

FIGURA 1:

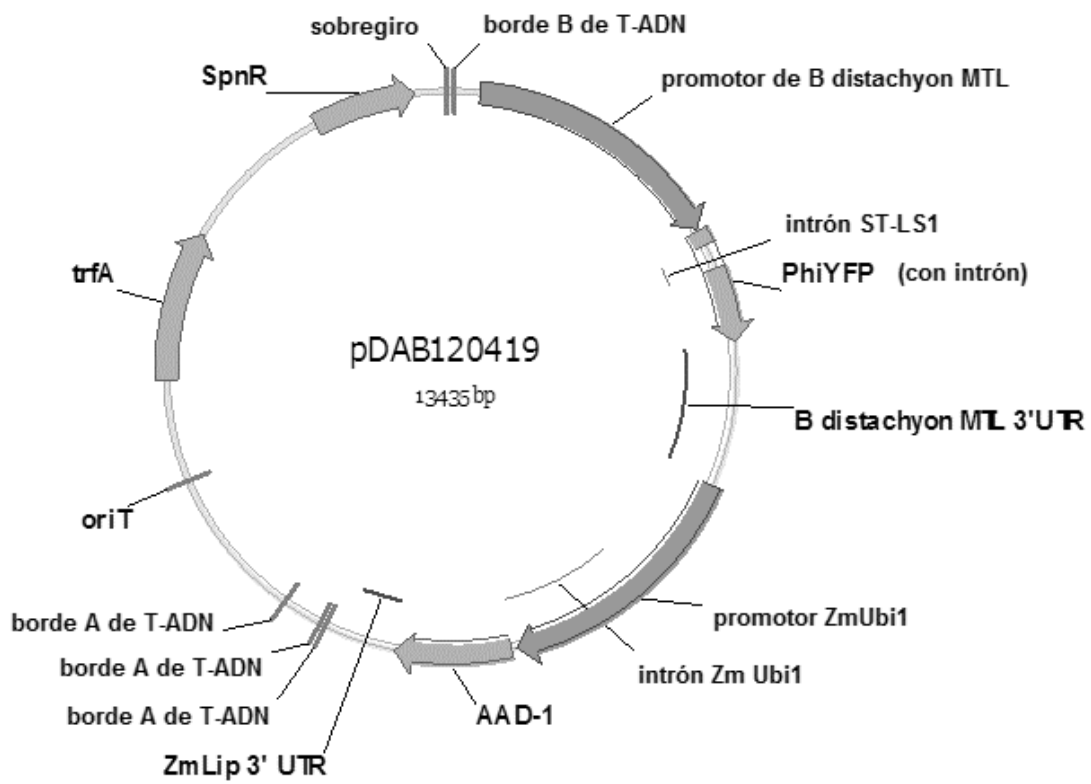


FIGURA 2A:

		1	50
SEQ ID NO:11	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:10	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:9	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:8	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:7	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:1	(1)	TTTCGTGTGCTTACTTGGGGCTTCCTTTGGGCCTGCGGAAGCAGACGGCG	
		51	100
SEQ ID NO:11	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:10	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:9	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:8	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:7	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:1	(51)	TGCCAGCTGAGACCGTTGGTGGACAATGTGGATGGACGTCTAGCTTCGTG	
		101	150
SEQ ID NO:11	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:10	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:9	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:8	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:7	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:1	(101)	GAAGGCCCTTCTCCTTTCCAAGGGAGGATGACTGGTGCTGGTCAAGTCCA	
		151	200
SEQ ID NO:11	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:10	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:9	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:8	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:7	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:1	(151)	CCCTGACAGCGATGCCGGTCTACTCGATGATGTCACTCGACCTTTCGGAC	
		201	250
SEQ ID NO:11	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:10	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:9	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:8	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:7	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:1	(201)	AAGATCAICAAAGGGGTGGACAAGATCTGTCGTGGTTTCCTTTGGCGTGG	
		251	300
SEQ ID NO:11	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:10	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:9	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:8	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:7	(1)	-----GGGGGGCATTGTATGGTGGCTTGGGTTCGTG	
SEQ ID NO:1	(251)	TCAGAAGGACGCTAAAGGGGGGGGGCATTGTATGGTGGCTTGGGTTCGTG	
		301	350
SEQ ID NO:11	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:10	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:9	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:8	(1)	-----	-----
SEQ ID NO:7	(31)	GTGTGTTCCGCCGAAGCCTTTCCGGTGGACTCGGAATTCCAAATCTTCGCAT	
SEQ ID NO:1	(301)	GTGTGTTCCGCCGAAGCCTTTCCGGTGGACTCGGAATTCCAAATCTTCGCAT	

FIGURA 2B:

		351		400
SEQ ID NO:11	(1)	-----		
SEQ ID NO:10	(1)	-----		
SEQ ID NO:9	(1)	-----		
SEQ ID NO:8	(1)	-----		
SEQ ID NO:7	(81)	GCTCAACGAGGCCTTGAGGGTCCGCTAGAGGTGGCTTGAGAGGGTGGACG		
SEQ ID NO:1	(351)	GCTCAACGAGGCCTTGAGGGTCCGCTAGAGGTGGCTTGAGAGGGTGGACG		
		401		450
SEQ ID NO:11	(1)	-----		
SEQ ID NO:10	(1)	-----		
SEQ ID NO:9	(1)	-----		
SEQ ID NO:8	(1)	-----		
SEQ ID NO:7	(131)	ATTCCAAACCATGGGTCGGTTTCAAGGTTGAGACGCCCAGAGGTCTATGT		
SEQ ID NO:1	(401)	ATTCCAAACCATGGGTCGGTTTCAAGGTTGAGACGCCCAGAGGTCTATGT		
		451		500
SEQ ID NO:11	(1)	-----		
SEQ ID NO:10	(1)	-----		
SEQ ID NO:9	(1)	-----		
SEQ ID NO:8	(1)	-----CCTCTTTGGTGGGCGATGGCCGGAAGACCC		
SEQ ID NO:7	(181)	TATCTTTGAGGCGGCCACTTCCTCTTTGGTGGGCGATGGCCGGAAGACCC		
SEQ ID NO:1	(451)	TATCTTTGAGGCGGCCACTTCCTCTTTGGTGGGCGATGGCCGGAAGACCC		
		501		550
SEQ ID NO:11	(1)	-----		
SEQ ID NO:10	(1)	-----		
SEQ ID NO:9	(1)	-----		
SEQ ID NO:8	(31)	TCTTCTGGACCGATCGTTGGCTGCATGGCGTCTGTTTTCGAGATGCGTTC		
SEQ ID NO:7	(231)	TCTTCTGGACCGATCGTTGGCTGCATGGCGTCTGTTTTCGAGATGCGTTC		
SEQ ID NO:1	(501)	TCTTCTGGACCGATCGTTGGCTGCATGGCGTCTGTTTTCGAGATGCGTTC		
		551		600
SEQ ID NO:11	(1)	-----		
SEQ ID NO:10	(1)	-----		
SEQ ID NO:9	(1)	-----		
SEQ ID NO:8	(81)	CTGATCCTCGTGGGCCATGTTTGCCACAAGTTTTTGCGCACGCGCACAGT		
SEQ ID NO:7	(281)	CTGATCCTCGTGGGCCATGTTTGCCACAAGTTTTTGCGCACGCGCACAGT		
SEQ ID NO:1	(551)	CTGATCCTCGTGGGCCATGTTTGCCACAAGTTTTTGCGCACGCGCACAGT		
		601		650
SEQ ID NO:11	(1)	-----		
SEQ ID NO:10	(1)	-----		
SEQ ID NO:9	(1)	-----		
SEQ ID NO:8	(131)	GCGGGAGGCTCTGCATGGAGCGTGGACTGGCGACATGGGTCCAGACCTAA		
SEQ ID NO:7	(331)	GCGGGAGGCTCTGCATGGAGCGTGGACTGGCGACATGGGTCCAGACCTAA		
SEQ ID NO:1	(601)	GCGGGAGGCTCTGCATGGAGCGTGGACTGGCGACATGGGTCCAGACCTAA		
		651		700
SEQ ID NO:11	(1)	-----		
SEQ ID NO:10	(1)	-----		
SEQ ID NO:9	(1)	-----GTTCTCACTCTCTGGGACTGGCTTCGTGG		
SEQ ID NO:8	(181)	AGGGAAGCTACTCTTGAGGAGTTCCTCACTCTCTGGGACTGGCTTCGTGG		
SEQ ID NO:7	(381)	AGGGAAGCTACTCTTGAGGAGTTCCTCACTCTCTGGGACTGGCTTCGTGG		
SEQ ID NO:1	(651)	AGGGAAGCTACTCTTGAGGAGTTCCTCACTCTCTGGGACTGGCTTCGTGG		

