

INFORMACIÓN DEL LISTADO DE SECUENCIAS:

Versión DTD: V1_3

Nombre del archivo: X22742 sequence listing.xml

Nombre del software: WIPO Sequence

Versión del software: 2.1.1

Fecha de producción: 19-07-2022

Información general:

Solicitud actual / Oficina de PI: US

Solicitud actual / Referencia del expediente del solicitante: X22742

Solicitud de prioridad más temprana / Oficina de PI: US

Solicitud de prioridad más temprana / Número de solicitud: 63/229.836

Solicitud de prioridad más temprana / Fecha de presentación: 05-08-2021

Nombre del solicitante: Eli Lilly and Company

Nombre del solicitante/Idioma de publicación: en (inglés)

Título de la invención: ANTICUERPOS CONTRA EL RECEPTOR ALFA DE LA

INTERLEUCINA-4 HUMANA (es)

Cantidad total de secuencia: 53

Secuencias:

Número de secuencia (ID): 1

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

VASGFTFSHS SMN

13

Número de secuencia (ID): 2

Longitud: 10

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..10

> mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

YISRATGAVY

10

Número de secuencia (ID): 3

Longitud: 8

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..8

> mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

AREPVFDY

8

Número de secuencia (ID): 4

Longitud: 11

Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..11
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético

Residuos:
RASQDISNYL A

11

Número de secuencia (ID): 5
Longitud: 8
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..8
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético

Residuos:
YAASSLQS

8

Número de secuencia (ID): 6
Longitud: 9
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..9
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético

Residuos:
LQWSSYPRT

9

Número de secuencia (ID): 7
Longitud: 115
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..115
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético

Residuos:
QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCVASGFTFS HSSMNWVRQA PGKGLEWVSY ISRATGAVYY
ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRDED TAVYYCAREP VFDYWGQGTL VTVSS

60

115

Número de secuencia (ID): 8
Longitud: 107
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..107
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético

Residuos:
DIQMTQSPSA MSASVGDRVIT ITCRASQDIS NYLAWFQQKP GKVPTRLIYA ASSLQSGVPS

60

107 RFSGSGSGTE FTLTISSLQP EDFATYYCLQ WSSYPRTFGQ GTKVEIK

Número de secuencia (ID): 9

Longitud: 445

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..445
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60 QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCVASGFTFS HSSMNWVRQA PGKGLEWVSY ISRATGAVYY
120 ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRDED TAVYYCAREP VFDYWGQGTI VTVSSASTKG
180 PCVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL
240 SSVVTVPSST LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KRVEPKSCDK THTCPPCPAP ELLGGPSVFL
300 FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV
360 VSVLTVLHQD WLNGKEYKCA VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVYTLT PSREEMTKNQ
420 VSLTCLVKGF YPSDICEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV
445 FSCSVMHEAL HNHYTQKSLS LSPGK

Número de secuencia (ID): 10

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..214
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60 DIQMTQSPSA MSASVGDRVT ITCRASQDIS NYLAWFQQKP GKVPTRLIYA ASSLQSGVPS
120 RFSGSGSGTE FTLTISSLQP EDFATYYCLQ WSSYPRTFGQ GTKVEIKRTV AAPSVFIFPP
180 SDEQLKSGTA SVVCLLNNFY PREAKVQWKV DNALQSGNSQ ESVTEQDSKD STYSLSSTLT
214 LSKADYEKHK VYACEVTHQG LSSPVTKSFN RGEC

Número de secuencia (ID): 11

Longitud: 1335

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1335
 - > mol_type, otro ADN
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

caggtacagc tgggtggagtc tggggggaggc ttggtacagc ctgggggggtc cctgagactc

60	tcctgtgtcg	cctctggatt	caccttcagt	cattctagca	tgaactgggt	ccgccaggct
120	ccagggaagg	ggctggagtg	ggtttcatac	attagtcgtg	ctactgggtgc	cgtctactac
180	gcagactctg	taaagggccg	attcaccatc	tccagagata	atgccaaaaa	ctcactgtat
240	ctgcaaatga	acagcctgag	agacgaggac	acggctgtgt	attactgtgc	gagagagccg
300	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagctag	caccaagggc
360	ccatgcgtct	tccccctggc	accctcctcc	aagagcacct	ctgggggcac	agcggccctg
420	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa	ctcaggcgca
480	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggct	gtcctacagt	cctcaggact	ctactccctc
540	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcaccc	agacctacat	ctgcaacgtg
600	aatcacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agcccaaatc	ttgtgacaaa
660	actcacacat	gcccaccgtg	cccagcacct	gaactcctgg	ggggaccgtc	agtcttcctc
720	ttccccccaa	aaccaagga	caccctcatg	atctcccgga	cccctgaggt	cacatgcgtg
780	gtggtggacg	tgagccacga	agaccctgag	gtcaagttca	actggtatgt	ggacggcgctg
840	gaggtgcata	atgccaagac	aaagccgcgg	gaggagcagt	acaacagcac	gtaccgtgtg
900	gtcagcgtcc	tcaccgtcct	gcaccaagac	tggctgaatg	gcaaggagta	caagtgcgcc
960	gtctccaaca	aagccctccc	agcccccatc	gagaaaacca	tctccaaagc	caaagggcag
1020	ccccgagaac	cacaggtgta	caccctgccc	ccatcccggg	aggagatgac	caagaaccaa
1080	gtcagcctga	cctgcctggg	caaaggcttc	tatcccagcg	acatctgcgt	ggagtgggag
1140	agcaatgggc	agccggagaa	caactacaag	accacgcctc	ccgtgctgga	ctccgacggc
1200	tccttcttcc	tctattccaa	gctcaccgtg	gacaagagca	ggtggcagca	ggggaacgtc
1260	ttctcatgct	ccgtgatgca	tgaggctctg	cacaaccact	acacgcagaa	gagcctctcc
1320	ctgtctccgg	gcaaa				
1335						

Número de secuencia (ID): 12

Longitud: 642

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..642
 - > mol_type, otro ADN
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

```

60      gacatccaga  tgacccagtc  tccatctgcc  atgtctgcat  ctgtgggaga  cagagtcacc
120     atcacttgtc  gggcgagtc  ggacattagc  aattatttag  cctggtttca  gcagaaacca
180     gggaaagtcc  ctacgcgcct  gatctatgct  gcatccagtt  tgcaaagtgg  ggtcccatca
240     aggttcagcg  gcagtggatc  tgggacagaa  ttcacttca  caatcagcag  cctgcagcct
300     gaagattttg  caacttatta  ctgtctacag  tgggtccagtt  accctcggac  gttcggccaa
360     gggaccaagg  tggaaatcaa  acggaccgtg  gctgcaccat  ctgtcttcat  cttcccacca
420     tctgatgagc  agttgaaatc  tggaactgcc  tctgttgtgt  gcctgctgaa  taacttctat
480     cccagagagg  ccaaagtaca  gtggaaggtg  gataacgccc  tccaatcggg  taactccag
540     gagagtgtca  cagagcagga  cagcaaggac  agcacctaca  gcctcagcag  caccctgacg
600     ctgagcaaag  cagactacga  gaaacacaaa  gtctacgcct  gcgaagtcac  ccatcagggc
642     ctgagctcgc  ccgtcacaaa  gagcttcaac  aggggagagt  gc

