



19

OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 144 386**

51 Int. Cl.⁶: C12N 15/19

C12N 15/62, C07K 16/28

C12N 15/11, C07K 14/52

C07K 14/705, C07K 16/24

12

TRADUCCION DE REIVINDICACIONES DE SOLICITUD
DE PATENTE EUROPEA

T1

86 Número de solicitud europea: **97952609.2**

86 Fecha de presentación de la solicitud: **22.12.1997**

87 Número de publicación de la solicitud: **0 951 551**

87 Fecha de publicación de la solicitud: **27.10.1999**

30 Prioridad: **23.12.1996 US 59978 P**
07.03.1997 US 77181 P
14.10.1997 US 64671 P

43 Fecha de la publicación de la mención BOPI:
16.06.2000

46 Fecha de publicación de la traducción de las re-
ivindicaciones: **16.06.2000**

71 Solicitante/s: **IMMUNEX CORPORATION**
51 University Street
Seattle Washington 98101, US

72 Inventor/es: **Anderson, Dirk M.;**
Galibert, Laurent J. y
Maraskovsky, Eugene

74 Agente: **Carpintero López, Francisco**

54 Título: **Ligando para el activador receptor de NF-Kappa B, cuyo ligando es miembro de la super-
familia TNF.**

ES 2 144 386 T1

REIVINDICACIONES

1. Una secuencia de ADN seleccionada del grupo que consta de:

(a) una secuencia de ADN que codifica una proteína que tiene una secuencia del aminoácido como se describe en SEQ ID NO: 10, en donde la proteína tiene un grupo terminal amino seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 1 y el aminoácido 139, inclusive, y un grupo terminal carboxi seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 290 y el aminoácido 294, inclusive.

(b) una secuencia de ADN que codifica una proteína que tiene una secuencia del aminoácido como se describe en SEQ ID NO: 12, en donde la proteína tiene un grupo terminal amino seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 1 y el aminoácido 162, inclusive, y un grupo terminal carboxi seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 313 y el aminoácido 317, inclusive.

(c) moléculas de ADN aptas para la hibridación del ADN de (a) o (b) en condiciones severas y que codifica RANKL biológicamente activo; y

(d) moléculas de ADN que codifican fragmentos de proteínas codificadas por ADN de (a), (b) o (c).

2. La secuencia de ADN aislado de la reivindicación 1, que codifica un polipéptido RANKL que es al menos 70 % aproximadamente idéntico a la secuencia del aminoácido del original del RANKL como se describe en SEQ ID Nos:10 y 12.

3. La secuencia de ADN aislada de la reivindicación 1, que codifica un polipéptido RANKL soluble.

4. La secuencia de ADN aislada de la reivindicación 2, que codifica un polipéptido RANKL soluble.

5. Una secuencia de ADN aislada que codifica un RANKL soluble, seleccionada del grupo que consta de:

(a) una secuencia de ADN que codifica una proteína que tiene una secuencia del aminoácido como se describe en SEQ ID NO: 10, en donde la proteína tiene un grupo terminal amino seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 48 y el aminoácido 139, inclusive, y un grupo terminal carboxi seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 290 y el aminoácido 294, inclusive.

(b) una secuencia de ADN que codifica una proteína que tiene una secuencia del aminoácido como se describe en SEQ ID NO: 12, en donde la proteína tiene un grupo terminal amino seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 69 y el aminoácido 162, inclusive, y un grupo terminal carboxi seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 313 y el aminoácido 317, inclusive;

(c) moléculas de ADN aptas para la hibridación del ADN de (a) o (b) en condiciones severas y que codifica RANKL biológicamente activo; y

(d) moléculas de ADN que codifican fragmentos de proteínas codificadas por ADN de (a), (b) o (c).

6. La secuencia de ADN aislada de la reivindicación 5, que además comprende una secuencia de ADN que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consta de un dominio Fc inmunoglobina, una mutación Fc de inmunoglobina, un marcador FLAGTM, un péptido que comprende al menos aproximadamente 6 residuos de His, un zipper de leucina, y combinaciones de ellos.

7. Un vector de expresión recombinante que comprende una secuencia de ADN de acuerdo con la reivindicación 1.

8. Un vector de expresión recombinante que comprende una secuencia de ADN de acuerdo con la reivindicación 2.

9. Un vector de expresión recombinante que comprende una secuencia de ADN de acuerdo con la reivindicación 3.

10. Un vector de expresión recombinante que comprende una secuencia de ADN de acuerdo con la reivindicación 4.

11. Un vector de expresión recombinante que comprende una secuencia de ADN de acuerdo con la reivindicación 5.

12. Un vector de expresión recombinante que comprende una secuencia de ADN de acuerdo con la reivindicación 6.

13. Una célula huésped transformada o transferida con un vector de expresión de acuerdo con la reivindicación 7.

14. Una célula huésped transformada o transferida con un vector de expresión de acuerdo con la reivindicación 8.

15. Una célula huésped transformada o transferida con un vector de expresión de acuerdo con la reivindicación 9.

16. Una célula huésped transformada o transferida con un vector de expresión de acuerdo con la reivindicación 10.

17. Una célula huésped transformada o transferida con un vector de expresión de acuerdo con la reivindicación 11.

18. Una célula huésped transformada o transferida con un vector de expresión de acuerdo con la reivindicación 12.

19. Un proceso para preparar una proteína RANKL, que comprende el cultivo de una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 13 en condiciones que promuevan la expresión y recuperación del RANKL.

20. Un proceso para preparar una proteína RANKL, que comprende el cultivo de una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 14 en condiciones que promuevan la expresión y recuperación del RANKL.

21. Un proceso para preparar una proteína RANKL, que comprende el cultivo de una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 15 en condiciones que promuevan la expresión y recuperación del RANKL.

22. Un proceso para preparar una proteína RANKL, que comprende el cultivo de una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 16 en condiciones que promuevan la expresión y recuperación del RANKL.

23. Un proceso para preparar una proteína RANKL, que comprende el cultivo de una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 17 en condiciones que promuevan la expresión y recu-

peración del RANKL.

24. Un proceso para preparar una proteína RANKL, que comprende el cultivo de una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 18 en condiciones que promuevan la expresión y recuperación del RANKL.

25. Una secuencia de ADN aislada seleccionada del grupo que consta de oligonucleótidos de al menos 17 nucleótidos de longitud aproximadamente, oligonucleótidos de al menos 25 nucleótidos de longitud aproximadamente y oligonucleótidos de al menos 30 nucleótidos de longitud aproximadamente, que es un fragmento de la secuencia de ADN de SEQ ID NO:10 o SEQ ID NO:12.

26. Un polipéptido aislado RANKL seleccionado del grupo que consta de:

(a) un polipéptido que tiene una secuencia del aminoácido como se describe en SEQ ID NO: 11, en donde el polipéptido tiene un grupo terminal amino seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 1 y el aminoácido 139, inclusive, y un grupo terminal carboxi seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 290 y el aminoácido 294, inclusive;

(b) un polipéptido que tiene una secuencia del aminoácido como se describe en SEQ ID NO: 13, en donde el polipéptido tiene un grupo terminal amino seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 1 y el aminoácido 162, inclusive, y un grupo terminal carboxi seleccionado del grupo que consta de un aminoácido entre el aminoácido 313 y el aminoácido 317, inclusive.

(c) un polipéptido RANKL codificado por una secuencia de ADN apta para la hibridación a una secuencia de ADN que codifica la proteína de (a) o (b) en condiciones severas y que sea biológicamente activa; y

(d) fragmentos de los polipéptidos de (a), (b) o (c) que sean biológicamente activos.

27. La proteína de acuerdo con la reivindicación 26, que tiene una secuencia de aminoácido al menos 80 % idéntico al SEQ ID NO:11 o SEQ

ID NO:13.