Figura 2C

```

701                                                    750
SEQ ID NO:11      (1) -----
SEQ ID NO:10      (1) -----
SEQ ID NO:9       (31) GGTCCAAC TGAAGAAGGGAGGGCCGACTCTCTTCATTGGAAC TGGTCTC
SEQ ID NO:8       (231) GGTCCAAC TGAAGAAGGGAGGGCCGACTCTCTTCATTGGAAC TGGTCTC
SEQ ID NO:7       (431) GGTCCAAC TGAAGAAGGGAGGGCCGACTCTCTTCATTGGAAC TGGTCTC
SEQ ID NO:1       (701) GGTCCAAC TGAAGAAGGGAGGGCCGACTCTCTTCATTGGAAC TGGTCTC
751                                                    800
SEQ ID NO:11      (1) -----
SEQ ID NO:10      (1) -----
SEQ ID NO:9       (81) GTGGTGATAGTTACTCGGCAAAGACTGCTTATGCGAATCTCTTCACTGGC
SEQ ID NO:8       (281) GTGGTGATAGTTACTCGGCAAAGACTGCTTATGCGAATCTCTTCACTGGC
SEQ ID NO:7       (481) GTGGTGATAGTTACTCGGCAAAGACTGCTTATGCGAATCTCTTCACTGGC
SEQ ID NO:1       (751) GTGGTGATAGTTACTCGGCAAAGACTGCTTATGCGAATCTCTTCACTGGC
801                                                    850
SEQ ID NO:11      (1) -----
SEQ ID NO:10      (1) -----
SEQ ID NO:9       (131) CGCATGGTTGACCCGTTAGCGGCTGAGATCTAGGGCTTCGGAGAGGTGTC
SEQ ID NO:8       (331) CGCATGGTTGACCCGTTAGCGGCTGAGATCTAGGGCTTCGGAGAGGTGTC
SEQ ID NO:7       (531) CGCATGGTTGACCCGTTAGCGGCTGAGATCTAGGGCTTCGGAGAGGTGTC
SEQ ID NO:1       (801) CGCATGGTTGACCCGTTAGCGGCTGAGATCTAGGGCTTCGGAGAGGTGTC
851                                                    900
SEQ ID NO:11      (1) -----
SEQ ID NO:10      (1) -----GTTGAAATAGATGCTAGACGGCGGATCGC
SEQ ID NO:9       (181) GTTTCCTTCGTCCTGGCTCGCAGTTCGAAATAGATGCTAGACGGCGGATCGC
SEQ ID NO:8       (381) GTTTCCTTCGTCCTGGCTCGCAGTTCGAAATAGATGCTAGACGGCGGATCGC
SEQ ID NO:7       (581) GTTTCCTTCGTCCTGGCTCGCAGTTCGAAATAGATGCTAGACGGCGGATCGC
SEQ ID NO:1       (851) GTTTCCTTCGTCCTGGCTCGCAGTTCGAAATAGATGCTAGACGGCGGATCGC
901                                                    950
SEQ ID NO:11      (1) -----
SEQ ID NO:10      (31) TTGCGAGGCGTGGGCTTCCCCACCCTGACAAGTGT CAGGAGATGGAGACC
SEQ ID NO:9       (231) TTGCGAGGCGTGGGCTTCCCCACCCTGACAAGTGT CAGGAGATGGAGACC
SEQ ID NO:8       (431) TTGCGAGGCGTGGGCTTCCCCACCCTGACAAGTGT CAGGAGATGGAGACC
SEQ ID NO:7       (631) TTGCGAGGCGTGGGCTTCCCCACCCTGACAAGTGT CAGGAGATGGAGACC
SEQ ID NO:1       (901) TTGCGAGGCGTGGGCTTCCCCACCCTGACAAGTGT CAGGAGATGGAGACC
951                                                    1000
SEQ ID NO:11      (1) -----G
SEQ ID NO:10      (81) ATTTCCCATCTACTCTTGGGGTGTGTCTTGGCGAGGCAGGTTTGGGAGCG
SEQ ID NO:9       (281) ATTTCCCATCTACTCTTGGGGTGTGTCTTGGCGAGGCAGGTTTGGGAGCG
SEQ ID NO:8       (481) ATTTCCCATCTACTCTTGGGGTGTGTCTTGGCGAGGCAGGTTTGGGAGCG
SEQ ID NO:7       (681) ATTTCCCATCTACTCTTGGGGTGTGTCTTGGCGAGGCAGGTTTGGGAGCG
SEQ ID NO:1       (951) ATTTCCCATCTACTCTTGGGGTGTGTCTTGGCGAGGCAGGTTTGGGAGCG
1001                                                    1050
SEQ ID NO:11      (2) CTTGTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAATGCGGATGCTA
SEQ ID NO:10      (131) CTTGTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAATGCGGATGCTA
SEQ ID NO:9       (331) CTTGTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAATGCGGATGCTA
SEQ ID NO:8       (531) CTTGTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAATGCGGATGCTA
SEQ ID NO:7       (731) CTTGTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAATGCGGATGCTA
SEQ ID NO:1       (1001) CTTGTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAATGCGGATGCTA

```

Figura 2D

		1051		1100
SEQ ID NO:11	(52)	CTCTGCGGGAATGGTGGTCTTCTCTTCCCTTACCACGGCGAGCCCGGAGG		
SEQ ID NO:10	(181)	CTCTGCGGGAATGGTGGTCTTCTCTTCCCTTACCACGGCGAGCCCGGAGG		
SEQ ID NO:9	(381)	CTCTGCGGGAATGGTGGTCTTCTCTTCCCTTACCACGGCGAGCCCGGAGG		
SEQ ID NO:8	(581)	CTCTGCGGGAATGGTGGTCTTCTCTTCCCTTACCACGGCGAGCCCGGAGG		
SEQ ID NO:7	(781)	CTCTGCGGGAATGGTGGTCTTCTCTTCCCTTACCACGGCGAGCCCGGAGG		
SEQ ID NO:1	(1051)	CTCTGCGGGAATGGTGGTCTTCTCTTCCCTTACCACGGCGAGCCCGGAGG		
		1101		1150
SEQ ID NO:11	(102)	GACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCCTTGGACCATTTGGTGCCATTG		
SEQ ID NO:10	(231)	GACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCCTTGGACCATTTGGTGCCATTG		
SEQ ID NO:9	(431)	GACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCCTTGGACCATTTGGTGCCATTG		
SEQ ID NO:8	(631)	GACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCCTTGGACCATTTGGTGCCATTG		
SEQ ID NO:7	(831)	GACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCCTTGGACCATTTGGTGCCATTG		
SEQ ID NO:1	(1101)	GACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCCTTGGACCATTTGGTGCCATTG		
		1151		1200
SEQ ID NO:11	(152)	GAATGATGTGGCCTTCCTTGCAGCTTGTCGTGCTTCGCCTCCAGGAGGAG		
SEQ ID NO:10	(281)	GAATGATGTGGCCTTCCTTGCAGCTTGTCGTGCTTCGCCTCCAGGAGGAG		
SEQ ID NO:9	(481)	GAATGATGTGGCCTTCCTTGCAGCTTGTCGTGCTTCGCCTCCAGGAGGAG		
SEQ ID NO:8	(681)	GAATGATGTGGCCTTCCTTGCAGCTTGTCGTGCTTCGCCTCCAGGAGGAG		
SEQ ID NO:7	(881)	GAATGATGTGGCCTTCCTTGCAGCTTGTCGTGCTTCGCCTCCAGGAGGAG		
SEQ ID NO:1	(1151)	GAATGATGTGGCCTTCCTTGCAGCTTGTCGTGCTTCGCCTCCAGGAGGAG		
		1201		1250
SEQ ID NO:11	(202)	TTTGGTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAGAGTGTCTATTCC		
SEQ ID NO:10	(331)	TTTGGTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAGAGTGTCTATTCC		
SEQ ID NO:9	(531)	TTTGGTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAGAGTGTCTATTCC		
SEQ ID NO:8	(731)	TTTGGTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAGAGTGTCTATTCC		
SEQ ID NO:7	(931)	TTTGGTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAGAGTGTCTATTCC		
SEQ ID NO:1	(1201)	TTTGGTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAGAGTGTCTATTCC		
		1251		1300
SEQ ID NO:11	(252)	AGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGTCTTTTTTCTCT		
SEQ ID NO:10	(381)	AGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGTCTTTTTTCTCT		
SEQ ID NO:9	(581)	AGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGTCTTTTTTCTCT		
SEQ ID NO:8	(781)	AGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGTCTTTTTTCTCT		
SEQ ID NO:7	(981)	AGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGTCTTTTTTCTCT		
SEQ ID NO:1	(1251)	AGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGTCTTTTTTCTCT		
		1301		1350
SEQ ID NO:11	(302)	TTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCGTTGTACTAGCCT		
SEQ ID NO:10	(431)	TTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCGTTGTACTAGCCT		
SEQ ID NO:9	(631)	TTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCGTTGTACTAGCCT		
SEQ ID NO:8	(831)	TTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCGTTGTACTAGCCT		
SEQ ID NO:7	(1031)	TTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCGTTGTACTAGCCT		
SEQ ID NO:1	(1301)	TTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCGTTGTACTAGCCT		
		1351		1400
SEQ ID NO:11	(352)	TCTGGCTCTTCTTATTTAATCGATGATGCACCCGCTGGGTGGCATTCTTG		
SEQ ID NO:10	(481)	TCTGGCTCTTCTTATTTAATCGATGATGCACCCGCTGGGTGGCATTCTTG		
SEQ ID NO:9	(681)	TCTGGCTCTTCTTATTTAATCGATGATGCACCCGCTGGGTGGCATTCTTG		
SEQ ID NO:8	(881)	TCTGGCTCTTCTTATTTAATCGATGATGCACCCGCTGGGTGGCATTCTTG		
SEQ ID NO:7	(1081)	TCTGGCTCTTCTTATTTAATCGATGATGCACCCGCTGGGTGGCATTCTTG		
SEQ ID NO:1	(1351)	TCTGGCTCTTCTTATTTAATCGATGATGCACCCGCTGGGTGGCATTCTTG		