```

Número de secuencia (ID): 13

Longitud: 441

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..441
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

```

60      QVQLVESGGG  LVQPGGSLRL  SCVASGFTFS  HSSMNWVRQA  PGKGLEWVSY  ISRATGAVYY
120     ADSVKGRFTI  SRDNAKNSLY  LQMNSLRDED  TAVYYCAREP  VFDYWGQGTL  VTVSSASTKG
180     PCVFPLAPCS  RSTSESTAAL  GCLVKDYFPE  PVTVSWNSGA  LTSGVHTFPA  VLQSSGLYSL
240     SSVVTPSSS  LGTKTYTCNV  DHKPSNTKVD  KRVESKYGPP  CPPCPAPEFL  GGPSVFLFPP
300     KPKDTLMISR  TPEVTCVVD  VSQEDPEVKF  NWYVDGVEVH  NAKTKPREEQ  FNSTYRVVSV
360     LTVLHQDWLN  GKEYKCKVSN  KGLPSSIEKT  ISKAKGQPRE  PQVYTLPPSR  EEMTKNQVSL
420     TCLVKGFYPS  DICVEWESNG  QPENNYKTP  PVLDSGDSFF  LYSRLTVDKS  RWQQGNVFSC
441     SVMHEALHNH  YTQKSLSLSL  G

```

Número de secuencia (ID): 14

Longitud: 1323

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1323
 - > mol_type, otro ADN

> organism, constructo sintético

Residuos:

```
60  caggtacagc  tgggtggagtc  tggggggaggc  ttggtacagc  ctgggggggtc  cctgagactc
120  tcctgtgtcg  cctctggatt  caccttcagt  cattctagca  tgaactgggt  ccgccaggct
180  ccagggaagg  ggctggagtg  ggtttcatac  attagtcgtg  ctactgggtgc  cgtctactac
240  gcagactctg  taaagggccg  attcaccatc  tccagagata  atgccaaaaa  ctcactgtat
300  ctgcaaatga  acagcctgag  agacgaggac  acggctgtgt  attactgtgc  gagagagccg
360  gtttttgact  actggggcca  gggaaccctg  gtcaccgtct  cctcagcctc  caccaagggc
420  ccatgcgtct  tcccgctagc  gccctgctcc  aggagcacct  ccgagagcac  agccgccctg
480  ggctgcctgg  tcaaggacta  cttccccgaa  ccggtgacgg  tgtcgtggaa  ctcaggcgcc
540  ctgaccagcg  gcgtgcacac  cttcccggt  gtcctacagt  cctcaggact  ctactccctc
600  agcagcgtgg  tgaccgtgcc  ctccagcagc  ttgggcacga  agacctacac  ctgcaacgta
660  gatcacaagc  ccagcaacac  caaggtggac  aagagagttg  agtccaaata  tgggtcccca
720  tgcccaccct  gcccagcacc  tgagttcctg  gggggaccat  cagtcttcct  gttcccccca
780  aaaccaagg  acactctcat  gatctcccgg  acccctgagg  tcacgtgcgt  ggtggtggac
840  gtgagccagg  aagaccccga  ggtcaagttc  aactggtacg  tggatggcgt  ggaggtgcat
900  aatgccaaga  caaagccgcg  ggaggagcag  ttcaacagca  cgtaccgtgt  ggtcagcgtc
960  ctcaccgtcc  tgcaccagga  ctggctgaac  ggcaaggagt  acaagtgcaa  ggtctccaac
1020 aaaggcctcc  cgtcctccat  cgagaaaacc  atctccaaag  ccaaagggca  gccccgagag
1080 ccacaggtgt  acaccctgcc  cccatcccga  gaggagatga  ccaagaacca  ggtcagcctg
1140 acctgcctgg  tcaaaggctt  ctaccccagc  gacatctgcg  tggagtggga  aagcaatggg
1200 cagccggaga  acaactacaa  gaccacgcct  cccgtgctgg  actccgacgg  ctccttcttc
1260 ctctacagca  ggctaaccgt  ggacaagagc  aggtggcagc  aggggaatgt  cttctcatgc
1320 tccgtgatgc  atgaggctct  gcacaaccac  tacacacaga  agagcctctc  cctgtctctg
1323 ggt
```

Número de secuencia (ID): 15

Longitud: 207

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..207

```
> mol_type, proteína
> organism, Homo sapiens
```

Residuos:

```
60 MKVLQEPTCV SDYMSISTCE WKMNGPTNCS TELRLLYQLV FLLSEAHTCI PENNGGAGCV
120 CHLLMDDVVS ADNYTLDLWA GQQLLWKGSF KPSEHVKPRA PGNLTVHTNV SDTLLLTWSN
180 PYPPDNYLYN HLTYAVNIWS ENDPADFRIY NVTYLEPSLR IAASTLKSGI SYRARVRAWA
207 QCYNTTWSEW SPSTKWHNSY REPFEQH
```

Número de secuencia (ID): 16

Longitud: 207

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

```
- source, 1..207
```

```
> mol_type, proteína
```

```
> organismo, Macaca fascicularis
```

Residuos:

```
60 MKVLQEPTCV SDYMSISTCE WKMGGPTNCS AELRLLYQLV FQSSEHTCV PENNGGVGCV
120 CHLLMDDVVS MDNYTLDLWA GQQLLWKGSF KPSEHVKPRA PGNLTVHTNV SDTVLLTWSN
180 PYPPDNYLYN DLTAVNIWS ENDPAYSRIH NVTYKPTLR IPASTLKSGI SYRARVRAWA
207 QHYNTTWSEW SPSTKWNSY REPFEQR
```

Número de secuencia (ID): 17

Longitud: 153

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

```
- source, 1..153
```

```
> mol_type, proteína
```

```
> organism, Homo sapiens
```

Residuos:

```
60 MGLTSQLLPP LFFLLACAGN FVHGKCDIT LQEIIKTLNS LTEQKTLCTE LTVTDIFAAS
120 KNTTEKETFC RAATVLRQFY SHHEKDTRCL GATAQQFHRH KQLIRFLKRL DRNLWGLAGL
153 NSCPVKEANQ STLENFLERL KTIMREKYSK CSS
```

