac cttagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
aacaacttct acccccgcga ggccaagggtg cagtggaaag tggacaatgc cctgcagagc 480
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540
agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600
accaccaggt gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654
```

10 <210> 396

<211> 1740

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 396

ES 2 894 304 T3

agagcccacc tggcgagctc tggcaccgcc atgaagaaac caggcgccctc tgtgcgggtg 60
 tcctgtcaga caagcggcta caccttcacc gccacatcc tgttctgggt cggcaggcc 120
 cctggcagag gactggaatg ggtgggatgg atcaagcccc agtatggcgc cgtgaaactc 180
 ggcggaggtc tccgggatag agtgaccctg acccgggacg tgtaccgga gatcgctac 240
 atggacatcc gggcctgaa gcccgatgac acccgggtgt actactgcgc cagagacaga 300
 agctacggcg acagcagctg ggctctggat gcttggggcc agggcacaac cgtggtggtg 360
 tctgccgaca aaaccatac ccagggtgag ctggtggaat ctggcggcgg agtgggtgag 420
 cctggcagaa gcctgagact gagctgtgcc gccagcggct tcaccttcac caaggcctgg 480
 atgcaactgg tgccgcaggc ccctggaagc cagctggaat gggggccca gatcaaggac 540
 aagagcaaca gctacgccac ctactacgcc gacagcgtga agggccggtt caccatcagc 600
 cgggacgaca gcaagaacac cctgtacctg cagatgaaca gcctgcgggc cgaggacacc 660
 gccgtgtact actgtcgggg cgtgtactat gccctgagcc ccttcgatta ctggggccag 720
 ggaaccctcg tgaccgtgtc tagtgataag acccacaccg cttcgaccaa gggcccatcg 780
 gtgttccctc tggcccttg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840
 ctctggaagg actactttcc cgagcccggt accctgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900
 agcggcgtgc acacctttcc agccgtgctc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960
 gtcgtgacag tgcccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020
 aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccttgccct 1080
 ccttgcccag ccctgaatt tctgggggga ccctccgtgt tctgtttccc cccaaagccc 1140
 aaggacaccc tgatgatcag ccggaccccc gaagtgcact gcgtgggtgt ggatgtgtcc 1200
 caggaagatc ccgaggtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260
 aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcactacc ggggtggtgtc cgtgtgacc 1320
 gtgctgcacc aggactggct gaacggcaaa gagtacaagt gcaaggtgtc caacaagggc 1380
 ctgcccagct ccacogagaa aacctcagc aagccaagg gccagccccg cgagcctcaa 1440
 gtgtgtacc tgcctctag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500
 gccgtgaaag gcttctacc cagcgacatt gccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560

 gagaacaact acaagaccac cccccctgtg ctggacagcg acggtcatt cttcctgggtg 1620
 tccaagctga ccgtggacaa gagccgggtg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680
 atgcacgagg ccctgcacaa ccactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740

<210> 397

<211> 996

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 397

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
 atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
 tatctgcaga agccgggcca gagccccag tcctgatct acaaggtgtc caacagattc 180
 agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
 ttcacctttg gcagcggcac caaggtgaa atcaaggaca aaaccatac ctacatccac 360
 gtgaccacaga gccccgcag cctgtccgtg tccatcggcg acagagtgc catcaactgc 420
 cagacctctc agggcgtggg cagcgacctg cactggtatc agcacaagcc tggcagagcc 480
 cccaagctgc tgatccacca cacaagcagc gtggaagatg gcgtgccag cagattttcc 540
 ggcagcggct tccacaccag cttcaacctg acctcagcg atctgcagc cgacgacatt 600
 gccacctact attgtcaggt gctgcagttc ttcggcagag gcagcagact gcacatcaag 660
 gataagacc ataccgtac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720
 gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780
 gaggccaaag tgcaagtggaa ggtggacaac gccctgcaga ggggcaacag ccaggaaagc 840
 gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagcaccct gacactgagc 900
 aagcccgact acgagaagca caaggtgtac ccctgcgaag tgaccaccaa gggcctgtct 960
 agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

10

<210> 398

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 398

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175

 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

5 <210> 399

<211> 218

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 399

```

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1           5           10           15
Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
 20           25           30
Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35           40           45
Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50           55           60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65           70           75           80
Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
 85           90           95
Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
 100          105          110
Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
 115          120          125
Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
 130          135          140

Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145          150          155          160
Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
 165          170          175
Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
 180          185          190
His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
 195          200          205
Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210          215

```

5 <210> 400

<211> 573

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 400

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
 20 25 30
 Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Arg Ala His Leu Val Gln
 115 120 125
 Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Arg Val Ser Cys
 130 135 140
 Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu Phe Trp Phe Arg
 145 150 155 160
 Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp Ile Lys Pro Gln
 165 170 175
 Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp Arg Val Thr Leu
 180 185 190
 Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp Ile Arg Gly Leu
 195 200 205
 Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Ser Tyr
 210 215 220
 Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val
 225 230 235 240
 Val Val Ser Ala Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro
 245 250 255
 Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly
 260 265 270
 Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn
 275 280 285
 Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln
 290 295 300
 Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser
 325 330 335

ES 2 894 304 T3

Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys
 340 345 350
 Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu
 355 360 365
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu
 370 375 380
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln
 385 390 395 400
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys
 405 410 415
 Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu
 420 425 430
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys
 435 440 445
 Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys
 450 455 460
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser
 465 470 475 480
 Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys
 485 490 495
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln
 500 505 510
 Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly
 515 520 525
 Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln
 530 535 540
 Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn
 545 550 555 560
 His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 565 570

<210> 401

<211> 334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 401

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile
 100 105 110
 Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro
 115 120 125
 Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala
 130 135 140
 Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln
 145 150 155 160
 Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg
 165 170 175

ES 2 894 304 T3

Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg
 180 185 190
 Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln
 195 200 205
 Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys
 210 215 220
 Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro
 225 230 235 240
 Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu
 245 250 255
 Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn
 260 265 270
 Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser
 275 280 285
 Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala
 290 295 300
 Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly
 305 310 315 320
 Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 402

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 402

cagggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctctgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
 acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
 cctggaaaag gcctggaatg gctgggctgt atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
 cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
 aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
 tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gccctgaaat ttctgggctg accctccgtg 720
 ttctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
 tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
 ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
 cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
 tgcaagggtg ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
 ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
 aaccaggtgt cctgtgggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
 tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
 gacggctcat tcttctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
 aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gcctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
 ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

10 <210> 403

<211> 654

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 403

ES 2 894 304 T3

gacatcgtgc tgacacagag cccctgctagc ctggccgtgt ctctctggaca gagggccacc 60
 atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggat 120
 cagcagaagc ccggccagcc cccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaagc 180
 ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
 cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccgga ggtgccctac 300
 acctttggcc agggcaccaa gctggaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
 atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
 aacaacttct acccccgcga ggccaaggtg cagtgggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480
 ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccacctc cagcctgagc 540
 agcaccctga cctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcaagtg 600
 acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

<210> 404

<211> 1719

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 404

cagggtgcagc tgggtggaatc tggcggcggg gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60
 agctgtgccg ccagcggcct caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120
 cctggaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180
 tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240
 ctgtacctgc agatgaacag cctgcccggc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300
 gtgtactatg cctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360
 agtgacagag cccacctggt gcagtctggc accgccatga agaaaccagg cgcctctgtg 420
 cgggtgtcct gtcagacaag cggctacacc ttcaccgcc acatcctgtt ctggttccgg 480
 caggcccctg gcagaggact ggaatgggtg ggatggatca agccccagta tggcgcctg 540
 aacttcggcg gagcttccg ggatagagtg acctgaccg gggacgtgta ccgcgagatc 600
 gcctacatgg acatccgggg cctgaagccc gatgacaccg ccgtgtacta ctgcccaga 660
 gacagaagct acggcgacag cagctgggct ctggatgctt gggggccaggg cacaaccgtg 720
 gtggtgtctg cccggaccgc cagcacaag ggcccacggt tgttccctct ggccccttgc 780
 agcagaagca ccagcgaatc tacagcccgc ctgggctgcc tcgtgaagga ctactttccc 840
 gagcccgtga ccgtgtcctg gaactctggc gctctgaca gcggcgtgca cacctttcca 900
 gccgtgctcc agagcagcgg cctgtactct ctgagcagc tcgtgacagt gccagcagc 960
 agcctgggca ccaagacctc cacctgtaac gtggaccaca agcccagcaa caccaaggtg 1020
 gacaagcggg tggaatctaa gtacggccct ccctgccctc cttgccagc ccctgaattt 1080
 ctggcgggac cctccgtggt cctgttcccc ccaaagccca aggacaccct gatgatcagc 1140
 cggacccccg aagtgacctg cgtggtggtg gatgtgtccc aggaagatcc cgaggtgcag 1200
 ttcaattggt acgtggacgg cgtggaagtg cacaacgcca agaccaagcc cagagaggaa 1260
 cagttcaaca gcaacctacc ggtggtgtcc gtgtgaccg tgctgcacca ggactggctg 1320
 aacggcaaag agtacaagt caaggtgtcc aacaagggcc tgcccagctc catcgagaaa 1380
 accatcagca aggccaaggg ccagcccgcg gagcctcaag tgtgtaccct gccccctagc 1440
 caggaagaga tgaccaagaa ccaggtgtcc ctgagctgtg ccgtgaaagg cttctacccc 1500
 agcgacattg ccgtggaatg ggagagcaac ggccagcccg agaacaacta caagaccacc 1560
 ccccctgtgc tggacagcga cggctcattc ttctggtgt ccaagctgac cgtggacaag 1620
 agccggtggc aggaaggcaa cgtgttcagc tgcctcgtga tgcacgaggc cctgcacaac 1680
 cactacacc agaagtccct gtctctgtcc ctgggcaag 1719

10 <210> 405

<211> 1002

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 405

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
 atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcgacctgc actggtatca gcacaagcct 120

ES 2 894 304 T3

```

ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tggagatgg cgtgccagc 180
agattttccg gcagoggcct ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccacctacta ttgtcaggtg ctgcagttct tcggcagagg cagcagactg 300
cacatcaagg gccagcccaa ggccgcccc gacatcgtga tgaccagac cccctgagc 360
ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc atcagctgca agagcagcca gagcctggtg 420
cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg tatctgcaga agcccggcca gagccccag 480
tcctgatct acaaggtgtc caacagattc agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc 540
ggctctggca cgcacttcac cctgaagatc agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg 600
tactattgtg gccagggcac ccagtacccc ttcaccttg gcagcggcac caagtgga 660
atcaagacca agggccccag ccgtacggtg gccgctcca gcgtgttcat cttccacct 720
agcgacgagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caactctac 780
ccccgcgagg ccaagtgca gtggaaggtg gacaacgccc tgacagcgg caacagccag 840
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgaca 900
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 960
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 1002

```

<210> 406

<211> 447

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 406

```

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1          5          10          15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20          25          30
Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35          40          45
Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50          55          60
Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65          70          75          80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85          90          95
Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100         105         110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115         120         125
Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130         135         140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145         150         155         160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165         170         175         180
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180         185         190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195         200         205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210         215         220
Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225         230         235         240
Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245         250         255
Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260         265         270
Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275         280         285
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290         295         300

```


Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 407

<211> 218

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 407

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
 20 25 30
 Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35 40 45
 Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65 70 75 80
 Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
 85 90 95
 Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
 100 105 110
 Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
 115 120 125
 Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
 130 135 140
 Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145 150 155 160
 Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
 165 170 175
 Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
 180 185 190
 His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
 195 200 205
 Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210 215

10 <210> 408

<211> 580

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

ES 2 894 304 T3

<223> Constructo sintético

<400> 408

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
 20 25 30
 Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Arg Ala
 115 120 125
 His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val
 130 135 140
 Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His Ile Leu
 145 150 155 160
 Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val Gly Trp
 165 170 175
 Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe Arg Asp
 180 185 190
 Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr Met Asp
 195 200 205
 Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
 210 215 220
 Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp Gly Gln
 225 230 235 240
 Gly Thr Thr Val Val Val Ser Ala Asp Lys Thr His Thr Ala Ser Thr
 245 250 255
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser
 260 265 270
 Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 275 280 285
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 290 295 300
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser
 305 310 315 320
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys
 325 330 335
 Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu
 340 345 350
 Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu
 355 360 365
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu
 370 375 380
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser
 385 390 395 400
 Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu
 405 410 415
 Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
 420 425 430
 Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn
 435 440 445
 Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser
 450 455 460

ES 2 894 304 T3

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
 465 470 475 480
 Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val
 485 490 495
 Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
 500 505 510
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
 515 520 525
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr
 530 535 540
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
 545 550 555 560
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
 565 570 575
 Ser Leu Gly Lys
 580

<210> 409

<211> 332

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 409

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met
 100 105 110
 Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser
 115 120 125
 Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr
 130 135 140
 Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu
 145 150 155 160
 Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 165 170 175
 Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu
 180 185 190
 Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro
 195 200 205
 Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His
 210 215 220
 Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp
 225 230 235 240
 Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn
 245 250 255
 Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu
 260 265 270
 Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp
 275 280 285

ES 2 894 304 T3

Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
 290 295 300
 Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser
 305 310 315 320
 Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 325 330

<210> 410

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 410

```
cagggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
cctggaaaag gcctggaatg gctgggctg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttcctt ctggcccctt gcagcagaag caccagcгаа 420
tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaaactctg gcgtctgtac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtaaggcc ctccctgccc tccctgccc gcccctgaat ttctgggcyg accctccgtg 720
ttctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgctgtgtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcactac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt ccctgtgggt tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccctggaa 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttctgtta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gcctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341
```

10 <210> 411

<211> 654

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 411

```
gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctctggaca gagggccacc 60
atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120
cagcagaagc ccggccagcc cccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180
ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgcccctac 300
acctttggcc agggcaccia gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
atcttcccac ctacgcagca gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
aacaacttct acccccgcga ggccaaggtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540
agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600
accaccagc gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654
```

<210> 412

<211> 1740

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 412

```

caggtgcagc tgggtggaatc tggcgcgga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60
agctgtgccg ccagcggcctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120
cctggaaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180
tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240
ctgtacctgc agatgaacag cctgcccggc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300
gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccgtgtct 360
agtgacaaaa cccataaccag agcccacctg gtgcagtctg gcaccgccat gaagaaacca 420
ggcgcctctg tgcgggtgtc ctgtcagaca agcggctaca ccttcaccgc ccacatcctg 480
ttctggttcc ggaggcccc tggcagagga ctggaatggg tgggatggat caagccccag 540
tatggcgccg tgaacttcgg cggaggcttc cgggatagag tgaccctgac ccgggacgtg 600
taccgcgaga tcgectacat ggacatccgg ggctggaagc ccgatgacac cgccgtgtac 660
tactgcgcca gagacagaag ctacggcgac agcagctggg ctctggatgc ttggggccag 720
ggcacaaccg tgggtgtgtc tggcgataag acccacaccg ccagcaciaa gggcccatcg 780
gtgttccctc tggccccttg cagcagaagc accagcgaat ctacagccgc cctgggctgc 840
ctcgtgaagg actactttcc cgagcccgtg accgtgtcct ggaactctgg cgctctgaca 900
agcggcgtgc acacctttcc agccgtgctc cagagcagcg gcctgtactc tctgagcagc 960
gtcgtgacag tgcaccagcag cagcctgggc accaagacct acacctgtaa cgtggaccac 1020
aagcccagca acaccaaggt ggacaagcgg gtggaatcta agtacggccc tccttgcctt 1080
ccttgcccag ccctgaatt tctggcgga ccctccgtgt tcctgttccc cccaaagccc 1140
aaggacacc tgatgatcag ccggaccccc gaagtgaact gcgtgggtgt ggatgtgtcc 1200
caggaagatc ccagagtgca gttcaattgg tacgtggacg gcgtggaagt gcacaacgcc 1260
aagaccaagc ccagagagga acagttcaac agcacctacc ggggtgtgtc cgtgctgacc 1320
gtgctgcacc aggactggct gaacggcaaa gactacaagt gcaaggtgtc caacaagggc 1380
ctgccagctc ccatcgagaa aaccatcagc aaggccaagg gccagccccg cgagcctcaa 1440
gtgtgtacc tgcctcctag ccaggaagag atgaccaaga accaggtgtc cctgagctgt 1500
gccgtgaaag gcttctaccc cagcgaacatt cccgtggaat gggagagcaa cggccagccc 1560
gagaacaact acaagaccac ccccctgtg ctggacagcg acggctcatt cttcctgggtg 1620
tccaagctga ccgtggacaa gagccggtgg caggaaggca acgtgttcag ctgctccgtg 1680
atgcacgagg ccctgcacia ccactacacc cagaagtccc tgtctctgtc cctgggcaag 1740

```

<210> 413

<211> 996

10 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 413

```

tacatccacg tgaccagag cccagcagc ctgtccgtgt ccatcggcga cagagtgacc 60
atcaactgcc agacctctca gggcgtgggc agcagcctgc actggtatca gcacaagcct 120
ggcagagccc ccaagctgct gatccaccac acaagcagcg tgggaagatgg cgtgccaccg 180
agattttccg gcagcggctt ccacaccagc ttcaacctga ccatcagcga tctgcaggcc 240
gacgacattg ccactacta ttgtcagtg ctgcagttct tggcagaggy cagcagactg 300
cacatcaagg acaaaaccca taccgacatc gtgatgacct agacccccct gagcctgagc 360
gtgacacctg gacagcctgc cagcatcagc tgcaagagca gccagagcct ggtgcaciaa 420
aacgccaaca cctacctgag ctggatctct cagaagcccg gccagagccc ccagtccctg 480
atctacaagg tgtccaacag attcagcggc gtgcccgaca gattctccgg cagcggctct 540
ggcaccgact tcacctgaa gatcagcccg gtggaagccg aggacgtggg cgtgtactat 600
tgtggccagg gcacccagta ccccttcacc tttggcagcg gcaccaaggt ggaaatcaag 660
gataagacc ataccctgac ggtggccgct cccagcgtgt tcatcttccc acctagcgac 720
gagcagctga agtccggcac agcctctgtc gtgtgcctgc tgaacaactt ctacccccgc 780
gaggccaag tgacgtgaa ggtggacaac gcctgcaga gcggcaacag ccaggaagc 840
gtgaccgagc aggacagcaa ggactccacc tacagcctga gcagaccct gacactgagc 900

```

15

aaggccgact acgagaagca caaggtgtac gctgccaag tgaccacca gggcctgtct 960
 agccccgtga ccaagagctt caaccggggc gagtgt 996

<210> 414

<211> 447

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 414

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

ES 2 894 304 T3

				405					410					415	
Trp	Gln	Glu	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu
			420					425					430		
His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Leu	Gly	Lys	
		435					440					445			

<210> 415

<211> 214

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 415

Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu	Ser	Ala	Ser	Val	Gly
1				5					10					15	
Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Gln	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Tyr	Val	Trp
			20					25					30		
Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	Ala	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile
		35					40					45			
Tyr	Lys	Ala	Ser	Asn	Leu	His	Thr	Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly
	50					55					60				
Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Pro
65					70					75				80	
Glu	Asp	Ile	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	Gly	Gln	Thr	Tyr	Pro	Tyr
				85						90				95	
Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Arg	Thr	Val	Ala	Ala
			100					105					110		
Pro	Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Ser	Asp	Glu	Gln	Leu	Lys	Ser	Gly
		115					120					125			
Thr	Ala	Ser	Val	Val	Cys	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe	Tyr	Pro	Arg	Glu	Ala
						135					140				
Lys	Val	Gln	Trp	Lys	Val	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ser	Gly	Asn	Ser	Gln
145					150					155				160	
Glu	Ser	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Ser	Lys	Asp	Ser	Thr	Tyr	Ser	Leu	Ser
				165					170					175	
Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Ser	Lys	Ala	Asp	Tyr	Glu	Lys	His	Lys	Val	Tyr
			180					185					190		
Ala	Cys	Glu	Val	Thr	His	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	Val	Thr	Lys	Ser
		195					200					205			
Phe	Asn	Arg	Gly	Glu	Cys										
		210													

10 <210> 416

<211> 592

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 416

Gln	Val	His	Leu	Thr	Gln	Ser	Gly	Pro	Glu	Val	Arg	Lys	Pro	Gly	Thr
1				5					10					15	
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Pro	Gly	Asn	Thr	Leu	Lys	Thr	Tyr
			20					25					30		
Asp	Leu	His	Trp	Val	Arg	Ser	Val	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Gln	Trp	Met
		35					40					45			
Gly	Trp	Ile	Ser	His	Glu	Gly	Asp	Lys	Lys	Val	Ile	Val	Glu	Arg	Phe
	50					55					60				

ES 2 894 304 T3

Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
100 105 110
Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
115 120 125
Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val
130 135 140
Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu
145 150 155 160
Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met
165 170 175
His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln
180 185 190
Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
195 200 205
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
210 215 220
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
225 230 235 240
Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
245 250 255
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
260 265 270
Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
275 280 285
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
290 295 300
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
305 310 315 320
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
325 330 335
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
340 345 350
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
355 360 365
Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
370 375 380
Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
385 390 395 400
Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
405 410 415
Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
420 425 430
Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
435 440 445
Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
450 455 460
Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
465 470 475 480
Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu
485 490 495
Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys
500 505 510
Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
515 520 525
Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
530 535 540
Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
545 550 555 560
Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala

565 570 575
Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
580 585 590

<210> 417

<211> 343

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 417

