

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Solicitante: Dana-Farber Cancer Institute, Inc.

5 <120> Título de la invención: VACUNACIÓN CON EL DOMINIO ALFA 3 DE MICA/B PARA EL TRATAMIENTO DEL CÁNCER

<130> Número de referencia: DFCI-126/001WO

10 <150> Número de solicitud previa: US 62/263,377
<151> Fecha de presentación de la solicitud previa: 2015-12-04

<150> Número de solicitud previa: US 62/422,454
<151> Fecha de presentación de la solicitud previa: 2016-11-15

15 <160> Números de secuencias: 30

<170> Software: PatentIn versión 3.5

20 <210> SEQ ID NO: 1
<211> Longitud: 360
<212> Tipo: PRT
<213> Organismo: Homo sapiens

25 <400> Secuencia: 1

His Ser Leu Arg Tyr Asn Leu Thr Val Leu Ser Trp Asp Gly Ser Val
1 5 10 15

30 Gln Ser Gly Phe Leu Ala Glu Val His Leu Asp Gly Gln Pro Phe Leu
20 25 30

35 Arg Tyr Asp Arg Gln Lys Cys Arg Ala Lys Pro Gln Gly Gln Trp Ala
35 40 45

40 Glu Asp Val Leu Gly Asn Lys Thr Trp Asp Arg Glu Thr Arg Asp Leu
50 55 60

Thr Gly Asn Gly Lys Asp Leu Arg Met Thr Leu Ala His Ile Lys Asp
65 70 75 80

45 Gln Lys Glu Gly Leu His Ser Leu Gln Glu Ile Arg Val Cys Glu Ile
85 90 95

50 His Glu Asp Asn Ser Thr Arg Ser Ser Gln His Phe Tyr Tyr Asp Gly
100 105 110

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

Arg Asp Ala Thr Gln Leu Gly Phe Gln Pro Leu Met Ser Ala Leu Gly
 340 345 350
 5
 Ser Thr Gly Ser Thr Glu Gly Ala
 355 360
 10
 <210> SEQ ID NO: 2
 <211> Longitud: 358
 <212> Tipo: PRT
 <213> Organismo: Homo sapiens
 15
 <400> Secuencia: 2
 Pro His Ser Leu Arg Tyr Asn Leu Met Val Leu Ser Gln Asp Gly Ser
 1 5 10 15
 20
 Val Gln Ser Gly Phe Leu Ala Glu Gly His Leu Asp Gly Gln Pro Phe
 20 25 30
 25
 Leu Arg Tyr Asp Arg Gln Lys Arg Arg Ala Lys Pro Gln Gly Gln Trp
 35 40 45
 30
 Ala Glu Asp Val Leu Gly Ala Lys Thr Trp Asp Thr Glu Thr Glu Asp
 50 55 60
 35
 Leu Thr Glu Asn Gly Gln Asp Leu Arg Arg Thr Leu Thr His Ile Lys
 65 70 75 80
 40
 Asp Gln Lys Gly Gly Leu His Ser Leu Gln Glu Ile Arg Val Cys Glu
 85 90 95
 45
 Ile His Glu Asp Ser Ser Thr Arg Gly Ser Arg His Phe Tyr Tyr Asp
 100 105 110
 50
 Gly Glu Leu Phe Leu Ser Gln Asn Leu Glu Thr Gln Glu Ser Thr Val
 115 120 125
 50
 Pro Gln Ser Ser Arg Ala Gln Thr Leu Ala Met Asn Val Thr Asn Phe
 130 135 140
 Trp Lys Glu Asp Ala Met Lys Thr Lys Thr His Tyr Arg Ala Met Gln

[illegible]

<210> SEQ ID NO: 3

<211> Longitud: 109

<212> Tipo: PRT

5 <213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polipéptido Artificial