28. La proteína de acuerdo con la reivindicación 27, que es un RANKL soluble.

29. La proteína de acuerdo con la reivindicación 26, que es un RANKL soluble.

30. Una proteína RANKL soluble, que además comprende un péptido seleccionado del grupo que consta de un dominio Fc inmunoglobina, una mutación Fc de inmunoglobina, un marcador FLAGTM, un péptido que comprende al menos aproximadamente 6 residuos de His, un zíper de leucina, y combinaciones de ellos.

31. Un anticuerpo inmunorreactivo con polipéptido RANKL de acuerdo con la reivindicación 26.

32. El anticuerpo de acuerdo con la reivindicación 31, que es un anticuerpo monoclonal.

33. Un método para inducir la maduración de las células dentítricas (DC), que comprenda el contacto con CD1a⁺ DC con una cantidad de polipéptido RANKL suficiente como para producir niveles disminuidos de la expresión CD1b/c en las DC, en condiciones de promover la viabilidad de las DC, y dejando madurar las DC.

34. Un método de mejorar la capacidad aloestimuladora en células dentítricas (DC), que comprenda el contacto con CD1a⁺ DC con una cantidad de polipéptido RANKL suficiente como para aumentar la capacidad aloestimuladora de las DC en una reacción de linfocitos mezclados (MLR), en condiciones de promover la viabilidad de las DC, y dejando las DC para presentar antígenos a las células T.

35. Un método de promover la viabilidad de las células T en presencia de TGFβ que comprenda el contacto de las células T que se han expuesto a TGFβ con una cantidad de un polipéptido RANKL suficiente como para aumentar el número de células T que permanecen viables en presencia de TGFβ en condiciones que promuevan la viabilidad de las células T en ausencia de TGFβ, y dejando las células T influir en la tolerancia de las células T.

NOTA INFORMATIVA: Conforme a la reserva del art. 167.2 del Convenio de Patentes Europeas (CPE) y a la Disposición Transitoria del RD 2424/1986, de 10 de octubre, relativo a la aplicación del Convenio de Patente Europea, las patentes europeas que designen a España y solicitadas antes del 7-10-1992, no producirán ningún efecto en España en la medida en que confieran protección a productos químicos y farmacéuticos como tales.

Esta información no prejuzga que la patente esté o no incluida en la mencionada reserva.

LISTADO DE SECUENCIAS

- (1) INFORMACIÓN GENERAL
- (i) SOLICITANTE: Immunex Corporation
 - (ii) TÍTULO DE LA INVENCION: Ligando para el Activador Receptor de NF-kappaB
 - (iii) NÚMERO DE SECUENCIAS: 19
 - (iv) DIRECCIONES PARA CORRESPONDENCIA:
 - (A) DESTINATARIO: Immunex Corporation, Law Department
 - (B) CALLE: 51 University Street
 - (C) CIUDAD: Seattle
 - (D) ESTADO: WA
 - (E) PAÍS: EE.UU.
 - (F) CÓDIGO POSTAL: 98101
 - (v) FORMATO LEGIBLE EN ORDENADOR:
 - (A) MEDIO TIPO: Disquete
 - (B) ORDENADOR: Apple Power Macintosh
 - (C) SISTEMA OPERATIVO: Sistema Operativo Apple 7.5.5
 - (D) SOFTWARE: Microsoft Word para Power Macintosh 6.0.1
 - (vi) DATOS DE LA PRESENTE SOLICITUD:
 - (A) NÚMERO DE SOLICITUD:
 - (B) FECHA PRESENTACION: 22 DICIEMBRE 1997
 - (C) CLASIFICACIÓN:
 - (vii) DATOS DE LA SOLICITUD PREVIA:
 - (A) NÚMERO DE SOLICITUD: USSN 60/064,671
 - (B) FECHA PRESENTACION: 14 OCTUBRE 1997
 - (C) CLASIFICACIÓN:
 - (viii) DATOS DE LA SOLICITUD PREVIA:
 - (A) NÚMERO DE SOLICITUD: USSN 08/813,509
 - (B) FECHA PRESENTACION: 07 MARZO 1997
 - (C) CLASIFICACIÓN:

ES 2 144 386 T1

- (vii) DATOS DE LA SOLICITUD PREVIA:
 - (A) NÚMERO DE SOLICITUD: USSN 08/772,330 (60/064, 671)
 - (B) FECHA PRESENTACION: 23 DICIEMBRE 1996
 - (C) CLASIFICACIÓN:

- (viii) INFORMACIÓN DEL AGENTE/REPRESENTANTE LEGAL:
 - (A) NOMBRE: Perkins, Patricia Anne
 - (B) NÚMERO DE REGISTRO: 34.693
 - (C) REFERENCIA/NÚMERO DE EXPEDIENTE: 2852-WO

- (ix) INFORMACIÓN PARA TELECOMUNICACIÓN:
 - (A) TELÉFONO: (206) 587-0430
 - (B) TELEFAX: (206) 233-0644

- (2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 1 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 3115 pares de bases
 - (B) TIPO: ácido nucleico
 - (C) CADENA: sencilla
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: cADN
- (iii) HIPOTÉTICA: NO
- (iv) ANTI-SENTIDO: NO
- (vi) FUENTE ORIGINAL:
 - (A) ORGANISMO: HOMO SAPIENS

- (vii) FUENTE INMEDIATA:
 - (A) GENOTECA: CÉLULAS DENDRÍTRICAS DERIVADAS DE LA MÉDULA ÓSEA
 - (B) CLÓN: 9D-8A

- (ix) CARÁCTER:

ES 2 144 386 T1

(A) NOMBRE/CLAVE: CDS

(B) LOCALIZACIÓN: 93..1868

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 1:

GCTGCTGCTG	CTCTGCGCGC	TGCTCGCCCG	GCTGCAGTTT	TATCCAGAAA	GAGCTGTGTG	60
GACTCTCTGC	CTGACCTCAG	TGTTCTTTTC	AG GTG GCT	TTG CAG ATC	GCT CCT	113
			Val Ala	Leu Gln	Ile Ala Pro	
			1		5	
CCA TGT ACC	AGT GAG AAG	CAT TAT GAG	CAT CTG GGA	CGG TGC TGT	AAC	161
Pro Cys Thr	Ser Glu Lys	His Tyr Glu	His Leu Gly	Arg Cys Cys	Asn	
	10		15		20	
AAA TGT GAA	CCA GGA AAG	TAC ATG TCT	TCT AAA TGC	ACT ACT ACC	TCT	209
Lys Cys Glu	Pro Gly Lys	Tyr Met Ser	Ser Lys Cys	Thr Thr Thr	Ser	
	25		30		35	
GAC AGT GTA	TGT CTG CCC	TGT GGC CCG	GAT GAA TAC	TTG GAT AGC	TGG	257
Asp Ser Val	Cys Leu Pro	Cys Gly Pro	Asp Glu Tyr	Leu Asp Ser	Trp	
	40		45		50	55
AAT GAA GAA	GAT AAA TGC	TTG CTG CAT	AAA GTT TGT	GAT ACA GGC	AAG	305
Asn Glu Glu	Asp Lys Cys	Leu Leu His	Lys Val Cys	Asp Thr Gly	Lys	
		60		65	70	
GCC CTG GTG	GCC GTG GTC	GCC GGC AAC	AGC ACG ACC	CCC CGG CGC	TGC	353
Ala Leu Val	Ala Val Val	Ala Gly Asn	Ser Thr Thr	Pro Arg Arg	Cys	
	75		80		85	
GCG TGC ACG	GCT GGG TAC	CAC TGG AGC	CAG GAC TGC	GAG TGC TGC	CGC	401
Ala Cys Thr	Ala Gly Tyr	His Trp Ser	Gln Asp Cys	Glu Cys Cys	Arg	
	90		95		100	
CGC AAC ACC	GAG TGC GCG	CCG GGC CTG	GGC GCC CAG	CAC CCG TTG	CAG	449
Arg Asn Thr	Glu Cys Ala	Pro Gly Leu	Gly Ala Gln	His Pro Leu	Gln	
	105		110		115	
CTC AAC AAG	GAC ACA GTG	TGC AAA CCT	TGC CTT GCA	GGC TAC TTC	TCT	497
Leu Asn Lys	Asp Thr Val	Cys Lys Pro	Cys Leu Ala	Gly Tyr Phe	Ser	
	120		125		130	135

