

Información Listado de Secuencias:

DTD Version: V1_3
Nombre archivo: PFZRP0041USP2 Sequence Listing.xml
Nombre Software: WIPO Sequence
Versión Software: 2.3.0
Fecha Producción: 2023-29-05

Información General:

Solicitud actual / Referencia archivo Solicitud: PFZR.P0041US.P2/1001220365
Nombre solicitante: Pfizer Inc.
Nombre solicitante / Idioma: en
Título invención: ANTICUERPOS ANTI-BMP9 Y MÉTODOS DE USO DE LOS MISMO (es)
Cantidad Total Secuencia: 89

Secuencias:

Número Secuencia (ID): 1

Longitud: 217

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..217
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

NFMLTQPHSV	SESPGKTVTI	SCTGSSGSIA	SNYVQWYQQR	PGSAPTTVIY	EDNQRPSGVP	60
DRFSGSIDSS	SNSASLTISG	LKTEDEADYY	CQSYDSSIHV	VFGGGTKLTV	LGQPKAAPSV	120
TLFPPSSEEL	QANKATLVCL	ISDFYPGAVT	VAWKADSSPV	KAGVETTTPS	KQSNNKYAAS	180
SYLSLTPEQW	KSHRSYSCQV	THEGSTVEKT	VAPTECS			217

Número Secuencia (ID): 2

Longitud: 13

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..13
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

TGSSGSIASN	YVQ	13
------------	-----	----

Número Secuencia (ID): 3

Longitud: 7

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..7
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

EDNQRPS	7
---------	---

Número Secuencia (ID): 4

Longitud: 10

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..10
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

QSYDSSIHV	10
-----------	----

Número Secuencia (ID): 5

Longitud: 106

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..106
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

GQPKAAPSVT	LFPPSSEELQ	ANKATLVCLI	SDFYPGAVTV	AWKADSSPVK	AGVETTTPSK	60
QSNKNYAASS	YLSLTPEQWK	SHRSYSCQVT	HEGSTVEKTV	APTECS		106

Número Secuencia (ID): 6

Longitud: 111

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..111
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

NFMLTQPHSV	SESPGKTVTI	SCTGSSGSIA	SNYVQWYQQR	PGSAPTTVIY	EDNQRPSGVP	60
DRFSGSIDSS	SNSASLTISG	LKTEDEADYY	CQSYDSSIHV	VFGGGTKLTV	L	111

Número Secuencia (ID): 7

Longitud: 10

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..10
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
FGGGTKLTVL 10

Número Secuencia (ID): 8
Longitud: 456
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..456
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYTFT	SYMHVWRQA	PGQGLEWMGI	INPSGGSTSY	60
AQKFQGRVTM	TRDTSTSTVY	MELSSLRSED	TAVYICASRD	YYGSGRVYYY	YGMVWVGQGT	120
TVTVSSASTK	GPSVFPLAPS	SKSTSGGTAA	LGCLVKDYFP	EPVTVSWNSG	ALTSGVHTFP	180
AVLQSSGLYS	LSSVTVTPSS	SLGTQTYICN	VNHKPSNTKV	DKKVEPKSCD	KTHTCPPCPA	240
PEAAGAPSVF	LFPPKPKDTL	MISRTPEVTC	VVVDVSHEDP	EVKFNWYVDG	VEVHNAKTKP	300
REEQYNSTYR	VVSIVTLVHQ	DWLNGKEYKC	KVSNKALPAP	IEKTISKAKG	QPREPQVYTL	360
PPSREEMTKN	QVSLTCLVKG	FYPSDIAVEW	ESNGQPENNY	KTTPPVLDSD	GSFFLYSKLT	420
VDKSRWQQGN	VFSCSVMEHA	LHNHYTQKSL	SLSPGK			456

Número Secuencia (ID): 9
Longitud: 10
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..10
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
GYTFTSYMH 10

Número Secuencia (ID): 10
Longitud: 17
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..17
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
IINPSGGSTS YAQKFQG 17

Número Secuencia (ID): 11
Longitud: 17
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..17
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
RDYYGSGRVY YYYGMDV 17

Número Secuencia (ID): 12
Longitud: 103
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..103
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

ASTKGPSVFP	LAPSSKSTSG	GTAALGCLVK	DYFPEPVTVS	WNSGALTSGV	HTFPAVLQSS	60
GLYSLSSVVT	VPSSSLGTQT	YICNVNHKPS	NTKVDKKVEP	KSC		103