Número de secuencia (ID): 18

Longitud: 146

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

```
- source, 1..146
```

```
> mol_type, proteína
```

```
> organism, Homo sapiens
```

Residuos:

```
60 MHPLLNP LLL ALGLMALLLT TVIALTCLGG FASPGVPVPS TALRELIEEL VNITQNQKAP
```

120 LCNGSMVWSI NLTAGMYCAA LESLINVSGC SAIEKTQRL SGFCPHKVSA GQFSSLHVRD
146 TKIEVAQFVK DLLLHLKKLF REGRFN

Número de secuencia (ID): 19
Longitud: 13
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..13
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético
Residuos:
AASGFTFSIS SMN

13

Número de secuencia (ID): 20
Longitud: 10
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..10
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético
Residuos:
YISRATGAIY

10

Número de secuencia (ID): 21
Residuos:
000

Número de secuencia (ID): 22
Longitud: 11
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..11
 > mol_type, proteína
 > organism, constructo sintético
Residuos:
RASQGISNYL A

11

Número de secuencia (ID): 23
Residuos:
000

Número de secuencia (ID): 24
Longitud: 9
Tipo de molécula: AA
Características Ubicación /Calificadores:
- source, 1..9
 > mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

LQHNSYPRT

9

Número de secuencia (ID): 25

Longitud: 115

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..115

> mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS ISSMNWVRQA PGKGLEWVSY ISRATGAIYY

60

ADSVKGRFTI SRNNAKNSLY LQMNSLRDED TAVYYCAREP VFDYWGQGT L VTVSS

115

Número de secuencia (ID): 26

Longitud: 107

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..107

> mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

DIQMTQSPSA MSASVGDRVT ITCRASQGIS NYLAWFQQKP GKVPTRLIYA ASSLQSGVPS

60

RFSGSGSGTE FTLTISSLQP EDFATYYCLQ HNSYPRTFGQ GTKVEIK

107

Número de secuencia (ID): 27

Longitud: 441

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..441

> mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS ISSMNWVRQA PGKGLEWVSY ISRATGAIYY

60

ADSVKGRFTI SRNNAKNSLY LQMNSLRDED TAVYYCAREP VFDYWGQGT L VTVSSASTKG

120

PSVFPLAPCS RSTSESTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL

180

SSVVTVPSSS LGTKTYTCNV DHKPSNTKVD KRVESKYGPP CPPCPAPEAA GGPSVFLFPP

240

KPKDTLMISR TPEVTCVVD VSQEDPEVQF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ FNSTYRVVSV

300

LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KGLPSSIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSQ EEMTKNQVSL

360

TCLVKGFYPS DIAVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGGSFF LYSRLTVDKS RWQEGNVFSC

420

SVMHEALHNH YTQKSLSLSL G

441

Número de secuencia (ID): 28

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..214
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60	DIQMTQSPSA	MSASVGDRV	ITCRASQGIS	NYLAWFQQKP	GKVPTRLIYA	ASSLQSGVPS
120	RFSGSGSGTE	FTLTISLQ	EDFATYYCLQ	HNSYPRTFGQ	GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP
180	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSSTLT
214	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	LSSPVTKSFN	RGEC		

Número de secuencia (ID): 29

Longitud: 1323

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1323
 - > mol_type, otro ADN
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60	caggtacagc	tggtggagtc	tgggggaggc	ttggtacagc	ctgggggggtc	cctgagactc
120	tcctgtgcag	cctctggatt	caccttcagt	atctctagca	tgaactgggt	ccgccaggct
180	ccagggaagg	ggctggagtg	ggtttcatac	attagtcgtg	ctactgggtgc	catatactac
240	gcagactctg	taaagggccg	attcaccatc	tccagaaaca	atgccaaaaa	ctcactgtat
300	ctgcaaatga	acagcctgag	agacgaggac	acggctgtgt	attactgtgc	gagagagccg
360	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagcttc	taccaagggc
420	ccatcggtct	tcccgctagc	gccctgctcc	aggagcacct	ccgagagcac	agccgccctg
480	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa	ctcaggcgcc
540	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggct	gtcctacagt	cctcaggact	ctactccctc
600	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcacga	agacctacac	ctgcaacgta
660	gatcacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agtccaaata	tggtcccca
720	tgcccaccct	gcccagcacc	tgaggccgcc	gggggaccat	cagtcttcct	gttccccca
780	aaaccaaggg	acactctcat	gatctcccgg	accctgagg	tcacgtgcgt	ggtggtggac
	gtgagccagg	aagaccccga	ggtccagttc	aactggtacg	tggatggcgt	ggaggtgcat

840 aatgccaaga caaagccgcg ggaggagcag ttcaacagca cgtaccgtgt ggtcagcgtc
900 ctcaccgtcc tgcaccagga ctggctgaac ggcaaggagt acaagtgcaa ggtctccaac
960 aaaggcctcc cgtcctccat cgagaaaacc atctccaaag ccaaagggca gccccgagag
1020 ccacaggtgt acaccctgcc cccatcccag gaggagatga ccaagaacca ggtcagcctg
1080 acctgcctgg tcaaaggctt ctaccccagc gacatcgccg tggagtggga aagcaatggg
1140 cagccggaga acaactacaa gaccacgcct cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc
1200 ctctacagca ggctaaccgt ggacaagagc aggtggcagg aggggaatgt cttctcatgc
1260 tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac tacacacaga agagcctctc cctgtctctg
1320 ggt
1323

Número de secuencia (ID): 30

Longitud: 642

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..642

> mol_type, otro ADN

> organism, constructo sintético

Residuos:

60 gacatccaga tgaccagtc tccatctgcc atgtctgcat ctgtgggaga cagagtcacc
120 atcacttgtc gggcgagtca gggcattagc aattatttag cctggtttca gcagaaacca
180 gggaaagtcc ctacgcgcct gatctatgct gcatccagtt tgcaaagtgg ggtcccatca
240 aggttcagcg gcagtggatc tgggacagaa ttactctca caatcagcag cctgcagcct
300 gaagattttg caacttatta ctgtctacag cataatagtt accctcggac gttcggccaa
360 gggaccaagg tggaaatcaa acgaactgtg gcggcgccat ctgtcttcat cttcccgcca
420 tctgatgagc agttgaaatc cggaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat
480 cccagagagg ccaaagtaca gtggaagggtg gataacgccc tccaatcggg taactccag
540 gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg
600 ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc
642 ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gc