```

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1          5          10          15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
          20          25          30
Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
          35          40          45
Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
          50          55          60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65          70          75          80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
          85          90          95
Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
          100          105          110
Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His
          115          120          125
Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser
          130          135          140
Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
145          150          155          160
Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser
          165          170          175
Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp
          180          185          190
Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly
          195          200          205
Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln
          210          215          220
Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala
225          230          235          240
Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
          245          250          255
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
          260          265          270
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
          275          280          285
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
          290          295          300
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
305          310          315          320
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
          325          330          335
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
          340

```

5 <210> 418

<211> 1341

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 418

ES 2 894 304 T3

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgag gtctgtgaaac ctggcgccctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120
 cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180
 gcccaagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
 atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgcccgtg actactgcac ccggtcccac 300
 tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctccctgccc tcccttgccc gccctgaat ttctgggcyg accctccgtg 720
 ttctctgtcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc ogaagtgacc 780
 tgctgtgtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccaggtgac agttcaattg gtacgtggac 840
 ggcgtggaag tgacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
 cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
 tgcaagggtg ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
 ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
 aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
 tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
 gacggctcat tcttctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
 aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactaac ccagaagtcc 1320
 ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

<210> 419

<211> 642

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 419

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgccca gcgtgggcca cagagtgacc 60
 atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120
 ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgccagc 180
 agattttctg ccagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240
 gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300
 ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctocca gcgtgttcat cttcccacct 360
 agcagcagag agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
 ccccgcgagg ccaagggtga gtggaagggt gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480
 gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
 ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
 ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

10 <210> 420

<211> 1776

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 420

cagggtgcacc tgacacagag cggacccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
 ccaggacagg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180

ES 2 894 304 T3

gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
ctgcagctga gggcctgac ctctggcgat accgcctgtg actactgccc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggcccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccctgtca 420
tcttctcagg tgcagctggt ggaatctggc ggcggagtgg tgcagcctgg cagaagcctg 480
agactgagct gtgccgccag cggcttcacc ttcaccaagg cctggatgca ctgggtgccc 540
caggccctg gaaagcagct ggaatgggtg gccagatca aggacaagag caacagctac 600
gccacctact acgccgacag cgtgaagggc cggttcacca tcagccggga cgacagcaag 660
aacaccctgt acctgcagat gaacagcctg cgggcccagg acaccgccgt gtactactgt 720
cggggcgtgt actatgccct gagccccttc gattactggg gccagggaac cctcgtgacc 780
gtgtctagt ggaccgcttc gaccaagggc ccatcgggtg tccctctggc cccttgcagc 840
agaagacca gcgaatctac agccgccctg ggctgcctcg tgaaggacta ctttcccag 900
cccgtgaccg tgtcctggaa ctctggcgct ctgacaagcg gcgtgcacac ctttccagcc 960
gtgctccaga gcagcggcct gtactctctg agcagcgtcg tgacagtccc cagcagcagc 1020
ctgggcacca agacctacac ctgtaacgtg gaccacaagc ccagcaacac caaggtggac 1080
aagcgggtgg aatctaagta cggccctccc tgcctcctt gccagcccc tgaatttctg 1140
ggcggaccct cgtgttcctt gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 1200
acccccgaag tgacctgctg ggtggtggat gtgtcccagg aagatcccga ggtgcagttc 1260
aattggtacc tggacggcct ggaagtgcac aacgccaaga ccaagcccag agaggaaacag 1320
ttcaaacgca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 1380
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ccagctccat cgagaaaacc 1440
atcagcaagg ccaagggcca gcccccggag cctcaagtgt gtaccctgcc ccctagccag 1500
gaagagatga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaggctt ctaccccagc 1560
gacattgccc tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactacaa gaccaccccc 1620
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatctctc ctggtgtcca agctgaccgt ggacaagagc 1680
cgggtgacag aaggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgaggccct gcacaaccac 1740
tacaccaga agtccctgtc tctgtccctg ggcaag 1776

<210> 421

<211> 1029

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 421

gacatcgtga tgaccagac ccccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacacctc cctgagctgg 120
tatctgcaga agccccggca gagccccagc tcctgatctt acaagggtgc caacagattc 180
agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caagggtgaa atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360
ttcgtgctga cccagagccc tcacagcctg agcgtgacac ctggcgagag cgccagcatc 420
agctgcaaga gcagccactc cctgatccac ggcgaccgga acaactacct ggcttggtag 480
gtgcagaagc ccggcagatc ccccagctg ctgatctacc tggccagcag cagagccagc 540
ggcgtgcccg atagattttc tggcagcggc agcgacaagg acttcaccct gaagatcagc 600
cgggtggaaa ccgaggacgt gggcacctac tactgtatgc agggcagaga gagcccctgg 660
acctttggcc agggcaccaa ggtggacatc aagaccaagg gccccagccg tacggtggcc 720
gctcccagcg tgttcatctt cccacctagc gacgagcagc tgaagtccgg cacagcctct 780
gtcgtgtgct tgttgaacaa cttctacccc cgcgaggcca aagtgcagtg gaaggtggac 840
aacgccctgc agagcggcaa cagccaggaa agcgtgaccg agcaggacag caaggactcc 900
acctacagcc tgagcagcac cctgacactg agcaagggcg actacgagaa gcacaagggtg 960
tacgcctgcg aagtgaccga ccagggcctg tctaagcccc tgaccaagag cttcaaccgg 1020
ggcagagtgt 1029

10 <210> 422

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 422

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 423

<211> 214

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 423

ES 2 894 304 T3

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 20 25 30
 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80
 Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
 85 90 95
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
 100 105 110
 Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 115 120 125
 Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 130 135 140
 Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 145 150 155 160
 Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 165 170 175
 Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 180 185 190
 Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 195 200 205
 Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210

<210> 424

<211> 599

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 424

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
 130 135 140

ES 2 894 304 T3

His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro
 145 150 155 160
 Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr
 165 170 175
 Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu
 180 185 190
 Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr
 195 200 205
 Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
 210 215 220
 Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala
 225 230 235 240
 Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr
 245 250 255
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr
 260 265 270
 Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
 275 280 285
 Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
 290 295 300
 Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
 305 310 315 320
 Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
 325 330 335
 Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr
 340 345 350
 Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
 355 360 365
 Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 370 375 380
 Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 385 390 395 400
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 405 410 415
 Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 420 425 430
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
 435 440 445
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 450 455 460
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
 465 470 475 480
 Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 485 490 495
 Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
 500 505 510
 Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 515 520 525
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 530 535 540
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
 565 570 575
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 580 585 590
 Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 595

<210> 425

<211> 341

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 425

ES 2 894 304 T3

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu
 115 120 125
 Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His
 130 135 140
 Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln
 145 150 155 160
 Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg
 165 170 175
 Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp
 180 185 190
 Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr
 195 200 205
 Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr
 210 215 220
 Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro
 225 230 235 240
 Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
 245 250 255
 Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
 260 265 270
 Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
 275 280 285
 Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
 290 295 300
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
 305 310 315 320
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
 325 330 335
 Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 426

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 426

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgccctc tgtgaaggtg 60
 tcctgcaagg ccagcggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120

ES 2 894 304 T3

```

cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180
gcccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
atggaactga gccggctgag aagcgacgac accgocgtgt actactgcac ccggtcccac 300
tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tcttgccca gccctgaat ttctgggcyg accctccgtg 720
ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcggtggtg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaagtggt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt cctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
tgggagagca acgcccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttctgtg ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggg 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gcctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

```

<210> 427

<211> 642

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 427

```

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgcca gcgtgggcyg cagagtgacc 60
atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120
ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcacaccgg cgtgcccagc 180
agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240
gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300
ggcaccagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360
agcgcagagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaaggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

```

10 <210> 428

<211> 1797

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 428

ES 2 894 304 T3

caggtgcacc tgacacagag cggaccggaa gtgocggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60
 tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
 ccaggacagg gactgcagtg gatggcgctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
 gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
 ctgcagctga gggcctgac ctctggcgat accgocgtgt actactgcgc caagggcagc 300
 aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggocgtg 360
 gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagccgt gaccgtgtca 420
 tctgacaaaa cccataccca ggtgcagctg gtggaatctg gcggcgagt ggtgcagcct 480
 ggcagaagcc tgagactgag ctgtgccccc agcggcttca ccttcaccaa ggcctggatg 540
 cactgggtgc gccaggcccc tggaaagcag ctggaatggg tggcccagat caaggacaag 600
 agcaacagct acgccaccta ctacgcgac agcgtgaagg gccggttcac catcagccgg 660

gacgacagca agaacaccct gtacctgcag atgaacagcc tgcgggcccga ggacaccgcc 720
 gtgtactact gtcggggcgt gtactatgcc ctgagccctc tcgattactg gggccaggga 780
 accctcgtga ccgtgtctag tgataagacc cacaccgctt cgaccaaggg cccatcgggtg 840
 ttccctctgg ccccttgca gagaagcacc agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc 900
 gtgaaggact actttcccga gccctgacc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960
 ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020
 gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag 1080
 cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140
 tgcccagccc ctgaatttct gggcggacc tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag 1200
 gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa gtgacctgcg tgggtggtgga tgtgtcccag 1260
 gaagatcccc aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaaagtga caacgccaa 1320
 accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tgggtgtccgt gctgaccgtg 1380
 ctgcaccagg actggctgaa cggcaaaag tacaagtga aggtgtccaa caagggcctg 1440
 cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag gccaaaggcc agccccgca gcctcaagt 1500
 tgtacctgct ccctagcca ggaagagatg accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560
 gtgaaaggct tctacccccg acatttgc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccag 1620
 aacaactaca agaccacccc cctgtgctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680
 aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg 1740
 cacgaggccc tgcacaacca ctacaccag aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797

<210> 429

<211> 1023

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 429

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
 atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
 tatctgcaga agccccgcca gagccccag tcctgatct acaaggtgtc caacagatc 180
 agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aagccgagga cgtggcgctg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
 ttcacctttg gcagggcac caaggtgga atcaaggaca aaaccatac cgacttcgtg 360
 ctgaccaga gccctcacag cctgagcgtg acacctggcg agagcgcag catcagctgc 420
 aagagcagcc actccctgat ccacggcgac cggaacaact acctggcttg gtacgtgcag 480
 aagccccgca gatcccccca gctgctgatc tacctggcca gcagcagagc cagcggcgtg 540
 cccgatagat tttctggcag cggcagcgac aagacttca cctgaagat cagccgggtg 600
 gaaaccgagg acgtgggcac ctactactgt atgcagggca gagagagccc ctggacctt 660
 ggccagggca ccaaggtgga catcaaggat aagaccata cccgtacggt ggccgctccc 720
 agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag cagctgaagt cgggcacagc ctctgtcgtg 780
 tgcctgctga acaacttcta cccccgcag gccaaagtgc agtggaaagt ggacaacgcc 840
 ctgcagagcg gcaacagcca ggaagcgtg accagcagc acagcaagga ctccacctac 900
 agcctgagca gccacctgac actgagcaag gccgactacg agaagcaca ggtgtacgcc 960
 tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa cggggcgag 1020
 tgt 1023

10

<210> 430

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 430

Gln	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Val	Lys	Pro	Gly	Ala
1				5					10					15	
Ser	Val	Lys	Val	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr
			20					25					30		
Tyr	Ile	His	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Glu	Trp	Ile
		35					40					45			
Gly	Ser	Ile	Tyr	Pro	Gly	Asn	Val	Asn	Thr	Asn	Tyr	Ala	Gln	Lys	Phe
	50					55					60				
Gln	Gly	Arg	Ala	Thr	Leu	Thr	Val	Asp	Thr	Ser	Ile	Ser	Thr	Ala	Tyr
65					70					75					80
Met	Glu	Leu	Ser	Arg	Leu	Arg	Ser	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys
				85					90					95	
Thr	Arg	Ser	His	Tyr	Gly	Leu	Asp	Trp	Asn	Phe	Asp	Val	Trp	Gly	Lys
			100					105					110		
Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Pro	Ser	Val
			115					120				125			
Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Cys	Ser	Arg	Ser	Thr	Ser	Glu	Ser	Thr	Ala	Ala
						135					140				
Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser
145					150					155					160
Trp	Asn	Ser	Gly	Ala	Leu	Thr	Ser	Gly	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ala	Val
				165					170					175	
Leu	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Val	Thr	Val	Pro
			180					185					190		
Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Lys	Thr	Tyr	Thr	Cys	Asn	Val	Asp	His	Lys
		195					200					205			
Pro	Ser	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Arg	Val	Glu	Ser	Lys	Tyr	Gly	Pro
						215					220				
Pro	Cys	Pro	Pro	Cys	Pro	Ala	Pro	Glu	Phe	Leu	Gly	Gly	Pro	Ser	Val
225					230					235					240
Phe	Leu	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser	Arg	Thr
				245					250					255	
Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	Gln	Glu	Asp	Pro	Glu
			260					265					270		
Val	Gln	Phe	Asn	Trp	Tyr	Val	Asp	Gly	Val	Glu	Val	His	Asn	Ala	Lys
		275					280					285			
Thr	Lys	Pro	Arg	Glu	Glu	Gln	Phe	Asn	Ser	Thr	Tyr	Arg	Val	Val	Ser
		290				295					300				
Val	Leu	Thr	Val	Leu	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Asn	Gly	Lys	Glu	Tyr	Lys
305					310					315					320
Cys	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Gly	Leu	Pro	Ser	Ser	Ile	Glu	Lys	Thr	Ile
				325					330					335	
Ser	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Pro	Arg	Glu	Pro	Gln	Val	Tyr	Thr	Leu	Pro
			340					345					350		
Pro	Cys	Gln	Glu	Glu	Met	Thr	Lys	Asn	Gln	Val	Ser	Leu	Trp	Cys	Leu
		355					360					365			
Val	Lys	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ala	Val	Glu	Trp	Glu	Ser	Asn
		370				375					380				
Gly	Gln	Pro	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Pro	Val	Leu	Asp	Ser
385					390					395					400
Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Lys	Ser	Arg
				405					410					415	
Trp	Gln	Glu	Gly	Asn	Val	Phe	Ser	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu	Ala	Leu
			420					425					430		
His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Leu	Gly	Lys	
		435					440					445			

5

<210> 431

<211> 214

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 431

```

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 20           25           30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35           40           45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65           70           75
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
 85           90           95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
 100          105          110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 115          120          125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 130          135          140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 145          150          155
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 165          170          175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 180          185          190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 195          200          205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210

```

5

<210> 432

<211> 592

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 432

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
 20 25 30
 Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val His Leu Thr Gln
 115 120 125
 Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys
 130 135 140
 Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg
 145 150 155 160
 Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu
 165 170 175
 Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile
 180 185 190
 Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu
 195 200 205

ES 2 894 304 T3

Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His
 210 215 220
 Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp
 225 230 235
 Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly
 245 250 255
 Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 260 265 270
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
 275 280 285
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 290 295 300
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 305 310 315 320
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 325 330 335
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
 340 345 350
 Lys Pro Ser Ser Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
 355 360 365
 Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
 370 375 380
 Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
 385 390 395 400
 Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
 405 410 415
 Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
 420 425 430
 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
 435 440 445
 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
 450 455 460
 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
 465 470 475 480
 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu
 485 490 495
 Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys
 500 505 510
 Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
 515 520 525
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
 530 535 540
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
 545 550 555 560
 Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala
 565 570 575
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 580 585 590

<210> 433

<211> 343

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 433

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30

ES 2 894 304 T3

Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu
 115 120 125
 Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser
 130 135 140
 Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr
 145 150 155 160
 Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser
 165 170 175
 Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
 180 185 190
 Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly
 195 200 205
 Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser
 210 215 220
 Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala
 225 230 235 240
 Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
 245 250 255
 Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
 260 265 270
 Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
 275 280 285
 Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
 290 295 300
 Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
 305 310 315 320
 Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
 325 330 335
 Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 434

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 434

cagggtcagc tgggtcagtc tggcgccgag gtctgtgaaac ctggcgccctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120
 cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctaccccg gcaacgtgaa caccaactac 180
 gccagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
 atggaactga gccggctgag aagcgaagc accgccgtgt actactgcac ccggtccac 300
 tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggccoctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggccgtgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctccctgccc tctttgccc gcccctgaat ttctgggcgg accctccgtg 720

ES 2 894 304 T3

```

ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggc cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttcctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt cctgggcaa g 1341

```

<210> 435

<211> 642

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 435

```

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgcc a gcgtgggca cagagtgacc 60
atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120
ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcaacccgg cgtgccagc 180
agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240
gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttgccag 300
ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctocca gcgtgttcat cttcccacct 360
agcgcagcagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaagggtg gacaatgccc tgcagagcgg caacagccag 480
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642

```

10 <210> 436

<211> 1776

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 436

ES 2 894 304 T3

caggtgcagc tgggtggaatc tggcggcggg gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60
 agctgtgccc ccagcggcctt caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120
 cctggaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180
 tactacgccg acagcgtgaa gggcgggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240
 ctgtacctgc agatgaacag cctgcgggcc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300
 gtgtactatg cctgagcccc ctctgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccctgtct 360
 agtagccagg tgcacctgac acagagcggg cccgaagtgc ggaagcctgg cacctctgtg 420
 aaggtgtcct gcaaggcccc tggcaacacc ctgaaaacct acgacctgca ctgggtgcgc 480
 agcgtgccag gacagggact gcagtgatg ggctggatca gccacgaggg cgacaagaaa 540
 gtgatcgtgg aacggttcaa ggccaaaagt accatcgact gggacagaag caccaacacc 600
 gcctacctgc agctgagcgg cctgacctct ggcgataccg ccgtgtacta ctgcgccaa 660
 ggcagcaagc accggctgag agactacgcc ctgtacgacg atgacggcgc cctgaactgg 720
 gccgtggatg tggactacct gagcaacctg gaattctggg gccagggcac agccctgacc 780
 gtgtcatctc ggaccggcag cacaaggggc ccacgggtgt tccctctggc cccttgcagc 840
 agaagcacca gccaatctac agccgccctg ggctgcctcg tgaaggacta ctttcccgag 900
 cccgtgaccg tgtcctggaa ctctggcgtct ctgacaagcg gcgtgcacac ctttccagcc 960
 gtgctccaga gcagcggcct gtactctctg agcagcgtcg tgacagtgcc cagcagcagc 1020
 ctgggaccca agacctacac ctgtaacctg gaccacaagc ccagcaacac caagtgggac 1080
 aagcgggtgg aatctaagta cggccctccc tgcctcctt gccagcccc tgaattctg 1140
 ggcgaccctt ccgtgttctt gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 1200
 acccccgaag tgacctgcgt ggtggtggat gtgtcccagg aagatcccga ggtgcagttc 1260

aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaaga ccaagcccag agaggaacag 1320
 ttcaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 1380
 ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aaggccctgc ccagctccat cgagaaaacc 1440
 atcagcaagg ccaagggcca gcccccggag cctcaagtgt gtaccctgcc ccctagccag 1500
 gaagagatga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccc tgaaaggctt ctaccccagc 1560
 gacattgccg tggaaatggga gagcaacggc cagcccagaa acaactaaa gaccaccccc 1620
 cctgtgctgg acagcgcagg ctctattctc ctggtgtcca agctgaccgt ggacaagagc 1680
 cgggtggcagg aaggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgagccctt gcacaaccac 1740
 tacaccaga agtccctgtc tctgtccctg ggcaag 1776

<210> 437

<211> 1029

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 437

gacttcgtgc tgaccagag cctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcggcagc 60
 atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
 tacgtgcaga agccccgag atccccccag ctgtgatct acctggccag cagcagagcc 180
 agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
 tggacctttg gccagggcac caagtgagc atcaagggcc agcccaaggc cgcccccgac 360
 atcgtgatga cccagacccc cctgagcctg agcgtgacac ctggacagcc tgccagcatc 420
 agctgcaaga gcagccagag cctggtgcac aacaacgcca acacctacct gagctggtat 480
 ctgcagaagc ccggccagag cccccagtcc ctgatctaca aggtgtccaa cagattcagc 540
 ggcgtgcccg acagattctc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaagatcagc 600
 cgggtggaag ccgaggacgt gggcgtgtac tattgtggcc agggcaccca gtacccttc 660
 acctttggca gcggcaccaa ggtggaatc aagaccaagg gccccagccg tacggtggcc 720
 gctcccagcg tgttcatctt cccacctagc gacgagcagc tgaagtccgg cacagcctct 780
 gtcgtgtgcc tgetgaacaa cttctacccc cgcgaggcca aagtgcagtg gaagtgggac 840
 aacgcctcgc agagcggcaa cagccaggaa agcgtgaccg agcaggacag caaggactcc 900
 acctacagcc tgagcagcag cctgacactg agcaaggccg actacgagaa gcacaaggtg 960
 tacgcctgcg aagtgaccca ccagggcctg tctagccccg tgaccaagag cttcaaccgg 1020
 ggcgagtgt 1029

<210> 438

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 438

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125

 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

5

<210> 439

<211> 214

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 439

```

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1          5          10          15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 20          25          30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35          40          45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50          55          60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65          70          75          80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
 85          90          95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala
 100          105          110
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly
 115          120          125
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala
 130          135          140
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln
 145          150          155          160
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser
 165          170          175
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr
 180          185          190
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser
 195          200          205
Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210

```

5

<210> 440

<211> 599

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 440

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
 20 25 30
 Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Gln Val
 115 120 125
 His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val
 130 135 140
 Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu
 145 150 155 160
 His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp
 165 170 175
 Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala
 180 185 190
 Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
 195 200 205
 Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys
 210 215 220
 Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly
 225 230 235 240
 Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe
 245 250 255
 Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr
 260 265 270
 Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
 275 280 285

ES 2 894 304 T3

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
 290 295 300
 Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
 305 310 315
 Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
 325 330 335
 Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr
 340 345 350
 Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
 355 360 365
 Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 370 375 380
 Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 385 390 395 400
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 405 410 415
 Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 420 425 430
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
 435 440 445
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 450 455 460
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
 465 470 475 480
 Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 485 490 495
 Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
 500 505 510
 Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 515 520 525
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 530 535 540
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
 565 570 575
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 580 585 590
 Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 595

<210> 441

<211> 341

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 441

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95

ES 2 894 304 T3

Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu
 115 120 125
 Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln
 130 135 140
 Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln
 145 150 155 160
 Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg
 165 170 175
 Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
 180 185 190
 Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr
 195 200 205
 Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr
 210 215 220
 Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro
 225 230 235 240
 Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
 245 250 255
 Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
 260 265 270
 Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
 275 280 285
 Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
 290 295 300
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
 305 310 315 320
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
 325 330 335
 Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 442

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 442

cagggtgcagc tgggtgcagtc tggcgccgag gtcgtgaaac ctggcgcctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg ccagcgggcta cacctttacc agctactaca tccactgggt gcgccaggcc 120
 cctggacagg gactggaatg gatcggcagc atctacccc gcaacgtgaa caccaactac 180
 gcccaagaagt tccagggcag agccaccctg accgtggaca ccagcatcag caccgcctac 240
 atggaactga gccggctgag aagcgcagc accgcccgtg actactgcac ccggtcccac 300
 tacggcctgg attggaactt cgacgtgtgg ggcaagggca ccaccgtgac agtgtctagc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttcct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagcog ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggccctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctccctgccc tccttgccca gccctgaat ttctgggcyg accctccgtg 720
 ttctgtttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
 tgcgtgggtg tggatgtgct ccaggaagat cccaggtgac agttcaattg gtactgtggac 840
 ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
 cgggtgggtg ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
 tgcaaggtgt ccacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
 ggccagcccc cgcagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
 aaccaggtgt ccctgtgggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccctggaa 1140
 tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200

 gacggctcat tcttctgtga ctccaagctg accgtggaca agagccgggtg gcaggaaggc 1260
 aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
 ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

10

<210> 443

<211> 642

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 443

```

gacatccaga tgaccagag cccagcagc ctgtctgcca gcgtgggga cagagtgacc 60
atcacctgtc aggccagcca gaacatctac gtgtggctga actggtatca gcagaagccc 120
ggcaaggccc ccaagctgct gatctacaag gccagcaacc tgcaacccgg cgtgcccagc 180
agattttctg gcagcggctc cggcaccgac ttcaccctga caatcagctc cctgcagccc 240
gaggacattg ccacctacta ctgccagcag ggccagacct acccctacac ctttggccag 300
ggcaccaagc tggaaatcaa gcgtacggtg gccgctccca gcgtgttcat cttcccacct 360
agcgcagagc agctgaagtc cggcacagcc tctgtcgtgt gcctgctgaa caacttctac 420
ccccgcgagg ccaaggtgca gtggaagtg gacaatgcc tgcaagcgg caacagccc 480
gaaagcgtga ccgagcagga cagcaaggac tccacctaca gcctgagcag caccctgacc 540
ctgagcaagg ccgactacga gaagcacaag gtgtacgcct gcgaagtgac ccaccagggc 600
ctgtctagcc ccgtgaccaa gagcttcaac cggggcgagt gt 642
    
```

<210> 444

10 <211> 1797

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 444