ES 2 144 386 T1

GAT	GCC	TTT	TCC	TCC	ACG	GAC	AAA	TGC	AGA	CCC	TGG	ACC	AAC	TGT	ACC	545
Asp	Ala	Phe	Ser	Ser	Thr	Asp	Lys	Cys	Arg	Pro	Trp	Thr	Asn	Cys	Thr	
			140						145					150		
TTC	CTT	GGA	AAG	AGA	GTA	GAA	CAT	CAT	GGG	ACA	GAG	AAA	TCC	GAT	GCG	593
Phe	Leu	Gly	Lys	Arg	Val	Glu	His	His	Gly	Thr	Glu	Lys	Ser	Asp	Ala	
			155						160					165		
GTT	TGC	AGT	TCT	TCT	CTG	CCA	GCT	AGA	AAA	CCA	CCA	AAT	GAA	CCC	CAT	641
Val	Cys	Ser	Ser	Ser	Leu	Pro	Ala	Arg	Lys	Pro	Pro	Asn	Glu	Pro	His	
		170						175					180			
GTT	TAC	TTG	CCC	GGT	TTA	ATA	ATT	CTG	CTT	CTC	TTC	GCG	TCT	GTG	GCC	689
Val	Tyr	Leu	Pro	Gly	Leu	Ile	Ile	Leu	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Val	Ala	
	185					190					195					
CTG	GTG	GCT	GCC	ATC	ATC	TTT	GGC	GTT	TGC	TAT	AGG	AAA	AAA	GGG	AAA	737
Leu	Val	Ala	Ala	Ile	Ile	Phe	Gly	Val	Cys	Tyr	Arg	Lys	Lys	Gly	Lys	
200					205					210					215	
GCA	CTC	ACA	GCT	AAT	TTG	TGG	CAC	TGG	ATC	AAT	GAG	GCT	TGT	GGC	CGC	785
Ala	Leu	Thr	Ala	Asn	Leu	Trp	His	Trp	Ile	Asn	Glu	Ala	Cys	Gly	Arg	
				220					225					230		
CTA	AGT	GGA	GAT	AAG	GAG	TCC	TCA	GGT	GAC	AGT	TGT	GTC	AGT	ACA	CAC	833
Leu	Ser	Gly	Asp	Lys	Glu	Ser	Ser	Gly	Asp	Ser	Cys	Val	Ser	Thr	His	
			235					240					245			
ACG	GCA	AAC	TTT	GGT	CAG	CAG	GGA	GCA	TGT	GAA	GGT	GTC	TTA	CTG	CTG	881
Thr	Ala	Asn	Phe	Gly	Gln	Gln	Gly	Ala	Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Leu	Leu	
		250					255					260				
ACT	CTG	GAG	GAG	AAG	ACA	TTT	CCA	GAA	GAT	ATG	TGC	TAC	CCA	GAT	CAA	929
Thr	Leu	Glu	Glu	Lys	Thr	Phe	Pro	Glu	Asp	Met	Cys	Tyr	Pro	Asp	Gln	
	265					270					275					
GGT	GGT	GTC	TGT	CAG	GGC	ACG	TGT	GTA	GGA	GGT	GGT	CCC	TAC	GCA	CAA	977
Gly	Gly	Val	Cys	Gln	Gly	Thr	Cys	Val	Gly	Gly	Gly	Pro	Tyr	Ala	Gln	
280					285					290					295	
GGC	GAA	GAT	GCC	AGG	ATG	CTC	TCA	TTG	GTC	AGC	AAG	ACC	GAG	ATA	GAG	1025
Gly	Glu	Asp	Ala	Arg	Met	Leu	Ser	Leu	Val	Ser	Lys	Thr	Glu	Ile	Glu	
				300					305					310		
GAA	GAC	AGC	TTC	AGA	CAG	ATG	CCC	ACA	GAA	GAT	GAA	TAC	ATG	GAC	AGG	1073
Glu	Asp	Ser	Phe	Arg	Gln	Met	Pro	Thr	Glu	Asp	Glu	Tyr	Met	Asp	Arg	
			315					320					325			
CCC	TCC	CAG	CCC	ACA	GAC	CAG	TTA	CTG	TTC	CTC	ACT	GAG	CCT	GGA	AGC	1121
Pro	Ser	Gln	Pro	Thr	Asp	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Thr	Glu	Pro	Gly	Ser	
		330						335					340			
AAA	TCC	ACA	CCT	CCT	TTC	TCT	GAA	CCC	CTG	GAG	GTG	GGG	GAG	AAT	GAC	1169
Lys	Ser	Thr	Pro	Pro	Phe	Ser	Glu	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Glu	Asn	Asp	
	345					350					355					
AGT	TTA	AGC	CAG	TGC	TTC	ACG	GGG	ACA	CAG	AGC	ACA	GTG	GGT	TCA	GAA	1217
Ser	Leu	Ser	Gln	Cys	Phe	Thr	Gly	Thr	Gln	Ser	Thr	Val	Gly	Ser	Glu	
360					365					370					375	

ES 2 144 386 T1

AGC TGC AAC TGC ACT GAG CCC CTG TGC AGG ACT GAT TGG ACT CCC ATG 1265
 Ser Cys Asn Cys Thr Glu Pro Leu Cys Arg Thr Asp Trp Thr Pro Met
 380 385 390

TCC TCT GAA AAC TAC TTG CAA AAA GAG GTG GAC AGT GGC CAT TGC CCG 1313
 Ser Ser Glu Asn Tyr Leu Gln Lys Glu Val Asp Ser Gly His Cys Pro
 395 400 405

CAC TGG GCA GCC AGC CCC AGC CCC AAC TGG GCA GAT GTC TGC ACA GGC 1361
 His Trp Ala Ala Ser Pro Ser Pro Asn Trp Ala Asp Val Cys Thr Gly
 410 415 420

TGC CGG AAC CCT CCT GGG GAG GAC TGT GAA CCC CTC GTG GGT TCC CCA 1409
 Cys Arg Asn Pro Pro Gly Glu Asp Cys Glu Pro Leu Val Gly Ser Pro
 425 430 435

AAA CGT GGA CCC TTG CCC CAG TGC GCC TAT GGC ATG GGC CTT CCC CCT 1457
 Lys Arg Gly Pro Leu Pro Gln Cys Ala Tyr Gly Met Gly Leu Pro Pro
 440 445 450 455

GAA GAA GAA GCC AGC AGG ACG GAG GCC AGA GAC CAG CCC GAG GAT GGG 1505
 Glu Glu Glu Ala Ser Arg Thr Glu Ala Arg Asp Gln Pro Glu Asp Gly
 460 465 470

GCT GAT GGG AGG CTC CCA AGC TCA GCG AGG GCA GGT GCC GGG TCT GGA 1553
 Ala Asp Gly Arg Leu Pro Ser Ser Ala Arg Ala Gly Ala Gly Ser Gly
 475 480 485

AGC TCC CCT GGT GGC CAG TCC CCT GCA TCT GGA AAT GTG ACT GGA AAC 1601
 Ser Ser Pro Gly Gly Gln Ser Pro Ala Ser Gly Asn Val Thr Gly Asn
 490 495 500

AGT AAC TCC ACG TTC ATC TCC AGC GGG CAG GTG ATG AAC TTC AAG GGC 1649
 Ser Asn Ser Thr Phe Ile Ser Ser Gly Gln Val Met Asn Phe Lys Gly
 505 510 515

GAC ATC ATC GTG GTC TAC GTC AGC CAG ACC TCG CAG GAG GGC GCG GCG 1697
 Asp Ile Ile Val Val Tyr Val Ser Gln Thr Ser Gln Glu Gly Ala Ala
 520 525 530 535