10 <400> Secuencia: 3

Arg Thr Val Pro Pro Met Val Asn Val Thr Arg Ser Glu Ala Ser Glu
1 5 10 15

15 Gly Asn Ile Thr Val Thr Cys Arg Ala Ser Gly Phe Tyr Pro Trp Asn
20 25 30

20 Ile Thr Leu Ser Trp Arg Gln Asp Gly Val Ser Leu Ser His Asp Thr
35 40 45

25 Gln Gln Trp Gly Asp Val Leu Pro Asp Gly Asn Gly Thr Tyr Gln Thr
50 55 60

30 Trp Val Ala Thr Arg Ile Ser Gln Gly Glu Glu Gln Arg Phe Thr Cys
65 70 75 80

Tyr Met Glu His Ser Gly Asn His Ser Thr His Pro Val Pro Ser Gly
85 90 95

35 Lys Val Leu Val Leu Gln Ser His Trp Gln Thr Phe His
100 105

40 <210> SEQ ID NO: 4

<211> Longitud: 109

<212> Tipo: PRT

<213> Organismo: Secuencia Artificial

45 <220> Característica:

<223> Otra Información: Polipéptido Artificial

<400> Secuencia: 4

50 Arg Thr Val Pro Pro Met Val Gln Val Thr Arg Ser Glu Ala Ser Glu
1 5 10 15

Gly Gln Ile Thr Val Thr Cys Arg Ala Ser Gly Phe Tyr Pro Trp Asn

	20	25	30
5	Ile Asn Leu Ser Trp Arg Gln Asp Gly Val Ser Leu Ser His Asp Thr 35 40 45		
10	Gln Gln Trp Gly Asp Val Leu Pro Asp Gly Asn Gly Thr Tyr Gln Thr 50 55 60		
15	Trp Val Ala Thr Arg Ile Ser Gln Gly Glu Glu Gln Arg Phe Thr Cys 65 70 75 80		
	Tyr Met Glu His Ser Gly Gln His Ser Thr His Pro Val Pro Ser Gly 85 90 95		
20	Lys Val Leu Val Leu Gln Ser His Trp Gln Thr Phe His 100 105		
25	<210> SEQ ID NO: 5 <211> Longitud: 314 <212> Tipo: PRT <213> Organismo: Secuencia Artificial		
30	<220> Característica: <223> Otra Información: Polipéptido Artificial <400> Secuencia: 5		
35	Met Val Pro Cys Thr Leu Leu Leu Leu Leu Ala Ala Ala Leu Ala Pro 1 5 10 15		
40	Thr Gln Thr Arg Ala His His His His His His Ser Lys Ser Tyr Pro 20 25 30		
45	Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Arg Thr Val Pro Pro Met Val Asn Val 35 40 45		
	Thr Arg Ser Glu Ala Ser Glu Gly Asn Ile Thr Val Thr Cys Arg Ala 50 55 60		
50	Ser Gly Phe Tyr Pro Trp Asn Ile Thr Leu Ser Trp Arg Gln Asp Gly 65 70 75 80		
	Val Ser Leu Ser His Asp Thr Gln Gln Trp Gly Asp Val Leu Pro Asp		

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

Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser
305 310

5

<210> SEQ ID NO: 6
<211> Longitud: 945
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