Número Secuencia (ID): 13
Longitud: 10
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..10
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
DKHTCPPCP 10

Número Secuencia (ID): 14
Longitud: 110
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..110
> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:
APEAAGAPSV FLFPKPKDT LMISRTPEVT CVVVDVSHED PEVKFNWYVD GVEVHNAKTK 60
PREEQYNSTY RVVSVLTVLH QDWLNGKEYK CKVSNKALPA PIEKTISKAK 110

Número Secuencia (ID): 15
Longitud: 107
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..107
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
GQPREPQVYT LPPSREEMTK NQVSLTCLVK GFYPSDIAVE WESNGQPENN YKTTTPVLDS 60
DGSFFLYSKL TVDKSRWQQG NVFSCSVME ALHNHYTQKS LSLSPGK 107

Número Secuencia (ID): 16
Longitud: 126
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..126
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYMHVWRQA PGQGLEWMGI INPSGGSTSY 60
AQKFQGRVTM TRDTSTSTVY MELSSLRSED TAVYYCASRD YGSGRVYYY YGMDVMGQGT 120
TVTVSS 126

Número Secuencia (ID): 17
Longitud: 11
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..11
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
WGQGTITVTS S 11

Número Secuencia (ID): 18
Longitud: 215
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..215
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
QSVLTQPPSA SGTPGQRVTI SCSVTNSDID IDNVHWYQQL PGMAPKLLFF HDYRPSGVSD 60
RFGSGSKGTS ASLAIVGLQS EDEGYYYCAG LDVAMRGPVF GGGTKLTVLG QPKAAPSVTL 120
FPPSSEELQA NKATLVCLIS DFYPGAVTVA WKADSSPVKA GVETTTPSKQ SNNKYAASSY 180
LSLTPEQWKS HRSYSCQVTH EGSTVEKTVA PTECS 215

Número Secuencia (ID): 19
Longitud: 13
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..13
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
SVTNSDIDID NVH 13

Número Secuencia (ID): 20
Longitud: 6
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..6
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
HDYRPS 6

Número Secuencia (ID): 21
Longitud: 11
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..11
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
AGLDVAMRGP V 11

Número Secuencia (ID): 22
Longitud: 109
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..109
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
QSVLTQPPSA SGTPGQRVTI SCSVTNSDID IDNVHWYQQL PGMAPKLLFF HDYRPSGVSD 60
RFGSGSKGTS ASLAIVGLQS EDEGYCYCAG LDVAMRGPVF GGGTKLTVL 109

Número Secuencia (ID): 23
Longitud: 444
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..444
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS NAWLSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKTDGGTT 60
DYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCTT GTYWGQGLTV TVSSASTKGP 120
SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS 180
SVTVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE AAGAPSVFLF 240
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV 300
SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV 360
SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSGGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF 420
SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SPGK 444

Número Secuencia (ID): 24
Longitud: 10
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..10
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
GFTFSNAWLS 10

Número Secuencia (ID): 25
Longitud: 19
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..19
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
RIKSKTDGGT TDYAAPVKG 19

Número Secuencia (ID): 26
Residuos:
000

Número Secuencia (ID): 27
Longitud: 114
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..114
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS NAWLSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKTDGGTT 60
DYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCTT GTYWGQGLTV TVSS 114

Número Secuencia (ID): 28
Longitud: 11
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..11
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
WGQGLTVTS S 11

Número Secuencia (ID): 29
Longitud: 217
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..217
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:	QSALTQPASV	SGSPGQSITI	SCTGTSSDVG	SYNLVSWYQQ	HPGKAPKLMI	YEVSKRPSGV	60
	SDRFSGSKSA	NTASLTISGL	QAEDEADYYC	SSFSINGPSF	VFGTGTKVTV	LGQPKAAPSV	120
	TLFPPSSEEL	QANKATLVCL	ISDFYPGAVT	VAWKADSSPV	KAGVETTTPS	KQSNNKYAAS	180
	SYLSLTPEQW	KSHRSYSCQV	THEGSTVEKT	VAPTECS			217

Número Secuencia (ID): 30

Longitud: 14

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..14
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

TGTSSDVGSY NLVS

14

Número Secuencia (ID): 31

Longitud: 7

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..7
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

EVS KRPS

7

Número Secuencia (ID): 32

Longitud: 11

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..11
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