GCG GCT GCG GAG CCC ATG GGC CGC CCG GTG CAG GAG GAG ACC CTG GCG 1745
 Ala Ala Ala Glu Pro Met Gly Arg Pro Val Gln Glu Glu Thr Leu Ala
 540 545 550

CGC CGA GAC TCC TTC GCG GGG AAC GGC CCG CGC TTC CCG GAC CCG TGC 1793
 Arg Arg Asp Ser Phe Ala Gly Asn Gly Pro Arg Phe Pro Asp Pro Cys
 555 560 565

GGC GGC CCC GAG GGG CTG CGG GAG CCG GAG AAG GCC TCG AGG CCG GTG 1841
 Gly Gly Pro Glu Gly Leu Arg Glu Pro Glu Lys Ala Ser Arg Pro Val
 570 575 580

CAG GAG CAA GGC GGG GCC AAG GCT TGA GCGCCCCCA TGGCTGGGAG 1888
 Gln Glu Gln Gly Gly Ala Lys Ala
 585 590

CCCGAAGCTC GGAGCCAGGG CTCGCGAGGG CAGCACCGCA GCCTCTGCCC CAGCCCCGGC 1948

CACCCAGCGA TCGATCGGTA CAGTCGAGGA AGACCACCCG GCATTCTCTG CCCACTTTGC 2008

CTTCCAGGAA ATGGGCTTTT CAGGAAGTGA ATTGATGAGG ACTGTCCCCA TGCCCACGGA 2068

ES 2 144 386 T1

```

TGCTCAGCAG CCCGCCGCAC TGGGGCAGAT GTCTCCCCTG CCACTCCTCA AACTCGCAGC 2128
AGTAATTTGT GGCACATATGA CAGCTATTTT TATGACTATC CTGTTCTGTG GGGGGGGGGT 2188
CTATGTTTTTC CCCCCATATT TGTATTCCTT TTCATAACTT TTCTTGATAT CTTTCCTCCC 2248
TCTTTTTTAA TGTAAGGTT TTCTCAAAA TTCTCCTAAA GGTGAGGGTC TCTTTCTTTT 2308
CTCTTTTCCT TTTTTTTTTT TTTTTTTGGC AACCTGGCTC TGGCCCAGGC TAGAGTGCAG 2368
TGGTGCGATT ATAGCCCGGT GCAGCCTCTA ACTCCTGGGC TCAAGCAATC CAAGTGATCC 2428
TCCCACCTCA ACCTTCGGAG TAGCTGGGAT CACAGCTGCA GGCCACGCC AGCTTCCTCC 2488
CCCCGACTCC CCCCCCCAG AGACACGGTC CCACCATGTT ACCCAGCCTG GTCTCAAAC 2548
CCCCAGCTAA AGCAGTCCTC CAGCCTCGGC CTCCCAAAGT ACTGGGATTA CAGGCGTGAG 2608
CCCCCAGCTT GGCCTGCTTT ACGTATTTTC TTTTGTGCC CTGCTCACAG TGTTTTAGAG 2668
ATGGCTTTCC CAGTGTGTGT TCATTGTAAA CACTTTTGGG AAAGGGCTAA ACATGTGAGG 2728
CCTGGAGATA GTTCTAAGT TGCTAGGAAC ATGTGGTGGG ACTTTCATAT TCTGAAAAAT 2788
GTTCTATATT CTCATTTTTT TAAAAGAAAG AAAAAAGGAA ACCCGATTTA TTTCTCCTGA 2848
ATCTTTTTAA GTTTGTGTCG TTCCTTAAGC AGAACTAAGC TCAGTATGTG ACCTTACCCG 2908
CTAGGTGGTT AATTTATCCA TGCTGGCAGA GGCACCTCAGG TACTTGGTAA GCAAATTTCT 2968
AAAACCTCAA GTTGTCTCAG CTTGGCATTCT TTCTTATTCT AGAGGTCTCT CTGGAAAAGA 3028
TGGAGAAAAT GAACAGGACA TGGGGCTCCT GGAAAGAAAG GGCCCGGGAA GTTCAAGGAA 3088
GAATAAAGTT GAAATTTTAA AAAAAAA 3115

```

INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 2 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 591 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (D) TOPOLOGÍA: linear
- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína
- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 2:

```

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

```

ES 2 144 386 T1

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

ES 2 144 386 T1

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

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 3 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 1391 pares de bases
 - (B) TIPO: ácido nucleico
 - (C) CADENA: sencilla
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

ES 2 144 386 T1

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: cADN
- (iii) HIPOTÉTICA: NO
- (iv) ANTI-SENTIDO: NO
- (vi) FUENTE ORIGINAL:
 - (A) ORGANISMO: HOMO SAPIENS

- (vii) FUENTE INMEDIATA:
 - (A) GENOTECA: CÉLULAS DENDRÍTRICAS DERIVADAS DE LA MÉDULA ÓSEA
 - (B) CLÓN: 9D-15c

- (ix) CARÁCTER:
 - (A) NOMBRE/CLAVE: CDS
 - (B) LOCALIZACIÓN: 39..1391

- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 3:

ES 2 144 386 T1

CCGCTGAGGC	CGCGGCGCCC	GCCAGCCTGT	CCC	CGCC	ATG	GCC	CCG	CGC	GCC								53
					Met	Ala	Pro	Arg	Ala								
					1				5								
CGG	CGG	CGC	CGC	CCG	CTG	TTC	GCG	CTG	CTG	CTG	CTC	TGC	GCG	CTG	CTC		101
Arg	Arg	Arg	Arg	Pro	Leu	Phe	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Cys	Ala	Leu	Leu		
				10					15					20			
GCC	CGG	CTG	CAG	GTG	GCT	TTG	CAG	ATC	GCT	CCT	CCA	TGT	ACC	AGT	GAG		149
Ala	Arg	Leu	Gln	Val	Ala	Leu	Gln	Ile	Ala	Pro	Pro	Cys	Thr	Ser	Glu		
			25					30					35				
AAG	CAT	TAT	GAG	CAT	CTG	GGA	CGG	TGC	TGT	AAC	AAA	TGT	GAA	CCA	GGA		197
Lys	His	Tyr	Glu	His	Leu	Gly	Arg	Cys	Cys	Asn	Lys	Cys	Glu	Pro	Gly		
		40					45					50					
AAG	TAC	ATG	TCT	TCT	AAA	TGC	ACT	ACT	ACC	TCT	GAC	AGT	GTA	TGT	CTG		245
Lys	Tyr	Met	Ser	Ser	Lys	Cys	Thr	Thr	Thr	Ser	Asp	Ser	Val	Cys	Leu		
	55					60					65						
CCC	TGT	GGC	CCG	GAT	GAA	TAC	TTG	GAT	AGC	TGG	AAT	GAA	GAA	GAT	AAA		293
Pro	Cys	Gly	Pro	Asp	Glu	Tyr	Leu	Asp	Ser	Trp	Asn	Glu	Glu	Asp	Lys		
70					75					80					85		
TGC	TTG	CTG	CAT	AAA	GTT	TGT	GAT	ACA	GGC	AAG	GCC	CTG	GTG	GCC	GTG		341
Cys	Leu	Leu	His	Lys	Val	Cys	Asp	Thr	Gly	Lys	Ala	Leu	Val	Ala	Val		
				90					95					100			
GTC	GCC	GGC	AAC	AGC	ACG	ACC	CCC	CGG	CGC	TGC	GCG	TGC	ACG	GCT	GGG		389
Val	Ala	Gly	Asn	Ser	Thr	Thr	Pro	Arg	Arg	Cys	Ala	Cys	Thr	Ala	Gly		
			105					110					115				
TAC	CAC	TGG	AGC	CAG	GAC	TGC	GAG	TGC	TGC	CGC	CGC	AAC	ACC	GAG	TGC		437
Tyr	His	Trp	Ser	Gln	Asp	Cys	Glu	Cys	Cys	Arg	Arg	Asn	Thr	Glu	Cys		
		120					125					130					
GCG	CCG	GGC	CTG	GGC	GCC	CAG	CAC	CCG	TTG	CAG	CTC	AAC	AAG	GAC	ACA		485
Ala	Pro	Gly	Leu	Gly	Ala	Gln	His	Pro	Leu	Gln	Leu	Asn	Lys	Asp	Thr		
	135					140					145						
GTG	TGC	AAA	CCT	TGC	CTT	GCA	GGC	TAC	TTC	TCT	GAT	GCC	TTT	TCC	TCC		533
Val	Cys	Lys	Pro	Cys	Leu	Ala	Gly	Tyr	Phe	Ser	Asp	Ala	Phe	Ser	Ser		
150					155					160					165		
ACG	GAC	AAA	TGC	AGA	CCC	TGG	ACC	AAC	TGT	ACC	TTC	CTT	GGA	AAG	AGA		581
Thr	Asp	Lys	Cys	Arg	Pro	Trp	Thr	Asn	Cys	Thr	Phe	Leu	Gly	Lys	Arg		
				170					175					180			
GTA	GAA	CAT	CAT	GGG	ACA	GAG	AAA	TCC	GAT	GCG	GTT	TGC	AGT	TCT	TCT		629
Val	Glu	His	His	Gly	Thr	Glu	Lys	Ser	Asp	Ala	Val	Cys	Ser	Ser	Ser		
			185					190					195				