10

<220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 6

15

atgggtcccct gtaccctgct gctgctgctg gctgctgcac tggcacctac tcagactcgg
60

gcccaccatc atcaccatca ctcaaaaagt taccctacg atgtccccga ctacgccagg
120

20

accgtgcccc ctatggtgaa cgtcacacgc tcagaagcta gcgagggcaa tatcaccgtg
180

25

acatgccgag catctggggt ctatccttgg aacattacac tgagttggag gcaggacggg
240

gtgtccctgt ctcacgatac tcagcagtgg ggcgacgtgc tgccagatgg caatgggacc
300

30

taccagacat ggggtggctac tcggatctcc cagggggagg aacagagatt cacctgctat
360

atggagcata gtggaaacca ctcaacacat cctgtgccat ctggcaaggt gctggtcctg
420

35

cagagtcact ggcagacatt tcatggatca ggcgatatca ttaagctgct gaacgaacag
480

40

gtgaacaagg agatgcagtc tagtaacctg tacatgagca tgtcaagctg gtgttatata
540

cactccctgg acggagccgg cctgttcctg tttgatcacg ccgctgagga atacgaacat
600

45

gctaagaaac tgatcatttt cctgaatgag aacaatgtgc cagtccagct gactagcatt
660

tccgcacccg aacacaagtt cgagggcctg acccagatct ttcagaaagc ctacgaacac
720

50

gagcagcata tctctgaaag tatcaacaac atcgtggacc acgcaatcaa gagcaaagat
780

catgccacct tcaactttct gcagtgggtac gtggccgagc agcacgagga agaggtcctg
840

5 ttttaaggaca ttctggataa aatcgaactg attggcaatg agaatacagg gctgtacctg
900

gcagatcagt atgtcaaggg catcgcaaag tcaaggaaat catga
945

10 <210> SEQ ID NO: 7
<211> Longitud: 314
<212> Tipo: PRT
<213> Organismo: Secuencia Artificial

15 <220> Característica:
<223> Otra Información: Polipéptido Artificial

<400> Secuencia: 7

20 Met Val Pro Cys Thr Leu Leu Leu Leu Leu Ala Ala Ala Leu Ala Pro
1 5 10 15

25 Thr Gln Thr Arg Ala His His His His His His Ser Lys Ser Tyr Pro
20 25 30

30 Tyr Asp Val Pro Asp Tyr Ala Arg Thr Val Pro Pro Met Val Asn Val
35 40 45

Thr Arg Ser Glu Ala Ser Glu Gly Asn Ile Thr Val Thr Cys Arg Ala
50 55 60

35 Ser Gly Phe Tyr Pro Trp Asn Ile Thr Leu Ser Trp Arg Gln Asp Gly
65 70 75 80

40 Val Ser Leu Ser His Asp Thr Gln Gln Trp Gly Asp Val Leu Pro Asp
85 90 95

45 Gly Asn Gly Thr Tyr Gln Thr Trp Val Ala Thr Arg Ile Ser Gln Gly
100 105 110

50 Glu Glu Gln Arg Phe Thr Cys Tyr Met Glu His Ser Gly Asn His Ser
115 120 125

Thr His Pro Val Pro Ser Gly Lys Val Leu Val Leu Gln Ser His Trp
130 135 140

5 Gln Thr Phe His Gly Ser Gly Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn Glu Gln
145 150 155 160

Val Asn Lys Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met Ser Ser
165 170 175

10 Trp Cys Tyr Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu Phe Asp
180 185 190

15 His Ala Ala Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile Phe Leu
195 200 205

20 Asn Glu Asn Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala Pro Glu
210 215 220

25 His Lys Phe Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr Glu His
225 230 235 240

Glu Gln His Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His Ala Ile
245 250 255