Figura 2E

```

1401                                     1450
SEQ ID NO:11 (402) AAATTTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACAGTAATTTGATAC
SEQ ID NO:10 (531) AAATTTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACAGTAATTTGATAC
SEQ ID NO:9 (731) AAATTTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACAGTAATTTGATAC
SEQ ID NO:8 (931) AAATTTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACAGTAATTTGATAC
SEQ ID NO:7 (1131) AAATTTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACAGTAATTTGATAC
SEQ ID NO:1 (1401) AAATTTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACAGTAATTTGATAC
1451                                     1500
SEQ ID NO:11 (452) ACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTAATGTTATTCCAA
SEQ ID NO:10 (581) ACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTAATGTTATTCCAA
SEQ ID NO:9 (781) ACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTAATGTTATTCCAA
SEQ ID NO:8 (981) ACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTAATGTTATTCCAA
SEQ ID NO:7 (1181) ACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTAATGTTATTCCAA
SEQ ID NO:1 (1451) ACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTAATGTTATTCCAA
1501                                     1550
SEQ ID NO:11 (502) CTATGCTACTCCCTCCGTTCCCTAAACTCTTATCTTTGTTTTTGTTCAAAT
SEQ ID NO:10 (631) CTATGCTACTCCCTCCGTTCCCTAAACTCTTATCTTTGTTTTTGTTCAAAT
SEQ ID NO:9 (831) CTATGCTACTCCCTCCGTTCCCTAAACTCTTATCTTTGTTTTTGTTCAAAT
SEQ ID NO:8 (1031) CTATGCTACTCCCTCCGTTCCCTAAACTCTTATCTTTGTTTTTGTTCAAAT
SEQ ID NO:7 (1231) CTATGCTACTCCCTCCGTTCCCTAAACTCTTATCTTTGTTTTTGTTCAAAT
SEQ ID NO:1 (1501) CTATGCTACTCCCTCCGTTCCCTAAACTCTTATCTTTGTTTTTGTTCAAAT
1551                                     1600
SEQ ID NO:11 (552) TTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAAGTATATATACGA
SEQ ID NO:10 (681) TTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAAGTATATATACGA
SEQ ID NO:9 (881) TTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAAGTATATATACGA
SEQ ID NO:8 (1081) TTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAAGTATATATACGA
SEQ ID NO:7 (1281) TTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAAGTATATATACGA
SEQ ID NO:1 (1551) TTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAAGTATATATACGA
1601                                     1650
SEQ ID NO:11 (602) AGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTAGTTCCTCTGAGG
SEQ ID NO:10 (731) AGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTAGTTCCTCTGAGG
SEQ ID NO:9 (931) AGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTAGTTCCTCTGAGG
SEQ ID NO:8 (1131) AGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTAGTTCCTCTGAGG
SEQ ID NO:7 (1331) AGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTAGTTCCTCTGAGG
SEQ ID NO:1 (1601) AGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTAGTTCCTCTGAGG
1651                                     1700
SEQ ID NO:11 (652) TAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTTGCCGGGCACGCAG
SEQ ID NO:10 (781) TAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTTGCCGGGCACGCAG
SEQ ID NO:9 (981) TAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTTGCCGGGCACGCAG
SEQ ID NO:8 (1181) TAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTTGCCGGGCACGCAG
SEQ ID NO:7 (1381) TAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTTGCCGGGCACGCAG
SEQ ID NO:1 (1651) TAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTTGCCGGGCACGCAG
1701                                     1750
SEQ ID NO:11 (702) TTGCCGAAGTCAGTAGATTAAAAATGACCTCACATACTGAAGAAGGAAAG
SEQ ID NO:10 (831) TTGCCGAAGTCAGTAGATTAAAAATGACCTCACATACTGAAGAAGGAAAG
SEQ ID NO:9 (1031) TTGCCGAAGTCAGTAGATTAAAAATGACCTCACATACTGAAGAAGGAAAG
SEQ ID NO:8 (1231) TTGCCGAAGTCAGTAGATTAAAAATGACCTCACATACTGAAGAAGGAAAG
SEQ ID NO:7 (1431) TTGCCGAAGTCAGTAGATTAAAAATGACCTCACATACTGAAGAAGGAAAG
SEQ ID NO:1 (1701) TTGCCGAAGTCAGTAGATTAAAAATGACCTCACATACTGAAGAAGGAAAG

```

Figura 2F

```

1751                                     1800
SEQ ID NO:11 (752) GGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCAACCATATCCTAA
SEQ ID NO:10 (881) GGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCAACCATATCCTAA
SEQ ID NO:9 (1081) GGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCAACCATATCCTAA
SEQ ID NO:8 (1281) GGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCAACCATATCCTAA
SEQ ID NO:7 (1481) GGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCAACCATATCCTAA
SEQ ID NO:1 (1751) GGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCAACCATATCCTAA
1801                                     1850
SEQ ID NO:11 (802) TTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGATAATTGGTGAAGA
SEQ ID NO:10 (931) TTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGATAATTGGTGAAGA
SEQ ID NO:9 (1131) TTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGATAATTGGTGAAGA
SEQ ID NO:8 (1331) TTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGATAATTGGTGAAGA
SEQ ID NO:7 (1531) TTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGATAATTGGTGAAGA
SEQ ID NO:1 (1801) TTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGATAATTGGTGAAGA
1851                                     1900
SEQ ID NO:11 (852) CTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCTTGCCTTGTTCCC
SEQ ID NO:10 (981) CTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCTTGCCTTGTTCCC
SEQ ID NO:9 (1181) CTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCTTGCCTTGTTCCC
SEQ ID NO:8 (1381) CTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCTTGCCTTGTTCCC
SEQ ID NO:7 (1581) CTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCTTGCCTTGTTCCC
SEQ ID NO:1 (1851) CTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCTTGCCTTGTTCCC
1901                                     1950
SEQ ID NO:11 (902) TTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACCATCTCAAAGCGC
SEQ ID NO:10 (1031) TTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACCATCTCAAAGCGC
SEQ ID NO:9 (1231) TTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACCATCTCAAAGCGC
SEQ ID NO:8 (1431) TTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACCATCTCAAAGCGC
SEQ ID NO:7 (1631) TTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACCATCTCAAAGCGC
SEQ ID NO:1 (1901) TTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACCATCTCAAAGCGC
1951                                     2000
SEQ ID NO:11 (952) CTCCTTTATCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGAGAAAAATTAAGG
SEQ ID NO:10 (1081) CTCCTTTATCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGAGAAAAATTAAGG
SEQ ID NO:9 (1281) CTCCTTTATCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGAGAAAAATTAAGG
SEQ ID NO:8 (1481) CTCCTTTATCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGAGAAAAATTAAGG
SEQ ID NO:7 (1681) CTCCTTTATCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGAGAAAAATTAAGG
SEQ ID NO:1 (1951) CTCCTTTATCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGAGAAAAATTAAGG

```

Figura 3A

SEQ ID NO:12	(1)	TTTCGTGTGCTTACTTGGGGCTTCCTTTGGGCCTGCGGAAGCAGACGGCG	
SEQ ID NO:1	(1)	TTTCGTGTGCTTACTTGGGGCTTCCTTTGGGCCTGCGGAAGCAGACGGCG	
		51	100
SEQ ID NO:12	(51)	TGCCAGGTACGAGGTTGTTGGTGGACAATGTGGATGGACGATTTCTAGCT	
SEQ ID NO:1	(51)	TGCCAGCT--GAGACCGTTGGTGGACAATGTGGATGGACG---TCTAGCT	
		101	150
SEQ ID NO:12	(101)	TCGTGGAAGGCCCTTCTCCTT---AAGGGAGGATGACTGGTGTCTGGTCAA	
SEQ ID NO:1	(96)	TCGTGGAAGGCCCTTCTCCTTCCAAGGGAGGATGACTGGTGTCTGGTCAA	
		151	200
SEQ ID NO:12	(148)	GTCCACCCTGACAGCGATGCCGGTCTACTCGATGATGTCACTCGACCTTT	
SEQ ID NO:1	(146)	GTCCACCCTGACAGCGATGCCGGTCTACTCGATGATGTCACTCGACCTTT	
		201	250
SEQ ID NO:12	(198)	CGGACAAGATCATCAAAGGGGTGGACAAGGTATGTCGTGGTTTTCTTTGG	
SEQ ID NO:1	(196)	CGGACAAGATCATCAAAGGGGTGGACAAGATCTGTCGTGGTTTTCTTTGG	
		251	300
SEQ ID NO:12	(248)	CGTGGTCAGAAGGACGCTAAAGGGGGGGGGCATTGTATGGTGGCTTGGG	
SEQ ID NO:1	(246)	CGTGGTCAGAAGGACGCTAAAGGGGGGGGGCATTGTATGGTGGCTTGGG	
		301	350
SEQ ID NO:12	(298)	TCGTGGTGTGTTTCGCCGACCGCTTTCGGTGGACTCGGCGTTTCCAATCT	
SEQ ID NO:1	(296)	TCGTGGTGTGTTTCGCCGAAGCCTTTCGGTGGACTCGGAATT-CCAATCT	
		351	400
SEQ ID NO:12	(348)	TCGCATCCTC--CCAG-CCTTGAGGGTCCGCTAGAGGTGGCTTGAGAGGG	
SEQ ID NO:1	(345)	TCGCATGCTCAACGAGGCCTTGAGGGTCCGCTAGAGGTGGCTTGAGAGGG	
		401	450
SEQ ID NO:12	(395)	TGGACGATTCCAAACCCGATGGTCGGTTTCAAGGTTGAGACGCCAGAGG	
SEQ ID NO:1	(395)	TGGACGATTCCAAACCATG-GGTCGGTTTCAAGGTTGAGACGCCAGAGG	
		451	500
SEQ ID NO:12	(445)	TCTATGTTATCTTTGAGGCGGCCACTTCCTCTTTGGTGGCGATGGCCGG	
SEQ ID NO:1	(444)	TCTATGTTATCTTTGAGGCGGCCACTTCCTCTTTGGTGGCGATGGCCGG	
		501	550
SEQ ID NO:12	(495)	ACGTTTCCCTCTTCTGGACCGATTGTTGGCTGCATGGCGTCTGTTTTCGA	
SEQ ID NO:1	(494)	AAGA--CCCTCTTCTGGACCGATCGTTGGCTGCATGGCGTCTGTTTTCGA	
		551	600
SEQ ID NO:12	(545)	GATGCGTTCCTGATCCTCGTGGGCCATGTTTGCCACAAGTTTTTGCTTAC	
SEQ ID NO:1	(542)	GATGCGTTCCTGATCCTCGTGGGCCATGTTTGCCACAAGTTTTTGCGCAC	
		601	650
SEQ ID NO:12	(595)	GCGCACAGTGCGGGAGGCTCTGCATGGAGCGTGGACTGGCGACATGGGTC	
SEQ ID NO:1	(592)	GCGCACAGTGCGGGAGGCTCTGCATGGAGCGTGGACTGGCGACATGGGTC	
		651	700
SEQ ID NO:12	(645)	CAGACCTAAAGGGAAGCTACTCTTGAGGACTTC---ACTCTCTGGGACTG	
SEQ ID NO:1	(642)	CAGACCTAAAGGGAAGCTACTCTTGAGGAGTTCTCACTCTCTGGGACTG	
		701	750
SEQ ID NO:12	(692)	GCTTCGTGGGGTCCAAGTGAAGAAGGGAGGGCCGACTCTCTTCATTGGA	
SEQ ID NO:1	(692)	GCTTCGTGGGGTCCAAGTGAAGAAGGGAGGGCCGACTCTCTTCATTGGA	
		751	800
SEQ ID NO:12	(742)	ACTGGTGTGGTGGTGTATAGTTACTCGGCAAGACTGCTTATGCGAATCT-	
SEQ ID NO:1	(742)	ACTGGTCTCGTGGTGTATAGTTACTCGGCAAGACTGCTTATGCGAATCTC	
		801	850
SEQ ID NO:12	(791)	-TCACTGGCCGCATGGTTGACCCGTTAGCGGCTGAGAGTTAGGGCTTCGG	
SEQ ID NO:1	(792)	TCACTGGCCGCATGGTTGACCCGTTAGCGGCTGAGATCTAGGGCTTCGG	

Figura 3B

		851	900
SEQ ID NO:12	(840)	AGAGGTGTCGTTTCTTCGCTCTGGCTCGCAGTTCTTGAAATAGATGCTAGA	
SEQ ID NO:1	(842)	AGAGGTGTCGTTTCTTCGCTCTGGCTCGCAGTTC--GAAATAGATGCTAGA	
		901	950
SEQ ID NO:12	(890)	CGGCGGATCGCTTGCGAGGCGTGGGCTTCCCCACCCTGACAAGTGTCCAGG	
SEQ ID NO:1	(890)	CGGCGGATCGCTTGCGAGGCGTGGGCTTCCCCACCCTGACAAGTGTCCAGG	
		951	1000
SEQ ID NO:12	(940)	AGATGGAGTCGATTTCCCATCTACTCTTGGGGTGTGTCTTGGCGAGGCAG	
SEQ ID NO:1	(940)	AGATGGAGACCATTTCCCATCTACTCTTGGGGTGTGTCTTGGCGAGGCAG	
		1001	1050
SEQ ID NO:12	(990)	GTTTGGGAGCGCTTGTTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAA	
SEQ ID NO:1	(990)	GTTTGGGAGCGCTTGTTGGGCGGCTTGGGGACACGTGGAGTGGGCTCCGAA	
		1051	1100
SEQ ID NO:12	(1040)	TGCGGATGCTACTCTGCGGGAATGGTGGTCTTTCTCTTCCCTTACCACGG	
SEQ ID NO:1	(1040)	TGCGGATGCTACTCTGCGGGAATGGTGGTCTT-CTCTTCCCTTACCACGG	
		1101	1150
SEQ ID NO:12	(1090)	CGAGCCCGGAGGGACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCTTTGGACCAT	
SEQ ID NO:1	(1089)	CGAGCCCGGAGGGACTTCCGGACGGGGATCATACTTGTTCTTTGGACCAT	
		1151	1200
SEQ ID NO:12	(1140)	TTGGTGCCATTGGAATGATGTGGCCTTCCTTGACAGCTTGTCGTGCTTCGC	
SEQ ID NO:1	(1139)	TTGGTGCCATTGGAATGATGTGGCCTTCCTTGACAGCTTGTCGTGCTTCGC	
		1201	1250
SEQ ID NO:12	(1190)	CTGGAGGAATTGTTTGGTTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAG	
SEQ ID NO:1	(1189)	CTCCAGGAGGAGTTTGGTTCGGTGGGCGCACGCCGGCCTCTTTAGGGGTAG	
		1251	1300
SEQ ID NO:12	(1240)	AGTGTCTATTCCAGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGT	
SEQ ID NO:1	(1239)	AGTGTCTATTCCAGCCTTGATGGTGAGTGGTTGGATAGCTAGCACATAGT	
		1301	1350
SEQ ID NO:12	(1290)	CTTTTTTCTCTTTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCG	
SEQ ID NO:1	(1289)	CTTTTTTCTCTTTCTTGCCACTTGGTGATGTTGTATTGCCGCTTCGGCG	
		1351	1400
SEQ ID NO:12	(1340)	TTGTACTAGCCTTCTGGCTCTTCTTATTTAAT-GATGATGCACCCGCTGG	
SEQ ID NO:1	(1339)	TTGTACTAGCCTTCTGGCTCTTCTTATTTAATCGATGATGCACCCGCTGG	
		1401	1450
SEQ ID NO:12	(1389)	GTGGCATTCTTGAAATTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACA	
SEQ ID NO:1	(1389)	GTGGCATTCTTGAAATTTTTTGAGAAAATACTCCTACAAAGGAAGTACA	
		1451	1500
SEQ ID NO:12	(1439)	GTAATTTGATACACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTA	
SEQ ID NO:1	(1439)	GTAATTTGATACACAATGCTTTCTCTAAATACGAAAATACAAACATCCTA	
		1501	1550
SEQ ID NO:12	(1489)	ATGTTATTCCAACATATGCTACTCCCTCCGTTCTTAACTCTTATCTTTGT	
SEQ ID NO:1	(1489)	ATGTTATTCCAACATATGCTACTCCCTCCGTTCTTAACTCTTATCTTTGT	
		1551	1600
SEQ ID NO:12	(1539)	TTTGTTCAAATTTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAA	
SEQ ID NO:1	(1539)	TTTGTTCAAATTTGTACCAAACAACGACAAAAATTTAGTAACGGAGGAA	
		1601	1650
SEQ ID NO:12	(1589)	GTATATATACGAAGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTA	
SEQ ID NO:1	(1589)	GTATATATACGAAGTGATACCAAATAAGGTGTTTCTTTACTTGAAAGCTA	