Número de secuencia (ID): 31

Longitud: 441

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..441
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60	QVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCVASGFTFS	HSSMNWVRQA	PGKGLEWVSY	ISRATGAVYY
120	ADSVKGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLRDED	TAVYYCAREP	VFDYWGQGT	VTVSSASTKG
180	PCVFPLAPCS	RSTSESTAAL	GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL
240	SSVVTVPSSS	LGTKTYTCNV	DHKPSNTKVD	KRVESKYGPP	CPPCPAPEFL	GGPSVFLFPP
300	KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD	VSQEDPEVQF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	FNSTYRVVSV
360	LTVLHQDWLN	GKEYKCKVSN	KGLPSSIEKT	ISKAKGQPRE	PQVYTLPPSQ	EEMTKNQVSL
420	TCLVKGFYPS	DICVEWESNG	QPENNYKTP	PVLDSGDSFF	LYSRLTVDKS	RWQEGNVFSC
441	SVMHEALHNH	YTQKSLSLSL	G			

Número de secuencia (ID): 32

Longitud: 1323

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1323
 - > mol_type, otro ADN
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60	caggtacagc	tggtggagtc	tgggggaggc	ttggtacagc	ctgggggggtc	cctgagactc
120	tcctgtgtcg	cctctggatt	caccttcagt	cattctagca	tgaactgggt	ccgccaggct
180	ccagggaagg	ggctggagtg	ggtttcatac	attagtcgtg	ctactgggtgc	cgtctactac
240	gcagactctg	taaagggccg	attcaccatc	tccagagata	atgccaaaaa	ctcactgtat
300	ctgcaaata	acagcctgag	agacgaggac	acggctgtgt	attactgtgc	gagagagccg
360	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagcctc	caccaagggc
420	ccatgcgtct	tcccgctagc	gccctgctcc	aggagcacct	ccgagagcac	agccgacctg
480	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa	ctcaggcgcc
540	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggtc	gtcctacagt	cctcaggact	ctactccctc
600	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcacga	agacctacac	ctgcaacgta
660	gatcacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agtccaaata	tggtccccc
720	tgcccaccct	gcccagcacc	tgagttcctg	gggggaccat	cagtcttcct	gttcccccca

780	aaacccaagg	acactctcat	gatctcccgg	acccttgagg	tcacgtgcgt	ggtggtggac
840	gtgagccagg	aagaccccga	ggtccagttc	aactggtacg	tggatggcgt	ggaggtgcat
900	aatgccaaga	caaagccgcg	ggaggagcag	ttcaacagca	cgtaccgtgt	ggtcagcgtc
960	ctcaccgtcc	tgcaccagga	ctggctgaac	ggcaaggagt	acaagtgcaa	ggtctccaac
1020	aaaggcctcc	cgtcctccat	cgagaaaacc	atctccaaag	ccaaagggca	gccccgagag
1080	ccacaggtgt	acaccctgcc	cccatcccag	gaggagatga	ccaagaacca	ggtcagcctg
1140	acctgcctgg	tcaaaggctt	ctaccccagc	gacatctgcg	tggagtggga	aagcaatggg
1200	cagccggaga	acaactacaa	gaccacgcct	cccgtgctgg	actccgacgg	ctccttcttc
1260	ctctacagca	ggctaaccgt	ggacaagagc	aggtggcagg	aggggaatgt	cttctcatgc
1320	tccgtgatgc	atgaggctct	gcacaaccac	tacacacaga	agagcctctc	cctgtctctg
1323	ggt					

Número de secuencia (ID): 33

Longitud: 445

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..445
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60	QVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCVASGFTFS	HSSMNWVRQA	PGKGLEWVS	ISRATGAVYY
120	ADSVKGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLRDED	TAVYYCAREP	VFDYWGQGT	VTVSSASTKG
180	PSVFPLAPSS	KSTSGGTAAL	GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL
240	SSVVTVPSSS	LGTQTYICNV	NHKPSNTKVD	KRVEPKSCDK	THTCPPCPAP	ELLGGPSVFL
300	FPPKPKDTLM	ISRTPEVTCV	VVDVSHEDPE	VKFNWYVDGV	EVHNAKTKPR	EEQYNSTYRV
360	VSVLTVLHQD	WLNGKEYKCA	VSNKALPAPI	EKTISKAKGQ	PREPQVYTL	PSREEMTKNQ
420	VSLTCLVKGF	YPSDIAVEWE	SNGQPENNYK	TTPPVLDSDG	SFFLYSKLTV	DKSRWQQGNV
445	FSCSVMHEAL	HNHYTQKSLS	LSPGK			

Número de secuencia (ID): 34

Longitud: 1335

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1335
 - > mol_type, otro ADN

> organism, constructo sintético

Residuos:

```
60  caggtacagc  tgggtggagtc  tggggggaggc  ttggtacagc  ctgggggggtc  cctgagactc
120  tcctgtgtcg  cctctggatt  caccttcagt  cattctagca  tgaactgggt  ccgccaggct
180  ccagggaagg  ggctggagtg  ggtttcatac  attagtcgtg  ctactgggtgc  cgtctactac
240  gcagactctg  taaagggccg  attcaccatc  tccagagata  atgccaaaaa  ctcactgtat
300  ctgcaaatga  acagcctgag  agacgaggac  acggctgtgt  attactgtgc  gagagagccg
360  gtttttgact  actggggcca  gggaaccctg  gtcaccgtct  cctcagctag  caccaagggc
420  ccatcggctc  tccccctggc  accctcctcc  aagagcacct  ctggggggcac  agcggccctg
480  ggctgcctgg  tcaaggacta  cttccccgaa  ccggtgacgg  tgtcgtggaa  ctcaggcgcc
540  ctgaccagcg  gcgtgcacac  cttcccggt  gtcctacagt  cctcaggact  ctactccctc
600  agcagcgtgg  tgaccgtgcc  ctccagcagc  ttgggcaccc  agacctacat  ctgcaacgtg
660  aatcacaagc  ccagcaacac  caaggtggac  aagagagttg  agcccaaatc  ttgtgacaaa
720  actcacacat  gcccaccgtg  cccagcacct  gaactcctgg  ggggaccgtc  agtcttcctc
780  ttccccccaa  aacccaagga  caccctcatg  atctcccgga  cccctgaggt  cacatgcgtg
840  gtggtggacg  tgagccacga  agaccctgag  gtcaagttca  actggtatgt  ggacggcggtg
900  gaggtgcata  atgccaagac  aaagccgcgg  gaggagcagt  acaacagcac  gtaccgtgtg
960  gtcagcgtcc  tcaccgtcct  gcaccaagac  tggctgaatg  gcaaggagta  caagtgcgcc
1020  gtctccaaca  aagccctccc  agcccccac  gagaaaacca  tctccaaagc  caaagggcag
1080  ccccgagaac  cacaggtgta  caccctgccc  ccatcccggg  aggagatgac  caagaaccaa
1140  gtcagcctga  cctgcctggg  caaaggcttc  tatcccagcg  acatcgccgt  ggagtggggag
1200  agcaatgggc  agccggagaa  caactacaag  accacgcctc  ccgtgctgga  ctccgacggc
1260  tccttcttcc  tctattccaa  gctcaccgtg  gacaagagca  ggtggcagca  ggggaacgtc
1320  ttctcatgct  ccgtgatgca  tgaggctctg  cacaaccact  acacgcagaa  gagcctctcc
1335  ctgtctccgg  gcaaa
```