```

caggtgcagc tgggtggaatc tggcggcggga gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60
agctgtgccg ccagcggcct caccttcacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccaggcc 120
cctggaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180
tactacgccg acagcgtgaa gggcgggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240
ctgtacctgc agatgaacag cctgcccggc gaggacaccg ccgtgtacta ctgtcggggc 300
gtgtactatg ccctgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccctgtct 360
agtgacaaaa cccatacca ggtgcacctg acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct 420
ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg 480
cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagggg ctgcaagtga tgggctggat cagccacgag 540
ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc aaggcacaag tgaccatcga ctgggacaga 600
agcaccaca cgcctacac gcagctgagc ggctgacct ctggcgatc cgccgtgtac 660
tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg agagactacg ccctgtacga cgatgacggc 720
gccctgaact gggcgggtga tgtggactac ctgagcaacc tgggaattctg gggccagggc 780
acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc cacaccgcca gcacaaaggg cccatcgggtg 840
ttccctctg ccccttgca cagaagcacc agcgaatcta cagccgcctt gggctgcctc 900
gtgaaaggact actttccoga gccctgacc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960
ggcgtgcaca ctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020
gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaactg ggaccacaag 1080
cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140
tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc tccgtgttcc tgttcccc aaagcccaag 1200
gacaccctga tgatcagccg gacccccgaa gtgacctgcg tgggtggtgga tgtgtcccag 1260
gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaaagtgca caacgcccaag 1320
accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tgggtgtccgt gctgaccgtg 1380
ctgcaccagc actggctgaa cggcaaaag tacaagtgca aggtgtccaa caagggcctg 1440
cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag gccaaaggcc agccccgca gcctcaagtg 1500
tgtacctgct ccctagccca ggaagagatg accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560
gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccag 1620
aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680
aagctgaccg tggacaagag ccgggtggcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg 1740

cacgaggccc tgcacaacca ctacaccag aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797
    
```

<210> 445

<211> 1023

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 445

```

gacttcgtgc tgaccagag cctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgccagc 60
atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgtgatct acctggccag cagcagagcc 180
agcggcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aaaccgagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagcccc 300
tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgacatcgtg 360
atgaccagca ccccctgag cctgagcgtg acacctggac agcctgccag catcagctgc 420
aagagcagcc agagcctggt gcacaacaac gccaacacct acctgagctg gtatctgcag 480
aagccgggcc agagccccca gtcctgatc tacaagggtt ccaacagatt cagcggcgtg 540
cccagcagat tctccggcag cggctctggc accgacttca ccctgaagat cagccgggtg 600
gaagccgagg acgtgggctg gtactattgt ggccagggca cccagtacc cttcaccttt 660
ggcagcggca ccaaggtgga aatcaagat aagaccata cccgtacggt ggccgctccc 720
agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg 780
tgcctgctga acaacttcta ccccgcgag gccaaagtgc agtggagggt ggacaacgcc 840
ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg accgagcagg acagcaagga ctccacctac 900
agcctgagca gcacctgac actgagcaag gccgactacg agaagcacia ggtgtacgcc 960
tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag 1020
tgt 1023
    
```

<210> 446

10 <211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 446

```

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1          5          10          15
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20          25          30
Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35          40          45
Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50          55          60
Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65          70          75          80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85          90          95
Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100         105         110
Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115         120         125
Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130         135         140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145         150         155         160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165         170         175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180         185         190
    
```

ES 2 894 304 T3

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 447

<211> 218

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 447

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
 20 25 30
 Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35 40 45
 Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65 70 75 80
 Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
 85 90 95
 Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
 100 105 110
 Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
 115 120 125
 Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
 130 135 140
 Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145 150 155 160

ES 2 894 304 T3

Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
 Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
 His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
 Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 165 170 175
 180 185 190
 195 200 205
 210 215

<210> 448

<211> 592

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 448

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val
 130 135 140
 Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu
 145 150 155 160
 Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp Met
 165 170 175
 His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val Ala Gln
 180 185 190
 Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
 195 200 205
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
 210 215 220
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 225 230 235 240
 Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
 245 250 255
 Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
 260 265 270
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
 275 280 285
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
 290 295 300
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
 305 310 315 320
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
 325 330 335
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
 340 345 350

ES 2 894 304 T3

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
 355 360 365
 Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
 370 375 380
 Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
 385 390 395 400
 Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
 405 410 415
 Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
 420 425 430
 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
 435 440 445
 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
 450 455 460
 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
 465 470 475 480
 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu
 485 490 495
 Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys
 500 505 510
 Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
 515 520 525
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
 530 535 540
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
 545 550 555 560
 Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala
 565 570 575
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 580 585 590

<210> 449

<211> 343

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 449

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His
 115 120 125
 Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser
 130 135 140
 Ser His Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
 145 150 155 160
 Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser
 165 170 175

ES 2 894 304 T3

Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp
 180 185 190
 Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly
 195 200 205
 Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln
 210 215 220
 Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala
 225 230 235 240
 Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
 245 250 255
 Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
 260 265 270
 Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
 275 280 285
 Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
 290 295 300
 Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
 305 310 315 320
 Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
 325 330 335
 Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 450

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 450

cagggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
 acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
 cctggaaaag gcctggaatg gctgggctgt atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
 cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
 aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
 tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttcctt ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctccctgccc tccctgccc gcccctgaat ttctgggctg accctccgtg 720
 ttctgtttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
 tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
 ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
 cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
 tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
 ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
 aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
 tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
 gacggctcat tcttctctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
 aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtc 1320
 ctgtctctgt ccctgggcaa g 1341

10 <210> 451

<211> 654

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

ES 2 894 304 T3

<400> 451

```

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctctggaca gagggccacc 60
atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggat 120
cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180
ggcgtgccag ccagattttc gggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccgaa ggtgccctac 300
acctttggcc agggcaccaa gctggaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
aacaacttct acccccgcga ggccaaggtg cagtggaaagg tggacaatgc cctgcagagc 480
ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540
agcacctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600
accaccaggg gctgtctag ccccgtagcc aagagcttca accggggcga gtgt 654
    
```

<210> 452

<211> 1776

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 452

```

caggtgcacc tgacacagag cggaccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaaggtg 60
tcctgcaagg ccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
ccaggacaggg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
gtggaacgggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccia caccgcctac 240
ctgcagctga gcggcctgac ctctggcgat accgcccgtg actactgcgc caagggcagc 300
aagcaccggc tgagagacta gcgccctgtac gacgatgacg gcgccctgaa ctgggcccgtg 360
gatgtggact acctgagcaa cctggaatc tggggccagg gcacagccgt gaccctgtca 420
tcttctcagg tgcaagctgt ggaatctggc ggccggagtgg tgcagcctgg cagaagcctg 480
agactgagct gtcccgccag cggcttcacc ttcaccaagg cctggatgca ctgggtgcgc 540
caggcccctg gaaagcagct ggaatgggtg gccagatca aggacaagag caacagctac 600
gccacctact acgcgacag cgtgaagggc cggttcacca tcagccggga cgacagcaag 660
aacaccctgt acctgcagat gaacagcctg cgggcccagg acaccgcccgt gtactactgt 720
cggggcgtgt actatgccct gagccccttc gattactggg gccaggggaa cctcgtgacc 780
gtgtctagtc ggaccgcttc gaccaagggc ccatcggtgt tcctctggc cccttgacgc 840
agaagcacca gcgaatctac agccgcctg ggctgcctcg tgaaggacta ctttcccag 900
cccgtgaccg tgcctggaa ctctggcgt ctgacaagcg gcgtgcacac ctttccagcc 960
gtgtccaga gcagcggcct gtactctctg agcagcgtcg tgacagtgcc cagcagcagc 1020
ctgggaccaa agacctacac ctgtaacgtg gaccacaagc ccagcaaac caaggtggac 1080
aagcgggtgg aatctaagta cggccctccc tgcctcctt gccagcccc tgaatttctg 1140
ggcggaccct ccgtgttctt gttcccccca aagcccaagg acaccctgat gatcagccgg 1200
accccgaag tgacctgctt ggtggtggat gtgtcccagg aagatcccga ggtgcagttc 1260
aattggtacg tggacggcgt ggaagtgcac aacgccaaga ccaagcccag agaggaaacg 1320
ttcaacagca cctaccgggt ggtgtccgtg ctgaccgtgc tgcaccagga ctggctgaac 1380
ggcaaaagat acaagtgcaa ggtgtccaac aagggcctgc ccagctccat cgagaaaacc 1440
atcagcaagg ccaagggcca gccccgcgag cctcaagtgt gtaccctgcc ccctagccag 1500
gaagagatga ccaagaacca ggtgtccctg agctgtgccg tgaaaggctt ctaccaccagc 1560
gacattgccg tggaatggga gagcaacggc cagcccgaga acaactaaa gaccacccc 1620
cctgtgctgg acagcgacgg ctcatcttc ctggtgtcca agctgaccgt ggacaagagc 1680
cgggtggcagg aaggcaacgt gttcagctgc tccgtgatgc acgagccct gcacaaccac 1740
10 tacaccaga agtccctgct tctgtccctg ggcaag 1776
    
```

<210> 453

<211> 1029

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 453

ES 2 894 304 T3

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
 atcagctgca agagcagcca gagcctggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
 tatctgcaga agcccgcca gagccccag tcctgatctt acaaggtgtc caacagattc 180
 agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
 ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaagggcc agcccaaggc cgccccgcac 360
 ttcgtgctga ccagagccc tcacagcctg agcgtgacac ctggcgagag cgccagcatc 420
 agctgcaaga gcagccactc cctgatccac ggcgaccgga acaactacct ggcttgggtac 480
 gtgcagaagc ccggcagatc cccccagctg ctgatctacc tggccagcag cagagccagc 540
 ggcgtgcccg atagattttc tggcagcggc agcgacaagg acttcaccct gaagatcagc 600
 cgggtggaaa ccgaggacgt gggcacctac tactgtatgc agggcagaga gagccccctgg 660
 acctttggcc agggcaccaa ggtggacatc aagaccaagg gccccagccg tacggtggcc 720
 gctcccagcg tgttcatctt cccacctagc gacgagcagc tgaagtccgg cacagcctct 780
 gtcgtgtgcc tgctgaacaa cttctacccc cgcgaggcca aagtgcagtg gaaggtggac 840
 aacgccctgc agagcggcaa cagccaggaa agcgtgaccg agcaggacag caaggactcc 900
 acctacagcc tgagcagcac cctgacactg agcaaggccg actacgagaa gcacaaggtg 960
 tacgcctgcg aagtgaccga ccagggcctg tctagccccg tgaccaagag cttcaaccgg 1020
 ggcgagtgt 1029

<210> 454

<211> 447

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 454

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270

Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 455

<211> 218

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 455

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
 20 25 30
 Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35 40 45
 Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65 70 75 80
 Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
 85 90 95
 Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
 100 105 110
 Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
 115 120 125
 Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
 130 135 140
 Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145 150 155 160
 Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
 165 170 175
 Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
 180 185 190
 His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
 195 200 205
 Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210 215

10 <210> 456

<211> 599

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 456

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr
 130 135 140
 His Thr Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro
 145 150 155 160
 Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr
 165 170 175
 Lys Ala Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu
 180 185 190
 Trp Val Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr
 195 200 205
 Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
 210 215 220
 Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala
 225 230 235 240
 Val Tyr Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr
 245 250 255
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Asp Lys Thr His Thr
 260 265 270
 Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg
 275 280 285
 Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr
 290 295 300
 Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser
 305 310 315 320
 Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
 325 330 335
 Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr
 340 345 350
 Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys
 355 360 365
 Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 370 375 380
 Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 385 390 395 400
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 405 410 415
 Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 420 425 430

ES 2 894 304 T3

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe
 435 440 445
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 450 455 460
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu
 465 470 475 480
 Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 485 490 495
 Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys
 500 505 510
 Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 515 520 525
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 530 535 540
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser
 545 550 555 560
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser
 565 570 575
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 580 585 590
 Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 595

<210> 457

<211> 341

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 457

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110
 Asp Lys Thr His Thr Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu
 115 120 125
 Ser Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His
 130 135 140
 Ser Leu Ile His Gly Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln
 145 150 155 160
 Lys Pro Gly Arg Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg
 165 170 175
 Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp
 180 185 190
 Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr
 195 200 205
 Tyr Cys Met Gln Gly Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr
 210 215 220
 Lys Val Asp Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro
 225 230 235 240

ES 2 894 304 T3

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
 245 250 255
 Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
 260 265 270
 Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
 275 280 285
 Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
 290 295 300
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
 305 310 315 320
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
 325 330 335
 Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 458

<211> 1341

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 458

cagggtcagc tgcaggaatc tggccctggc ctctggaagc ctagccagac cctgagcctg 60
 acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
 cctggaaaag gcctggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
 cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
 aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
 tacagctact actacagcat ggactactgg gcccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
 tctacagccg cctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctcccctgcc tccctgcca gccctgaat ttctgggctg accctccgtg 720
 ttctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
 tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
 ggcgtggaag tgacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
 cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgcac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
 tgcaaggtgt ccaacaagg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
 ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
 aaccaggtgt ccctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
 tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
 gacggctcat tcttccctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
 aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gcctgcaca accactaac ccagaagtcc 1320
 ctgtctctgt cctgggcaa g 1341

10 <210> 459

<211> 654

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 459

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggcctgt ctccctggaca gagggccacc 60
 atcacctgta gagccagcga gagcgtgga tattacgtga ccagcctgat gcagtggat 120
 cagcagaagc ccggccagcc ccccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180
 ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
 cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccggaa ggtgccctac 300

ES 2 894 304 T3

acctttggcc agggcaccaa gctggaaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
 atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
 aacaacttct acccccgcga ggccaaggtg cagtggagg tggacaatgc cctgcagagc 480
 ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540
 agcaccctga ccctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600
 acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagaacttca accggggcga gtgt 654

<210> 460

<211> 1797

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 460

caggtgcacc tgacacagag cggaccgaa gtgcggaagc ctggcacctc tgtgaagggtg 60
 tcctgcaagg cccctggcaa caccctgaaa acctacgacc tgcactgggt gcgcagcgtg 120
 ccagacaggg gactgcagtg gatgggctgg atcagccacg agggcgacaa gaaagtgatc 180
 gtggaacggt tcaaggccaa agtgaccatc gactgggaca gaagcaccaa caccgcctac 240
 ctgcagctga gggcctgac ctctgpcgat accgpcgtgt actactgpc caaggpcagc 300
 aagcaccggc tgagagacta cgccctgtac gacgatgacg gcgcctgaa ctgggpcgtg 360
 gatgtggact acctgagcaa cctggaattc tggggccagg gcacagcctg gaccctgtca 420
 tctgacaaaa cccataccca ggtgcagctg gtggaatctg gcggcggagt ggtgcagcct 480
 ggcagaagcc tgagactgag ctgtgcccgc agcggcttca ccttcaccaa ggcctggatg 540
 cactgggtgc gccaggcccc tggaaagcag ctggaatggg tggcccagat caaggacaag 600
 agcaacagct acgccaccta ctacgccgac agcgtgaagg gccggttcac catcagccgg 660
 gacgacagca agaacaccct gtacctgcag atgaacagcc tgcgggcccga ggacaccgcc 720
 gtgtactact gtcggggcgt gtactatgcc ctgagcccct tcgattactg gggccagggg 780
 accctcgtga ccgtgtctag tgataagacc cacaccgctt cgaccaaggg cccatcgggtg 840
 ttccctctgg cccttgcag cagaagcacc agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc 900
 gtgaaggact actttcccga gccctgacc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960
 ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020
 gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag 1080
 cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140
 tgcccagccc ctgaatttct gggcggaccc tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag 1200
 gacaccctga tgatcagcgg gacccccgaa gtgacctgcg tgggtgggtgga tgtgtcccag 1260
 gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaaagtga caacgccaag 1320
 accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tgggtgtccgt gctgaccgtg 1380
 ctgcaccagg actggctgaa cggcaaaagag tacaagtgca aggtgtccaa caaggpcctg 1440
 cccagctcca tcgagaaaac catcagcaag gccaaagggc agccccgcga gcctcaagtg 1500
 tgtaccctgc ccctagcca ggaagagat accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560
 gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccag 1620
 aacaactaca agaccacccc cctgtgtctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680
 aagctgaccg tggacaagag ccggtgpcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccctgatg 1740
 cacgagggcc tgcaacaaca ctacaccagc aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797

10 <210> 461

<211> 1023

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 461

ES 2 894 304 T3

```

gacatcgtga tgaccagac cccctgagc ctgagcgtga cacctggaca gcctgccagc 60
atcagctgca agagcagcca gagcctgggtg cacaacaacg ccaacaccta cctgagctgg 120
tatctgcaga agcccgcca gagccccag tcctgatctt acaagggtgtc caacagattc 180
agcggcgtgc ccgacagatt ctccggcagc ggctctggca ccgacttcac cctgaagatc 240
agccgggtgg aagccgagga cgtgggcgtg tactattgtg gccagggcac ccagtacccc 300
ttcacctttg gcagcggcac caaggtggaa atcaaggaca aaaccatac cgacttcgtg 360
ctgaccaga gccctcacag cctgagcgtg acacctggcg agagcgcag catcagctgc 420

aagagcagcc actccctgat ccacggcagc cggaaact acctggcttg gtacgtgcag 480
aagccggca gatccccca gctgctgatc tacctggcca gcagcagac cagcggcgtg 540
cccgatagat tttctggcag cggcagcagc aaggacttca ccctgaagat cagccgggtg 600
gaaaccgagg acgtgggcac ctactactgt atgcagggca gagagagccc ctggaccttt 660
ggccagggca ccaagggtgga catcaaggat aagcccata cccgtacggt ggccgctccc 720
agcgtgttca tcttcccacc tagcagcagc cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg 780
tgcctgctga acaacttcta ccccgcgag gccaaagtgc agtggaggt ggacaacgcc 840
ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg accgagcag acagcaagga ctccacctac 900
agcctgagca gcaccctgac actgagcaag gccgactacg agaagcaca ggtgtacgcc 960
tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag 1020
tgt 1023

```

<210> 462

<211> 447

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 462

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 463

<211> 218

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 463

ES 2 894 304 T3

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
 20 25 30
 Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35 40 45
 Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65 70 75 80
 Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
 85 90 95
 Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
 100 105 110
 Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
 115 120 125
 Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
 130 135 140
 Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145 150 155 160
 Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
 165 170 175
 Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
 180 185 190
 His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
 195 200 205
 Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 210 215

<210> 464

<211> 592

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 464

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
20 25 30
Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ser Gln Val His Leu Thr Gln
115 120 125
Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr Ser Val Lys Val Ser Cys
130 135 140
Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr Asp Leu His Trp Val Arg
145 150 155 160
Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met Gly Trp Ile Ser His Glu
165 170 175
Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe Lys Ala Lys Val Thr Ile
180 185 190
Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Leu Ser Gly Leu
195 200 205
Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys Gly Ser Lys His
210 215 220
Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp Asp Gly Ala Leu Asn Trp
225 230 235 240
Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu Glu Phe Trp Gly Gln Gly
245 250 255
Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Arg Thr Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
260 265 270
Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala
275 280 285
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
290 295 300
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
305 310 315 320
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
325 330 335
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His
340 345 350
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly
355 360 365
Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser
370 375 380
Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg
385 390 395 400
Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro
405 410 415
Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala
420 425 430
Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val
435 440 445
Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr
450 455 460
Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr
465 470 475 480
Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Cys Thr Leu
485 490 495

ES 2 894 304 T3

Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Ser Cys
 500 505 510
 Ala Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser
 515 520 525
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp
 530 535 540
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Val Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser
 545 550 555 560
 Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala
 565 570 575
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 580 585 590

<210> 465

<211> 343

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 465

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu
 115 120 125
 Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser
 130 135 140
 Ser Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr
 145 150 155 160
 Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser
 165 170 175
 Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
 180 185 190
 Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly
 195 200 205
 Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser
 210 215 220
 Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Thr Lys Gly Pro Ser Arg Thr Val Ala
 225 230 235 240
 Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser
 245 250 255
 Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu
 260 265 270
 Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser
 275 280 285
 Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu
 290 295 300
 Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val
 305 310 315 320
 Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys
 325 330 335
 Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
 340

<210> 466

<211> 1341

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 466

```

cagggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
acctgtaccg tgtccggcct cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
cctggaaaag gcctggaatg gctggggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgact actgcgccag agacaagggc 300
tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcgaa 420
tctacagccg ccctgggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccctgtcc 480
tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacaccttc cagcctgct ccagagcagc 540
ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgcccagca gcagcctggg caccaagacc 600
tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
aagtacggcc ctccctgccc tccctgcccc gccctgaat ttctgggcyg accctccgtg 720
ttcctgttcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
tgcgtggtgg tggatgttgc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag cccagagagg aacagttcaa cagcacctac 900
cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgcccagc tccatcgaga aaaccatcag caagccaag 1020
ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgccccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
aaccaggtgt cctgtggtg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccgtggaa 1140
tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
gacggctcat tcttctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
ctgtctctgt ccctgggcaa g                                     1341
    
```

<210> 467

10 <211> 654

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

15 <400> 467

```

gacatcgtgc tgacacagag ccctgctagc ctggccgtgt ctctggaca gagggccacc 60
atcacctgta gagccagcga gagcgtgaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggtat 120
cagcagaagc ccggccagcc cccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaaagc 180
ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgcccag agagccgaa ggtgccctac 300
acctttggcc agggcaccaa gctggaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
aacaacttct acccccgcga ggccaaggtg cagtggaaag tggacaatgc cctgcagagc 480
ggcaacagcc agyaaagcgt gaccgacag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540
agcaccctga cctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600
accaccaggg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt                                     654
    