Figura 3C

		1651		1700
SEQ ID NO:12	(1639)	GTTCCCTCTGAGGTAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTT		
SEQ ID NO:1	(1639)	GTTCCCTCTGAGGTAAAAGAAATGATGAGGATCAAGGAAGGCCCATTTCTT		
		1701		1750
SEQ ID NO:12	(1689)	GCCGGCACGCAGTTGCCGAAGTCAGTAGATTTAAAATGACCTCACATACT		
SEQ ID NO:1	(1689)	GCCGGCACGCAGTTGCCGAAGTCAGTAGATTTAAAATGACCTCACATACT		
		1751		1800
SEQ ID NO:12	(1739)	GAAGAAGGAAAGGGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCA		
SEQ ID NO:1	(1739)	GAAGAAGGAAAGGGAAGTTAACCACGCCATTGTTGCTTTAGCAGAAAGCA		
		1801		1850
SEQ ID NO:12	(1789)	ACCATATCCTAATTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGAT		
SEQ ID NO:1	(1789)	ACCATATCCTAATTAACATCACAGTACACGTTGAAACGGCAGGGCACGAT		
		1851		1900
SEQ ID NO:12	(1839)	AATTGGTGAAGACTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCT		
SEQ ID NO:1	(1839)	AATTGGTGAAGACTGATTCCAGGGAGCATCGTGGCACGCAAAAACGCCCT		
		1901		1950
SEQ ID NO:12	(1889)	TGCCTTGTTCCCTTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACC		
SEQ ID NO:1	(1889)	TGCCTTGTTCCCTTATAAATAGTGGTGCAGAAGATACATTTGTGATCACC		
		1951		2000
SEQ ID NO:12	(1939)	ATCTCAAAGCGCCTCTTTATTCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGA		
SEQ ID NO:1	(1939)	ATCTCAAAGCGCCTCTTTATTCCCCTTTTCATCTTGAGCTTAAGTACTAGA		
		2001	2012	
SEQ ID NO:12	(1989)	GAAAAATTAAGG		
SEQ ID NO:1	(1989)	GAAAAATTAAGG		

Figura 4A

	1	50
SEQ ID NO:16	(1)	GATGCACGCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC
SEQ ID NO:15	(1)	GATGCACGCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC
SEQ ID NO:14	(1)	GATGCACGCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC
SEQ ID NO:13	(1)	GATGCACGCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC
SEQ ID NO:3	(1)	GATGCACGCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC
	51	100
SEQ ID NO:16	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAGTCGAG
SEQ ID NO:15	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAGTCGAG
SEQ ID NO:14	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAGTCGAG
SEQ ID NO:13	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAGTCGAG
SEQ ID NO:3	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAGTCGAG
	101	150
SEQ ID NO:16	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGCCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT
SEQ ID NO:15	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGCCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT
SEQ ID NO:14	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGCCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT
SEQ ID NO:13	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGCCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT
SEQ ID NO:3	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGCCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT
	151	200
SEQ ID NO:16	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT
SEQ ID NO:15	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT
SEQ ID NO:14	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT
SEQ ID NO:13	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT
SEQ ID NO:3	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT
	201	250
SEQ ID NO:16	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG
SEQ ID NO:15	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG
SEQ ID NO:14	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG
SEQ ID NO:13	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG
SEQ ID NO:3	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG
	251	300
SEQ ID NO:16	(251)	ACAGGTTTGCCTAACCATGCCTTTTCCTTCCTTGAGGTCATCGCGCCAAC
SEQ ID NO:15	(251)	ACAGGTTTGCCTAACCATGCCTTTTCCTTCCTTGAGGTCATCGCGCCAAC
SEQ ID NO:14	(251)	ACAGGTTTGCCTAACCATGCCTTTTCCTTCCTTGAGGTCATCGCGCCAAC
SEQ ID NO:13	(251)	ACAGGTTTGCCTA-----
SEQ ID NO:3	(251)	ACAGGTTTGCCTAACCATGCCTTTTCCTTCCTTGAGGTCATCGCGCCAAC
	301	350
SEQ ID NO:16	(301)	ACGAATGACGAGAACCAATGATCTTAGGACTATCAAATAGACAATATAAC
SEQ ID NO:15	(301)	ACGAATGACGAGAACCAATGATCTTAGGACTATCAAATAGACAATATAAC
SEQ ID NO:14	(301)	ACGAATGACGAGAACCAATGATCTTAGGACTA-----
SEQ ID NO:13	(265)	-----
SEQ ID NO:3	(301)	ACGAATGACGAGAACCAATGATCTTAGGACTATCAAATAGACAATATAAC
	351	400
SEQ ID NO:16	(351)	TCAGCATGGAGCAATGTACTGCTAATGAACGGTCCTAATCAATACAGTTG
SEQ ID NO:15	(351)	TCAGCATGGAGCAATGTACTGCTAATGAACGGTCCTAATCAATACAGTTG
SEQ ID NO:14	(333)	-----
SEQ ID NO:13	(265)	-----
SEQ ID NO:3	(351)	TCAGCATGGAGCAATGTACTGCTAATGAACGGTCCTAATCAATACAGTTG