Número de secuencia (ID): 35

Longitud: 441

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..441

> mol_type, proteína
> organism, constructo sintético

Residuos:

60	QVQLVESGGG	LVQPGGSLRL	SCVASGFTFS	HSSMNWVRQA	PGKGLEWVSY	ISRATGAVYY
120	ADSVKGRFTI	SRDNAKNSLY	LQMNSLRDED	TAVYYCAREP	VFDYWGQGT	VTVSSASTKG
180	PSVFPLAPCS	RSTSESTAAL	GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL
240	SSVVTVPSSS	LGTKTYTCNV	DHKPSNTKVD	KRVESKYGPP	CPPCPAPEFL	GGPSVFLFPP
300	KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD	VSQEDPEVKF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	FNSTYRVVSV
360	LTVLHQDWLN	GKEYKCKVSN	KGLPSSIEKT	ISKAKGQPRE	PQVYTLPPSR	EEMTKNQVSL
420	TCLVKGFYPS	DIAVEWESNG	QPENNYKTP	PVLDSGGSFF	LYSRLTVDKS	RWQQGNVFSC
441	SVMHEALHNH	YTQKSLSLSL	G			

Número de secuencia (ID): 36

Longitud: 1323

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1323

> mol_type, otro ADN

> organism, constructo sintético

Residuos:

60	caggtacagc	tggtggagtc	tgggggaggc	ttggtacagc	ctgggggggtc	cctgagactc
120	tcctgtgtcg	cctctggatt	caccttcagt	cattctagca	tgaactgggt	ccgccaggct
180	ccagggaagg	ggctggagtg	ggtttcatac	attagtcgtg	ctactgggtgc	cgtctactac
240	gcagactctg	taaagggccg	attcaccatc	tccagagata	atgccaaaaa	ctcactgtat
300	ctgcaaatga	acagcctgag	agacgaggac	acggctgtgt	attactgtgc	gagagagccg
360	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagcctc	caccaagggc
420	ccatcggtct	tcccgctagc	gccctgctcc	aggagcacct	ccgagagcac	agccgccctg
480	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa	ctcaggcgcc
540	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggct	gtcctacagt	cctcaggact	ctactccctc
600	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcacga	agacctacac	ctgcaacgta
660	gatcacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agtccaaata	tggtccccc
720	tgcccaccct	gcccagcacc	tgagttcctg	gggggaccat	cagtcttcct	gttcccccca
780	aaacccaagg	acactctcat	gatctcccgg	accctgagg	tcacgtgcgt	ggtggtggac

```

840   gtgagccagg  aagacccccga  ggtcaagttc  aactggtacg  tggatggcgt  ggaggtgcat
900   aatgccaaga  caaagccgcg  ggaggagcag  ttcaacagca  cgtaccgtgt  ggtcagcgtc
960   ctcaccgtcc  tgcaccagga  ctggctgaac  ggcaaggagt  acaagtgcaa  ggtctccaac
1020  aaaggcctcc  cgtcctccat  cgagaaaacc  atctccaaag  ccaaagggca  gccccgagag
1080  ccacaggtgt  acaccctgcc  cccatcccga  gaggagatga  ccaagaacca  ggtcagcctg
1140  acctgcctgg  tcaaaggctt  ctaccccagc  gacatcgccg  tggagtggga  aagcaatggg
1200  cagccggaga  acaactacaa  gaccacgcct  cccgtgctgg  actccgacgg  ctccttcttc
1260  ctctacagca  ggctaaccgt  ggacaagagc  aggtggcagc  aggggaatgt  cttctcatgc
1320  tccgtgatgc  atgaggctct  gcacaaccac  tacacacaga  agagcctctc  cctgtctctg
1323  ggt

```

Número de secuencia (ID): 37

Longitud: 441

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..441
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

```

60   QVQLVESGGG  LVQPGGSLRL  SCVASGFTFS  HSSMNWVRQA  PGKGLEWVSY  ISRATGAVYY
120  ADSVKGRFTI  SRDNAKNSLY  LQMNSLRDED  TAVYYCAREP  VFDYWGQGTL  VTVSSASTKG
180  PSVFPLAPCS  RSTSESTAAL  GCLVKDYFPE  PVTVSWNSGA  LTSGVHTFPA  VLQSSGLYSL
240  SSVVTPSSS  LGTKTYTCNV  DHKPSNTKVD  KRVESKYGPP  CPPCPAPEFL  GGPSVFLFPP
300  KPKDTLMISR  TPEVTCVVVD  VSQEDPEVQF  NQYVDGVEVH  NAKTKPREEQ  FNSTYRVVSV
360  LTVLHQDWLN  GKEYKCKVSN  KGLPSSIEKT  ISKAKGQPRE  PQVYTLPPSQ  EEMTKNQVSL
420  TCLVKGFYPS  DIAVEWESNG  QPENNYKTP  PVLDSGGSFF  LYSRLTVDKS  RWQEGNVFSC
441  SVMHEALHNH  YTQKSLSLSL  G

```

Número de secuencia (ID): 38

Longitud: 1323

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1323
 - > mol_type, otro ADN
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60	caggtacagc	tggtggagtc	tgggggaggc	ttggtacagc	ctgggggggtc	cctgagactc
120	tcctgtgtcg	cctctggatt	caccttcagt	cattctagca	tgaactgggt	ccgccaggct
180	ccagggaagg	ggctggagtg	ggtttcatac	attagtcgtg	ctactgggtgc	cgtctactac
240	gcagactctg	taaagggccg	attcaccatc	tccagagata	atgccaaaaa	ctcactgtat
300	ctgcaaatga	acagcctgag	agacgaggac	acggctgtgt	attactgtgc	gagagagccg
360	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagcctc	caccaagggc
420	ccatcgggtct	tcccgctagc	gccctgctcc	aggagcacct	ccgagagcac	agccgccttg
480	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa	ctcaggcgcc
540	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggct	gtcctacagt	cctcaggact	ctactccctc
600	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcacga	agacctacac	ctgcaacgta
660	gatcacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agtccaaata	tggtcccca
720	tgcccaccct	gcccagcacc	tgagttcctg	gggggaccat	cagtcttcct	gttcccca
780	aaaccaagg	acacttcat	gatctcccgg	accctgagg	tcacgtgcgt	ggtggtggac
840	gtgagccagg	aagaccccga	ggtccagttc	aactggtacg	tggatggcgt	ggaggtgcat
900	aatgccaaaga	caaagccgcg	ggaggagcag	ttcaacagca	cgtaccgtgt	ggtcagcgtc
960	ctcaccgtcc	tgcaccagga	ctggctgaac	ggcaaggagt	acaagtgcaa	ggtctccaac
1020	aaaggcctcc	cgtcctccat	cgagaaaacc	atctccaaag	ccaaagggca	gccccgagag
1080	ccacaggtgt	acaccctgcc	cccatcccag	gaggagatga	ccaagaacca	ggtcagcctg
1140	acctgcctgg	tcaaaggctt	ctaccccagc	gacatcgccg	tggagtggga	aagcaatggg
1200	cagccggaga	acaactacaa	gaccacgcct	cccgtgctgg	actccgacgg	ctccttcttc
1260	ctctacagca	ggctaaccgt	ggacaagagc	aggtggcagg	aggggaatgt	cttctcatgc
1320	tccgtgatgc	atgaggctct	gcacaaccac	tacacacaga	agagcctctc	cctgtctctg
1323	ggt					