SSFSINGPSF V

11

Número Secuencia (ID): 33

Longitud: 111

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..111
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

QSALTQPASV	SGSPGQSITI	SCTGTSSDVG	SYNLVSWYQQ	HPGKAPKLMI	YEVSKRPSGV	60
SDRFSGSKSA	NTASLTISGL	QAEDEADYYC	SSFSINGPSF	VFGTGTKVTV	L	111

Número Secuencia (ID): 34

Longitud: 10

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..10
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

FVGTKVTVL

10

Número Secuencia (ID): 35

Longitud: 454

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..454
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:

QMQLVQSGAE	VKPGSSVKV	SCKASGGTFS	SYAISWVRQA	PGQGLEWMGG	IPIFGTANY	60
AQKFQGRVTI	TADESTSTAY	MELSSLRSED	TAVYYCARVQ	LDLSYYYYYG	MDVWGQGTTV	120
TVSSASTKGP	SVFPLAPSSK	STSGGTAALG	CLVKDYFPEP	VTVSWNSGAL	TSGVHTFPAV	180
LQSSGLYSLS	SVVTPSSSL	GTQTYICNVN	HKPSNTKVDK	KVEPKSCDKT	HTCPPCPAPE	240
AAGAPSVFLF	PPKPKDTLMI	SRTPEVTCVV	VDVSHEDPEV	KFNWYVDGVE	VHNAKTKPRE	300
EQYNSTYRVV	SVLTVLHQDW	LNGKEYCKKV	SNKALPAPIE	KTISKAKGQP	REPQVYTLPP	360
SREEMTKNQV	SLTCLVKGFY	PSDIAVEWES	NGQPENNYKT	TPPVLDSDGS	FFLYSKLTVD	420
KSRWQQGNVF	SCSVMEALH	NHYTQKLSLS	SPGK			454

Número Secuencia (ID): 36

Longitud: 10

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..10
 - > tipo_mol, proteína
 - > organismo, constructo sintético

Residuos:
GGTFSSYAIS 10

Número Secuencia (ID): 37
Longitud: 17
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..17
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
GIIPIFGTAN YAQKFQG 17

Número Secuencia (ID): 38
Longitud: 15
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..15
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
VQLDLSYYYY YGMDV 15

Número Secuencia (ID): 39
Longitud: 124
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..124
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
QMQLVQSGAE VKKPGSSVKV SCKASGGTFS SYAISWVRQA PGQGLEWMGG IIPIFGTANY 60
AQKFQGRVTI TADESTSTAY MELSSLRSED TAVYYCARVQ LDLSYYYYYG MDVWGQGTTV 120
TVSS 124

Número Secuencia (ID): 40
Longitud: 217
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..217
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
NFMLTQPHSV SESPGKTVTI SCTGSSGSIA SNYVQWYQQR PGSAPTTVIY EDKQRPSGVP 60
DRFSGSIDRS SNSASLTISG LKTEDEADYY CQSYDNSLSV VFGGGTKLTV LGQPKAAPSV 120
TLFPPSSEEL QANKATLVCL ISDFYPGAVT VAWKADSSPV KAGVETTTPS KQSNNKYAAS 180
SYLSLTPEQW KSHRSYSCQV THEGSTVEKT VAPTECS 217

Número Secuencia (ID): 41
Longitud: 7
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..7
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
EDKQRPS 7

Número Secuencia (ID): 42
Longitud: 10
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..10
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
QSYDNSLSVV 10

Número Secuencia (ID): 43
Longitud: 111
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..111
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético

Residuos:
NFMLTQPHSV SESPGKTVTI SCTGSSGSIA SNYVQWYQQR PGSAPTTVIY EDKQRPSGVP 60
DRFSGSIDRS SNSASLTISG LKTEDEADYY CQSYDNSLSV VFGGGTKLTV L 111