30 Lys Ser Lys Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr Val Ala
260 265 270

35 Glu Gln His Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp Lys Ile
275 280 285

40 Glu Leu Ile Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp Gln Tyr
290 295 300

45 Val Lys Gly Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser
305 310

<210> SEQ ID NO: 8

<211> Longitud: 945

<212> Tipo: ADN

50 <213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 8

atgggtcccct gtaccctgct gctgctgctg gctgctgcac tggcacctac tcagactcgg
60

5 gccaccatc atcaccatca ctcaaaaagt taccctacg atgtccccga ctacgccagg
120

accgtgcccc ctatggtgaa cgtcacacgc tcagaagcta gcgagggcaa tatcaccgtg
180

10 acatgccgag catctggggt ctatccttgg aacattacac tgagttggag gcaggacggg
240

15 gtgtccctgt ctacgatac tcagcagtgg ggcgacgtgc tgccagatgg caatgggacc
300

taccagacat ggggtggctac tcggatctcc cagggggagg aacagagatt cacctgctat
360

20 atggagcata gtggaaacca ctcaacacat cctgtgccat ctggcaaggt gctggtcctg
420

cagagtcact ggcagacatt tcatggatca ggcgatatca ttaagctgct gaacgaacag
480

25 gtgaacaagg agatgcagtc tagtaacctg tacatgagca tgtcaagctg gtgttataca
540

30 cactccctgg acggagccgg cctgttctctg tttgatcacg ccgctgagga atacgaacat
600

gctaagaaac tgatcatttt cctgaatgag aacaatgtgc cagtccagct gactagcatt
660

35 tccgcacccg aacacaagtt cgagggcctg acccagatct ttcagaaagc ctacgaacac
720

gagcagcata tctctgaaag tatcaacaac atcgtggacc acgcaatcaa gagcaaagat
780

40 catgccacct tcaactttct gcagtggtag gtggccgagc agcacgagga agaggtcctg
840

45 tttaaggaca ttctggataa aatcgaactg attggcaatg agaatcacgg gctgtacctg
900

gcagatcagt atgtcaaggg catcgcaaag tcaaggaaat catga
945

50

<210> SEQ ID NO: 9

<211> Longitud: 40

<212> Tipo: ADN

<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

5 <400> Secuencia: 9
aaaaaaccgcg ggatgggtccc ctgtaccctg ctgctgctgc
40

10 <210> SEQ ID NO: 10
<211> Longitud: 50
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

15 <220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 10
gttcgttcag cagcttaatg atatcgctg atccatgaaa tgtctgccag
20 50

<210> SEQ ID NO: 11
<211> Longitud: 50
25 <212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

30 <400> Secuencia: 11
ctggcagaca ttcatggat caggcgatat cattaagctg ctgaacgaac
50

35 <210> SEQ ID NO: 12
<211> Longitud: 43
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

40 <220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 12
45 aaaaaaggat cctcatgatt tccttgactt tgcgatgccc ttg
43

<210> SEQ ID NO: 13
50 <211> Longitud: 10
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<220> Característica:

5 <221> Nombre/Clave: misc_característica

<222> Ubicación: (7)..(10)

<223> Otra Información: n es a, c, g, o t

<400> Secuencia: 13

10 acctgcnnnn

10

<210> SEQ ID NO: 14

15 <211> Longitud: 11

<212> Tipo: ADN

<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

20 <223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<220> Característica:

<221> Nombre/Clave: misc_característica

25 <222> Ubicación: (4)..(8)

<223> Otra Información: n es a, c, g, o t

<400> Secuencia: 14

gacnnnnngt c

30 11

<210> SEQ ID NO: 15

<211> Longitud: 11

35 <212> Tipo: ADN

<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

40 <223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<220> Característica:

<221> Nombre/Clave: misc_característica

<222> Ubicación: (4)..(8)

45 <223> Otra Información: n es a, c, g, o t

<400> Secuencia: 15

cctnnnnnag g

50 11

<210> SEQ ID NO: 16

<211> Longitud: 167

<212> Tipo: PRT

<213> Organismo: Helicobacter pylori

<400> Secuencia: 16

5 Met Leu Ser Lys Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn Glu Gln Val Asn Lys
1 5 10 15

10 Glu Met Gln Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met Ser Ser Trp Cys Tyr
20 25 30

15 Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu Phe Asp His Ala Ala
35 40 45

20 Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile Phe Leu Asn Glu Asn
50 55 60

25 Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala Pro Glu His Lys Phe
65 70 75 80

30 Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr Glu His Glu Gln His
85 90 95

35 Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His Ala Ile Lys Ser Lys
100 105 110

40 Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr Val Ala Glu Gln His
115 120 125

45 Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp Lys Ile Glu Leu Ile
130 135 140

50 Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp Gln Tyr Val Lys Gly
145 150 155 160