Número de secuencia (ID): 39

Longitud: 825

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..825
 - > mol_type, proteína
 - > organism, Homo sapiens

Residuos:

60	MGWLCSGLLF	PVSCLVLLQV	ASSGNMKVLQ	EPTCVSDYMS	ISTCEWKMN	PTNCSTELRL
120	LYQLVFLLSE	AHTCIPENNG	GAGCVCHLLM	DDVVSADNYT	LDLWAGQQLL	WKGSEKPKSEH
180	VKPRAPGNLT	VHTNVSDTLL	LTWSNPYP	NYLYNHLYA	VNIWSENDPA	DFRIYNVTYL
240	EPSLRIAAST	LKSGISYRAR	VRAWAQCYN	TWSEWSPSTK	WHNSYREPFE	QHLLLGVSVS
300	CIVILAVCLL	CYVSITKIKK	EWWDQIPNPA	RSRLVAIIIIQ	DAQGSQWEKR	SRGQEPKCP
360	HWKNCLTKLL	PCFLEHNMKR	DEDPHKA	MPFQSGSKSA	WCPVEISKTV	LWPESISVVR
420	CVELFEAPVE	CEEEEEVEEE	KGSFCASPES	SRDDFQEGRE	GIVARL	TESLFLDLLGEENG
480	GFCQQDMGES	CLLPPSGSTS	AHMPWDEFPS	AGPKEAPPWG	KEQPLHLEPS	PPASPTQSPD
540	NLTCTETPLV	IAGNPAYRSF	SNSLSQSPCP	RELGPDPLLA	RHLEEVEPEM	PCVPQLSEPT
600	TVPQPEPETW	EQILRRNVLQ	HGAAAAPVSA	PTSGYQEFVH	AVEQGGTQAS	AVVGLGPPGE
660	AGYKAFSSLL	ASSAVSPEKC	GFGASSGEEG	YKPFQDLIPG	CPGDPAPVPV	PLFTFGLDRE
720	PPRSPQSSHL	PSSSPEHLGL	EPGEKVEDMP	KPPLPQEQAT	DPLVDSLGS	GIVYSAL
780	CGHLKQCHGQ	EDGGQTPVMA	SPCCGCCCGD	RSSPPTTPLR	APDPSPGGVP	LEASLCPASL
825	APSGISEKSK	SSSSFHPAPG	NAQSSSQTPK	IVNFVSVGPT	YMRVS	

Número de secuencia (ID): 40

Longitud: 832

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..832
- > mol_type, proteína
- > organismo, *Macaca fascicularis*

Residuos:

60	MGWLCSGLLF	PVSCLVLLQV	ASSGCSCVSP	GSMKVLQEPT	CVSDYMSIST	CEWKMGGPTN
120	CSAELRLLYQ	LVFQSSEHT	CVPENNGGVG	CVCHLLMDDV	VSMDNYTLDL	WAGQQLLWKG
180	SFKPSEHVKP	RAPGNLTVHT	NVSDTVLLTW	SNPYPPDNYL	YNDLTYAVNI	WSENDPAYSR
240	IHNVTYLKPT	LRIPASTLKS	GISYRARVRA	WAQHYNTTWS	EWSPSTKWYN	SYREPFEQRL
300	LWGVSAACVF	ILFFCLSCYF	SVTKIKKEWW	DQIPNPARSH	LVAAAAIQDAQ	ESQWEKRSRG
360	QEAAKCPYWK	NCLTKLLPCF	LEHNMKRDED	PHKAVKDLPF	RSGSKSAWCP	VEISKTVLWP
420	ESISVVR	CVLFEAPVECKE	EEEEEEEEKGS	FCTSSSESNRD	DFQEGREGIV	ARL
480	LLGGENG	GFFQQDMGESCLL	PPLGSTSAHV	PWDEFPSAGS	KEVPPWGKEQ	PLHQEPSPPA

540 SPTQSPDNPT CTEMPLVISS NPAYRSFSNS LSQSPCPREL GPDPLLARHL EEVDPEMPCA
600 PQLSEPTTVA PAEPETWEQI LRRNVLQHGA AAAPASAPTS GYREFVHAVQ QGGIQASAVA
660 GLGPPGEAGY KAFSSLLASS AVSPGECGFG ASSGEEGYKP FQDLTPGCPG DPAPVPVPLF
720 TFGLDREPPH SPQSSHLP SN SPEHLALEPG EKVEDMQKPP LPPEQATDPL GDSLGSIVY
780 SALTCHLCGH LKQCHGQEDG GQAPVVASPC CGCCCGDRSS PPTTPLRAPD PSLGGVPLEA
832 SLCPASLAPS GISEKSKSSL SFHPAPGSAQ SSSQTPQIVN FVSVGPTCMR VS

Número de secuencia (ID): 41

Longitud: 321

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..321

> mol_type, proteína

> organism, Homo sapiens

Residuos:

60 MEEGQYSEIE ELPRRRCCRR GTQIVLLGLV TAALWAGLLT LLLLWHWDTT QSLKQLEERA
120 ARNVSQVSKN LESHGQDMA QKSQSTQISQ ELEELRAEQQ RLKSQDLELS WNLNGLQADL
180 SSFKSQELNE RNEASDLLER LREEVTKLRM ELQVSSGFVC NTCPEKWINF QRKCYFYGKG
240 TKQWVHARYA CDDMEGQLVS IHSPEEQDFL TKHASHTGSW IGLRNLDLKG EFIWVDGSHV
300 DYSNWAPGEP TSRSQGEDCV MMRGSGRWND AFCDRKLGA WCDRLATCTP PASEGSAESM
321 GPDSRPDPDG RLPTPSAPLH S

Número de secuencia (ID): 42

Longitud: 13

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..13

> mol_type, proteína

> organism, constructo sintético

Residuos:

13 AASGFTFSHS SMN

Número de secuencia (ID): 43

Residuos:

000

Número de secuencia (ID): 44

Longitud: 115

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..115
> mol_type, proteína
> organism, constructo sintético

Residuos:

60 QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS HSSMNWVRQA PGKGLEWVSY ISRATGAVYY
115 ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRDED TAVYYCAREP VFDYWGGQTL VTVSS

Número de secuencia (ID): 45

Longitud: 107

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..107
> mol_type, proteína
> organism, constructo sintético

Residuos:

60 DIQMTQSPSA MSASVGDRVIT ITCRASQGIS NYLAWFQQKP GKVPTRLIYA ASSLQSGVPS
107 RFSGSGSGTE FTLTISSLQP EDFATYYCLQ WSSYPRTFGQ GTKVEIK

Número de secuencia (ID): 46

Longitud: 441

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..441
> mol_type, proteína
> organism, constructo sintético

Residuos:

60 QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS HSSMNWVRQA PGKGLEWVSY ISRATGAVYY
120 ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRDED TAVYYCAREP VFDYWGGQTL VTVSSASTKG
180 PCVFPLAPCS RSTSESTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL
240 SSVVTPSSS LGTKYTCNV DHKPSNTKVD KRVESKYGPP CPPCPAPEFL GGPSVFLFPP
300 KPKDTLMISR TPEVTCVVD VSQEDPEVQF NWYVDGVEVH NAKTKPREEQ FNSTYRVVSV
360 LTVLHQDWLN GKEYKCKVSN KGLPSSIEKT ISKAKGQPRE PQVYTLPPSQ EEMTKNQVSL
420 TCLVKGFYPS DICVEWESNG QPENNYKTP PVLDSGGSFF LYSRLTVDKS RWQEGNVFSC
441 SVMHEALHNH YTQKSLSLSL G

Número de secuencia (ID): 47

Longitud: 214

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..214
> mol_type, proteína
> organism, constructo sintético

	Residuos:					
60	DIQMTQSPSA	MSASVGDRVT	ITCRASQGIS	NYLAWFQQKP	GKVPTRLIYA	ASSLQSGVPS
120	RFSGSGSGTE	FTLTISLQP	EDFATYYCLQ	WSSYPRTFGQ	GTKVEIKRTV	AAPSVFIFPP
180	SDEQLKSGTA	SVVCLLNNFY	PREAKVQWKV	DNALQSGNSQ	ESVTEQDSKD	STYSLSSTLT
214	LSKADYEKHK	VYACEVTHQG	LSSPVTKSFN	RGEC		

Número de secuencia (ID): 48

Longitud: 1323

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1323

> mol_type, otro ADN

> organism, constructo sintético

	Residuos:				
60	caggtacagc	tggtggagtc	tgggggaggc	ttggtacagc	ctggggggctc
120	tcctgtgcag	cctctggatt	caccttcagt	cattctagca	tgaactgggt
180	ccaggaagg	ggctggagtg	ggtttcatac	attagtcgtg	ctactgggtgc
240	gcagactctg	taaagggccg	attcaccatc	tccagagata	atgccaaaaa
300	ctgcaaatga	acagcctgag	agacgaggac	acggctgtgt	attactgtgc
360	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagcctc
420	ccatgcgtct	tcccgctagc	gccctgctcc	aggagcacct	ccgagagcac
480	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa
540	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggct	gtcctacagt	cctcaggact
600	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcacga	agacctacac
660	gatcacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agtccaaata
720	tgcccaccct	gcccagcacc	tgagttcctg	gggggaccat	cagtcttcct
780	aaaccaagg	acactctcat	gatctcccgg	accctgagg	tcacgtgcgt
840	gtgagccagg	aagaccccga	ggtccagttc	aactggtacg	tggatggcgt
900	aatgccaaga	caaagccgcg	ggaggagcag	ttcaacagca	cgtaccgtgt
960	ctcaccgtcc	tgcaccagga	ctggctgaac	ggcaaggagt	acaagtgcaa
1020	aaaggcctcc	cgtcctccat	cgagaaaacc	atctccaaag	ccaaagggca
1080	ccacaggtgt	acaccctgcc	cccatcccag	gaggagatga	ccaagaacca

```

1140  acctgcctgg  tcaaaggctt  ctaccccagc  gacatctgcg  tggagtggga  aagcaatggg
1200  cagccggaga  acaactacaa  gaccacgcct  cccgtgctgg  actccgacgg  ctccttcttc
1260  ctctacagca  ggctaaccgt  ggacaagagc  aggtggcagg  aggggaatgt  cttctcatgc
1320  tccgtgatgc  atgaggctct  gcacaaccac  tacacacaga  agagcctctc  cctgtctctg
1323  ggt

```

Número de secuencia (ID): 49

Longitud: 642

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..642
 - > mol_type, otro ADN
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

```

60  gacatccaga  tgaccagtc  tccatctgcc  atgtctgcat  ctgtgggaga  cagagtcacc
120  atcacttgtc  gggcgagtca  gggcattagc  aattatttag  cctggtttca  gcagaaacca
180  gggaaagtcc  ctacgcgcct  gatctatgct  gcatccagtt  tgcaaagtgg  ggtcccatca
240  aggttcagcg  gcagtggatc  tgggacagaa  ttcactctca  caatcagcag  cctgcagcct
300  gaagattttg  caacttatta  ctgtctacag  tgggtccagtt  accctcggac  gttcggccaa
360  gggaccaagg  tggaatcaa  acggaccgtg  gctgcaccat  ctgtcttcat  cttcccgcca
420  tctgatgagc  agttgaaatc  tggaactgcc  tctgttgtgt  gcctgctgaa  taacttctat
480  cccagagagg  ccaaagtaca  gtggaagggt  gataacgccc  tccaatcggg  taactcccag
540  gagagtgtca  cagagcagga  cagcaaggac  agcacctaca  gcctcagcag  caccctgacg
600  ctgagcaaag  cagactacga  gaaacacaaa  gtctacgcct  gcgaagtcac  ccatcagggc
642  ctgagctcgc  ccgtcacaaa  gagcttcaac  aggggagagt  gc

```

Número de secuencia (ID): 50

Longitud: 441

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..441
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

```

60  QVQLVESGGG  LVQPGGSLRL  SCVASGFTFS  HSSMNWVRQA  PGKGLEWVSY  ISRATGAVYY
120  ADSVKGRFTI  SRDNAKNSLY  LQMNSLRDED  TAVYYCAREP  VFQYWGQGTG  VTVSSASTKG