Número Secuencia (ID): 44
Longitud: 445

Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..445
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYTFT	SYGISWVRQA	PGQGLEWMGW	ISAYNGNTNY	60
AQKLQGRVTM	TTDTSTSTAY	MELRSLRSDD	TAVYYCARAY	GMDVWGQGT	VTVSSASTKG	120
PSVFPLAPSS	KSTSGGTAAL	GCLVKDYFPE	PVTVSWNSGA	LTSGVHTFPA	VLQSSGLYSL	180
SSVTVTPSSS	LGTQTYICNV	NHKPSNTKVD	KKVEPKSCDK	THTCPPCPAP	EAAGAPSVFL	240
FPPKPKDTLM	ISRTPEVTCV	VVDVSHEDPE	VKFNWYVDGV	EVHNAKTKPR	EEQYNSTYRV	300
VSVLTVLHQD	WLNKEYKCK	VSNKALPAPI	EKTISKAKGQ	PREPQVYTL	PSREEMTKNQ	360
VSLTCLVKGF	YPSDIAVEWE	SNGQPENNYK	TPPVLDSGD	SFFLYSKLTV	DKSRWQQGNV	420
FSCVMHEAL	HNHYTQKSLS	LSPGK				445

Número Secuencia (ID): 45
Longitud: 10
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..10
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

GYFTSYGIS						10
-----------	--	--	--	--	--	----

Número Secuencia (ID): 46
Longitud: 17
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..17
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

WISAYNGNTN	YAQKLQG					17
------------	---------	--	--	--	--	----

Número Secuencia (ID): 47
Longitud: 6
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..6
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

AYGMDV						6
--------	--	--	--	--	--	---

Número Secuencia (ID): 48
Longitud: 115
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..115
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

QVQLVQSGAE	VKKPGASVKV	SCKASGYTFT	SYGISWVRQA	PGQGLEWMGW	ISAYNGNTNY	60
AQKLQGRVTM	TTDTSTSTAY	MELRSLRSDD	TAVYYCARAY	GMDVWGQGT	VTVSS	115

Número Secuencia (ID): 49
Longitud: 215
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..215
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

QSVLTQPPSA	SGTPGQRVTI	SCSVTNSDID	IFNVHWYQQL	PGTAPKLLFF	HDYRPSGVSD	60
RFSGSKSGTS	ASLAISGLRS	EDEADYYCAG	LDVAMRGPVF	GGGTKLTVLG	QPKAAPSVTL	120
FPPSSEELQA	NKATLVCLIS	DFYPGAVTVA	WKADSSPVKA	GVETTTPSKQ	SNNKYAASSY	180
LSTLPEQWKS	HRSYSCQVTH	EGSTVEKTVA	PTECS			215

Número Secuencia (ID): 50
Longitud: 13
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..13
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:

SVTNSDIDIF	NVH					13
------------	-----	--	--	--	--	----

Número Secuencia (ID): 51
Longitud: 109

Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..109
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
QSVLTQPPSA SGTGQQRVTI SCSVTNSDID IFNVHWYQQL PGTAPKLLFF HDYRPSGVSD 60
RFSGSKSGTS ASLAISGLRS EDEADYYCAG LDVAMRGPVF GGGTKLTVL 109

Número Secuencia (ID): 52
Longitud: 444
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..444
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NAWMSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKTDSGTT 60
DYAAPVKGRF TISRDNKNS LYQMNSLRA EDTAVYYCTT GTYWGQGLTV TVSSASTKGP 120
SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS 180
SVVTVPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPCCPAPE AAGAPSVFLF 240
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV 300
SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV 360
SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSGDS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF 420
SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SPGK 444

Número Secuencia (ID): 53
Longitud: 10
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..10
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
GFTFSNAWMS 10

Número Secuencia (ID): 54
Longitud: 19
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..19
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
RIKSKTDSGT TDYAAPVKG 19

Número Secuencia (ID): 55
Longitud: 114
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..114
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
EVQLVESGGG LVQPGGSLRL SCAASGFTFS NAWMSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKTDSGTT 60
DYAAPVKGRF TISRDNKNS LYQMNSLRA EDTAVYYCTT GTYWGQGLTV TVSS 114

Número Secuencia (ID): 56
Longitud: 217
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..217
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
NFMLTQPHSV SESPQKTVTI SCTGSSGNIA SNYVQWYQQR PGSAPTTVIY EDKQRPSPGV 60
DRFSGSIDRS SNSASLTISG LKTEDEADYY CQSYDNHLSV VFGGGTKLTV LGQPKAAPSV 120
TLFPPSSEEL QANKATLVCL ISDFYPGAVT VAWKADSSPV KAGVETTTTPS KQSNNKYAAS 180
SYLSLTPEQW KSHRSYSCQV THEGSTVEKT VAPTECS 217

Número Secuencia (ID): 57
Longitud: 13
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..13
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
TGSSGNIASN YVQ 13