```

<210> 468

<211> 1776

<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 468

caggtgcagc	tggtggaatc	tggcggcggg	gtggtgcagc	ctggcagaag	cctgagactg	60
agctgtgccg	ccagcggcct	caccttcacc	aaggcctgga	tgcactgggt	gcgccaggcc	120
cctggaagc	agctggaatg	ggtggcccag	atcaaggaca	agagcaacag	ctacgccacc	180
tactacgccg	acagcgtgaa	gggcccgttc	accatcagcc	gggacgacag	caagaacacc	240
ctgtacctgc	agatgaacag	cctgcggggc	gaggacaccg	ccgtgtacta	ctgtcggggc	300
gtgtactatg	ccctgagccc	cttcgattac	tggggccagg	gaaccctcgt	gaccctgtct	360
agtagccagg	tgacacctgc	acagagcggg	cccgaaagtgc	ggaagcctgg	cacctctgtg	420
aaggtgtcct	gcaaggcccc	tggcaacacc	ctgaaaacct	acgacctgca	ctgggtgcgc	480
agcgtgccag	gacagggact	gcagtgatg	ggctggatca	gccacgaggg	cgacaagaaa	540
gtgatcgtgg	aacggttcaa	ggccaaagtg	accatcgact	gggacagaag	caccaacacc	600
gcctacctgc	agctgagcgg	cctgacctct	ggcgataccg	ccgtgtacta	ctgcgccaaag	660
ggcagcaagc	accggctgag	agactacgcc	ctgtacgacg	atgacggcgc	cctgaactgg	720
gccgtggatg	tggactacct	gagcaacctg	gaattctggg	gccagggcac	agccgtgacc	780
gtgtcatctc	ggaccgccag	cacaaagggc	ccatcgggtg	tccctctggc	cccttgacgc	840
agaagcacca	gcgaatctac	agccgccctg	ggctgcctcg	tgaaggacta	ctttcccag	900
cccgtgaccg	tgtcctggaa	ctctggcgtc	ctgacaagcg	gctgtgcacac	ctttccagcc	960
gtgctccaga	gcagcggcct	gtactctctg	agcagcgtcg	tgacagtgcc	cagcagcagc	1020
ctgggcacca	agacctacac	ctgtaacgtg	gaccacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	1080
aagcgggtgg	aatctaagta	cggccctccc	tgccctcctt	gcccagcccc	tgaattttctg	1140
ggcggaccct	ccgtgttcct	gttcccccca	aagcccaagg	acaccctgat	gatcagccgg	1200
accccgaag	tgacctgcgt	ggtggtggat	gtgtcccagg	aagatcccga	ggtgcagttc	1260
aattggtacg	tggacggcgt	ggaagtgcac	aacgccaaga	ccaagcccag	agaggaacag	1320
ttcaacagca	cctaccgggt	ggtgtccgtg	ctgaccgtgc	tgcaccagga	ctggctgaac	1380
ggcaaaagat	acaagtgcaa	ggtgtccaac	aaggccctgc	ccagctccat	cgagaaaacc	1440
atcagcaagg	ccaagggcca	gccccgcgag	cctcaagtgt	gtaccctgcc	ccctagccag	1500
gaagagatga	ccaagaacca	ggtgtccctg	agctgtgccc	tgaaaggctt	ctacccccagc	1560
gacattgccg	tggaatggga	gagcaacggc	cagcccggaga	acaactacaa	gaccaccccc	1620
cctgtgtcgg	acagcgacgg	ctcattcttc	ctggtgtcca	agctgaccgt	ggacaagagc	1680
cggtggcagg	aaggcaacgt	gttcagctgc	tccgtgatgc	acgagggcct	gcacaaccac	1740
tacaccacaga	agtcacctgc	tctgtccctg	ggcaag			1776

5 <210> 469

<211> 1029

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> Constructo sintético

<400> 469

gacttctgtg	tgaccagag	ccctcacagc	ctgagcgtga	cacctggcga	gagcggccagc	60
atcagctgca	agagcagcca	ctccctgatc	cacggcgacc	ggaacaacta	cctggcttgg	120
tacgtgcaga	agccccggcag	atccccccag	ctgctgatct	acctggccag	cagcagagcc	180
agcggcgtgc	ccgatagatt	ttctggcagc	ggcagcgaca	aggacttcac	cctgaagatc	240
agccgggtgg	aaaccgagga	cgtgggcacc	tactactgta	tgcagggcag	agagagcccc	300
tggacctttg	gccagggcac	caaggtggac	atcaagggcc	agcccaaggc	cgcccccgac	360
atcgtgatga	cccagacccc	cctgagcctg	agcgtgacac	ctggacagcc	tgccagcatc	420
agctgcaaga	gcagccagag	cctggtgcac	aacaacgcca	acacctacct	gagctggtat	480
ctgcagaagc	ccggccagag	ccccagctcc	ctgatctaca	aggtgtccaa	cagattcagc	540
ggcgtgcccc	acagattctc	cggcagcggc	tctggcaccg	acttcaccct	gaagatcagc	600
cggttggaa	ccgaggacgt	gggctgttac	tattgtggcc	agggcaccca	gtaccccttc	660
acctttggca	gcggcaccaa	ggtggaaatc	aagaccaagg	gccccagccg	tacggtggcc	720
gctcccagcg	tgttcattct	cccacctagc	gacgagcagc	tgaagtccgg	cacagcctct	780
gtcgtgtgcc	tgtgtgaaca	cttctacccc	cgcgaggcca	aagtgcagtg	gaaggtggac	840
aacgccctgc	acagcggcaa	cagccagggg	agcgtgaccg	agcaggacag	caaggactcc	900
acctacagcc	tgagcagcac	cctgacactg	agcaaggccg	actacgagaa	gcacaagggtg	960
tacgcctgcg	aagtgaccca	ccagggcctg	tctagccccg	tgaccaagag	cttcaaccgg	1020

ggcgagtgt 1029

<210> 470

<211> 447

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 470

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
 115 120 125
 Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala
 130 135 140
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
 145 150 155 160
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
 165 170 175
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
 180 185 190
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys
 195 200 205
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro
 210 215 220
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val
 225 230 235 240
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr
 245 250 255
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys
 275 280 285
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser
 290 295 300
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile
 325 330 335
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro
 340 345 350
 Pro Cys Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Trp Cys Leu
 355 360 365
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn
 370 375 380
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser
 385 390 395 400
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg
 405 410 415
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu
 420 425 430
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys
 435 440 445

<210> 471

<211> 218

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> Constructo sintético

<400> 471

```

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1           5           10           15
Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
      20           25           30
Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
      35           40           45
Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
      50           55           60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65           70           75           80
Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
      85           90           95
Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
      100          105          110
Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln
      115          120          125
Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr
      130          135          140
Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser
 145          150          155          160
Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr
      165          170          175
Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys
      180          185          190
His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro
      195          200          205
Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys
      210          215
    
```

<210> 472

<211> 599

10 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 472

```

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1           5           10           15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
      20           25           30
Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
      35           40           45
Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
      50           55           60
15 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
    
```


<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 473

```

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1           5           10           15
Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
          20           25           30
Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
          35           40           45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
          50           55           60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65          70           75
Ser Arg Val Glu Thr Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
          85           90           95
Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
          100          105          110
Asp Lys Thr His Thr Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu
          115          120          125
Ser Val Thr Pro Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln
          130          135          140
Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln
145          150          155          160
Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg
          165          170          175
Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
          180          185          190
Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr
          195          200          205
Tyr Cys Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr
210          215          220
Lys Val Glu Ile Lys Asp Lys Thr His Thr Arg Thr Val Ala Ala Pro
225          230          235          240
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr
          245          250          255
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys
          260          265          270
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu
          275          280          285
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser
290          295          300
Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala
305          310          315          320
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe
          325          330          335
Asn Arg Gly Glu Cys
          340

```

5

<210> 474

<211> 1341

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

10 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 474

ES 2 894 304 T3

cagggtgcagc tgcaggaatc tggccctggc ctcgtgaagc ctagccagac cctgagcctg 60
 acctgtaccg tgtccggcctt cagcctgagc gactacggcg tgcactgggt gcgccagcca 120
 cctggaaaag gcttgggaatg gctgggcgtg atctgggctg gcggaggcac caactacaac 180
 cccagcctga agtccagaaa gaccatcagc aaggacacca gcaagaacca ggtgtccctg 240
 aagctgagca gcgtgacagc cgccgatacc gccgtgtact actgcgccag agacaagggc 300
 tacagctact actacagcat ggactactgg ggccagggca ccaccgtgac cgtgtcatcc 360
 gcgtcgacca agggcccctc ggtgttccct ctggcccctt gcagcagaag caccagcga 420
 tctacagccg cctggggctg cctcgtgaag gactactttc ccgagcccgt gaccgtgtcc 480
 tggaaactctg gcgctctgac aagcggcgtg cacacctttc cagccgtgct ccagagcagc 540
 ggcctgtact ctctgagcag cgtcgtgaca gtgccagca gcagcctggg caccaagacc 600
 tacacctgta acgtggacca caagcccagc aacaccaagg tggacaagcg ggtggaatct 660
 aagtacggcc ctccctgccc tccctgcccc gccctgaat ttctggggcg accctccgtg 720
 ttctctgtcc ccccaaagcc caaggacacc ctgatgatca gccggacccc cgaagtgacc 780
 tgcgtggtgg tggatgtgtc ccaggaagat cccgaggtgc agttcaattg gtacgtggac 840
 ggcgtggaag tgcacaacgc caagaccaag ccagagaggg aacagttcaa cagcacctac 900
 cgggtggtgt ccgtgctgac cgtgctgac caggactggc tgaacggcaa agagtacaag 960
 tgcaaggtgt ccaacaaggg cctgccagc tccatcgaga aaaccatcag caaggccaag 1020
 ggccagcccc gcgagcctca agtgtatacc ctgcccctt gccaggaaga gatgaccaag 1080
 aaccaggtgt cctctgtggg tctcgtgaaa ggcttctacc ccagcgacat tgccctggaa 1140
 tgggagagca acggccagcc cgagaacaac tacaagacca cccccctgt gctggacagc 1200
 gacggctcat tcttctgta ctccaagctg accgtggaca agagccggtg gcaggaaggc 1260
 aacgtgttca gctgctccgt gatgcacgag gccctgcaca accactacac ccagaagtcc 1320
 ctgtctctgt cctggggcaa g 1341

<210> 475

<211> 654

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 475

gacatcgtgc tgacacagag cctgctagc ctggccgtgt ctctggaca gagggccacc 60
 atcacctgta gagccagcga gagcgtggaa tattacgtga ccagcctgat gcagtggat 120
 cagcagaagc cggccagcc cccaagctg ctgattttcg ccgccagcaa cgtggaagc 180
 ggcgtgccag ccagattttc cggcagcggc tctggcaccg acttcaccct gaccatcaac 240
 cccgtggaag ccaacgacgt ggccaactac tactgccagc agagccgaa ggtgccctac 300
 acctttggcc agggcaccaa gctggaatc aagcgtacgg tggccgctcc cagcgtgttc 360
 atcttcccac ctagcgacga gcagctgaag tccggcacag cctctgtcgt gtgcctgctg 420
 aacaacttct acccccgcga ggccaagtg cagtggaagg tggacaatgc cctgcagagc 480
 ggcaacagcc aggaaagcgt gaccgagcag gacagcaagg actccaccta cagcctgagc 540
 agcaccctga cctgagcaa ggccgactac gagaagcaca aggtgtacgc ctgcgaagtg 600
 acccaccagg gcctgtctag ccccgtgacc aagagcttca accggggcga gtgt 654

10 <210> 476

<211> 1797

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 476

cagggtgcagc tgggtggaatc tggcggcggg gtggtgcagc ctggcagaag cctgagactg 60
 agctgtgccg ccagcggcctt caccttacc aaggcctgga tgcactgggt gcgccagcc 120

ES 2 894 304 T3

cctggaagc agctggaatg ggtggcccag atcaaggaca agagcaacag ctacgccacc 180
 tactacgccg acagcgtgaa gggccggttc accatcagcc gggacgacag caagaacacc 240
 ctgtacctgc agatgaacag cctgcccggcc gaggacaccg cctgtgacta ctgtcggggc 300
 gtgtactatg ccttgagccc cttcgattac tggggccagg gaaccctcgt gaccctgtct 360
 agtgacaaaa cccataccca ggtgcacctg acacagagcg gacccgaagt gcggaagcct 420
 ggcacctctg tgaaggtgtc ctgcaaggcc cctggcaaca ccctgaaaac ctacgacctg 480
 cactgggtgc gcagcgtgcc aggacagga ctgcagtgga tgggctggat cagccacgag 540
 ggcgacaaga aagtgatcgt ggaacggttc aaggccaaag tgaccatcga ctgggacaga 600
 agcaccaaca ccgcctacct gcagctgagc ggctgacct ctggcgatac cgcctgtac 660
 tactgcgcca agggcagcaa gcaccggctg agagactacg ccctgtacga cgatgacggc 720
 gccctgaact gggccgtgga tgtggactac ctgagcaacc tgggaattctg gggccagggc 780
 acagccgtga ccgtgtcatc tgataagacc cacaccgcca gcacaaaggg cccatcgggtg 840
 ttccctctgg cccttgacg cagaagcacc agcgaatcta cagccgccct gggctgcctc 900
 gtgaaggact actttcccga gcccgtagcc gtgtcctgga actctggcgc tctgacaagc 960
 ggcgtgcaca cctttccagc cgtgctccag agcagcggcc tgtactctct gagcagcgtc 1020
 gtgacagtgc ccagcagcag cctgggcacc aagacctaca cctgtaacgt ggaccacaag 1080
 cccagcaaca ccaaggtgga caagcgggtg gaatctaagt acggccctcc ctgccctcct 1140
 tgcccagccc ctgaatttct gggcggacc tccgtgttcc tgttcccccc aaagcccaag 1200
 gacaccctga tgatcagccc gacccccgaa gtgacctgcg tgggtggtgga tgtgtcccag 1260
 gaagatcccg aggtgcagtt caattggtac gtggacggcg tggaaagtca caacgccaag 1320
 accaagccca gagaggaaca gttcaacagc acctaccggg tgggtgtccgt gctgaccgtg 1380
 ctgcaccagg actggctgaa cggcaaaagag tacaagtgca aggtgtccaa caaggccctg 1440
 cccagctcca tcgagaaaaac catcagcaag gccaaagggc agccccgca gcctcaagtg 1500
 tgtaccctgc ccctagcca ggaagagatg accaagaacc aggtgtccct gagctgtgcc 1560
 gtgaaaggct tctaccccag cgacattgcc gtggaatggg agagcaacgg ccagcccag 1620
 aacaactaca agaccacccc ccctgtgctg gacagcgacg gctcattctt cctggtgtcc 1680
 aagctgaccg tggacaagag ccggtggcag gaaggcaacg tgttcagctg ctccgtgatg 1740
 cacgaggccc tgcacaacca ctacaccag aagtccctgt ctctgtccct gggcaag 1797

<210> 477

<211> 1023

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 477

gacttcgtgc tgaccagag ccctcacagc ctgagcgtga cacctggcga gagcgcagc 60
 atcagctgca agagcagcca ctccctgatc cacggcgacc ggaacaacta cctggcttgg 120
 tacgtgcaga agcccggcag atccccccag ctgctgatct acctggccag cagcagagcc 180
 agecgcgtgc ccgatagatt ttctggcagc ggcagcgaca aggacttcac cctgaagatc 240
 agccgggtgg aaaccogagga cgtgggcacc tactactgta tgcagggcag agagagccc 300
 tggacctttg gccagggcac caaggtggac atcaaggaca aaaccatac cgacatcgtg 360
 atgaccacaga cccccctgag cctgagcgtg acacctggac agcctgccag catcagctgc 420
 aagagcagcc agagcctggt gcacaacaac gccaacacct acctgagctg gtatctgcag 480
 aagcccggcc agagccccca gtccctgatc tacaaggtgt ccaacagatt cagcgcgtg 540
 cccgacagat tctccggcag cggctctgpc accgacttca ccctgaagat cagccgggtg 600
 gaagccgagg acgtgggcgt gtactattgt ggccagggca cccagtaacc cttcaccttt 660
 ggcagcggca ccaaggtgga aatcaaggat aagaccata cccgtacggt ggccgctccc 720
 agcgtgttca tcttcccacc tagcgacgag cagctgaagt ccggcacagc ctctgtcgtg 780
 tgcctgtgta acaacttcta cccccgcgag gccaaagtgc agtggaaagt ggacaacgcc 840
 ctgcagagcg gcaacagcca ggaaagcgtg accgagcagg acagcaagga ctccacctac 900
 agcctgagca gcaccctgac actgagcaag gccgactacg agaagcaca ggtgtacgcc 960
 tgcgaagtga cccaccaggg cctgtctagc cccgtgacca agagcttcaa cccggggcag 1020
 tgt 1023

10 <210> 478

<400> 478

000

<210> 479

<211> 8

<212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 5 <400> 479
 Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr
 1 5
 <210> 480
 <211> 8
 <212> PRT
 10 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 480
 Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr
 1 5
 15 <210> 481
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 20 <223> Constructo sintético
 <400> 481
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val
 1 5 10
 <210> 482
 <211> 8
 25 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 482
 Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr Gly
 30 1 5
 <210> 483
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 35 <220>

<223> Constructo sintético
 <400> 483
 Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr
 1 5
 <210> 484
 5 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 10 <400> 484
 Ala Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp
 1 5 10
 <210> 485
 <211> 8
 <212> PRT
 15 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 485
 Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala Trp
 1 5
 20 <210> 486
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 25 <223> Constructo sintético
 <400> 486
 Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser
 1 5
 <210> 487
 <211> 12
 30 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 487

Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr
 1 5 10

<210> 488

<211> 6

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 488

Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 1 5

10 <210> 489

<211> 3

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 489

Lys Ala Ser
 1

<210> 490

<211> 9

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 490

Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr Thr
 1 5

25 <210> 491

<211> 10

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

30 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 491

Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Val Thr Ser Leu
 1 5 10

<210> 492

<211> 3
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 5 <223> Constructo sintético
 <400> 492
Ala Ala Ser
1
 <210> 493
 <211> 9
 10 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 493
Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr
 15 **1 5**
 <210> 494
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 20 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 494
Gln Ser Leu Val His Asn Asn Ala Asn Thr Tyr
1 5 10
 <210> 495
 25 <211> 3
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 30 <400> 495
Lys Val Ser
1
 <210> 496
 <211> 7
 <212> PRT
 35 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 496
 Gly Gln Gly Thr Gln Tyr Pro
 1 5

5 <210> 497
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>

10 <223> Constructo sintético
 <400> 497
 Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu Gln
 1 5 10 15

<210> 498
 <211> 20

15 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 498
 Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro Pro Gly Glu Glu
 1 5 10 15
 Tyr Phe Gln Asp
 20

20 <210> 499
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

25 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 499
 Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser Tyr
 1 5

<210> 500

30 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético

<400> 500
Ser Leu Arg Ser His Tyr
 1 5
 <210> 501
 <211> 3
 5 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 501
Gly Lys Asn
 10 1
 <210> 502
 <211> 121
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 15 <220>
 <223> Constructo sintético
 <400> 502
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gln Met Lys Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15
Ser Met Arg Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Glu Phe Ile Asp Cys
 20 25 30
Thr Leu Asn Trp Ile Arg Leu Ala Pro Gly Lys Arg Pro Glu Trp Met
 35 40 45
Gly Trp Leu Lys Pro Arg Gly Gly Ala Val Asn Tyr Ala Arg Pro Leu
 50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Val Tyr Ser Asp Thr Ala Phe
 65 70 75 80
Leu Glu Leu Arg Ser Leu Thr Val Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
Thr Arg Gly Lys Asn Cys Asp Tyr Asn Trp Asp Phe Glu His Trp Gly
 100 105 110
Arg Gly Thr Pro Val Ile Val Ser Ser
 115 120
 20 <210> 503
 <211> 122
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 25 <223> Constructo sintético
 <400> 503

ES 2 894 304 T3

Arg Ala His Leu Val Gln Ser Gly Thr Ala Met Lys Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Arg Val Ser Cys Gln Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ala His
 20 25 30
 Ile Leu Phe Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Trp Ile Lys Pro Gln Tyr Gly Ala Val Asn Phe Gly Gly Gly Phe
 50 55 60
 Arg Asp Arg Val Thr Leu Thr Arg Asp Val Tyr Arg Glu Ile Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Asp Ile Arg Gly Leu Lys Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Arg Ser Tyr Gly Asp Ser Ser Trp Ala Leu Asp Ala Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Val Val Val Ser Ala
 115 120

<210> 504

<211> 131

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 504

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Ser Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser
 130

10

<210> 505

<211> 131

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 505

ES 2 894 304 T3

Glu Val Arg Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ser Ala Ser Gly Phe Asp Phe Asp Asn Ala
 20 25 30
 Trp Met Thr Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Gly Arg Ile Thr Gly Pro Gly Glu Gly Trp Ser Val Asp Tyr Ala Glu
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Thr Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Glu Met Asn Asn Val Arg Thr Glu Asp Thr Gly Tyr Tyr
 85 90 95
 Phe Cys Ala Arg Thr Gly Lys Tyr Tyr Asp Phe Trp Trp Gly Tyr Pro
 100 105 110
 Pro Gly Glu Glu Tyr Phe Gln Asp Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Ile
 115 120 125
 Val Ser Ser
 130

<210> 506

<211> 141

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 506

Gln Val His Leu Thr Gln Ser Gly Pro Glu Val Arg Lys Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Pro Gly Asn Thr Leu Lys Thr Tyr
 20 25 30
 Asp Leu His Trp Val Arg Ser Val Pro Gly Gln Gly Leu Gln Trp Met
 35 40 45
 Gly Trp Ile Ser His Glu Gly Asp Lys Lys Val Ile Val Glu Arg Phe
 50 55 60
 Lys Ala Lys Val Thr Ile Asp Trp Asp Arg Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Gly Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Gly Ser Lys His Arg Leu Arg Asp Tyr Ala Leu Tyr Asp Asp
 100 105 110
 Asp Gly Ala Leu Asn Trp Ala Val Asp Val Asp Tyr Leu Ser Asn Leu
 115 120 125
 Glu Phe Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser
 130 135 140

10 <210> 507

<211> 145

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 507

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Thr
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gln Phe Arg Phe Asp Gly Tyr
 20 25 30
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Ser Ile Ser His Asp Gly Ile Lys Lys Tyr His Ala Glu Lys Val
 50 55 60
 Trp Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Lys Asp Leu Arg Glu Asp Glu Cys Glu Glu Trp Trp Ser Ser Tyr
 100 105 110
 Tyr Asp Phe Gly Lys Gln Leu Pro Cys Ala Lys Ser Arg Gly Gly Leu
 115 120 125
 Val Gly Ile Ala Asp Asn Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser
 130 135 140
 Ser
 145

<210> 508

<211> 132

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 508

Gln Met Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Val Ser Gly Ala Ser Ile Ser Asp Ser
 20 25 30
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Arg Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Tyr Val His Lys Ser Gly Asp Thr Asn Tyr Ser Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Val Asn Leu Ser Leu Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Ser Leu Val Ala Ala Thr Ala Ala Asp Ser Gly Lys Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Thr Leu His Gly Arg Arg Ile Tyr Gly Ile Val Ala Phe Asn Glu
 100 105 110
 Trp Phe Thr Tyr Phe Tyr Met Asp Val Trp Gly Asn Gly Thr Gln Val
 115 120 125
 Thr Val Ser Ser
 130

10 <210> 509

<211> 120

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 509

ES 2 894 304 T3

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
 35 40 45
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asn Val Asn Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
 50 55 60
 Gln Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Thr Arg Ser His Tyr Gly Leu Asp Trp Asn Phe Asp Val Trp Gly Lys
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 510

<211> 120

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 510

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu Ser Asp Tyr
 20 25 30
 Gly Val His Trp Val Arg Gln Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu
 35 40 45
 Gly Val Ile Trp Ala Gly Gly Gly Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
 50 55 60
 Ser Arg Lys Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn Gln Val Ser Leu
 65 70 75 80
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Lys Gly Tyr Ser Tyr Tyr Tyr Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln
 100 105 110
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

10 <210> 511

<211> 121

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 511

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15

ES 2 894 304 T3

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Thr Lys Ala
 20 25 30
 Trp Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Gln Ile Lys Asp Lys Ser Asn Ser Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
 50 55 60
 Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
 65 70 75 80
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Arg Gly Val Tyr Tyr Ala Leu Ser Pro Phe Asp Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120

<210> 512

<211> 103

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 512

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ile Ser Cys Arg Thr Ser Gln Tyr Gly Ser Leu Ala
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Val Ile Tyr Ser
 35 40 45
 Gly Ser Thr Arg Ala Ala Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg
 50 55 60
 Trp Gly Pro Asp Tyr Asn Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Gly Asp
 65 70 75 80
 Phe Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Glu Phe Phe Gly Gln Gly Thr
 85 90 95
 Lys Val Gln Val Asp Ile Lys
 100

10 <210> 513

<211> 103

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 513

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys

100

<210> 514

<211> 103

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 514