ES 2 144 386 T1

CTG	CCA	GCT	AGA	AAA	CCA	CCA	AAT	GAA	CCC	CAT	GTT	TAC	TTG	CCC	GGT	677
Leu	Pro	Ala	Arg	Lys	Pro	Pro	Asn	Glu	Pro	His	Val	Tyr	Leu	Pro	Gly	
		200					205					210				
TTA	ATA	ATT	CTG	CTT	CTC	TTC	GCG	TCT	GTG	GCC	CTG	GTG	GCT	GCC	ATC	725
Leu	Ile	Ile	Leu	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Val	Ala	Leu	Val	Ala	Ala	Ile	
	215					220					225					
ATC	TTT	GGC	GTT	TGC	TAT	AGG	AAA	AAA	GGG	AAA	GCA	CTC	ACA	GCT	AAT	773
Ile	Phe	Gly	Val	Cys	Tyr	Arg	Lys	Lys	Gly	Lys	Ala	Leu	Thr	Ala	Asn	
230					235					240					245	
TTG	TGG	CAC	TGG	ATC	AAT	GAG	GCT	TGT	GGC	CGC	CTA	AGT	GGA	GAT	AAG	821
Leu	Trp	His	Trp	Ile	Asn	Glu	Ala	Cys	Gly	Arg	Leu	Ser	Gly	Asp	Lys	
				250					255					260		
GAG	TCC	TCA	GGT	GAC	AGT	TGT	GTC	AGT	ACA	CAC	ACG	GCA	AAC	TTT	GGT	869
Glu	Ser	Ser	Gly	Asp	Ser	Cys	Val	Ser	Thr	His	Thr	Ala	Asn	Phe	Gly	
			265					270					275			
CAG	CAG	GGA	GCA	TGT	GAA	GGT	GTC	TTA	CTG	CTG	ACT	CTG	GAG	GAG	AAG	917
Gln	Gln	Gly	Ala	Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Leu	Leu	Thr	Leu	Glu	Glu	Lys	
		280					285					290				
ACA	TTT	CCA	GAA	GAT	ATG	TGC	TAC	CCA	GAT	CAA	GGT	GGT	GTC	TGT	CAG	965
Thr	Phe	Pro	Glu	Asp	Met	Cys	Tyr	Pro	Asp	Gln	Gly	Gly	Val	Cys	Gln	
	295					300					305					
GGC	ACG	TGT	GTA	GGA	GGT	GGT	CCC	TAC	GCA	CAA	GGC	GAA	GAT	GCC	AGG	013
Gly	Thr	Cys	Val	Gly	Gly	Gly	Pro	Tyr	Ala	Gln	Gly	Glu	Asp	Ala	Arg	
310					315					320					325	
ATG	CTC	TCA	TTG	GTC	AGC	AAG	ACC	GAG	ATA	GAG	GAA	GAC	AGC	TTC	AGA	061
Met	Leu	Ser	Leu	Val	Ser	Lys	Thr	Glu	Ile	Glu	Glu	Asp	Ser	Phe	Arg	
				330					335					340		
CAG	ATG	CCC	ACA	GAA	GAT	GAA	TAC	ATG	GAC	AGG	CCC	TCC	CAG	CCC	ACA	109
Gln	Met	Pro	Thr	Glu	Asp	Glu	Tyr	Met	Asp	Arg	Pro	Ser	Gln	Pro	Thr	
			345					350					355			
GAC	CAG	TTA	CTG	TTC	CTC	ACT	GAG	CCT	GGA	AGC	AAA	TCC	ACA	CCT	CCT	157
Asp	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Thr	Glu	Pro	Gly	Ser	Lys	Ser	Thr	Pro	Pro	
		360					365					370				
TTC	TCT	GAA	CCC	CTG	GAG	GTG	GGG	GAG	AAT	GAC	AGT	TTA	AGC	CAG	TGC	205
Phe	Ser	Glu	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Glu	Asn	Asp	Ser	Leu	Ser	Gln	Cys	
	375					380					385					
TTC	ACG	GGG	ACA	CAG	AGC	ACA	GTG	GGT	TCA	GAA	AGC	TGC	AAC	TGC	ACT	253
Phe	Thr	Gly	Thr	Gln	Ser	Thr	Val	Gly	Ser	Glu	Ser	Cys	Asn	Cys	Thr	
390					395				400					405		
GAG	CCC	CTG	TGC	AGG	ACT	GAT	TGG	ACT	CCC	ATG	TCC	TCT	GAA	AAC	TAC	301
Glu	Pro	Leu	Cys	Arg	Thr	Asp	Trp	Thr	Pro	Met	Ser	Ser	Glu	Asn	Tyr	
				410					415					420		
ITG	CAA	AAA	GAG	GTG	GAC	AGT	GGC	CAT	TGC	CCG	CAC	TGG	GCA	GCC	AGC	349
Leu	Gln	Lys	Glu	Val	Asp	Ser	Gly	His	Cys	Pro	His	Trp	Ala	Ala	Ser	
			425				430						435			