Número Secuencia (ID): 58

Longitud: 10
 Tipo Molécula: AA
 Ubicación Características/Calificadores:
 - fuente, 1..10
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético
 Residuos:
 QSYDNHLSVV 10

Número Secuencia (ID): 59
 Longitud: 111
 Tipo Molécula: AA
 Ubicación Características/Calificadores:
 - fuente, 1..111
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético
 Residuos:
 NFMLTQPHSV SESPCKTVTI SCTGSSGNIA SNYVQWYQQR PGSAPTTVIY EDKQRPSGVP 60
 DRFSGSIDRS SNSASLTISG LKTEDEADYY CQSYDNHLSV VFGGGTKLTV L 111

Número Secuencia (ID): 60
 Longitud: 445
 Tipo Molécula: AA
 Ubicación Características/Calificadores:
 - fuente, 1..445
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético
 Residuos:
 QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYGISWVRQA PGQGLEWMGW ISAYIGNTNY 60
 AQLKQGRVTM TTDTSISTAY MELSRLRSDD TAVYYCARAY YMDVWGQGT VTVSSASTKG 120
 PSVFPLAPSS KSTSGGTAAL GCLVKDYFPE PVTVSWNSGA LTSGVHTFPA VLQSSGLYSL 180
 SSVVTVPSSS LGTQTYICNV NHKPSNTKVD KKVEPKSCDK THTCPPCPAP EAAGAPSVFL 240
 FPPKPKDTLM ISRTPEVTCV VVDVSHEDPE VKFNWYVDGV EVHNAKTKPR EEQYNSTYRV 300
 VSVLTVLHQD WLNGKEYKCK VSNKALPAPI EKTISKAKGQ PREPQVYTL PSREEMTKNQ 360
 VSLTCLVKGF YPSDIAVEWE SNGQPENNYK TTPPVLDSDG SFFLYSKLTV DKSRWQQGNV 420
 FSCVMHEAL HNHYTQKSLS LSPGK 445

Número Secuencia (ID): 61
 Longitud: 17
 Tipo Molécula: AA
 Ubicación Características/Calificadores:
 - fuente, 1..17
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético
 Residuos:
 WISAYIGNTN YAQLKQG 17

Número Secuencia (ID): 62
 Longitud: 6
 Tipo Molécula: AA
 Ubicación Características/Calificadores:
 - fuente, 1..6
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético
 Residuos:
 AYYMDV 6

Número Secuencia (ID): 63
 Longitud: 115
 Tipo Molécula: AA
 Ubicación Características/Calificadores:
 - fuente, 1..115
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético
 Residuos:
 QVQLVQSGAE VKKPGASVKV SCKASGYTFT SYGISWVRQA PGQGLEWMGW ISAYIGNTNY 60
 AQLKQGRVTM TTDTSISTAY MELSRLRSDD TAVYYCARAY YMDVWGQGT VTVSS 115

Número Secuencia (ID): 64
 Longitud: 215
 Tipo Molécula: AA
 Ubicación Características/Calificadores:
 - fuente, 1..215
 > tipo_mol, proteína
 > organismo, constructo sintético
 Residuos:
 QSVLTQPPSA SGTPGQRVTI SCSVTNPDI IFNVHWYQQL PGTAPKLLFF HEYRPSGVSD 60
 RFSGSKSGTS ASLAIVGLQS EDEGYYYCAG LDEAMRGPVF GGGTKLTVLG QPKAAPSVTL 120
 FPPSSEELQA NKATLVCLIS DFYPGAVTVA WKADSSPVKA GVETTTPSKQ SNNKYAASSY 180
 LSLTPEQWKS HRSYSCQVTH EGSTVEKTV PTECS 215

Número Secuencia (ID): 65
Longitud: 13
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..13
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético
Residuos:
SVTNPDIDIF NVH 13

Número Secuencia (ID): 66
Longitud: 6
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..6
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético
Residuos:
HEYRPS 6

Número Secuencia (ID): 67
Longitud: 11
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..11
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético
Residuos:
AGLDEAMRGP V 11

Número Secuencia (ID): 68
Longitud: 109
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..109
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético
Residuos:
QSVLTQPPSA SGTPGQRVTI SCSVTNPDI IFNVHWYQL PGTAPKLLFF HEYRPSGVSD 60
RFGSKSGSTS ASLAIVGLQS EDEGYCYCAG LDEAMRGPVF GGGTKLTVL 109