```

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
      20           25           30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
      35           40           45
His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65           70           75           80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
      85           90           95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys
      100
    
```

10 <210> 515

<211> 103

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 515

```

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
      20           25           30
Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
      35           40           45
His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
65           70           75           80
Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
      85           90           95
Gly Ser Arg Leu His Ile Lys
      100
    
```

<210> 516

<211> 103

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 516

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Asp Ala Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Asn Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys
 100

<210> 517

5 <211> 103

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

10 <400> 517

Tyr Ile His Val Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Asn Cys Gln Thr Ser Gln Gly Val Gly Ser Asp
 20 25 30
 Leu His Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Arg Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 His His Thr Ser Ser Val Glu Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60
 Ser Gly Phe His Thr Ser Phe Gln Leu Thr Ile Ser Asp Leu Gln Ala
 65 70 75 80
 Asp Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Val Leu Gln Phe Phe Gly Arg
 85 90 95
 Gly Ser Arg Leu His Ile Lys
 100

<210> 518

<211> 109

<212> PRT

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 518

Ala Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Lys Gln
 1 5 10 15
 Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Gly Asp Ser Leu Arg Ser His Tyr Ala
 20 25 30
 Ser Trp Tyr Gln Lys Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr
 35 40 45
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50 55 60
 Ala Ser Gly Asn Arg Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Arg Asp Lys Ser Gly Ser Arg
 85 90 95
 Leu Ser Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
 100 105

<210> 519

<211> 112

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 519

Asp Phe Val Leu Thr Gln Ser Pro His Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser His Ser Leu Ile His Gly
 20 25 30
 Asp Arg Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Val Gln Lys Pro Gly Arg Ser
 35 40 45
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Asp Lys Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Thr Tyr Tyr Cys Met Gln Gly
 85 90 95
 Arg Glu Ser Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
 100 105 110

10 <210> 520

<211> 111

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 520

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Ala Ala Pro Gly Gln
 1 5 10 15
 Lys Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Ile Gly Asn Asn
 20 25 30
 Phe Val Ser Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Arg Ala Pro Gln Leu Leu
 35 40 45
 Ile Tyr Glu Thr Asp Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
 50 55 60
 Ala Ser Lys Ser Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln
 65 70 75 80
 Thr Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Ala Ala Ser Leu
 85 90 95
 Ser Ser Ala Arg Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Ile Val Leu
 100 105 110

<210> 521

<211> 105

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5 <220>

<223> Constructo sintético

<400> 521

```

Ser Asp Ile Ser Val Ala Pro Gly Glu Thr Ala Arg Ile Ser Cys Gly
 1           5           10           15
Glu Lys Ser Leu Gly Ser Arg Ala Val Gln Trp Tyr Gln His Arg Ala
 20           25           30
Gly Gln Ala Pro Ser Leu Ile Ile Tyr Asn Asn Gln Asp Arg Pro Ser
 35           40           45
Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Pro Asp Ser Pro Phe Gly Thr
 50           55           60
Thr Ala Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp
 65           70           75           80
Tyr Tyr Cys His Ile Trp Asp Ser Arg Val Pro Thr Lys Trp Val Phe
 85           90           95
Gly Gly Gly Thr Thr Leu Thr Val Leu
 100           105
    
```

10 <210> 522

<211> 107

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 522

```

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1           5           10           15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asn Ile Tyr Val Trp
 20           25           30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 35           40           45
Tyr Lys Ala Ser Asn Leu His Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50           55           60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65           70           75           80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Gln Thr Tyr Pro Tyr
 85           90           95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100           105
    