ES 2 144 386 T1

```
CCC AGC CCC AAC TGG GCA GAT GTC TGC ACA GGC TGC CGG AAC      391
Pro Ser Pro Asn Trp Ala Asp Val Cys Thr Gly Cys Arg Asn
      440                445                450
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 4 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 451 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 4:

ES 2 144 386 T1

Met Ala Pro Arg Ala Arg Arg Arg Arg Pro Leu Phe Ala Leu Leu Leu
 1 5 10 15

Leu Cys Ala Leu Leu Ala Arg Leu Gln Val Ala Leu Gln Ile Ala Pro
 20 25 30

Pro Cys Thr Ser Glu Lys His Tyr Glu His Leu Gly Arg Cys Cys Asn
 35 40 45

Lys Cys Glu Pro Gly Lys Tyr Met Ser Ser Lys Cys Thr Thr Thr Ser
 50 55 60

Asp Ser Val Cys Leu Pro Cys Gly Pro Asp Glu Tyr Leu Asp Ser Trp
 65 70 75 80

Asn Glu Glu Asp Lys Cys Leu Leu His Lys Val Cys Asp Thr Gly Lys
 85 90 95

Ala Leu Val Ala Val Val Ala Gly Asn Ser Thr Thr Pro Arg Arg Cys
 100 105 110

Ala Cys Thr Ala Gly Tyr His Trp Ser Gln Asp Cys Glu Cys Cys Arg
 115 120 125

Arg Asn Thr Glu Cys Ala Pro Gly Leu Gly Ala Gln His Pro Leu Gln
 130 135 140

Leu Asn Lys Asp Thr Val Cys Lys Pro Cys Leu Ala Gly Tyr Phe Ser
 145 150 155 160

Asp Ala Phe Ser Ser Thr Asp Lys Cys Arg Pro Trp Thr Asn Cys Thr
 165 170 175

Phe Leu Gly Lys Arg Val Glu His His Gly Thr Glu Lys Ser Asp Ala
 180 185 190

Val Cys Ser Ser Ser Leu Pro Ala Arg Lys Pro Pro Asn Glu Pro His
 195 200 205

Val Tyr Leu Pro Gly Leu Ile Ile Leu Leu Leu Phe Ala Ser Val Ala
 210 215 220

Leu Val Ala Ala Ile Ile Phe Gly Val Cys Tyr Arg Lys Lys Gly Lys
 225 230 235 240

ES 2 144 386 T1

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

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 5 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 3136 pares de bases
 - (B) TIPO: ácido nucleico
 - (C) CADENA: sencilla

- (D) TOPOLOGÍA: linear
- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: cADN
- (iii) HIPOTÉTICA: NO
- (iv) ANTI-SENTIDO: NO
- (vi) FUENTE ORIGINAL:
(A) ORGANISMO: HOMO SAPIENS
- (vii) FUENTE INMEDIATA:
(A) GENOTECA: CÉLULAS DENDÍTRICAS DERIVADAS DE LA
MÉDULA ÓSEA
(B) CLÓN: RANK DE LONGITUD COMPLETA
- (ix) CARÁCTER:
(A) NOMBRE/CLAVE: CDS
(B) LOCALIZACIÓN: 39..1886
- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 5:

ES 2 144 386 T1

CCGCTGAGGC	CGCGGCGCCC	GCCAGCCTGT	CCGCGGCC	ATG	GCC	CCG	CGC	GCC										53
				Met	Ala	Pro	Arg	Ala										
				1				5										
CGG	CGG	CGC	CGC	CCG	CTG	TTC	GCG	CTG	CTG	CTG	CTC	TGC	GCG	CTG	CTC			101
Arg	Arg	Arg	Arg	Pro	Leu	Phe	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Cys	Ala	Leu	Leu			
				10				15						20				
GCC	CGG	CTG	CAG	GTG	GCT	TTG	CAG	ATC	GCT	CCT	CCA	TGT	ACC	AGT	GAG			149
Ala	Arg	Leu	Gln	Val	Ala	Leu	Gln	Ile	Ala	Pro	Pro	Cys	Thr	Ser	Glu			
			25					30					35					
AAG	CAT	TAT	GAG	CAT	CTG	GGA	CGG	TGC	TGT	AAC	AAA	TGT	GAA	CCA	GGA			197
Lys	His	Tyr	Glu	His	Leu	Gly	Arg	Cys	Cys	Asn	Lys	Cys	Glu	Pro	Gly			
		40					45					50						
AAG	TAC	ATG	TCT	TCT	AAA	TGC	ACT	ACT	ACC	TCT	GAC	AGT	GTA	TGT	CTG			245
Lys	Tyr	Met	Ser	Ser	Lys	Cys	Thr	Thr	Thr	Ser	Asp	Ser	Val	Cys	Leu			
	55					60					65							
CCC	TGT	GGC	CCG	GAT	GAA	TAC	TTG	GAT	AGC	TGG	AAT	GAA	GAA	GAT	AAA			293
Pro	Cys	Gly	Pro	Asp	Glu	Tyr	Leu	Asp	Ser	Trp	Asn	Glu	Glu	Asp	Lys			
70					75					80					85			
TGC	TTG	CTG	CAT	AAA	GTT	TGT	GAT	ACA	GGC	AAG	GCC	CTG	GTG	GCC	GTG			341
Cys	Leu	Leu	His	Lys	Val	Cys	Asp	Thr	Gly	Lys	Ala	Leu	Val	Ala	Val			
				90					95					100				
GTC	GCC	GGC	AAC	AGC	ACG	ACC	CCC	CGG	CGC	TGC	GCG	TGC	ACG	GCT	GGG			389
Val	Ala	Gly	Asn	Ser	Thr	Thr	Pro	Arg	Arg	Cys	Ala	Cys	Thr	Ala	Gly			
			105					110					115					
TAC	CAC	TGG	AGC	CAG	GAC	TGC	GAG	TGC	TGC	CGC	CGC	AAC	ACC	GAG	TGC			437
Tyr	His	Trp	Ser	Gln	Asp	Cys	Glu	Cys	Cys	Arg	Arg	Asn	Thr	Glu	Cys			
		120					125					130						
GCG	CCG	GGC	CTG	GGC	GCC	CAG	CAC	CCG	TTG	CAG	CTC	AAC	AAG	GAC	ACA			485
Ala	Pro	Gly	Leu	Gly	Ala	Gln	His	Pro	Leu	Gln	Leu	Asn	Lys	Asp	Thr			
	135					140					145							
GTG	TGC	AAA	CCT	TGC	CTT	GCA	GGC	TAC	TTC	TCT	GAT	GCC	TTT	TCC	TCC			533
Val	Cys	Lys	Pro	Cys	Leu	Ala	Gly	Tyr	Phe	Ser	Asp	Ala	Phe	Ser	Ser			
150					155					160					165			
ACG	GAC	AAA	TGC	AGA	CCC	TGG	ACC	AAC	TGT	ACC	TTC	CTT	GGA	AAG	AGA			581
Thr	Asp	Lys	Cys	Arg	Pro	Trp	Thr	Asn	Cys	Thr	Phe	Leu	Gly	Lys	Arg			
				170					175					180				
GTA	GAA	CAT	CAT	GGG	ACA	GAG	AAA	TCC	GAT	GCG	GTT	TGC	AGT	TCT	TCT			629
Val	Glu	His	His	Gly	Thr	Glu	Lys	Ser	Asp	Ala	Val	Cys	Ser	Ser	Ser			
			185					190					195					

ES 2 144 386 T1

CTG	CCA	GCT	AGA	AAA	CCA	CCA	AAT	GAA	CCC	CAT	GTT	TAC	TTG	CCC	GGT	677
Leu	Pro	Ala	Arg	Lys	Pro	Pro	Asn	Glu	Pro	His	Val	Tyr	Leu	Pro	Gly	
		200					205					210				
TTA	ATA	ATT	CTG	CTT	CTC	TTC	GCG	TCT	GTG	GCC	CTG	GTG	GCT	GCC	ATC	725
Leu	Ile	Ile	Leu	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Val	Ala	Leu	Val	Ala	Ala	Ile	
		215				220					225					
ATC	TTT	GGC	GTT	TGC	TAT	AGG	AAA	AAA	GGG	AAA	GCA	CTC	ACA	GCT	AAT	773
Ile	Phe	Gly	Val	Cys	Tyr	Arg	Lys	Lys	Gly	Lys	Ala	Leu	Thr	Ala	Asn	
230					235					240					245	
TTG	TGG	CAC	TGG	ATC	AAT	GAG	GCT	TGT	GGC	CGC	CTA	AGT	GGA	GAT	AAG	821
Leu	Trp	His	Trp	Ile	Asn	Glu	Ala	Cys	Gly	Arg	Leu	Ser	Gly	Asp	Lys	
				250					255					260		
GAG	TCC	TCA	GGT	GAC	AGT	TGT	GTC	AGT	ACA	CAC	ACG	GCA	AAC	TTT	GGT	869
Glu	Ser	Ser	Gly	Asp	Ser	Cys	Val	Ser	Thr	His	Thr	Ala	Asn	Phe	Gly	
			265					270						275		
CAG	CAG	GGG	GCA	TGT	GAA	GGT	GTC	TTA	CTG	CTG	ACT	CTG	GAG	GAG	AAG	917
Gln	Gln	Gly	Ala	Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Leu	Leu	Thr	Leu	Glu	Glu	Lys	
		280					285					290				
ACA	TTT	CCA	GAA	GAT	ATG	TGC	TAC	CCA	GAT	CAA	GGT	GGT	GTC	TGT	CAG	965
Thr	Phe	Pro	Glu	Asp	Met	Cys	Tyr	Pro	Asp	Gln	Gly	Gly	Val	Cys	Gln	
	295					300					305					
GGC	ACG	TGT	GTA	GGA	GGT	GGT	CCC	TAC	GCA	CAA	GGC	GAA	GAT	GCC	AGG	1013
Gly	Thr	Cys	Val	Gly	Gly	Gly	Pro	Tyr	Ala	Gln	Gly	Glu	Asp	Ala	Arg	
310					315					320					325	
ATG	CTC	TCA	TTG	GTC	AGC	AAG	ACC	GAG	ATA	GAG	GAA	GAC	AGC	TTC	AGA	1061
Met	Leu	Ser	Leu	Val	Ser	Lys	Thr	Glu	Ile	Glu	Glu	Asp	Ser	Phe	Arg	
				330					335					340		
CAG	ATG	CCC	ACA	GAA	GAT	GAA	TAC	ATG	GAC	AGG	CCC	TCC	CAG	CCC	ACA	1109
Gln	Met	Pro	Thr	Glu	Asp	Glu	Tyr	Met	Asp	Arg	Pro	Ser	Gln	Pro	Thr	
			345					350					355			
GAC	CAG	TTA	CTG	TTC	CTC	ACT	GAG	CCT	GGA	AGC	AAA	TCC	ACA	CCT	CCT	1157
Asp	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Thr	Glu	Pro	Gly	Ser	Lys	Ser	Thr	Pro	Pro	
		360					365					370				
TTC	TCT	GAA	CCC	CTG	GAG	GTG	GGG	GAG	AAT	GAC	AGT	TTA	AGC	CAG	TGC	1205
Phe	Ser	Glu	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Glu	Asn	Asp	Ser	Leu	Ser	Gln	Cys	
	375					380					385					
TTC	ACG	GGG	ACA	CAG	AGC	ACA	GTG	GGT	TCA	GAA	AGC	TGC	AAC	TGC	ACT	1253
Phe	Thr	Gly	Thr	Gln	Ser	Thr	Val	Gly	Ser	Glu	Ser	Cys	Asn	Cys	Thr	
390					395					400					405	
GAG	CCC	CTG	TGC	AGG	ACT	GAT	TGG	ACT	CCC	ATG	TCC	TCT	GAA	AAC	TAC	1301
Glu	Pro	Leu	Cys	Arg	Thr	Asp	Trp	Thr	Pro	Met	Ser	Ser	Glu	Asn	Tyr	
				410					415					420		
TTG	CAA	AAA	GAG	GTG	GAC	AGT	GGC	CAT	TGC	CCG	CAC	TGG	GCA	GCC	AGC	1349
Lcu	Gln	Lys	Glu	Val	Asp	Ser	Gly	His	Cys	Pro	His	Trp	Ala	Ala	Ser	
			425					430					435			

ES 2 144 386 T1