Número Secuencia (ID): 69
Longitud: 444
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..444
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético
Residuos:
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS NAWMSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKTDSGTT 60
DYAAPVEGRF TISRDDSKNT LYLMQNSLKT EDTAVYYCTT GTYWGQGTLLV TVSSASTKGP 120
SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTSWNSGAL TSGVHTFPAPV LQSSGLYSLS 180
SVTVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE AAGAPSVFLF 240
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV 300
SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV 360
SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSDGS FFLYSKLTVD KSRWQGNV 420
SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SPGK 444

Número Secuencia (ID): 70
Longitud: 19
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..19
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético
Residuos:
RIKSKTDSGT TDYAAPVEG 19

Número Secuencia (ID): 71
Longitud: 114
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..114
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético
Residuos:
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS NAWMSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKTDSGTT 60
DYAAPVEGRF TISRDDSKNT LYLMQNSLKT EDTAVYYCTT GTYWGQGTLLV TVSS 114

Número Secuencia (ID): 72
Longitud: 215

Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..215
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
QSVLTQPPSA SGTGQQRVTI SCSVTNTDID IFNVHWYQQL PGTAPKLLFF HDYRPSGVSD 60
RFSGSKSGTS ASLAIVGLQS EDEGYYYCAG LDEAMRGPVF GGGTKLTVLG QPKAAPSVTL 120
FPPSSEELQA NKATLVCLIS DFYPGAVTVA WKADSSPVKA GVETTTPSKQ SNNKYAASSY 180
LSLTPEQWKS HRSYSCQVTH EGSTVEKTVA PTECS 215

Número Secuencia (ID): 73
Longitud: 13
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..13
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
SVTNTDIDIF NVH 13

Número Secuencia (ID): 74
Longitud: 109
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..109
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
QSVLTQPPSA SGTGQQRVTI SCSVTNTDID IFNVHWYQQL PGTAPKLLFF HDYRPSGVSD 60
RFSGSKSGTS ASLAIVGLQS EDEGYYYCAG LDEAMRGPVF GGGTKLTVL 109

Número Secuencia (ID): 75
Longitud: 444
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..444
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS NAWMSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKEGGDT 60
DYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCTT GTYWGQGTLLV TVSSASTKGP 120
SVFPLAPSSK STSGGTAALG CLVKDYFPEP VTVSWNSGAL TSGVHTFPAV LQSSGLYSLS 180
SVTVTPSSSL GTQTYICNVN HKPSNTKVDK KVEPKSCDKT HTCPPCPAPE AAGAPSVFLF 240
PPKPKDTLMI SRTPEVTCVV VDVSHEDPEV KFNWYVDGVE VHNAKTKPRE EQYNSTYRVV 300
SVLTVLHQDW LNGKEYKCKV SNKALPAPIE KTISKAKGQP REPQVYTLPP SREEMTKNQV 360
SLTCLVKGFY PSDIAVEWES NGQPENNYKT TPPVLDSDGS FFLYSKLTVD KSRWQQGNVF 420
SCSVMHEALH NHYTQKSLSL SPGK 444

Número Secuencia (ID): 76
Longitud: 19
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..19
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
RIKSKTEGGD TDYAAPVKG 19

Número Secuencia (ID): 77
Longitud: 114
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..114
> tipo_mol, proteína
> organismo, constructo sintético

Residuos:
EVQLVESGGG LVKPGGSLRL SCAASGFTFS NAWMSWVRQA PGKGLEWVGR IKSKEGGDT 60
DYAAPVKGRF TISRDDSKNT LYLQMNSLKT EDTAVYYCTT GTYWGQGTLLV TVSS 114

Número Secuencia (ID): 78
Longitud: 429
Tipo Molécula: AA
Ubicación Características/Calificadores:
- fuente, 1..429
> tipo_mol, proteína
> organismo, Homo sapiens

Residuos:
MCPGALWVAL PLLSLLAGSL QGKPLQSWGR GSAGGNAHSP LGVPGGGLPE HTFNLKMFLE 60
NVKVDFLRSL NLSGVPSQDK TRVEPPQYMI DLYNRYTSK STTPASNIVR SFSMEDAISI 120
TATEDFPFQK HILLFNISIP RHEQITRAEL RLYVSCQNHV DPSHDLKGSV VIYDVLDTGD 180