Figura 4B

```

401                                     450
SEQ ID NO:16 (401) GGAAGCAGTAATCGATGGAAAACACTTCCTCAGTTCAGAAGGGAACATGT
SEQ ID NO:15 (401) GGAAGCAGTAATCGATGGAAAACACTTCCTCAGTTCAGAAGGGAACATGT
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (401) GGAAGCAGTAATCGATGGAAAACACTTCCTCAGTTCAGAAGGGAACATGT
451                                     500
SEQ ID NO:16 (451) AGATGGGAAAGTAAACAGGATATATAGACACATGCAGTTAGGTCTACCAC
SEQ ID NO:15 (451) AGATGGGAAAGTAAACAGGATATATAGACACATGCAGTTAGGTCTACCAC
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (451) AGATGGGAAAGTAAACAGGATATATAGACACATGCAGTTAGGTCTACCAC
501                                     550
SEQ ID NO:16 (501) AAGAAGACATGCCACAGGACTAAAAACAGAAGCTGGGTTTGGAACAACIT
SEQ ID NO:15 (501) AAGAAGACATGCCACAGGACTAAAAACAGAAGCTGGGTTTGGAACAACIT
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (501) AAGAAGACATGCCACAGGACTAAAAACAGAAGCTGGGTTTGGAACAACIT
551                                     600
SEQ ID NO:16 (551) ATGCAGACGCTAGCTATCCAGATAAACCTTAGAGAAACAGCTATGAGAAT
SEQ ID NO:15 (551) ATGCAGACGCTAGCTATCCAGATAAACCTTAGAGAAACAGCTATGAGAAT
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (551) ATGCAGACGCTAGCTATCCAGATAAACCTTAGAGAAACAGCTATGAGAAT
601                                     650
SEQ ID NO:16 (601) AAGCGTCTGAAATTTGTAGTTGCCTGTTTGAATGGCTTATGGACGACAA
SEQ ID NO:15 (601) AAGCGTCTGAAATTTGTAGTTGCCTGTTTGAATGGCTTATGGACGACAA
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (601) AAGCGTCTGAAATTTGTAGTTGCCTGTTTGAATGGCTTATGGACGACAA
651                                     700
SEQ ID NO:16 (651) GCTTATTTTCTGGAGTAGCCTACAAGTACAAGCCAAGGCACATGCTGTTC
SEQ ID NO:15 (631) -----
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (651) GCTTATTTTCTGGAGTAGCCTACAAGTACAAGCCAAGGCACATGCTGTTC
701                                     750
SEQ ID NO:16 (701) CAAACTGGCCCATATTTTGCACAACCA-----
SEQ ID NO:15 (631) -----
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (701) CAAACTGGCCCATATTTTGCACAACCAAGGAAAAGAGACAGTGACATAA
751                                     800
SEQ ID NO:16 (728) -----
SEQ ID NO:15 (631) -----
SEQ ID NO:14 (333) -----
SEQ ID NO:13 (265) -----
SEQ ID NO:3 (751) GAGCATCTCCAGTGATTTCAGTGAGATACCCCAAAGTCATCCAAATGTCCG

```

Figura 4C

		801		850
SEQ ID NO:16	(728)	-----		
SEQ ID NO:15	(631)	-----		
SEQ ID NO:14	(333)	-----		
SEQ ID NO:13	(265)	-----		
SEQ ID NO:3	(801)	TTTCGGCCGAAATGGACATGCTGGCCAGAAAAACATCTCCCAATGGGTIA		
		851		900
SEQ ID NO:16	(728)	-----		
SEQ ID NO:15	(631)	-----		
SEQ ID NO:14	(333)	-----		
SEQ ID NO:13	(265)	-----		
SEQ ID NO:3	(851)	CCCCAAATAGATATTTTGTATGTTTTGTCCGGCCCAATCCCCAAACATCT		
		901		950
SEQ ID NO:16	(728)	-----		
SEQ ID NO:15	(631)	-----		
SEQ ID NO:14	(333)	-----		
SEQ ID NO:13	(265)	-----		
SEQ ID NO:3	(901)	CCTAAATTTGGGGCAACTTTGCGGTGTCCAGTGTCCGGTGTCCGGGCCCCA		
		951		1000
SEQ ID NO:16	(728)	-----		
SEQ ID NO:15	(631)	-----		
SEQ ID NO:14	(333)	-----		
SEQ ID NO:13	(265)	-----		
SEQ ID NO:3	(951)	CTTCTTTTTCTCCCAAGCGAGCATCTTCCTCCCGAAGCACGAAGCCCCCG		
		1001		
SEQ ID NO:16	(728)	--		
SEQ ID NO:15	(631)	--		
SEQ ID NO:14	(333)	--		
SEQ ID NO:13	(265)	--		
SEQ ID NO:3	(1001)	TC		