```

<210> 523

<211> 111

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 523

ES 2 894 304 T3

Asp Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
 20 25 30
 Val Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
 35 40 45
 Lys Leu Leu Ile Phe Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
 65 70 75 80
 Pro Val Glu Ala Asn Asp Val Ala Asn Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Arg
 85 90 95
 Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 524

<211> 112

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 524

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ser Val Thr Pro Gly
 1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Val His Asn
 20 25 30
 Asn Ala Asn Thr Tyr Leu Ser Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Gln Ser Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gly Gln Gly
 85 90 95
 Thr Gln Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105 110

10 <210> 525

<211> 5

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> Constructo sintético

<400> 525

Asp Lys Thr His Thr
 1 5

<210> 526

<211> 6

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Constructo sintético

<400> 526

Thr Lys Gly Pro Ser Arg
1 5

REIVINDICACIONES

1. Una proteína de unión que comprende cuatro cadenas polipeptídicas que forman tres sitios de unión a antígeno que se unen específicamente a una o más proteínas diana de VIH, en la que una primera cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:

5 $V_{L2}-L_1-V_{L1}-L_2-C_L$ [I]

y una segunda cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:

$V_{H1}-L_3-V_{H2}-L_4-C_{H1}$ -bisagra- $C_{H2}-C_{H3}$ [II]

y una tercera cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:

$V_{H3}-C_{H1}$ -bisagra- $C_{H2}-C_{H3}$ [III]

10 y una cuarta cadena polipeptídica comprende una estructura representada por la fórmula:

$V_{L3}-C_L$ [IV]

en la que:

V_{L1} es un primer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{L2} es un segundo dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

15 V_{L3} es un tercer dominio variable de la cadena ligera de inmunoglobulina;

V_{H1} es un primer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

V_{H2} es un segundo dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

V_{H3} es un tercer dominio variable de la cadena pesada de inmunoglobulina;

C_L es un dominio constante de la cadena ligera de inmunoglobulina;

20 C_{H1} es un dominio constante de la cadena pesada C_{H1} de inmunoglobulina;

C_{H2} es un dominio constante de la cadena pesada C_{H2} de inmunoglobulina;

C_{H3} es un dominio constante de la cadena pesada C_{H3} de inmunoglobulina;

bisagra es una región bisagra de inmunoglobulina que conecta los dominios C_{H1} y C_{H2} ; y

L_1 , L_2 , L_3 y L_4 son conectores de aminoácidos;

25 y en la que el polipéptido de fórmula I y el polipéptido de fórmula II forman un par de cadena ligera-cadena pesada cruzada, y

en la que:

(a) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 266, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 267, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 268; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 256; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 248, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 497, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 250; o

(b) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 269, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 270, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 271; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia

de SEQ ID NO: 256; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 251, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 252, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 253; o

- 5 (c) V_{L1} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 275, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 276, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 277; V_{L2} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 500, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 501, y una CDR-L3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 274; V_{L3} comprende una CDR-L1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 269, una CDR-L2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 270, y una CDR-L3 que
10 comprende la secuencia de SEQ ID NO: 271; V_{H1} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 257, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 258, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 259; V_{H2} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 254, una CDR-H2 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 255, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 256; y V_{H3} comprende una CDR-H1 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 251, una CDR-H2 que comprende la secuencia
15 de SEQ ID NO: 252, y una CDR-H3 que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 253.