55 Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser
165

<210> SEQ ID NO: 17

<211> Longitud: 167

<212> Tipo: PRT

<213> Organismo: Helicobacter pylori

<400> Secuencia: 17

Met Leu Ser Lys Asp Ile Ile Lys Leu Leu Asn Glu Gln Val Asn Lys
1 5 10 15

5

Glu Met Asn Ser Ser Asn Leu Tyr Met Ser Met Ser Ser Trp Cys Tyr
20 25 30

10

Thr His Ser Leu Asp Gly Ala Gly Leu Phe Leu Phe Asp His Ala Ala
35 40 45

15

Glu Glu Tyr Glu His Ala Lys Lys Leu Ile Ile Phe Leu Asn Glu Asn
50 55 60

20

Asn Val Pro Val Gln Leu Thr Ser Ile Ser Ala Pro Glu His Lys Phe
65 70 75 80

25

Glu Gly Leu Thr Gln Ile Phe Gln Lys Ala Tyr Glu His Glu Gln His
85 90 95

30

Ile Ser Glu Ser Ile Asn Asn Ile Val Asp His Ala Ile Lys Ser Lys
100 105 110

30

Asp His Ala Thr Phe Asn Phe Leu Gln Trp Tyr Val Ala Glu Gln His
115 120 125

35

Glu Glu Glu Val Leu Phe Lys Asp Ile Leu Asp Lys Ile Glu Leu Ile
130 135 140

40

Gly Asn Glu Asn His Gly Leu Tyr Leu Ala Asp Gln Tyr Val Lys Gly
145 150 155 160

Ile Ala Lys Ser Arg Lys Ser
165

45

<210> SEQ ID NO: 18
<211> Longitud: 429
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

50

<220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 18

atgggtcccct gtaccctgct gctgctgctg gctgctgcac tggcacctac tcagactcgg
60

5 gctcaaaaaa gttaccacctta cgatgtcccc gactacgccca ggaccgtgcc ccctatgggtg
120

caggtcacac gctcagaagc tagcgagggc caaatcaccg tgacatgccg agcatctggg
180

10 ttctatcctt ggaacattaa cctgagttgg aggcaggacg ggggtgtccct gtctcacgat
240

actcagcagt ggggcgacgt gctgccagat ggcaatggga cctaccagac atgggtggct
300

15 actcggatct cccaggggga ggaacagaga ttcacctgct atatggagca tagtggacag
360

20 cactcaacac atcctgtgcc atctggcaag gtgctgggcc tgcagagtca ctggcagaca
420

tttcattga
429

25 <210> SEQ ID NO: 19
<211> Longitud: 429
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

30 <220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

35 <400> Secuencia: 19
atgggtcccct gtaccctgct gctgctgctg gctgctgcac tggcacctac tcagactcgg
60

gctcaaaaaa gttaccacctta cgatgtcccc gactacgccca ggaccgtgcc ccctatgggtg
120

40 caggtcacac gctcagaagc tagcgagggc caaatcaccg tgacatgccg agcatctggg
180

45 ttctatcctt ggaacattaa cctgagttgg aggcaggacg ggggtgtccct gtctcacgat
240

actcagcagt ggggcgacgt gctgccagat ggcaatggga cctaccagac atgggtggct
300

50 actcggatct cccaggggga ggaacagaga ttcacctgct atatggagca tagtggacag
360

cactcaacac atcctgtgcc atctggcaag gtgctgggcc tgcagagtca ctggcagaca
420

tttcattga
429

5

<210> SEQ ID NO: 20
<211> Longitud: 142
<212> Tipo: PRT
<213> Organismo: Secuencia Artificial

10

<220> Característica:
<223> Otra Información: Polipéptido Artificial

<400> Secuencia: 20

15

Met Val Pro Cys Thr Leu Leu Leu Leu Leu Ala Ala Ala Leu Ala Pro
1 5 10 15

20

Thr Gln Thr Arg Ala Ser Lys Ser Tyr Pro Tyr Asp Val Pro Asp Tyr
20 25 30

25

Ala Arg Thr Val Pro Pro Met Val Gln Val Thr Arg Ser Glu Ala Ser
35 40 45

30

Glu Gly Gln Ile Thr Val Thr Cys Arg Ala Ser Gly Phe Tyr Pro Trp
50 55 60

35

Asn Ile Asn Leu Ser Trp Arg Gln Asp Gly Val Ser Leu Ser His Asp
65 70 75 80

40

Thr Gln Gln Trp Gly Asp Val Leu Pro Asp Gly Asn Gly Thr Tyr Gln
85 90 95

45

Thr Trp Val Ala Thr Arg Ile Ser Gln Gly Glu Glu Gln Arg Phe Thr
100 105 110

Cys Tyr Met Glu His Ser Gly Gln His Ser Thr His Pro Val Pro Ser
115 120 125

50

Gly Lys Val Leu Val Leu Gln Ser His Trp Gln Thr Phe His
130 135 140

<210> SEQ ID NO: 21
<211> Longitud: 10
<212> Tipo: ADN

<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

5

<220> Característica:

<221> Nombre/Clave: misc_característica

<222> Ubicación: (7)..(10)

10 <223> Otra Información: n es a, c, g, o t

<400> Secuencia: 21

acctgcnnnn

10

15

<210> SEQ ID NO: 22

<211> Longitud: 11

<212> Tipo: ADN

20 <213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

25

<220> Característica:

<221> Nombre/Clave: misc_característica

<222> Ubicación: (4)..(8)

<223> Otra Información: n es a, c, g, o t

30

<400> Secuencia: 22

gacnnnnngt c

11

35

<210> SEQ ID NO: 23

<211> Longitud: 40

<212> Tipo: ADN

<213> Organismo: Secuencia Artificial

40

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 23

45 aaaaaaagat ctatggtccc ctgtaccctg ctgctgctgc

40

<210> SEQ ID NO: 24

50 <211> Longitud: 40

<212> Tipo: ADN

<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 24

aaaaaagaat tctcaatgaa atgtctgccg gtagctctgc

40

<210> SEQ ID NO: 25

<211> Longitud: 142

<212> Tipo: PRT

<213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polipéptido Artificial

<400> Secuencia: 25

Met Val Pro Cys Thr Leu Leu Leu Leu Leu Ala Ala Ala Leu Ala Pro

1

5

10

15

Thr Gln Thr Arg Ala Ser Lys Ser Tyr Pro Tyr Asp Val Pro Asp Tyr

20

25

30

Ala Arg Thr Val Pro Pro Met Val Gln Val Thr Arg Ser Glu Ala Ser

35

40

45

Glu Gly Gln Ile Thr Val Thr Cys Arg Ala Ser Gly Phe Tyr Pro Trp

50

55

60

Asn Ile Asn Leu Ser Trp Arg Gln Asp Gly Val Ser Leu Ser His Asp

65

70

75

80

Thr Gln Gln Trp Gly Asp Val Leu Pro Asp Gly Asn Gly Thr Tyr Gln

85

90

95

Thr Trp Val Ala Thr Arg Ile Ser Gln Gly Glu Glu Gln Arg Phe Thr

100

105

110

Cys Tyr Met Glu His Ser Gly Gln His Ser Thr His Pro Val Pro Ser

115

120

125

Gly Lys Val Leu Val Leu Gln Ser His Trp Gln Thr Phe His

130

135

140

<210> SEQ ID NO: 26

<211> Longitud: 128
<212> Tipo: PRT
<213> Organismo: Secuencia Artificial

5 <220> Característica:
<223> Otra Información: Polipéptido Artificial

<400> Secuencia: 26

10 Met Ala Pro Ala Arg Ser Pro Ser Pro Ser Thr Gln Pro Trp Glu His
1 5 10 15

15 Val Asn Ala Ile Gln Glu Ala Arg Arg Leu Leu Asn Leu Ser Arg Asp
20 25 30

20 Thr Ala Ala Glu Met Asn Glu Thr Val Glu Val Ile Ser Glu Met Phe
35 40 45

Asp Leu Gln Glu Pro Thr Cys Leu Gln Thr Arg Leu Glu Leu Tyr Lys
50 55 60

25 Gln Gly Leu Arg Gly Ser Leu Thr Lys Leu Lys Gly Pro Leu Thr Met
65 70 75 80

30 Met Ala Ser His Tyr Lys Gln His Cys Pro Pro Thr Pro Glu Thr Ser
85 90 95

35 Cys Ala Thr Gln Ile Ile Thr Phe Glu Ser Phe Lys Glu Asn Leu Lys
100 105 110

40 Asp Phe Leu Leu Val Ile Pro Phe Asp Cys Trp Glu Pro Val Gln Glu
115 120 125

<210> SEQ ID NO: 27

<211> Longitud: 125

<212> Tipo: PRT

45 <213> Organismo: Secuencia Artificial

<220> Característica:

<223> Otra Información: Polipéptido Artificial

50 <400> Secuencia: 27

Met Ala Pro Thr Arg Ser Pro Ile Thr Val Thr Arg Pro Trp Lys His
1 5 10 15

Val Glu Ala Ile Lys Glu Ala Leu Asn Leu Leu Asp Asp Met Pro Val
20 25 30

5

Thr Leu Asn Glu Glu Val Glu Val Val Ser Asn Glu Phe Ser Phe Lys
35 40 45

10

Lys Leu Thr Cys Val Gln Thr Arg Leu Lys Ile Phe Glu Gln Gly Leu
50 55 60

15

Arg Gly Asn Phe Thr Lys Leu Lys Gly Ala Leu Asn Met Thr Ala Ser
65 70 75 80

20

Tyr Tyr Gln Thr Tyr Cys Pro Pro Thr Pro Glu Thr Asp Cys Glu Thr
85 90 95

Gln Val Thr Thr Tyr Ala Asp Phe Ile Asp Ser Leu Lys Thr Phe Leu
100 105 110

25

Thr Asp Ile Pro Phe Glu Cys Lys Lys Pro Val Gln Lys
115 120 125

30

<210> SEQ ID NO: 28
<211> Longitud: 781
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Homo sapiens

35

<400> Secuencia: 28
acacagagag aaaggctaaa gttctctgga ggatgtggct gcagagcctg ctgctcttgg
60

40

gcactgtggc ctgcagcatc tctgcacccg cccgctcgcc cagccccagc acgcagccct
120

gggagcatgt gaatgccatc caggaggccc ggcgtctcct gaacctgagt agagacactg
180

45

ctgctgagat gaatgaaaca gtagaagtca tctcagaaat gtttgacctc caggagccga
240

cctgcctaca gacccgcctg gagctgtaca agcagggcct gcggggcagc ctcaccaagc
300

50

tcaagggccc cttgaccatg atggccagcc actacaagca gcactgccct ccaacccccg
360

aaacttcctg tgcaacccag attatcacct ttgaaagttt caaagagaac ctgaaggact
420

5 ttctgcttgt catccccctt gactgctggg agccagtcca ggagtgagac cggccagatg
480

aggctggcca agccggggag ctgctctctc atgaaacaag agctagaaac tcaggatggt
540

10 catcttggag ggaccaaggg gtgggccaca gccatggtgg gagtggcctg gacctgcctt
600

gggccacact gacctgata caggcatggc agaagaatgg gaatatttta tactgacaga
660

15 aatcagtaat atttatatat ttatatTTTTT aaaatatTTT tttatttatt tatttaagtt
720

20 catattccat atttattcaa gatgttttac cgtaataatt attattaaaa atatgcttct
780

a
781

25 <210> SEQ ID NO: 29
<211> Longitud: 144
<212> Tipo: PRT
<213> Organismo: Homo sapiens

30 <400> Secuencia: 29

Met Trp Leu Gln Ser Leu Leu Leu Leu Gly Thr Val Ala Cys Ser Ile
1 5 10 15

35 Ser Ala Pro Ala Arg Ser Pro Ser Pro Ser Thr Gln Pro Trp Glu His
20 25 30

40 Val Asn Ala Ile Gln Glu Ala Arg Arg Leu Leu Asn Leu Ser Arg Asp
35 40 45

45 Thr Ala Ala Glu Met Asn Glu Thr Val Glu Val Ile Ser Glu Met Phe
50 55 60

50 Asp Leu Gln Glu Pro Thr Cys Leu Gln Thr Arg Leu Glu Leu Tyr Lys
65 70 75 80

Gln Gly Leu Arg Gly Ser Leu Thr Lys Leu Lys Gly Pro Leu Thr Met
85 90 95

Met Ala Ser His Tyr Lys Gln His Cys Pro Pro Thr Pro Glu Thr Ser
100 105 110

5

Cys Ala Thr Gln Ile Ile Thr Phe Glu Ser Phe Lys Glu Asn Leu Lys
115 120 125

10

Asp Phe Leu Leu Val Ile Pro Phe Asp Cys Trp Glu Pro Val Gln Glu
130 135 140

15

<210> SEQ ID NO: 30
<211> Longitud: 20
<212> Tipo: ADN
<213> Organismo: Secuencia Artificial

20

<220> Característica:
<223> Otra Información: Polinucleótido Artificial

<400> Secuencia: 30
tccatgacgt tcctgacgtt

25

20