```

CCC AGC CCC AAC TGG GCA GAT GTC TGC ACA GGC TGC CGG AAC CCT CCT 1397
Pro Ser Pro Asn Trp Ala Asp Val Cys Thr Gly Cys Arg Asn Pro Pro
      440                      445                      450

GGG GAG GAC TGT GAA CCC CTC GTG GGT TCC CCA AAA CGT GGA CCC TTG 1445
Gly Glu Asp Cys Glu Pro Leu Val Gly Ser Pro Lys Arg Gly Pro Leu
      455                      460                      465

CCC CAG TGC GCC TAT GGC ATG GGC CTT CCC CCT GAA GAA GAA GCC AGC 1493
Pro Gln Cys Ala Tyr Gly Met Gly Leu Pro Pro Glu Glu Glu Ala Ser
      470                      475                      480                      485

AGG ACG GAG GCC AGA GAC CAG CCC GAG GAT GGG GCT GAT GGG AGG CTC 1541
Arg Thr Glu Ala Arg Asp Gln Pro Glu Asp Gly Ala Asp Gly Arg Leu
      490                      495                      500

CCA AGC TCA GCG AGG GCA GGT GCC GGG TCT GGA AGC TCC CCT GGT GCC 1589
Pro Ser Ser Ala Arg Ala Gly Ala Gly Ser Gly Ser Ser Pro Gly Gly
      505                      510                      515

CAG TCC CCT GCA TCT GGA AAT GTG ACT GGA AAC AGT AAC TCC ACG TTC 1637
Gln Ser Pro Ala Ser Gly Asn Val Thr Gly Asn Ser Asn Ser Thr Phe
      520                      525                      530

ATC TCC AGC GGG CAG GTG ATG AAC TTC AAG GGC GAC ATC ATC GTG GTC 1685
Ile Ser Ser Gly Gln Val Met Asn Phe Lys Gly Asp Ile Ile Val Val
      535                      540                      545

TAC GTC AGC CAG ACC TCG CAG GAG GGC GCG GCG GCG GCT GCG GAG CCC 1733
Tyr Val Ser Gln Thr Ser Gln Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Glu Pro
      550                      555                      560                      565

ATG GGC CGC CCG GTG CAG GAG GAG ACC CTG GCG CGC CGA GAC TCC TTC 1781
Met Gly Arg Pro Val Gln Glu Glu Thr Leu Ala Arg Arg Asp Ser Phe
      570                      575                      580

GCG GGG AAC GGC CCG CGC TTC CCG GAC CCG TGC GGC GGC CCC GAG GGG 1829
Ala Gly Asn Gly Pro Arg Phe Pro Asp Pro Cys Gly Gly Pro Glu Gly
      585                      590                      595

CTG CGG GAG CCG GAG AAG GCC TCG AGG CCG GTG CAG GAG CAA GGC GGG 1877
Leu Arg Glu Pro Glu Lys Ala Ser Arg Pro Val Gln Glu Gln Gly Gly
      600                      605                      610