Figura 5A

		1		50
SEQ ID NO:18	(1)	GATGCACCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC		
SEQ ID NO:17	(1)	GATGCACCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC		
SEQ ID NO:3	(1)	GATGCACCGACGCGCTGCTGCTTGTGGTGTGTGTTTGTGTGATCTCGAC		
		51		100
SEQ ID NO:18	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAAGTTGG		
SEQ ID NO:17	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAGTCGAG		
SEQ ID NO:3	(51)	TGAATAAAAGGGACACGGTACATCCGGGGTTGGTTGGTGCTCGAGTCGAG		
		101		150
SEQ ID NO:18	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGGCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT		
SEQ ID NO:17	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGGCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT		
SEQ ID NO:3	(101)	TGTGCAAGGTTGTGTGGTTTGGCAGCTCTTGGTGTGTGTCTCCTTGTGCT		
		151		200
SEQ ID NO:18	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT		
SEQ ID NO:17	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT		
SEQ ID NO:3	(151)	CATGTGACTTGTGAAACCATTAAATAGTAACCACTTTGTGCTTGTGTGTGT		
		201		250
SEQ ID NO:18	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG		
SEQ ID NO:17	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG		
SEQ ID NO:3	(201)	GTGGGCACCTGTGTTTCTGTAATGGTCTATCTGGAGTGAATATATACAAG		
		251		300
SEQ ID NO:18	(251)	ACAGGTTTGCCTAACCATGCCTTTTCCTTCCTTGAGGTCATCGCGCCAAC		
SEQ ID NO:17	(251)	ACAGGTTTGCCTAACCATGCCTTTTCCTTCCTTGAGGTCATCGCGCCAAC		
SEQ ID NO:3	(251)	ACAGGTTTGCCTAACCATGCCTTTTCCTTCCTTGAGGTCATCGCGCCAAC		
		301		350
SEQ ID NO:18	(301)	ACGAATGACGAGAACCAATGATCTTAGGACTATCAAATAGACAATATAAC		
SEQ ID NO:17	(301)	ACGAATGACGAGAACCAATGATCTTAGGACTATCAAATAGACAATATAAC		
SEQ ID NO:3	(301)	ACGAATGACGAGAACCAATGATCTTAGGACTATCAAATAGACAATATAAC		
		351		400
SEQ ID NO:18	(351)	TCAGCATGGAGCAATGTACTGCTAATGAACGGTCCTAATCAATACAGTTG		
SEQ ID NO:17	(351)	TCAGCATGGAGCAATGTACTGCTAATGAACGGTCCTAATCAATACAGTTG		
SEQ ID NO:3	(351)	TCAGCATGGAGCAATGTACTGCTAATGAACGGTCCTAATCAATACAGTTG		
		401		450
SEQ ID NO:18	(401)	GGAAGCACTAATG--TGGAAAACACTTCCTCAGTTCAGAAGGGAACATGT		
SEQ ID NO:17	(401)	GGAAGCAC-----T-----CAGAAGGGAACATGT		
SEQ ID NO:3	(401)	GGAAGCAGTAATCGATGGAACACTTCCTCAGTTCAGAAGGGAACATGT		
		451		500
SEQ ID NO:18	(449)	AGATGGGAAAGTAAACAGGATATATAGACACATGCAGTTAGGTCTACCAC		
SEQ ID NO:17	(425)	AGATGGGAAAGTAAACAGGATATATAGACACATGCAGTTAGGTCTACCAC		
SEQ ID NO:3	(451)	AGATGGGAAAGTAAACAGGATATATAGACACATGCAGTTAGGTCTACCAC		
		501		550
SEQ ID NO:18	(499)	AAGA-----CATGCCACAGGACTAAAA		
SEQ ID NO:17	(475)	AAGATATATATACAAGACAGGTTTGCCTAATCCATGCCACAGGACTAAAA		
SEQ ID NO:3	(501)	AAGA-----AGA-----CATGCCACAGGACTAAAA		

Figura 5B

	551	600
SEQ ID NO:18	(521) ACAGAAGCTGGGTTTGGAACTTATGCAGACT---	GCTATCCAGATAA
SEQ ID NO:17	(525) ACAGAAGCTGGGTTTGGAACTTATGCAGACGCTAGCTATCCAGATAA	
SEQ ID NO:3	(526) ACAGAAGCTGGGTTTGGAACTTATGCAGACGCTAGCTATCCAGATAA	
	601	650
SEQ ID NO:18	(568) ACCTTAGAGAAACAGCTATGAGAATAAGCGTCTGAAATTTGTAGTTGCCT	
SEQ ID NO:17	(575) ACCTTAGAGAAACAGCTATGAGAATAAGCGTCTGAAATTTGTAGTTGCCT	
SEQ ID NO:3	(576) ACCTTAGAGAAACAGCTATGAGAATAAGCGTCTGAAATTTGTAGTTGCCT	
	651	700
SEQ ID NO:18	(618) GTTTGGAATGGCTTATGGACGACAATGAGTGTATTTTCTGGAGTAGCCCTA	
SEQ ID NO:17	(625) GTTTGGAATGGCTTATGGACGACACGTA----	ATTTTCTGGAGTAGCCCTA
SEQ ID NO:3	(626) GTTTGGAATGGCTTATGGACGACAAGCT---	TATTTTCTGGAGTAGCCCTA
	701	750
SEQ ID NO:18	(668) CAAGTACAAGCCAAGGCACATGCTGTTCCAACTGGCCCATATTTTGCAC	
SEQ ID NO:17	(671) CAAGTACAAGCCAAGGCACATGCTGTTCCAACTGGCCCATATTTTGCAC	
SEQ ID NO:3	(673) CAAGTACAAGCCAAGGCACATGCTGTTCCAACTGGCCCATATTTTGCAC	
	751	800
SEQ ID NO:18	(718) AACCAGGAAAAAGAGACAGTGACATAAGAGCATCTCCAGTGATTTCAGTG	
SEQ ID NO:17	(721) AACCAGGAAAAAGAGACAGTGACATAAGAGCATCTCCAGTGATTTCAGTG	
SEQ ID NO:3	(723) AACCAGGAAAAAGAGACAGTGACATAAGAGCATCTCCAGTGATTTCAGTG	
	801	850
SEQ ID NO:18	(768) AGATACCCCAAAGTCATCCAAATGTCCGTTTCGGCCGAAATGGACATGCT	
SEQ ID NO:17	(771) AGATACCCCAAAGTCATCCAAATGTCCGTTTCGGCCGAAATGGACATGCT	
SEQ ID NO:3	(773) AGATACCCCAAAGTCATCCAAATGTCCGTTTCGGCCGAAATGGACATGCT	
	851	900
SEQ ID NO:18	(818) GGCCAGAAAAACATCTCCCAATGGGTCTAACACCCCAAATAGATATTTTG	
SEQ ID NO:17	(821) GGCCAGAAAAACATCTCCCAATGGGC----	GATCCCAAATAGATATTTTG
SEQ ID NO:3	(823) GGCCAGAAAAACATCTCCCAATGGGT----	TACCCCAAATAGATATTTTG
	901	950
SEQ ID NO:18	(868) TATGTTTGTCCGGCCCAATCCCCAAACATCTCCTAAATTTGGGGCAACT	
SEQ ID NO:17	(867) TATGTTTGTCCGGCCCAATCCCCAAACATCTCCTAAATTTGGGGCAACT	
SEQ ID NO:3	(869) TATGTTTGTCCGGCCCAATCCCCAAACATCTCCTAAATTTGGGGCAACT	
	951	1000
SEQ ID NO:18	(918) TTGCGGTGTCCAGTGTCGGGTGTCCGGGCCCACTTCTTTTCTCCCAAGC	
SEQ ID NO:17	(917) TTGCGGTGTCCAGTGTCGGGTGTCCGGGCCCACTTCTTTTCTCCCAAGC	
SEQ ID NO:3	(919) TTGCGGTGTCCAGTGTCGGGTGTCCGGGCCCACTTCTTTTCTCCCAAGC	
	1001	1034
SEQ ID NO:18	(968) GAGCATCTTCCTCCCGAAGCACGAAGCCCCCGTC	
SEQ ID NO:17	(967) GAGCATCTTCCTCCCGAAGCACGAAGCCCCCGTC	
SEQ ID NO:3	(969) GAGCATCTTCCTCCCGAAGCACGAAGCCCCCGTC	