2. La proteína de unión según la reivindicación 1, en la que:

- (a) V_{L1} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L2} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L3} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 512; V_{H1} comprende un dominio
20 variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; V_{H2} comprende un dominio variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; y V_{H3} comprende un dominio variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 502; o

- (b) V_{L1} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L2} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L3} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 513; V_{H1} comprende un dominio
25 variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; V_{H2} comprende un dominio variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; y V_{H3} comprende un dominio variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 503; o

- (c) V_{L1} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 519; V_{L2} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 518; V_{L3} comprende un dominio variable de la cadena ligera que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 513; V_{H1} comprende un dominio
30 variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 506; V_{H2} comprende un dominio variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 504; y V_{H3} comprende un dominio variable de la cadena pesada que comprende la secuencia de SEQ ID NO: 503.

35 3. La proteína de unión según la reivindicación 1 o la reivindicación 2, en la que:

- (a) el dominio C_{H3} de la segunda cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácido en las posiciones correspondientes a las posiciones 354 y 366 de la IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W; y en la que el dominio C_{H3} de la tercera cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de la IgG1
40 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V; o

- (b) el dominio C_{H3} de la segunda cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 349, 366, 368 y 407 de IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son Y349C, T366S, L368A e Y407V; y en la que el dominio C_{H3} de la tercera cadena polipeptídica comprende sustituciones de aminoácidos en las posiciones correspondientes a las posiciones 354 y 366 de IgG1
45 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son S354C y T366W.

4. La proteína de unión según cualquiera de las reivindicaciones 1-3, en la que los dominios C_{H3} de la segunda y tercera cadenas polipeptídicas comprenden ambas sustituciones de aminoácidos en posiciones correspondientes a las posiciones 428 y 434 de IgG1 humana según el índice UE, en la que las sustituciones de aminoácidos son M428L y N434S.

50 5. La proteína de unión según cualquiera de las reivindicaciones 1-4, en la que:

(a) al menos uno de L₁, L₂, L₃ o L₄ tiene independientemente 0 aminoácidos de longitud; o

(b) L₁, L₂, L₃ o L₄ tienen cada uno independientemente al menos un aminoácido de longitud.

6. La proteína de unión según la reivindicación 5, en la que L₁, L₂, L₃ y/o L₄ comprenden la secuencia Asp-Lys-Thr-His-Thr (SEQ ID NO: 525).

7. Una proteína de unión que comprende una primera cadena polipeptídica, una segunda cadena polipeptídica, una tercera cadena polipeptídica y una cuarta cadena polipeptídica en la que:

5 (a) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 4; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 3 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 3; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 2;

10 (b) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 12; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 11 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 11; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 9 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 9; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10;

15 (c) la primera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 20; la segunda cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 19 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 19; la tercera cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 17 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 17; y la cuarta cadena polipeptídica comprende la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18 o una secuencia de aminoácidos que es al menos 95% idéntica a la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 18.

8. Una molécula de ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica la proteína de unión según cualquiera de las reivindicaciones 1-7.

9. Un vector de expresión que comprende la molécula de ácido nucleico según la reivindicación 8.

30 10. Un sistema vectorial que comprende uno o más vectores que codifican una primera, segunda, tercera y cuarta cadena polipeptídica de una proteína de unión según cualquiera de las reivindicaciones 1-7, en la que opcionalmente:

35 (a) el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera cadena polipeptídica de la proteína de unión, un segundo vector que codifica la segunda cadena polipeptídica de la proteína de unión, un tercer vector que codifica la tercera cadena polipeptídica de la proteína de unión, y un cuarto vector que codifica la cuarta cadena polipeptídica de la proteína de unión o

(b) el sistema vectorial comprende un primer vector que codifica la primera y segunda cadenas polipeptídicas de la proteína de unión, y un segundo vector que codifica la tercera y cuarta cadenas polipeptídicas de la proteína de unión.

40 11. Una célula huésped aislada que comprende la molécula de ácido nucleico según la reivindicación 8, el vector de expresión según la reivindicación 9, o el sistema vectorial según la reivindicación 10 en la que opcionalmente la célula huésped es una célula de mamífero o una célula de insecto.

12. Un método para producir una proteína de unión, comprendiendo el método:

a) cultivar una célula huésped según la reivindicación 11 en condiciones tales que la célula huésped exprese la proteína de unión; y

b) aislar la proteína de unión de la célula huésped.

45 13. La proteína de unión según cualquiera de las reivindicaciones 1-7 para el uso en un método de prevención y/o tratamiento de infección por VIH en un paciente, que comprende administrar al paciente una cantidad terapéuticamente eficaz de la proteína de unión, en la que la proteína de unión se co-administra opcionalmente con terapia anti-retroviral estándar, y en la que el paciente ese opcionalmente un ser humano.

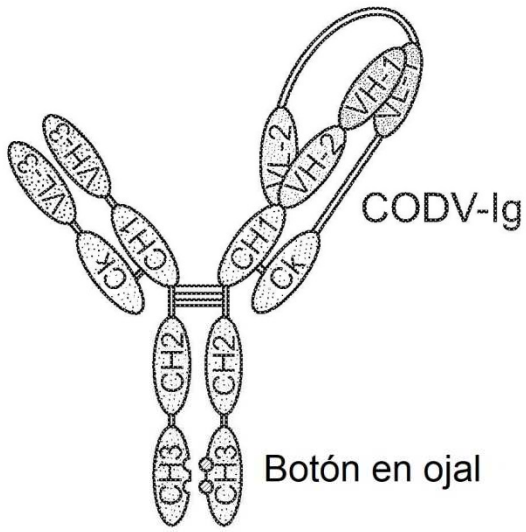


FIG. 1A

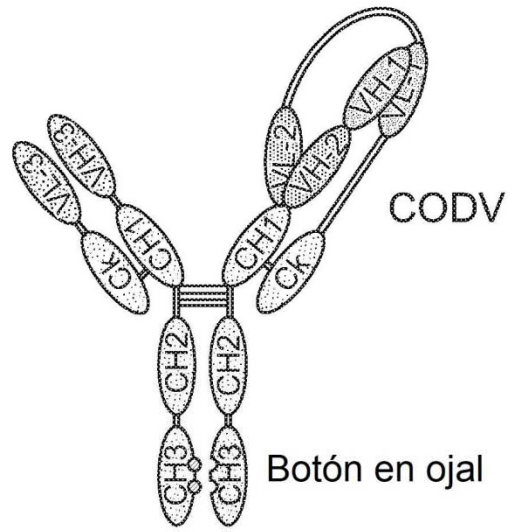


FIG. 1B

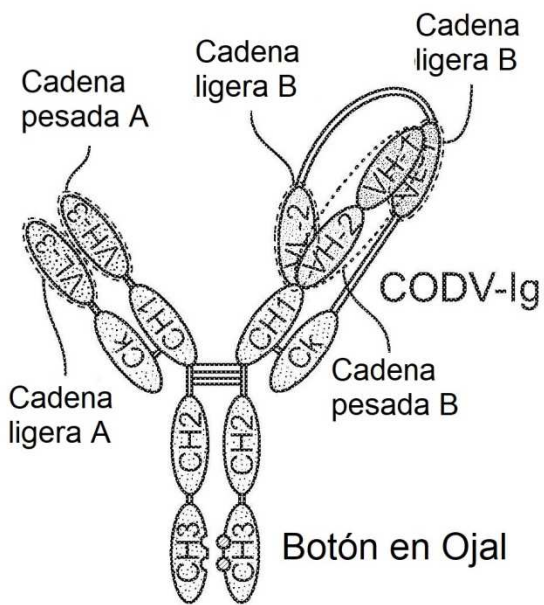


FIG. 1C

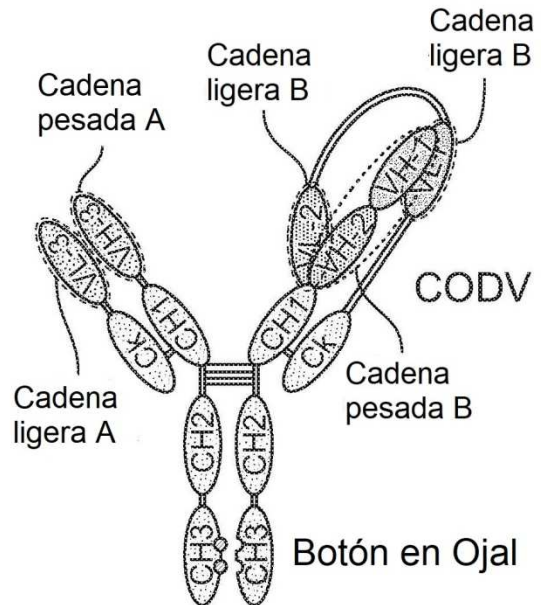
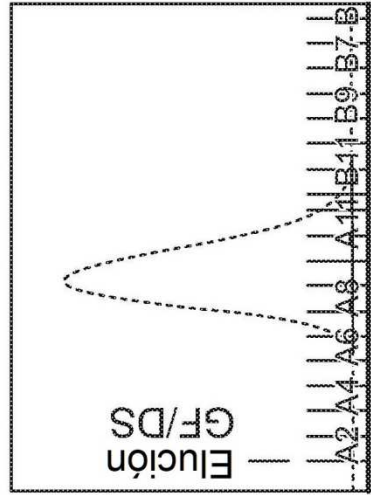


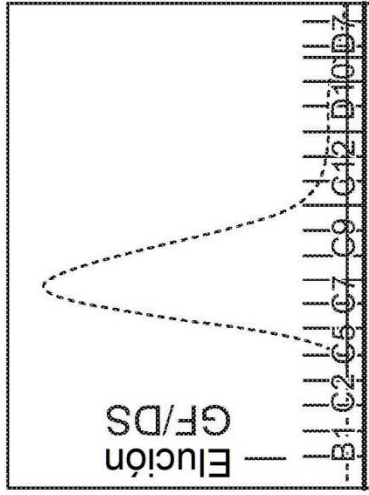
FIG. 1D

Cromat. de afinidad de prot. A

Proteína de unión 2



Proteína de unión 3



Proteína de unión 24

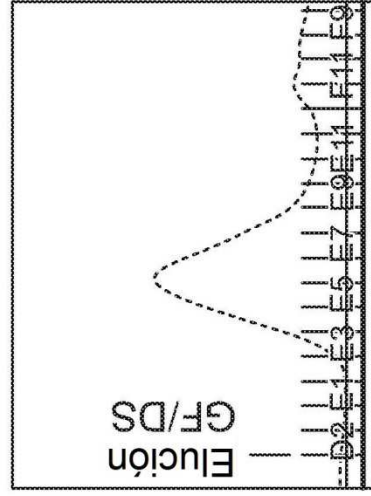
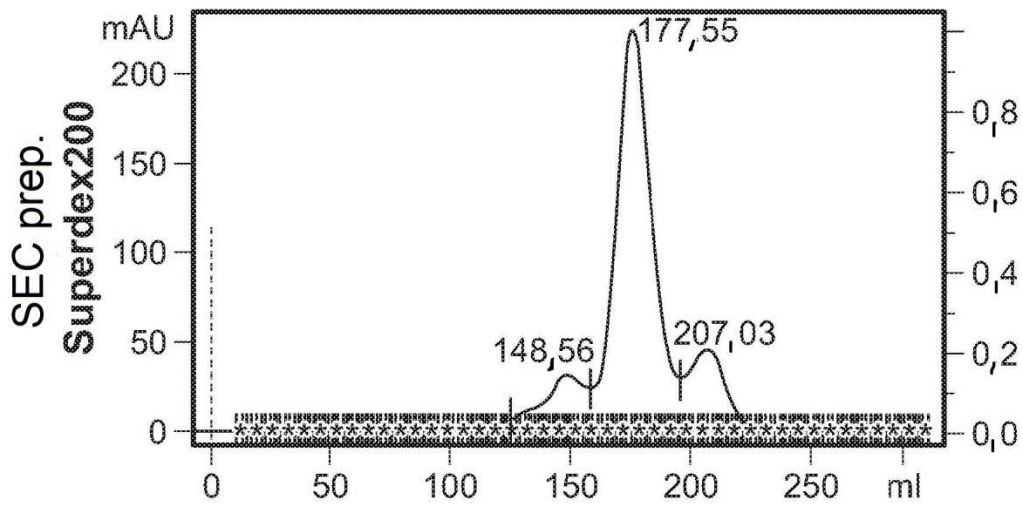
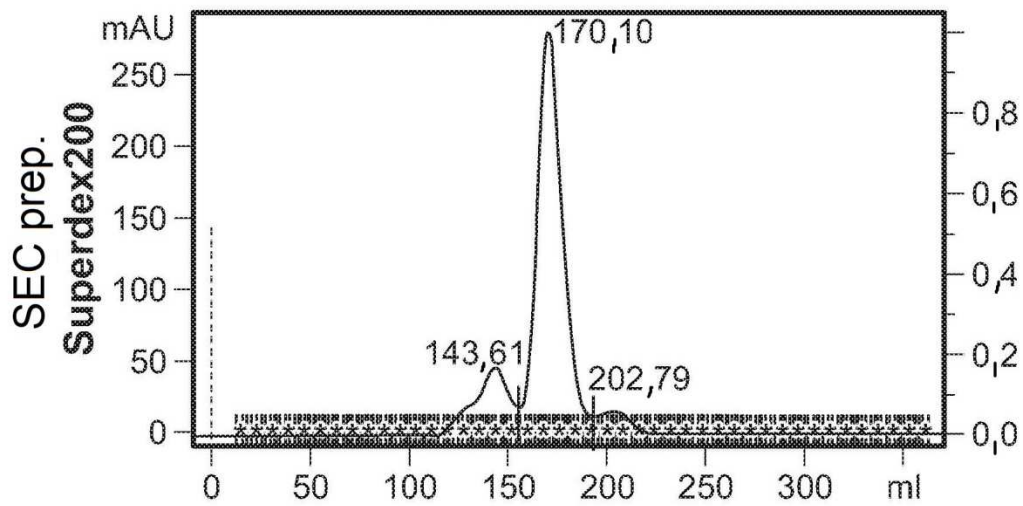


FIG. 2A

Proteína de unión 2



Proteína de unión 3



Proteína de unión 24

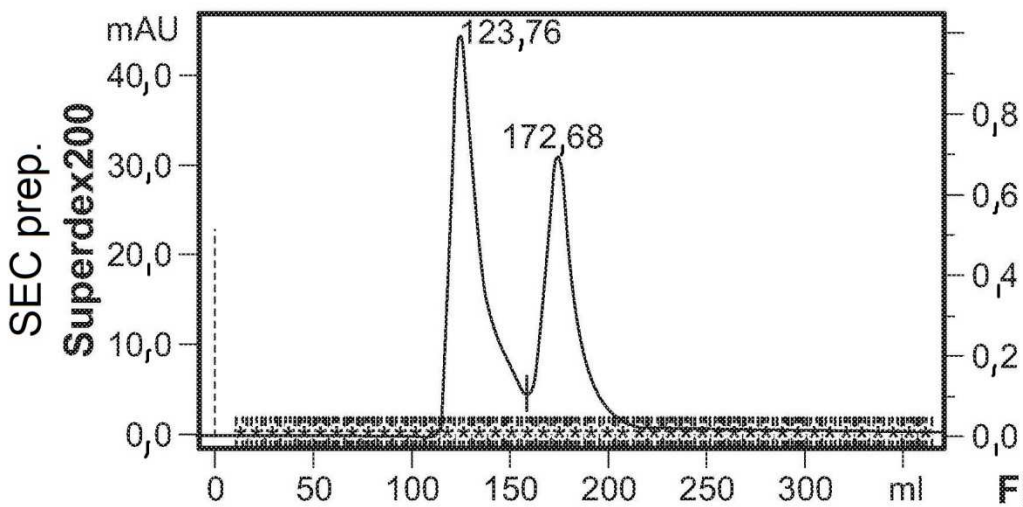


FIG. 2B

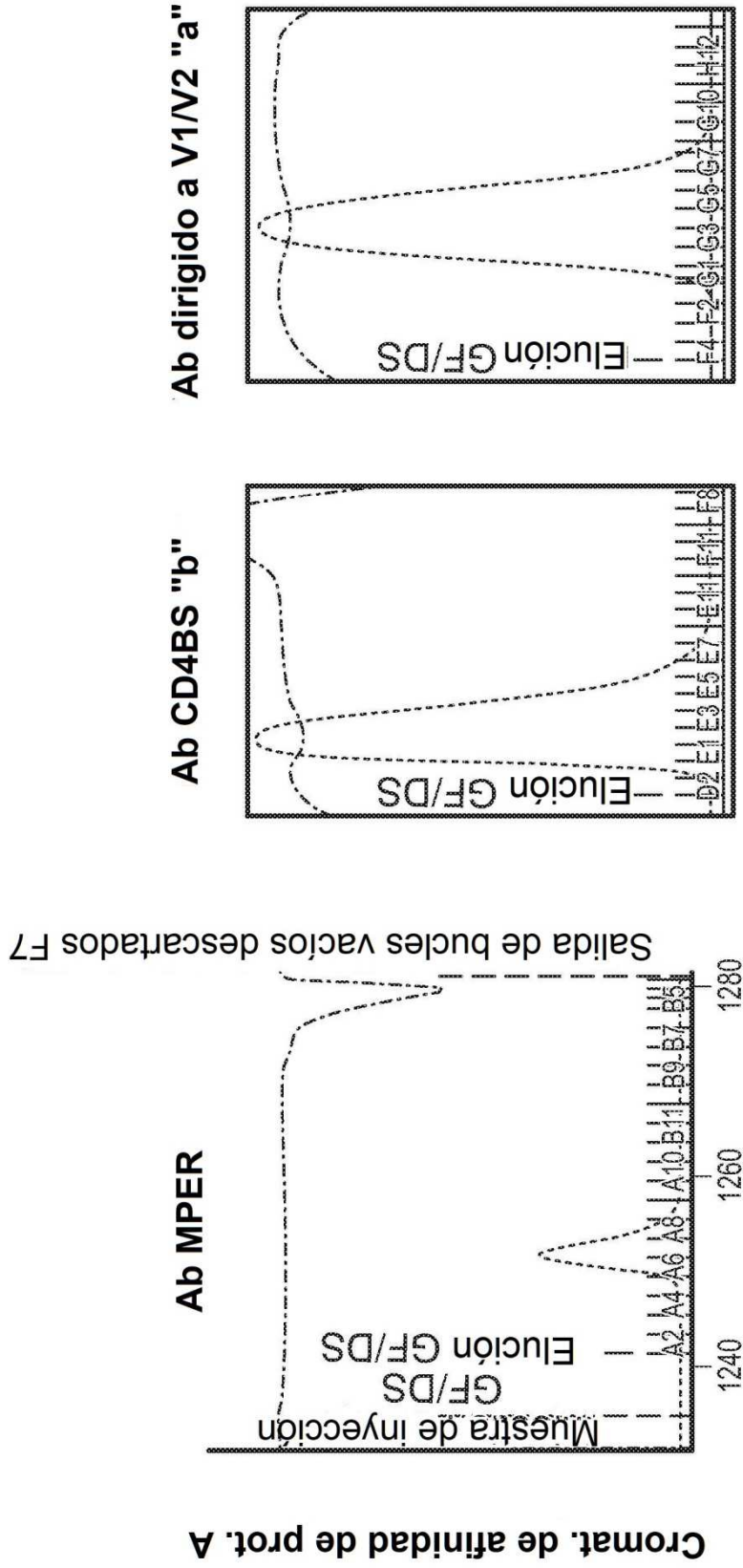


FIG. 3A

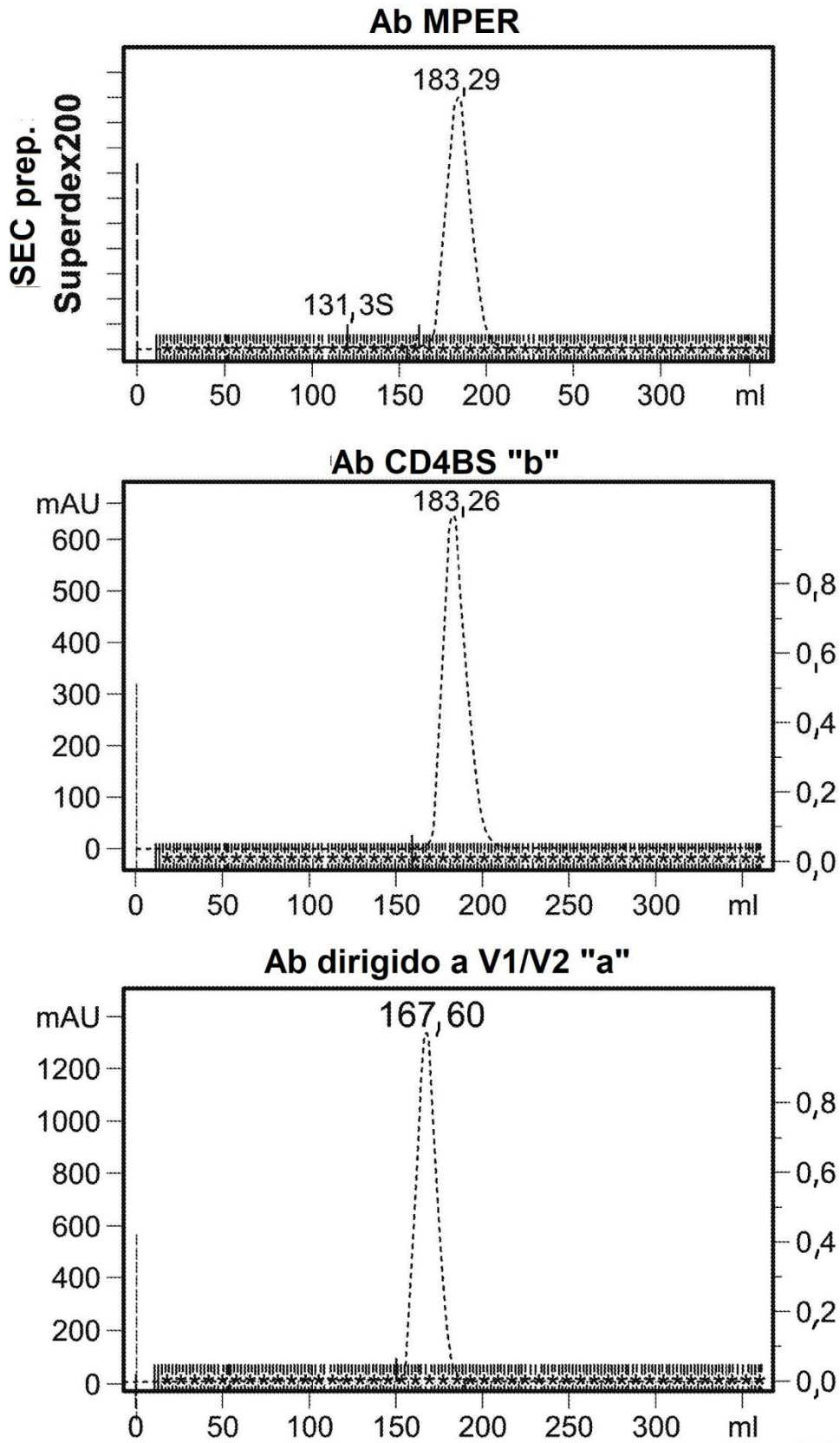


FIG. 3B

MPER-Ab dirigido a V1/V2 "a"

dirigido a V1/V2 "a"-Ab MPER

----- Inyección Superdex 200 16 600 BisAb CODV4026:10

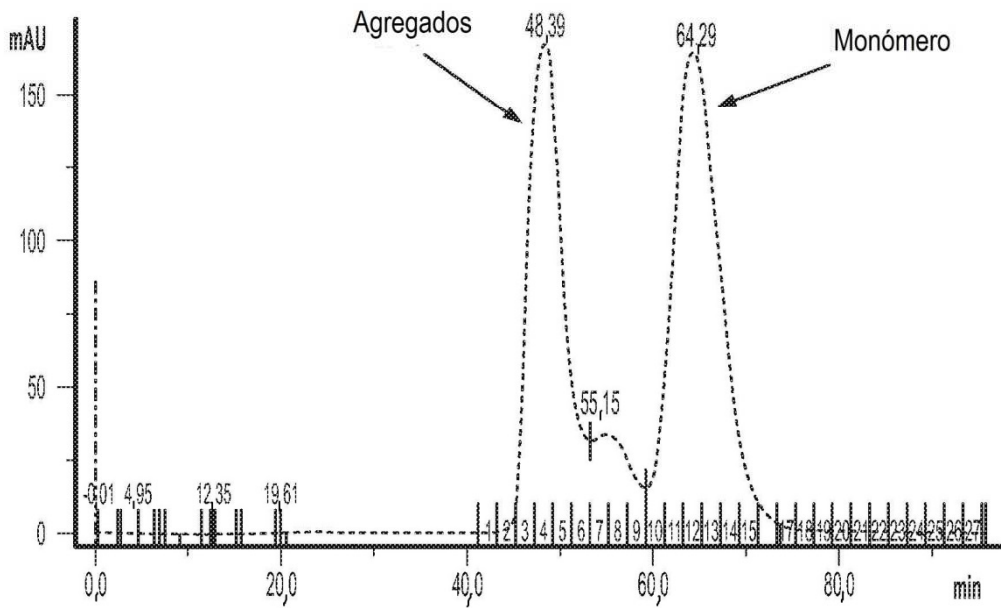
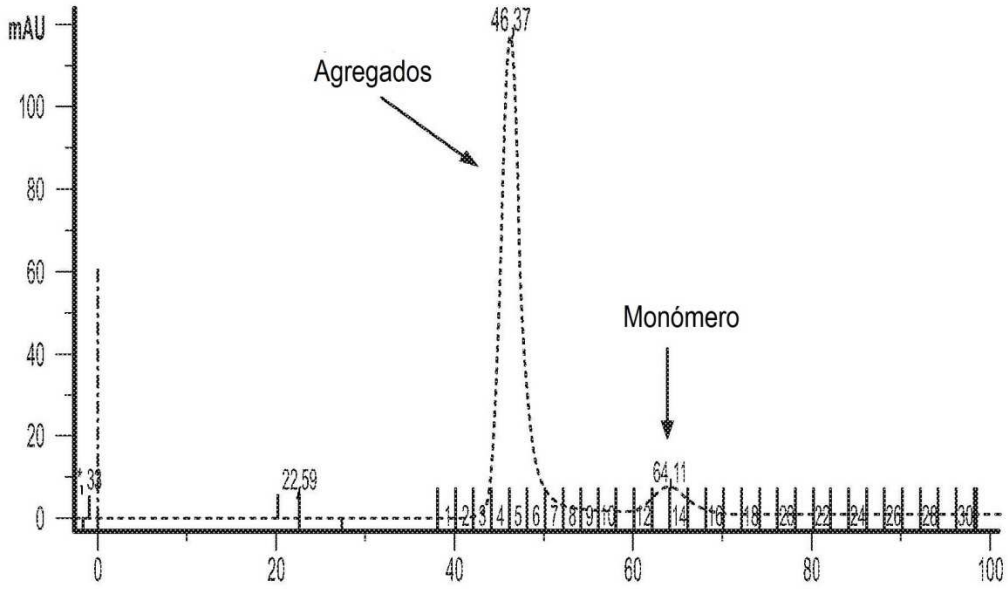
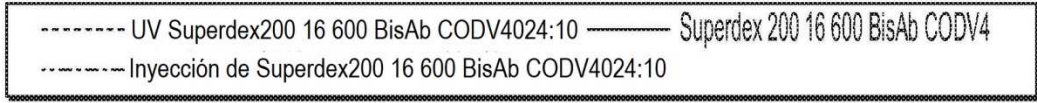


FIG. 4A

CD4BS "b"-Ab dirigido a V1/V2 "a"



dirigido a V1/V2 "a"-Ab CD4BS "b"

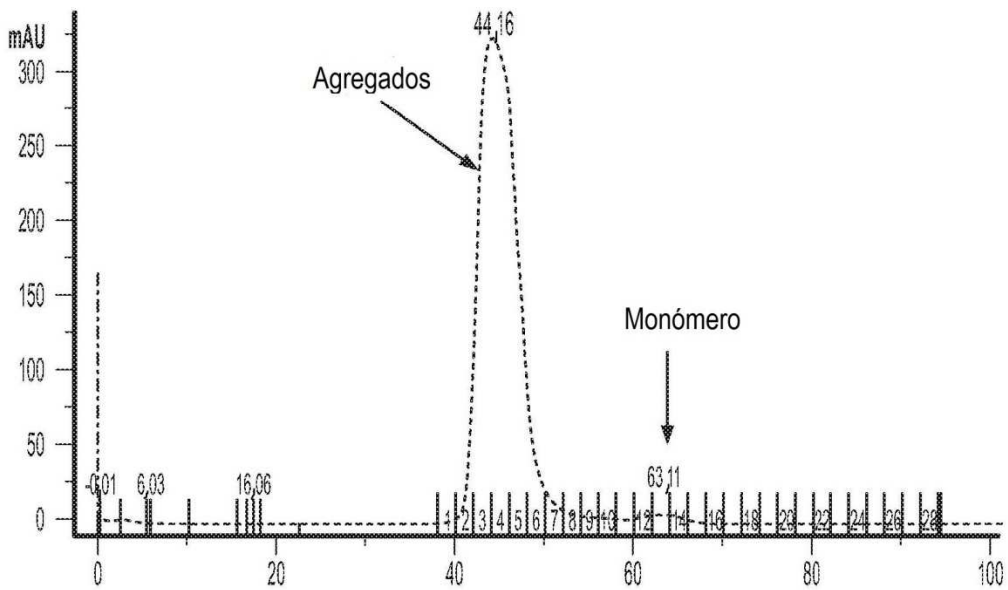
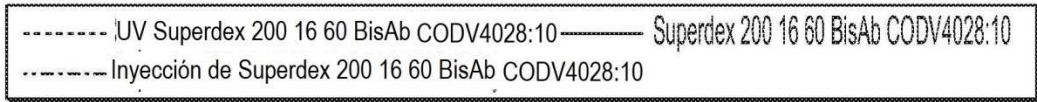


FIG. 4A (Cont.)

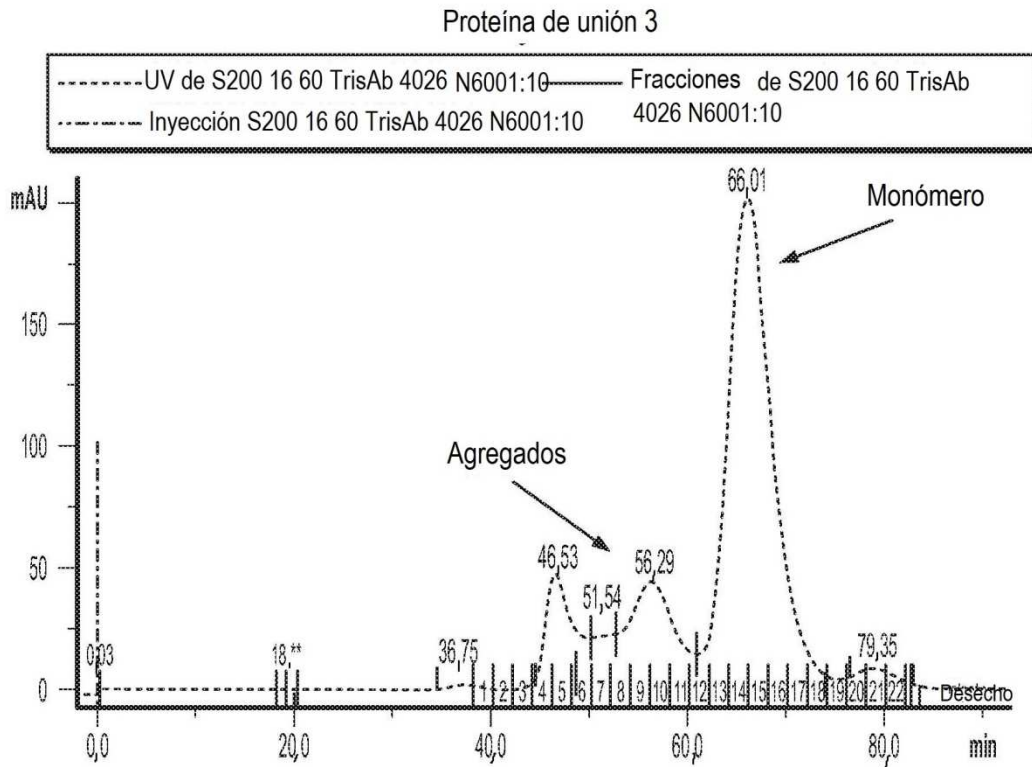
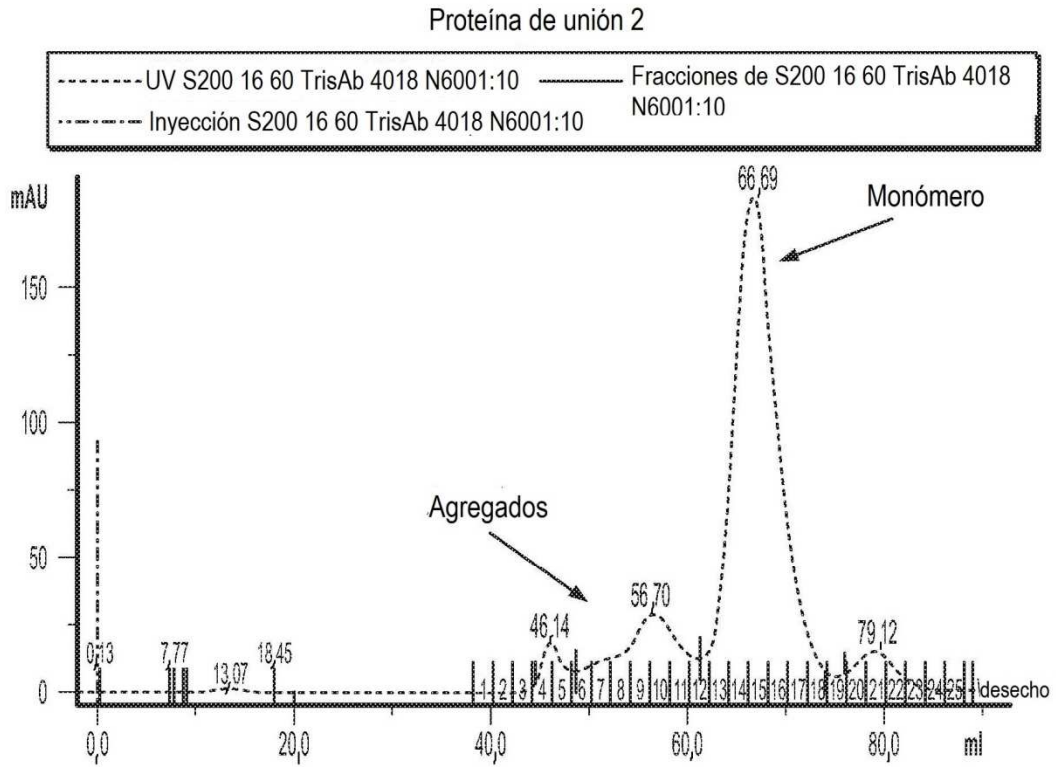
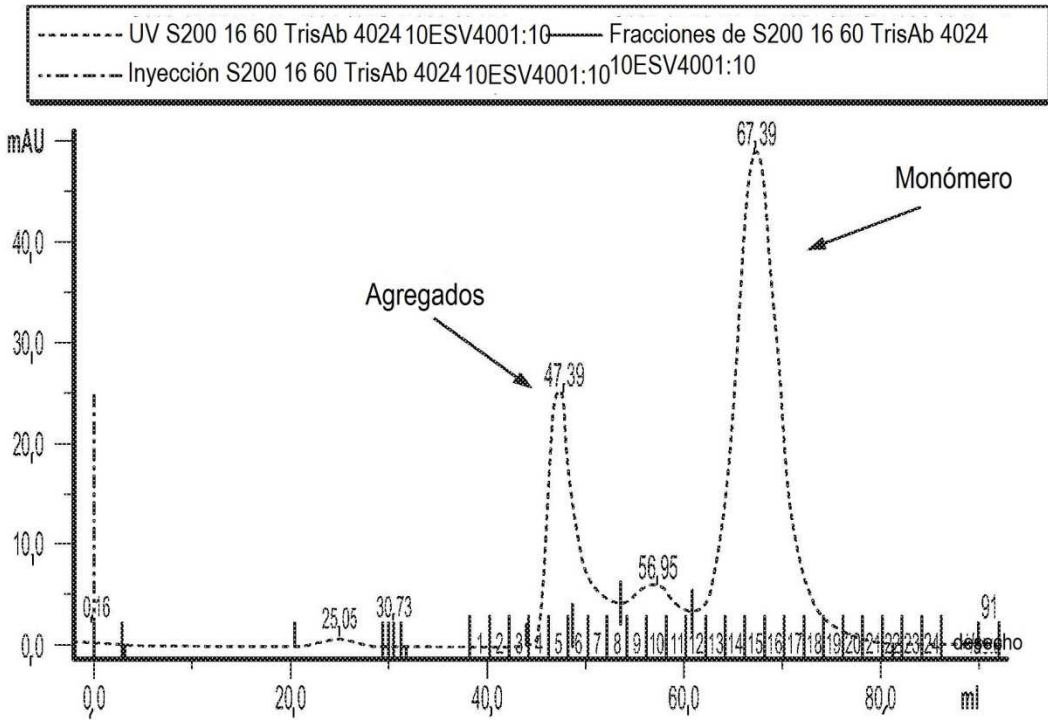


FIG. 4B

Proteína de unión 23



Proteína de unión 24

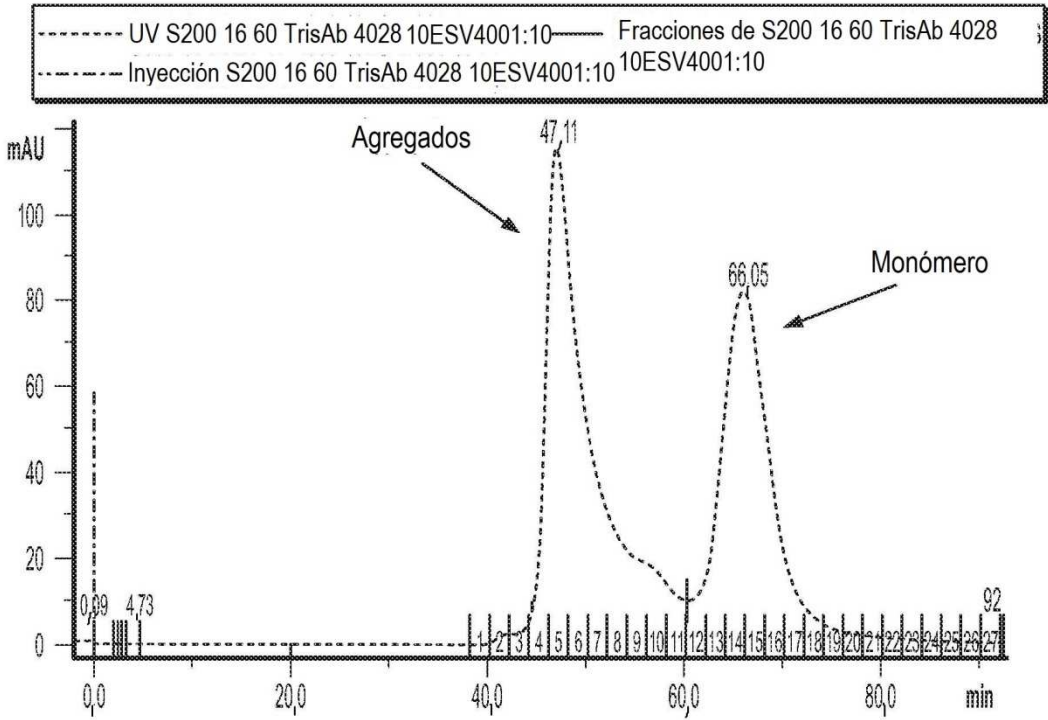


FIG. 4B (Cont.)

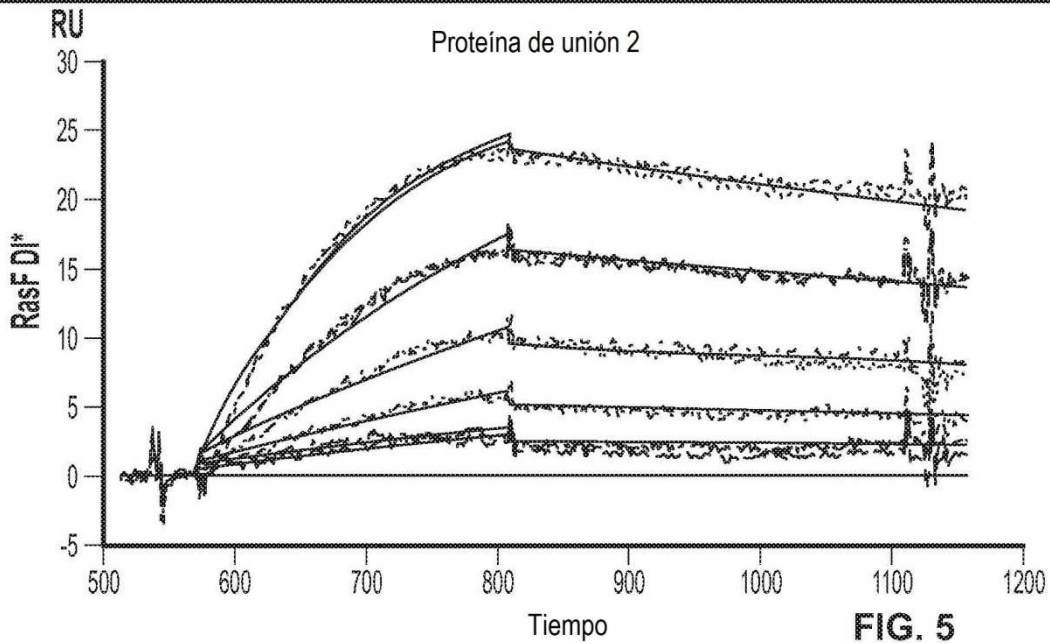
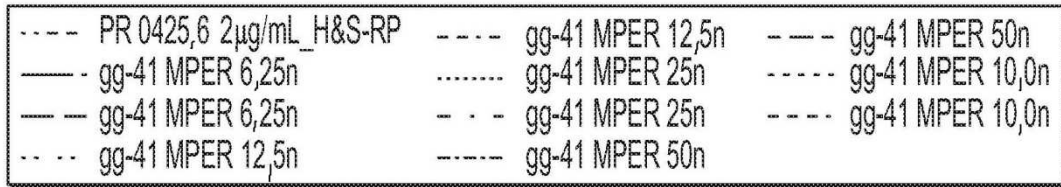
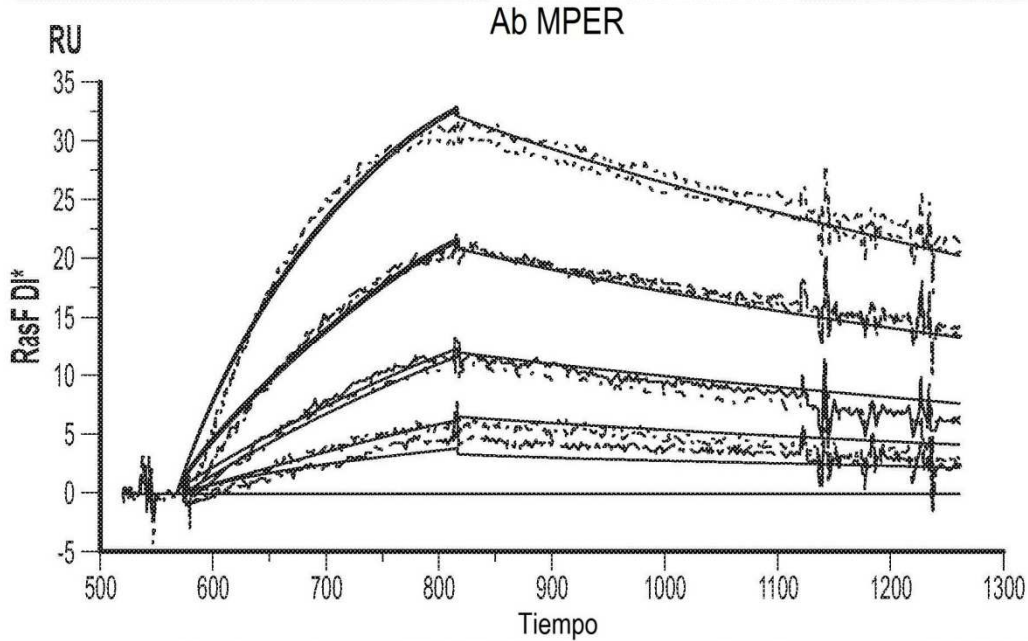
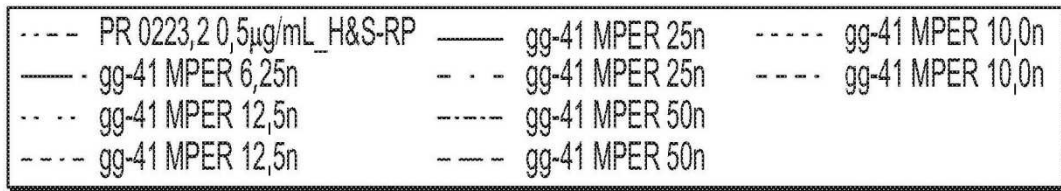


FIG. 5

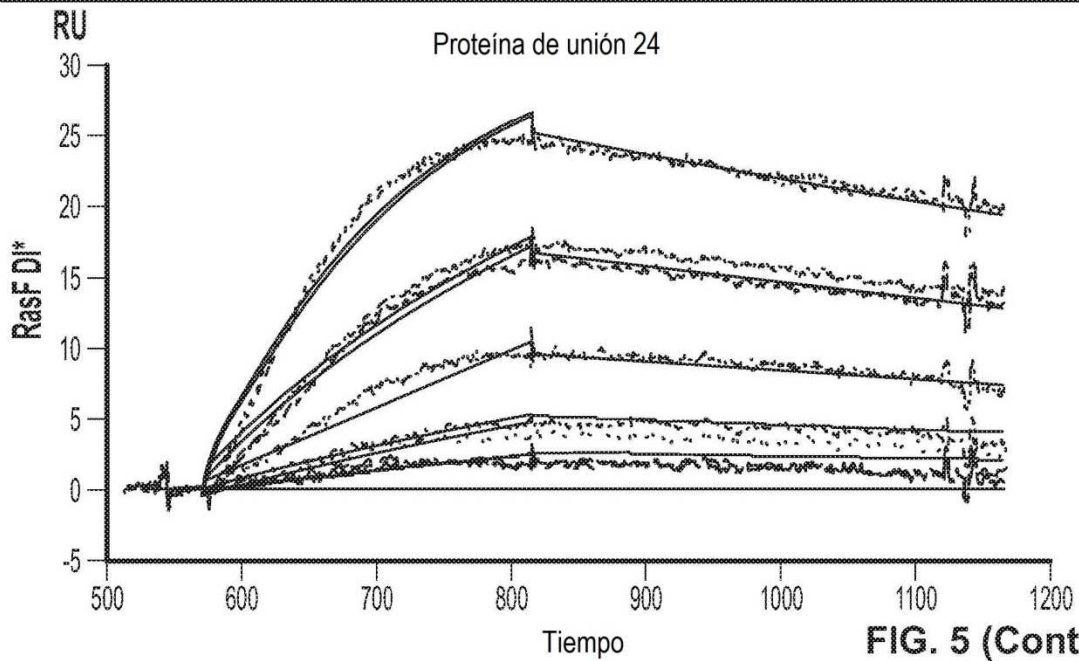
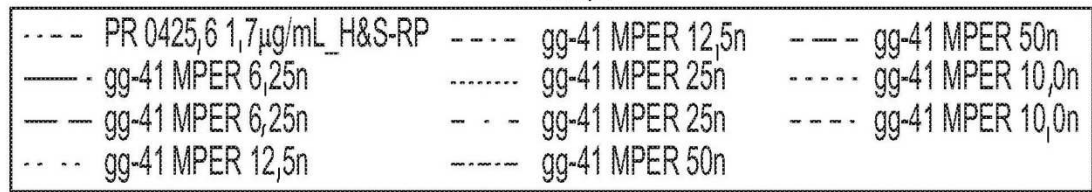
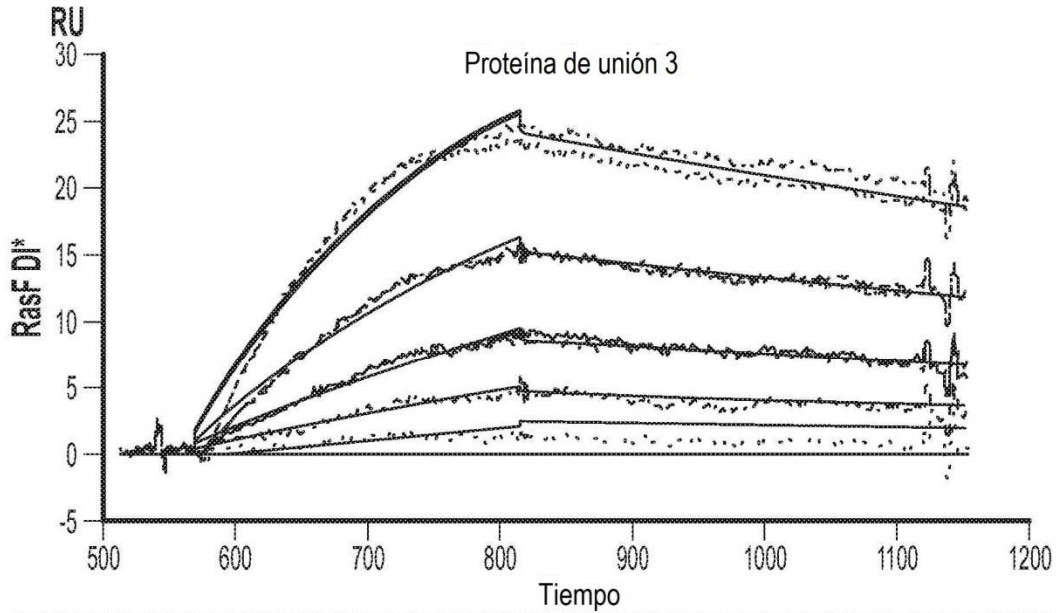
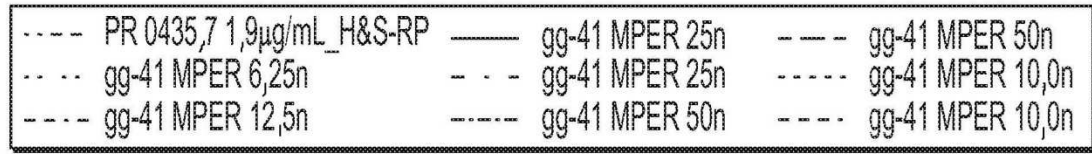
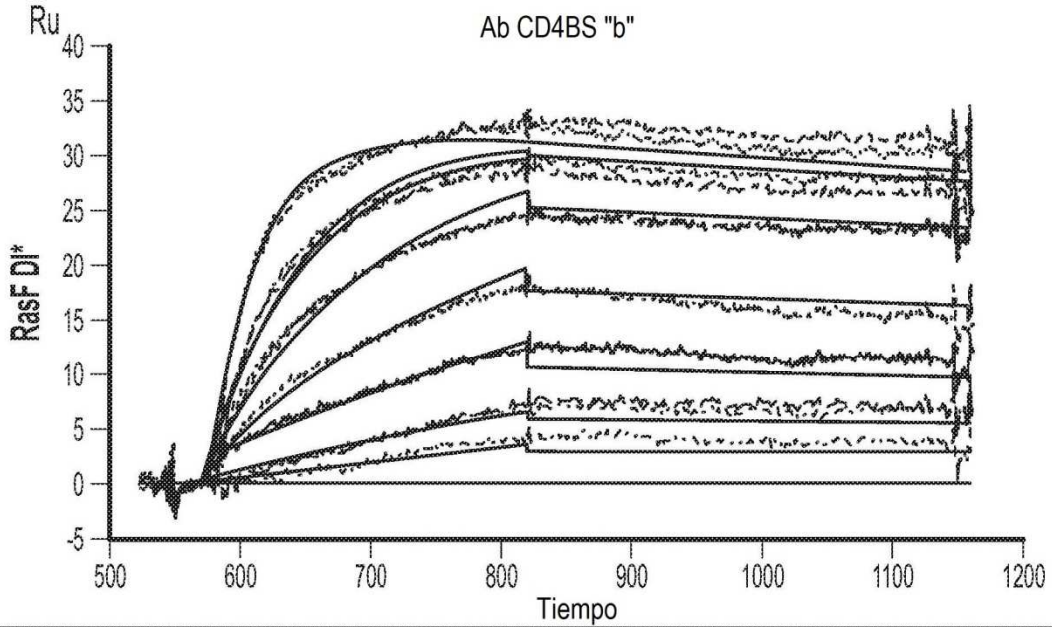


FIG. 5 (Cont.)

----	MBS CP	-----	PBO 4366 6,25 nM	-----	PBO 4366 50nM
----	PBO 4366 1,58 nM	-----	PBO 4366 12,5 nM	-----	PBO 4366 50 nM
.....	PBO 4366 3,16 nM	-----	PBO 4366 25 nM	-----	PBO 4366 100 nM
----	PBO 4366 3,16 nM	-----	PBO 4366 25 nM	-----	PBO 4366 100 nM



----	Go 120(***) 12 nM - MBS - CP	-----	PBO 4358 6,25 nM	-----	PBO 4358 25 nM	-----	PBO 4358 100 nM
----	PBO 4358 3,16 nM	-----	PBO 4358 12,5 nM	-----	PBO 4358 50 nM	-----	
----	PBO 4358 3,16 nM	-----	PBO 4358 12,5 nM	-----	PBO 4358 50 nM	-----	
-----	PBO 4358 6,25 nM	-----	PBO 4358 25 nM	-----	PBO 4358 100 nM	-----	

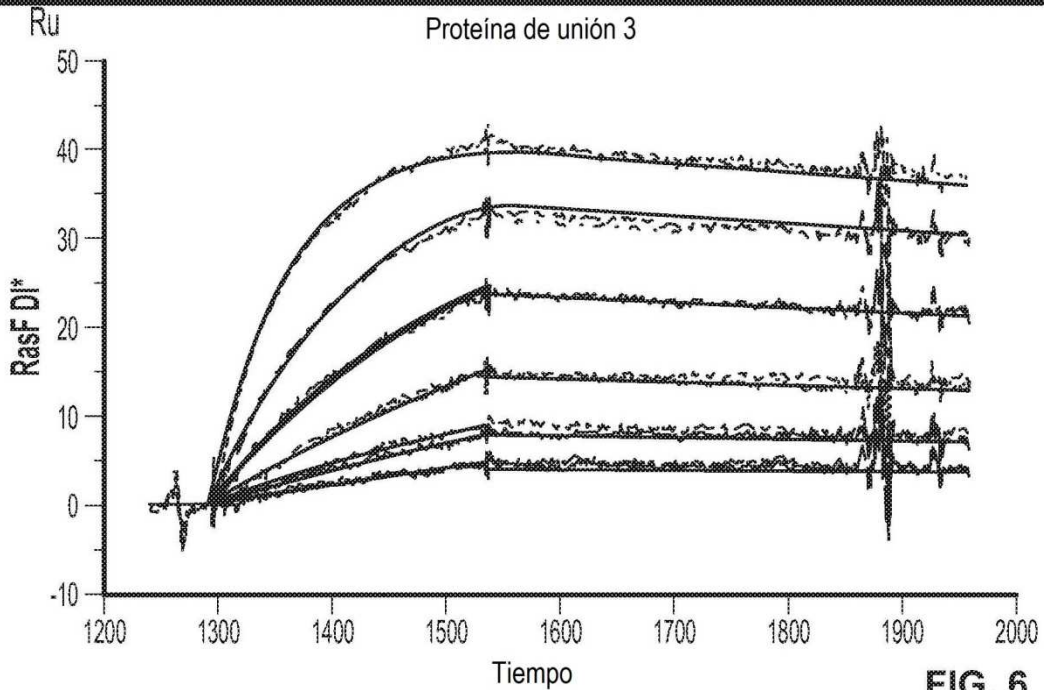


FIG. 6

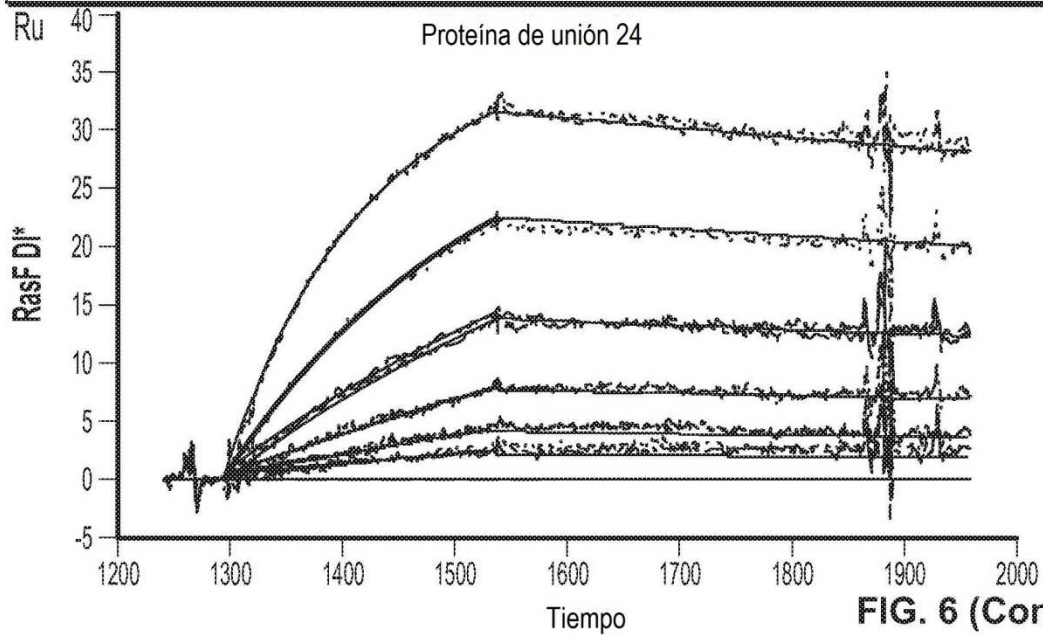
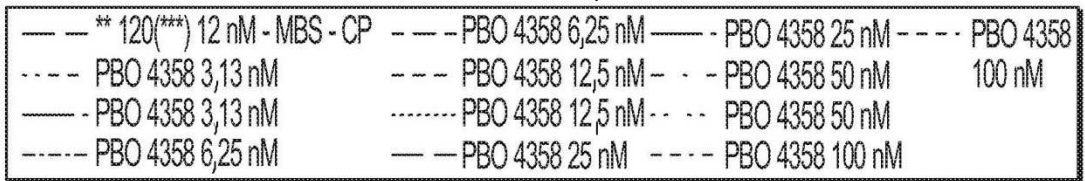
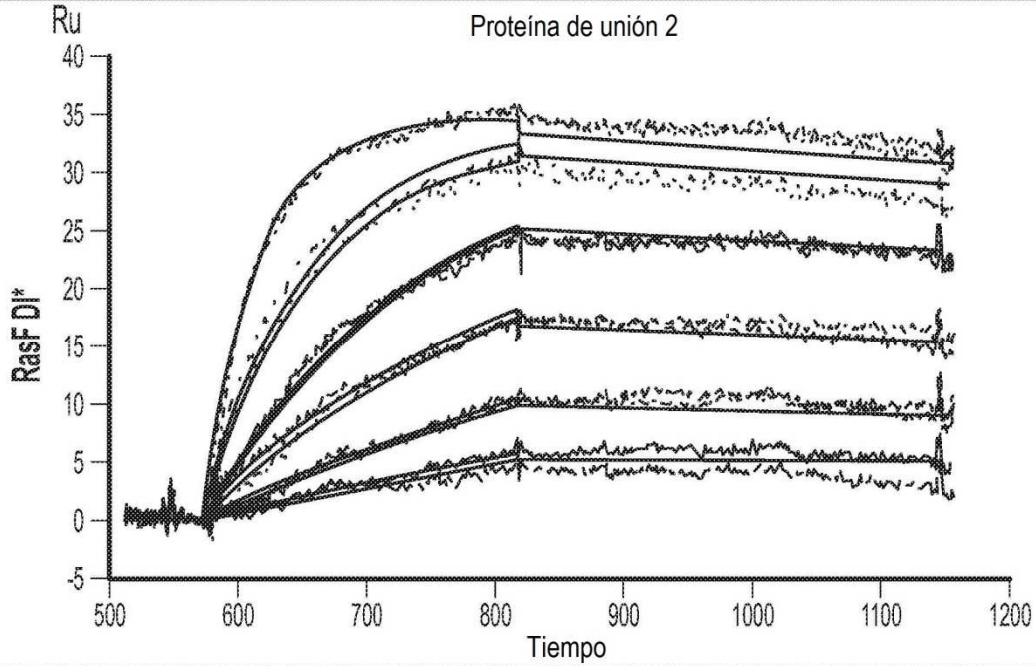


FIG. 6 (Cont.)

Estudio de PK triespecífico en Macaco Rhesus (n=2)

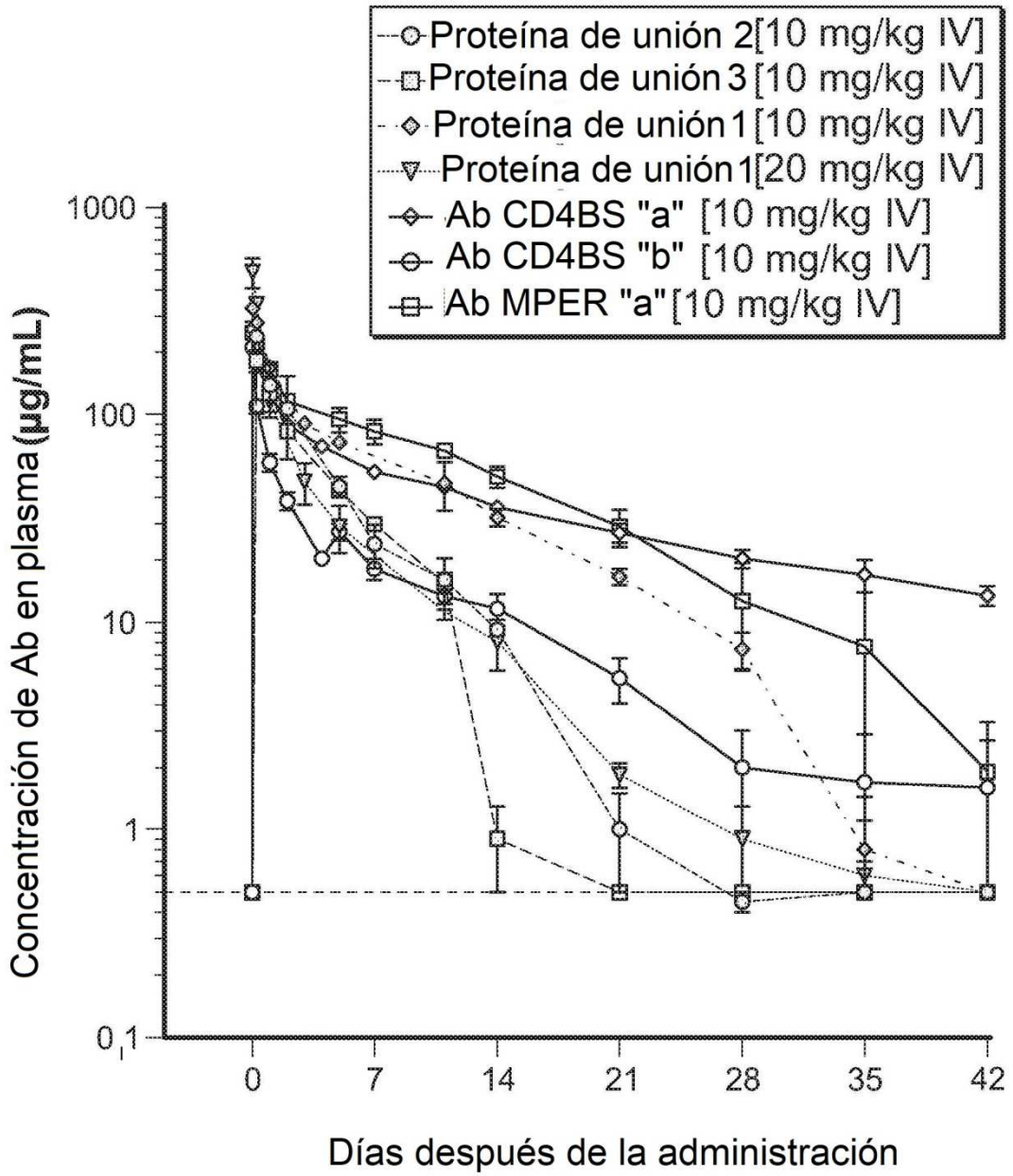
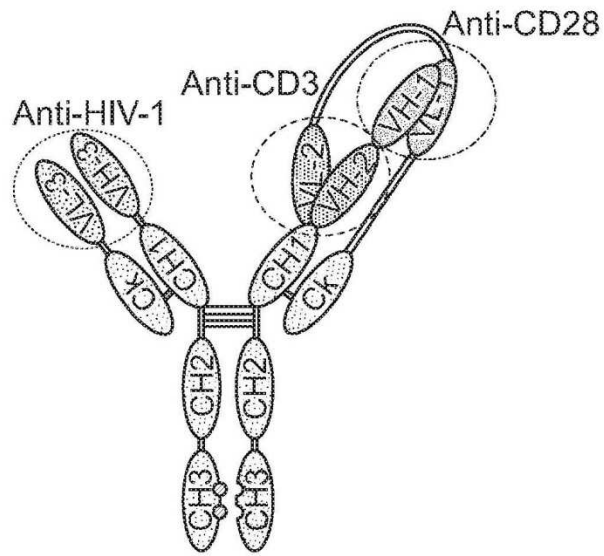
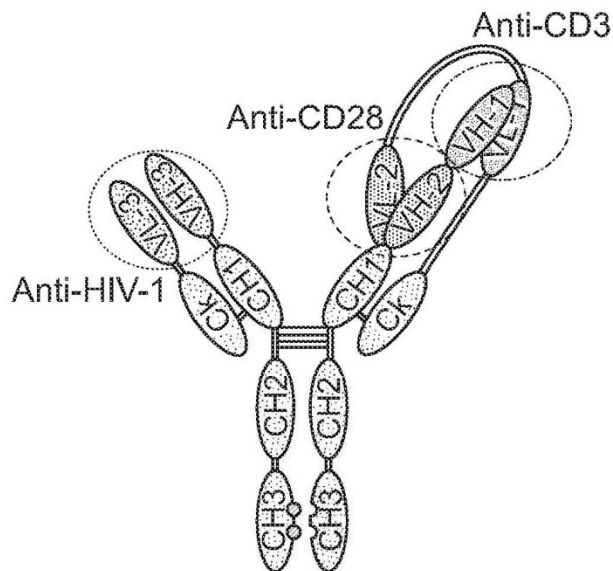


FIG. 7



Formato - Acoplador de célula T trispecífico

FIG. 8A



Formato - Acoplador de célula T trispecífico

FIG. 8B

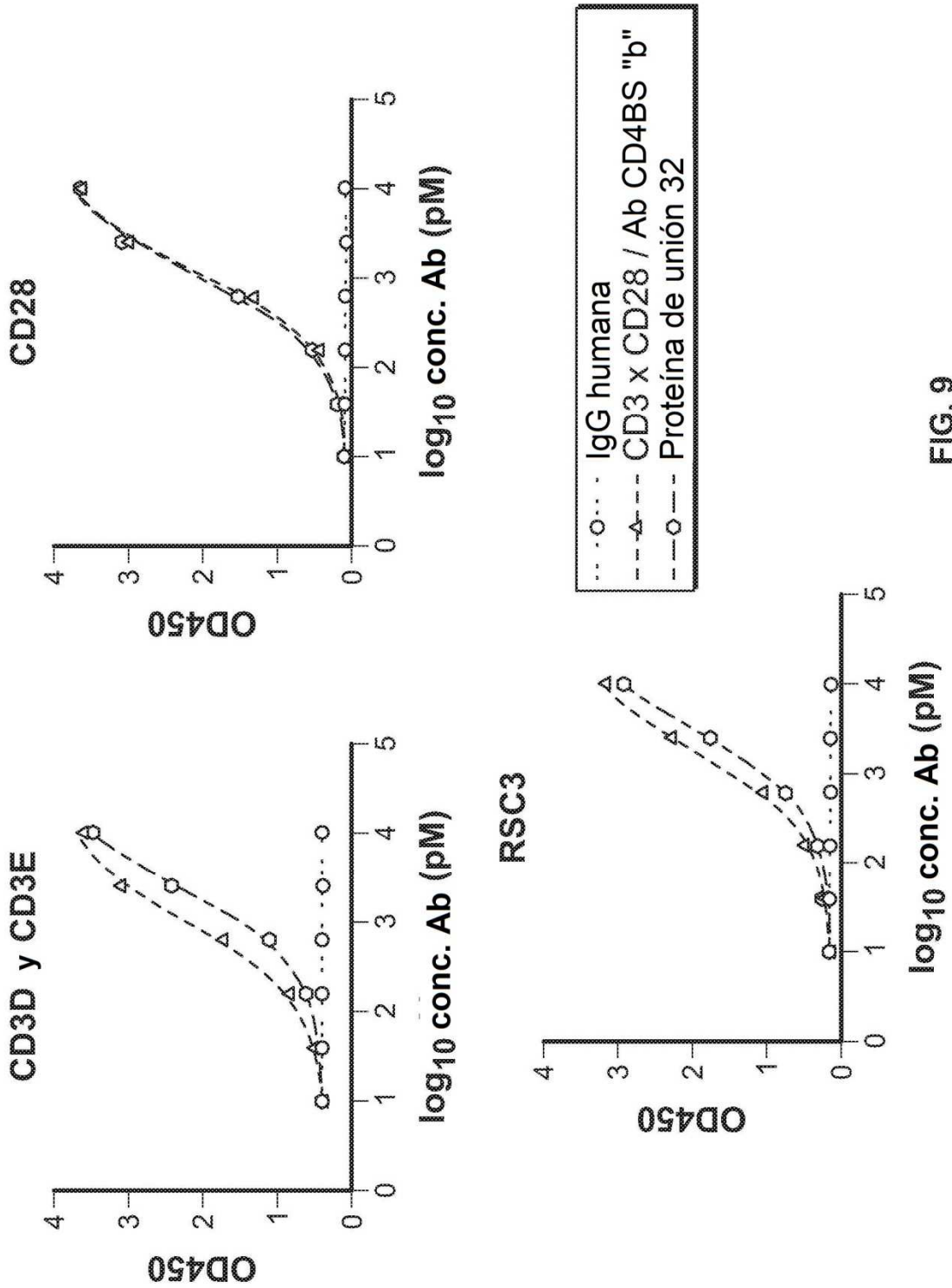


FIG. 9

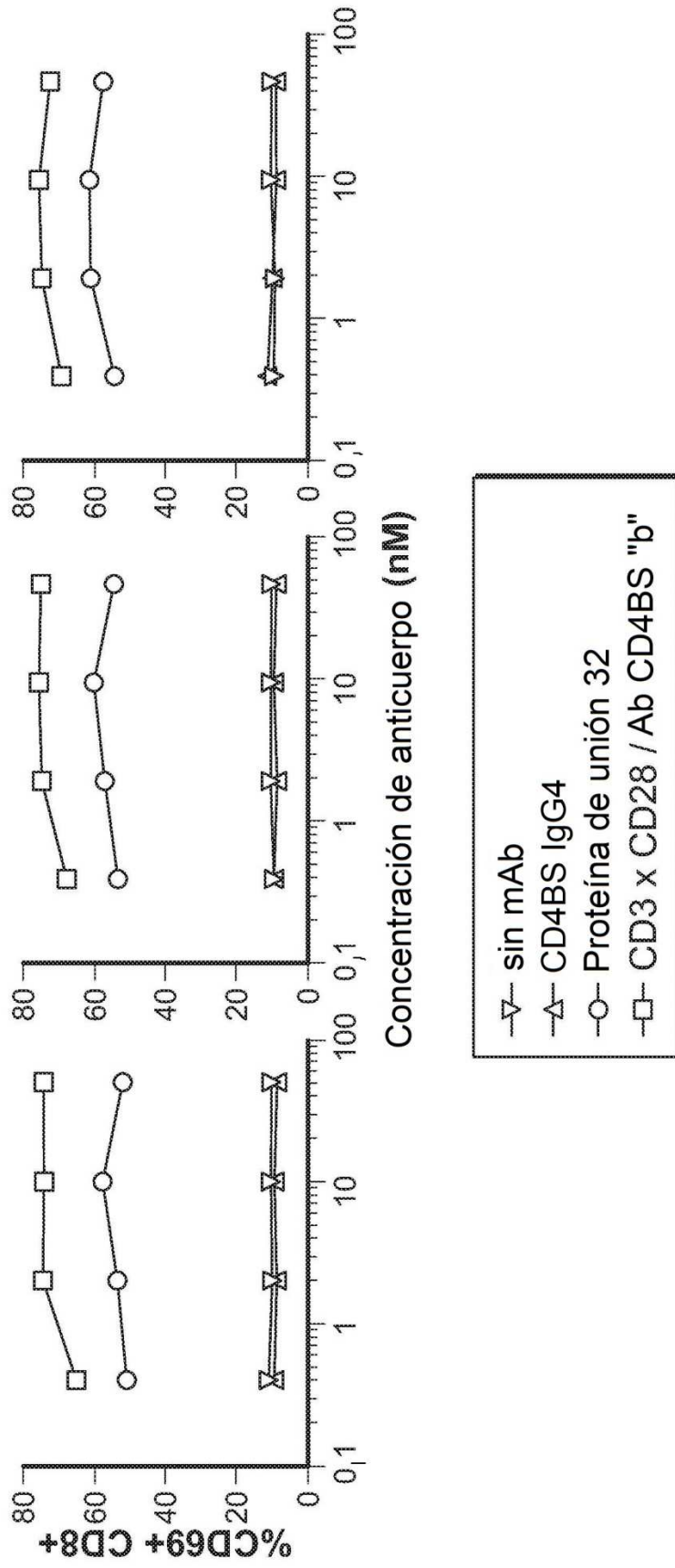


FIG. 10

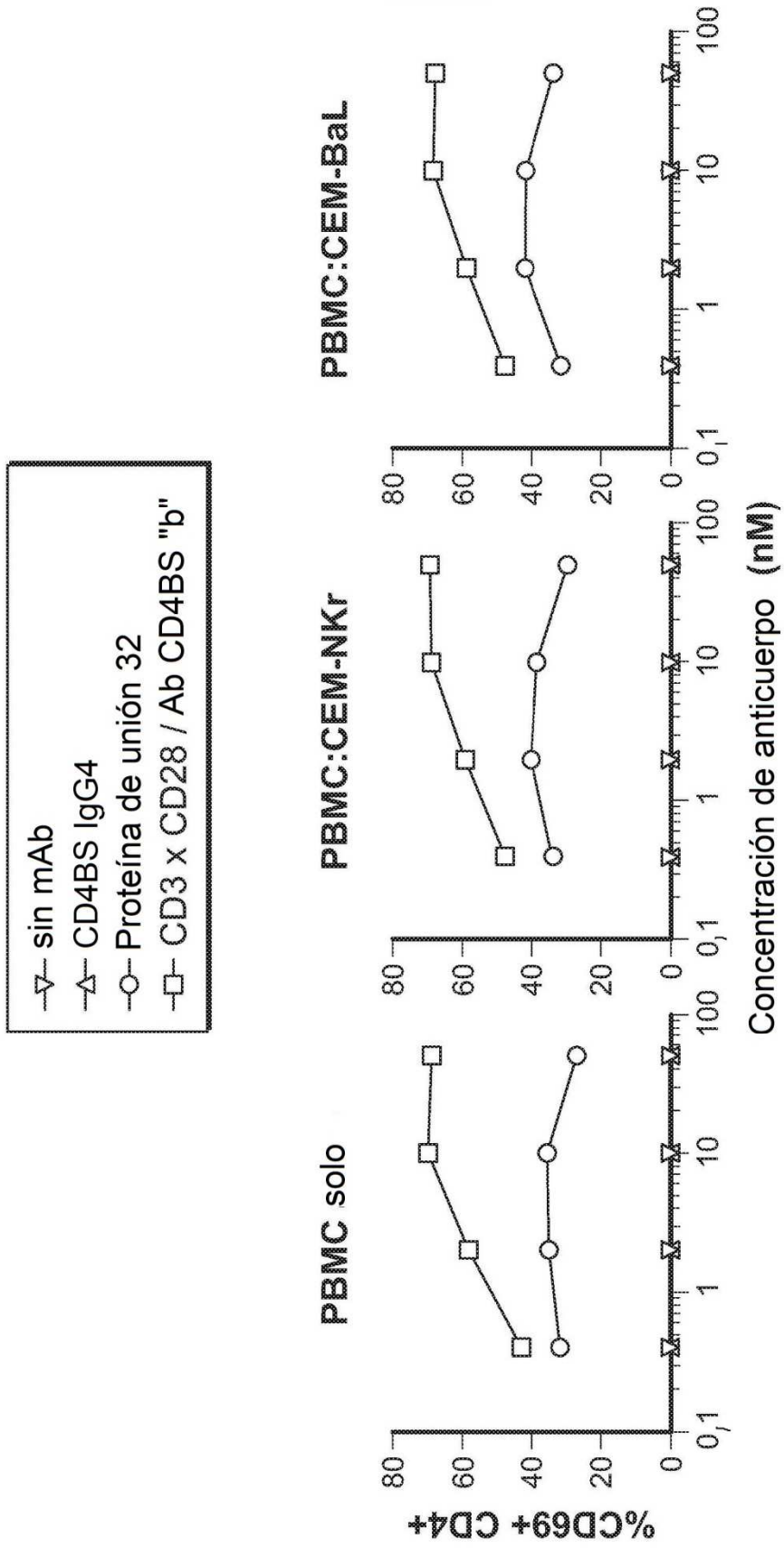


FIG. 11

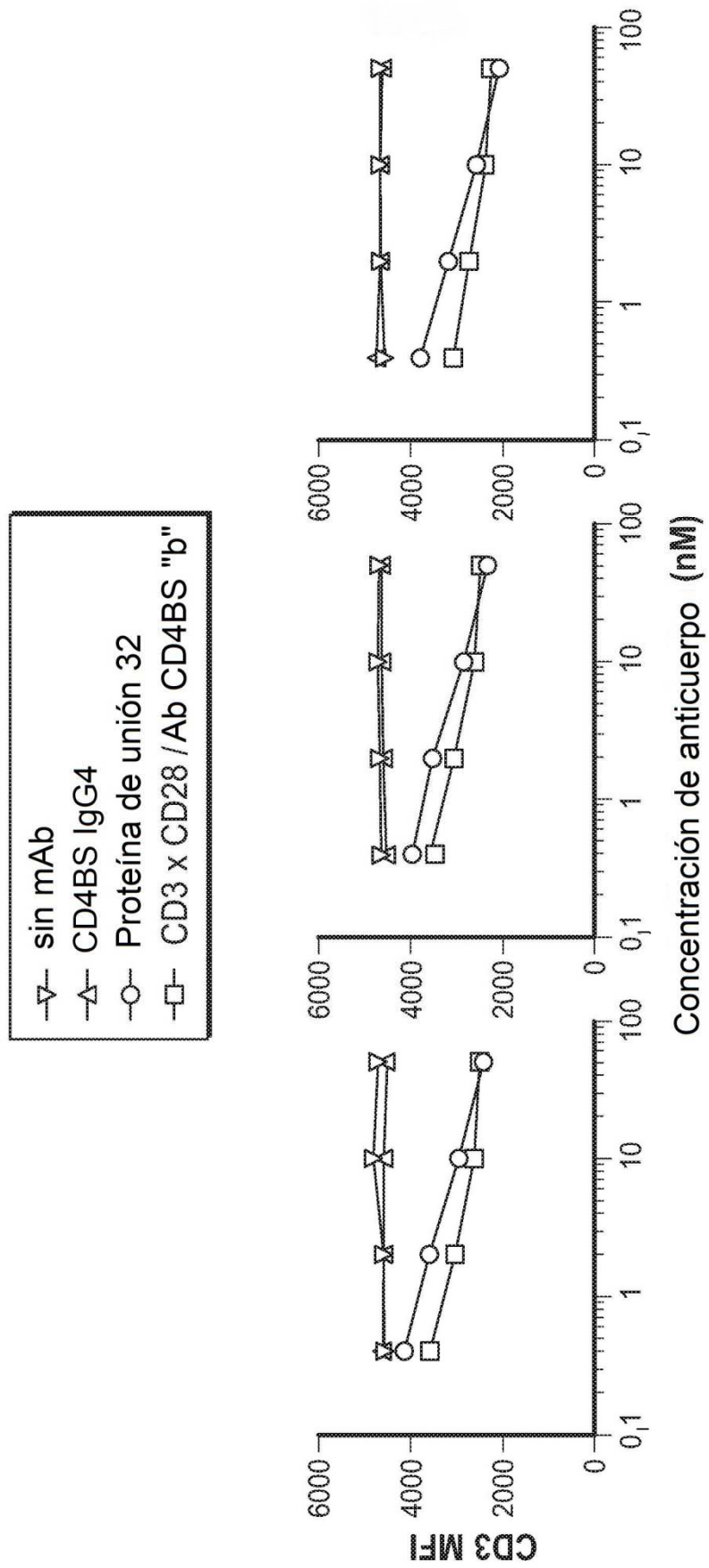


FIG. 12

—□— Proteína de unión 32
 - - -○- - CD3 x CD28 / Ab CD4BS "b"
 - - -△- - VRC07-αCD3
 - - -▽- - 9114-αCD3

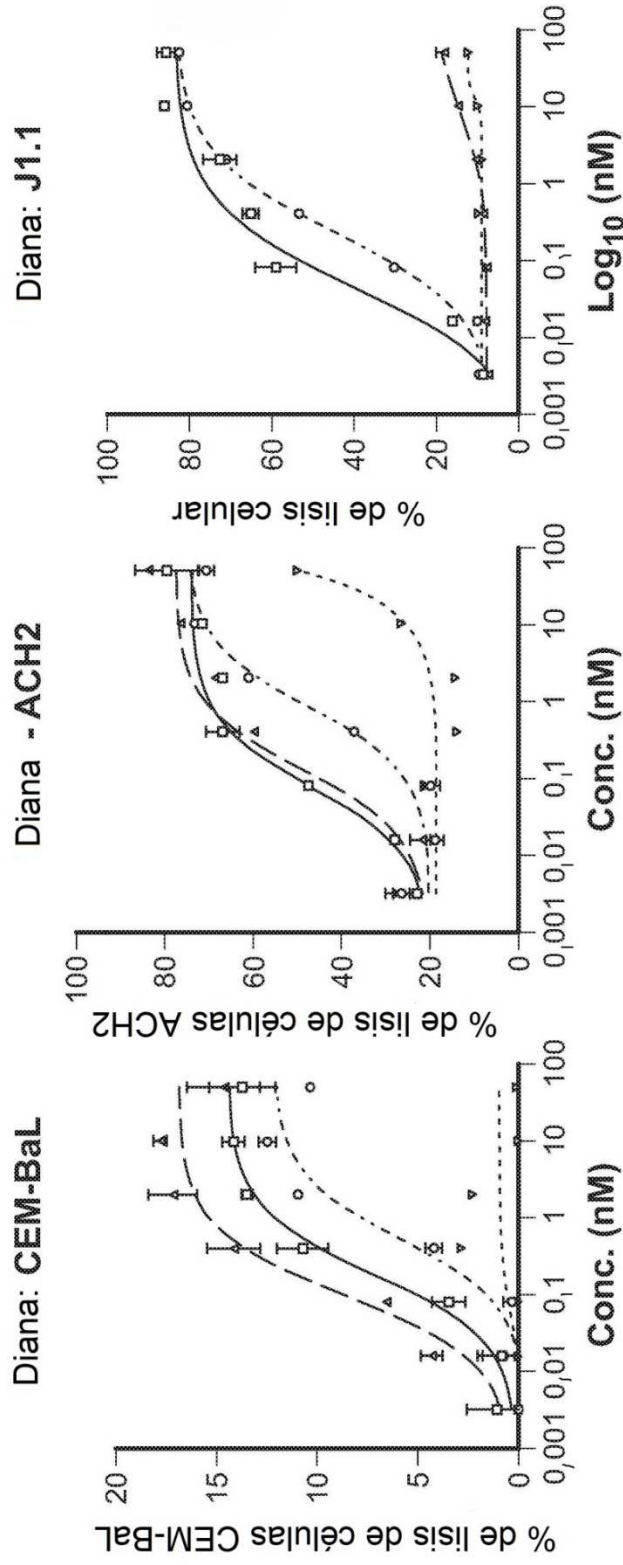


FIG. 13A

FIG. 13B

FIG. 13C