```

180	PCVFPLAPCS	RSTSGSTAAL	GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL
240	SSVVTVPSSS	LGTKTYTCNV	NHKPSNTKVD	KRVESKYGPP	CPPCPAPEFL	GGPSVFLFPP
300	KPKDTLMISR	TPEVTCVVVD	VSQEDPEVKF	NWYVDGVEVH	NAKTKPREEQ	FNSTYRVVSV
360	LTVLHQDWLN	GKEYKCKVSN	KGLPSSIEKT	ISKAKGQPRE	PQVYTLPPSR	EEMTKNQVSL
420	TCLVKGFYPS	DICVEWESNG	QPENNYKTP	PVLDSGGSFF	LYSRLTVDKS	RWQQGNVFSC
441	SVMHEALHNH	YTQKSLSLSL	G			

Número de secuencia (ID): 51

Longitud: 1323

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1323

> mol_type, otro ADN

> organism, constructo sintético

Residuos:

60	caggtacagc	tggtggagtc	tgggggaggc	ttggtacagc	ctgggggggtc	cctgagactc
120	tcctgtgtcg	cctctggatt	caccttcagt	cattctagca	tgaactgggt	ccgccaggct
180	ccaggaagg	ggctggagtg	ggtttcatac	attagtcgtg	ctactgggtgc	cgtctactac
240	gcagactctg	taaagggccg	attcaccatc	tccagagata	atgccaaaaa	ctcactgtat
300	ctgcaaata	acagcctgag	agacaggagc	acggctgtgt	attactgtgc	gagagagccg
360	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagcctc	caccaagggc
420	ccatgcgtct	tcccgctagc	gccctgctcc	aggagcacct	ccggcagcac	agccgcctg
480	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa	ctcaggcgcc
540	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggct	gtcctacagt	cctcaggact	ctactccctc
600	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcacga	agacctacac	ctgcaacgta
660	aaccacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agtccaaata	tggtcccca
720	tgcccaccct	gcccagcacc	tgagttcctg	gggggaccat	cagtcttcct	gttcccca
780	aaacccaagg	acactctcat	gatctcccgg	accctgagg	tcacgtgcgt	ggtggtggac
840	gtgagccagg	aagaccccga	ggtcaagttc	aactggtacg	tggatggcgt	ggaggtgcat
900	aatgccaaga	caaagccgcg	ggaggagcag	ttcaacagca	cgtaccgtgt	ggtcagcgtc
960	ctcaccgtcc	tgcaccagga	ctggctgaac	ggcaaggagt	acaagtgcaa	ggtctccaac
	aaaggcctcc	cgtcctccat	cgagaaaacc	atctccaaag	ccaaagggca	gccccgagag

1020 ccacaggtgt acaccctgcc cccatcccga gaggagatga ccaagaacca ggtcagcctg
 1080 acctgcctgg tcaaaggctt ctaccccagc gacatctgcg tggagtggga aagcaatggg
 1140 cagccggaga acaactacaa gaccacgcct cccgtgctgg actccgacgg ctccttcttc
 1200 ctctacagca ggctaaccgt ggacaagagc aggtggcagc aggggaatgt cttctcatgc
 1260 tccgtgatgc atgaggctct gcacaaccac tacacacaga agagcctctc cctgtctctg
 1320 ggt
 1323

Número de secuencia (ID): 52

Longitud: 445

Tipo de molécula: AA

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..445
 - > mol_type, proteína
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60 QVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCVASGFTFS HSSMNWVRQA PGKGLEWVSY ISRATGAVYY
 120 ADSVKGRFTI SRDNAKNSLY LQMNSLRDED TAVYYCAREP VFDYWGQGTI VTVSSASTKG
 180 PCVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL
 240 SSVVTPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KRVEPKSCDK THTCPPCPAP EAAGGPSVFL
 300 FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV
 360 VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALAAPI EKTISKAKGQ PREPQVYTL PPSREEMTKNQ
 420 VSLTCLVKGF YPSDICEWE SNGQPENNYK TTPVLDSDG SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV
 445 FSCSVMEAL HNHYTQKSLS LSPGK

Número de secuencia (ID): 53

Longitud: 1335

Tipo de molécula: ADN

Características Ubicación /Calificadores:

- source, 1..1335
 - > mol_type, otro ADN
 - > organism, constructo sintético

Residuos:

60 caggtacagc tgggtggagtc tggggggaggc ttggtacagc ctgggggggtc cctgagactc
 120 tcctgtgtcg cctctggatt caccttcagt cattctagca tgaactgggt cgcgcaggct
 180 ccagggaagg ggctggagtg ggtttcatac attagtcgtg ctactgggtc cgtctactac
 gcagactctg taaagggccg attcaccatc tccagagata atgccccaaa ctcactgtat

240	ctgcaaata	acagcctgag	agacgaggac	acggctgtgt	attactgtgc	gagagagccg
300	gtttttgact	actggggcca	gggaaccctg	gtcaccgtct	cctcagctag	caccaagggc
360	ccatgcgtct	tccccctggc	accctcctcc	aagagcacct	ctgggggcac	agcggccctg
420	ggctgcctgg	tcaaggacta	cttccccgaa	ccggtgacgg	tgtcgtggaa	ctcaggcgca
480	ctgaccagcg	gcgtgcacac	cttcccggct	gtcctacagt	cctcaggact	ctactccctc
540	agcagcgtgg	tgaccgtgcc	ctccagcagc	ttgggcaccc	agacctacat	ctgcaacgtg
600	aatcacaagc	ccagcaacac	caaggtggac	aagagagttg	agcccaaadc	ttgtgacaaa
660	actcacacat	gcccaccgtg	cccagcacct	gaagccgccg	ggggaccgtc	agtcttcctc
720	ttccccccaa	aaccaaggga	caccctcatg	atctcccgga	cccctgaggt	cacatgcgtg
780	gtgggtggacg	tgagccacga	agaccctgag	gtcaagttca	actggtatgt	ggacggcgtg
840	gaggtgcata	atgccaagac	aaagccgcgg	gaggagcagt	acaacagcac	gtaccgtgtg
900	gtcagcgtcc	tcaccgtcct	gcaccaagac	tggctgaatg	gcaaggagta	caagtgcaag
960	gtctccaaca	aagccctcgc	cgcccccatc	gagaaaacca	tctccaaagc	caaagggcag
1020	ccccgagaac	cacaggtgta	caccctgccc	ccatcccggg	aggagatgac	caagaaccaa
1080	gtcagcctga	cctgcctggg	caaaggcttc	tatcccagcg	acatctgcgt	ggagtggggag
1140	agcaatgggc	agccggagaa	caactacaag	accacgcctc	ccgtgctgga	ctccgacggc
1200	tccttcttcc	tctattccaa	gctcaccgtg	gacaagagca	ggtggcagca	ggggaacgtc
1260	ttctcatgct	ccgtgatgca	tgaggctctg	cacaaccact	acacgcagaa	gagcctctcc
1320	ctgtctccgg	gcaaaa				
1335	FIN					