AWDSATETKT	FLVSQDIQDE	GWETLEVSSA	VKRWVRSDST	KSKNKLEVT	ESHRKGCDDL	240
DISVPPGSRN	LPFFVVFVFSND	HSSGTKETRL	ELREMISHEQ	ESVLKKLSKD	GSTEAGESSH	300
EEDTDGHVAA	GSTLARRKRS	AGAGSHCQKT	SLRVNFEDIG	WDSWIIAPKE	YEAYECKGGC	360
FFPLADDVTP	TKHAIVQTLV	HLKFPTKVVK	ACCVPTKLSP	ISVLYKDDMG	VPTLKYHYEG	420
MSVAECGCR						429

Número Secuencia (ID): 79

Longitud: 110

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..110

> tipo_mol, proteína

> organismo, Homo sapiens

Residuos:

SAGAGSHCQK	TSLRVNFEDI	GWDSWIIAPK	EYEAYECKGG	CFPLADDVT	PTKHAIVQTL	60
VHLKFPTKVG	KACCVPTKLS	PISVLYKDDM	GVPTLKYHYE	GMSVAECGCR		110

Número Secuencia (ID): 80

Longitud: 10

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..10

> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:

GFTFSNAWXS		10
------------	--	----

Número Secuencia (ID): 81

Longitud: 19

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..19

> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:

RIKSKTXXGX	TDYAAPVXG	19
------------	-----------	----

Número Secuencia (ID): 82

Longitud: 13

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..13

> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:

SVTNXDIDIX	NVH	13
------------	-----	----

Número Secuencia (ID): 83

Longitud: 6

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..6

> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:

HXYRPS		6
--------	--	---

Número Secuencia (ID): 84

Longitud: 11

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..11

> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:

AGLDXAMRGP	V	11
------------	---	----

Número Secuencia (ID): 85

Longitud: 342

Tipo Molécula: DNA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..342

> tipo_mol, otro ADN

> organismo, constructo sintético

Residuos:

gagggtgcagc	tggttgagtc	tggttgagtc	tggttgagtc	tggttgagtc	tggttgagtc	60
tcctgtgcag	ccctctgatt	cacttttagt	aacgcctgga	tgagctgggt	ccgccaggct	120
ccagggaagg	ggctggagtg	ggttgccgt	attaaaagca	aaactgaggg	tggggataca	180
gactacgctg	caccgtgaa	aggcagattc	accatctcaa	gagatgattc	aaaaaacacg	240
ctgtatctgc	aaatgaacag	cctgaaaacc	gaggacacag	ccgtgtatta	ctgtaccaca	300
ggtacttact	ggggccaggg	aaccctggtc	accgtctcga	gc		342

Número Secuencia (ID): 86

Longitud: 327

Tipo Molécula: DNA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..327

> tipo_mol, otro ADN

> organismo, constructo sintético

Residuos:

cagtcctgtgc	tgactcagcc	accctcagcg	tctggggaccc	ccggccagag	ggtcactatt	60
tcttgctctg	tcaccaaacac	cgacatcgac	attttcaatg	ttcactggta	tcagcagctc	120
ccaggaacgg	cccccaaaact	cctcttcttt	catgattacc	ggccctcagg	ggctctctgac	180
cgatttttccg	gctccaagtc	tggaacctca	gcctccctgg	ccatcggttg	cctccagctc	240
gaggatgagg	gttattatta	ctgtgcagga	ttggatgagg	ctatgagggg	tccggttttc	300
ggcggcggga	ccaagctgac	ctgccta				327

Número Secuencia (ID): 87

Longitud: 1332

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..1332

> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:

GAGGTGCAGC	TGTTGGAGTC	TGGGGGAGGC	TTGGTAAAGC	CTGGGGGGTC	CCTTAGACTC	60
TCCTGTGCAG	CCTCTGGATT	CACTTTTAGT	AACGCCTGGA	TGAGCTGGGT	CCGCCAGGCT	120
CCAGGGAAGG	GGTGGAGTG	GGTTGGCCGT	ATTAAGAGCA	AAACTGAGGG	TGGGGATACA	180
GACTACGCTG	CACCCGTGAA	AGGCAGATTG	ACCATCTCAA	GAGATGATTG	AAAAAACACG	240
CTGTATCTGC	AAATGAACAG	CCTGAAAACC	GAGGACACAG	CCGTGTATTA	CTGTACCACA	300
GGTACTTACT	GGGGCCAGGG	AACCTTGGTC	ACCGTCTCGA	GCGCGTCGAC	CAAGGGCCCA	360
TCGGTCTTCC	CCCTGGCACC	CTCCTCCAAG	AGCACCTCTG	GGGGCACAGC	GGCCCTGGGC	420
TGCTGTGTCA	AGGACTACTT	CCCCGAACCG	GTGACGGTGT	CGTGGAATC	AGGCGCCCTG	480
ACCAGCGGCG	TGCACACCTT	CCCGGCTGTC	CTACAGTCCT	CAGGACTCTA	CTCCCTCAGC	540
AGCGTGGTGA	CCGTGCCCTC	CAGCAGCTTG	GGCACCCAGA	CCTACATCTG	CAACGTGAAT	600
CACAAGCCCA	GCAACACCAA	GGTGGACAAG	AAAGTTGAGC	CCAAATCTTG	TGACAAAAC	660
CACACATGCC	CACCGTGCCC	AGCACCTGAA	GCCGCTGGGG	CACCGTCAGT	CTTCCTCTTC	720
CCCCCAAAC	CCAAGGACAC	CCTCATGATC	TCCCGGACCC	CTGAGGTGAC	ATGCGTGGTG	780
GTGGACGTGA	GCCACGAAGA	CCCTGAGGTC	AAGTTCAACT	GGTACGTGGA	CGGCGTGGAG	840
GTGCATAATG	CCAAGACAAA	GCCGCGGGAG	GAGCAGTACA	ACAGCACGTA	CCGTGTGGTC	900
AGCGTCTCTA	CCGTCTTGCA	CCAGGACTGG	CTGAATGGCA	AGGAGTACAA	GTGCAAGGTC	960
TCCAACAAAG	CCCTCCCAGC	CCCCATCGAG	AAAACCATCT	CCAAAGCCAA	AGGGCAGCCC	1020
CGAGAACCAC	AGGTGTACAC	CCTGCCCCCA	TCCCGGGAGG	AGATGACCAA	GAACCAAGTC	1080
AGCCTGACCT	GCCTGGTCAA	AGGCTTCTAT	CCCAGCGACA	TCGCCGTGGA	GTGGGAGAGC	1140
AATGGGCGAC	CGGAGAACAA	CTACAAGACC	ACGCCTCCCG	TGCTGGACTC	CGACGGCTCC	1200
TTCTTCTCT	ATAGCAAGCT	CACCGTGAC	AAGAGCAGGT	GGCAGCAGGG	GAACGTCTTC	1260
TCATGCTCCG	TGATGCATGA	GGCTCTGCAC	AACCACTACA	CGCAGAAGAG	CCTCTCCCTG	1320
TCCCCGGGAA	AA					1332

Número Secuencia (ID): 88

Longitud: 645

Tipo Molécula: DNA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..645

> tipo_mol, otro ADN

> organismo, constructo sintético

Residuos:

cagtcctgtgc	tgactcagcc	accctcagcg	tctggggaccc	ccggccagag	ggtcactatt	60
tcttgctctg	tcaccaaacac	cgacatcgac	attttcaatg	ttcactggta	tcagcagctc	120
ccaggaacgg	cccccaaaact	cctcttcttt	catgattacc	ggccctcagg	ggctctctgac	180
cgatttttccg	gctccaagtc	tggaacctca	gcctccctgg	ccatcggttg	cctccagctc	240
gaggatgagg	gttattatta	ctgtgcagga	ttggatgagg	ctatgagggg	tccggttttc	300
ggcggcggga	ccaagctgac	cgtcctaggt	cagcccaagg	ctgccccctc	ggctactctg	360
ttccgcctct	cctctgagga	gcttcaaggc	aacaaggcca	actgggtgtg	tctcataagt	420
gacttctacc	cgggagccgt	gacagtggcg	tggaaggcag	atagcagccc	cgtaaggcgc	480
ggagtggaga	ccaccacacc	ctccaaacaa	agcaacaaca	agtacgcggc	cagcagctat	540
ctgagcctga	cgcctgagca	gtggaagtcc	cacagaagct	acagctgccca	ggtcacgcac	600
gaagggagca	ccgtggagaa	gacagtggcg	cctacagaat	gttca		645

Número Secuencia (ID): 89

Longitud: 19

Tipo Molécula: AA

Ubicación Características/Calificadores:

- fuente, 1..19

> tipo_mol, proteína

> organismo, constructo sintético

Residuos:

MGWSCIILFL VATATGVHS

19

FIN