GCC AAG GCT TGAGCGCCCC CCATGGCTGG GAGCCCGAAG CTCGGAGCCA 1926
Ala Lys Ala
      615

GGGCTCGCGA GGGCAGCACC GCAGCCTCTG CCCCAGCCCC GGCCACCCAG GGATCGATCG 1986

GTACAGTCGA GGAAGACCAC CCGGCATTCT CTGCCACTT TGCCTTCCAG GAAATGGGCT 2046

TTTCAGGAAG TGAATTGATG AGGACTGTCC CCATGCCCCAC GGATGCTCAG CAGCCCCCGG 2106

CACTGGGGCA GATGTCTCCC CTGCCACTCC TCAAACCTCGC AGCAGTAATT TGTGGCACTA 2166

TGACAGCTAT TTTTATGACT ATCCTGTTCT GTGGGGGGGG GGTCTATGTT TTCCCCCAT 2226

ATTTGTATTC CTTTTCATAA CTTTCTTGA TATCTTTCCT CCCTCTTTT TAATGTAAAG 2286

GTTTTCTCAA AAATCTCCT AAAGGTGAGG GTCTCTTCT TTTCTTTTT CCTTTTTTTT 2346

```

ES 2 144 386 T1

```
TTCTTTTTTT GGCAACCTGG CTCTGGCCCA GGCTAGAGTG CAGTGGTGCG ATTATAGCCC 2406
GGTGCAGCCT CTAACCTCCTG GGCTCAAGCA ATCCAAGTGA TCCTCCCACC TCAACCTTCG 2466
GAGTAGCTGG GATCACAGCT GCAGGCCACG CCCAGCTTCC TCCCCCGAC TCCCCCCCC 2526
CAGAGACACG GTCCCACCAT GTTACCCAGC CTGGTCTCAA ACTCCCCAGC TAAAGCAGTC 2586
CTCCAGCCTC GGCCTCCCAA AGTACTGGGA TTACAGGCGT GAGCCCCAC GCTGGCCTGC 2646
TTTACGTATT TTCTTTTGTG CCCCTGCTCA CAGTGTTTTA GAGATGGCTT TCCCAGTGTG 2706
TGTTTCATTGT AAACACTTTT GGGAAAGGC TAAACATGTG AGGCCTGGAG ATAGTTGCTA 2766
AGTTGCTAGG AACATGTGGT GGGACTTCA TATTCTGAAA AATGTTCTAT ATTCTCATTT 2826
TTCTAAAAGA AAGAAAAAAG GAAACCCGAT TTATTTCTCC TGAATCTTTT TAAGTTTGTG 2886
TCGTTCCCTA AGCAGAATA AGCTCAGTAT GTGACCTTAC CCGCTAGGTG GTTAATTTAT 2946
CCATGCTGGC AGAGGCACTC AGGTACTTGG TAAGCAAATT TCTAAAATC CAAGTTGCTG 3006
CAGCTTGGCA TTCTTCTTAT TCTAGAGGTC TCTCTGGAAA AGATGGAGAA AATGAACAGG 3066
ACATGGGGCT CCTGGAAAGA AAGGGCCCGG GAAGTTCAAG GAAGAATAAA GTTGAATTT 3126
TAAAAA      3136
```

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 6 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 616 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 6:

ES 2 144 386 T1

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

ES 2 144 386 T1

Ala Cys Thr Ala Gly Tyr His Trp Ser Gln Asp Cys Glu Cys Cys Arg
115 120 125

Arg Asn Thr Glu Cys Ala Pro Gly Leu Gly Ala Gln His Pro Leu Gln
130 135 140

Leu Asn Lys Asp Thr Val Cys Lys Pro Cys Leu Ala Gly Tyr Phe Ser
145 150 155 160

Asp Ala Phe Ser Ser Thr Asp Lys Cys Arg Pro Trp Thr Asn Cys Thr
165 170 175

Phe Leu Gly Lys Arg Val Glu His His Gly Thr Glu Lys Ser Asp Ala
180 185 190

Val Cys Ser Ser Ser Leu Pro Ala Arg Lys Pro Pro Asn Glu Pro His
195 200 205

Val Tyr Leu Pro Gly Leu Ile Ile Leu Leu Leu Phe Ala Ser Val Ala
210 215 220

Leu Val Ala Ala Ile Ile Phe Gly Val Cys Tyr Arg Lys Lys Gly Lys
225 230 235 240

Ala Leu Thr Ala Asn Leu Trp His Trp Ile Asn Glu Ala Cys Gly Arg
245 250 255

Leu Ser Gly Asp Lys Glu Ser Ser Gly Asp Ser Cys Val Ser Thr His
260 265 270

Thr Ala Asn Phe Gly Gln Gln Gly Ala Cys Glu Gly Val Leu Leu Leu
275 280 285

Thr Leu Glu Glu Lys Thr Phe Pro Glu Asp Met Cys Tyr Pro Asp Gln
290 295 300

Gly Gly Val Cys Gln Gly Thr Cys Val Gly Gly Gly Pro Tyr Ala Gln
305 310 315 320

Gly Glu Asp Ala Arg Met Leu Ser Leu Val Ser Lys Thr Glu Ile Glu
325 330 335

Glu Asp Ser Phe Arg Gln Met Pro Thr Glu Asp Glu Tyr Met Asp Arg
340 345 350

Pro Ser Cln Pro Thr Asp Gln Leu Leu Phe Leu Thr Glu Pro Gly Ser
355 360 365

Lys Ser Thr Pro Pro Phe Ser Glu Pro Leu Glu Val Gly Glu Asn Asp
370 375 380

Ser Leu Ser Gln Cys Phe Thr Gly Thr Gln Ser Thr Val Gly Ser Glu
385 390 395 400

Ser Cys Asn Cys Thr Glu Pro Leu Cys Arg Thr Asp Trp Thr Pro Met
405 410 415

Ser Ser Glu Asn Tyr Leu Gln Lys Glu Val Asp Ser Gly His Cys Pro
420 425 430

ES 2 144 386 T1

His	Trp	Ala	Ala	Ser	Pro	Ser	Pro	Asn	Trp	Ala	Asp	Val	Cys	Thr	Gly
		435					440					445			
Cys	Arg	Asn	Pro	Pro	Gly	Glu	Asp	Cys	Glu	Pro	Leu	Val	Gly	Ser	Pro
	450					455					460				
Lys	Arg	Gly	Pro	Leu	Pro	Gln	Cys	Ala	Tyr	Gly	Met	Gly	Leu	Pro	Pro
465					470					475					480
Glu	Glu	Glu	Ala	Ser	Arg	Thr	Glu	Ala	Arg	Asp	Gln	Pro	Glu	Asp	Gly
				485					490					495	
Ala	Asp	Gly	Arg	Leu	Pro	Ser	Ser	Ala	Arg	Ala	Gly	Ala	Gly	Ser	Gly
			500					505						510	
Ser	Ser	Pro	Gly	Gly	Gln	Ser	Pro	Ala	Ser	Gly	Asn	Val	Thr	Gly	Asn
		515					520						525		
Ser	Asn	Ser	Thr	Phe	Ile	Ser	Ser	Gly	Gln	Val	Met	Asn	Phe	Lys	Gly
	530					535					540				
Asp	Ile	Ile	Val	Val	Tyr	Val	Ser	Gln	Thr	Ser	Gln	Glu	Gly	Ala	Ala
545					550					555					560
Ala	Ala	Ala	Glu	Pro	Met	Gly	Arg	Pro	Val	Gln	Glu	Glu	Thr	Leu	Ala
				565					570					575	
Arg	Arg	Asp	Ser	Phe	Ala	Gly	Asn	Gly	Pro	Arg	Phe	Pro	Asp	Pro	Cys
			580					585					590		
Gly	Gly	Pro	Glu	Gly	Leu	Arg	Glu	Pro	Glu	Lys	Ala	Ser	Arg	Pro	Val
		595					600					605			
Gln	Glu	Gln	Gly	Gly	Ala	Lys	Ala								
	610					615									

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 7 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 8 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (C) CADENA: irrelevante
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido
- (vii) FUENTE INMEDIATA:
 - (B) CLÓN: péptido FLAG®

ES 2 144 386 T1

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 7:

Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys
1 5

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 8 :

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 232 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) CADENA: irrelevante

(D) TOPOLOGÍA: linear

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Humano

(vii) FUENTE INMEDIATA:

(B) CLÓN: Mutación Fc IgG1

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 8:

ES 2 144 386 T1

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

ES 2 144 386 T1

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 9 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 31 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (C) CADENA: irrelevante
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido
- (iii) HIPOTÉTICO: NO
- (iv) ANTISENTIDO: NO
- (vi) FUENTE ORIGINAL:
 - (A) ORGANISMO: CMV (R2780 Leader)
- (ix) CARACTER:
 - (A) OTRA INFORMACIÓN: El Met1-Arg28 es el péptido líder actual; el Arg29 refuerza el sitio del enlace furin; los nucleótidos que codifica el Thr30 y el Ser31 añade un sitio Spel.

- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 9:

Met	Ala	Arg	Arg	Leu	Trp	Ile	Leu	Ser	Leu	Leu	Ala	Val	Thr	Leu	Thr
1				5					10					15	
Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Pro	Ser	Gln	Lys	Ser	Lys	Arg	Arg	Thr	Ser	
			20					25					30		

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 10 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 1630 pares de bases

ES 2 144 386 T1

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) CADENA: sencillo

(D) TOPOLOGÍA: linear

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: cADN

(iii) HIPOTÉTICA: NO

(iv) ANTI-SENTIDO: NO

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mus Musculus

(vii) FUENTE INMEDIATA:

(A) GENOTECA:

(B) CLÓN: RANKL

(ix) CARÁCTER:

(A) NOMBRE/CLAVE: CDS

(B) LOCALIZACIÓN: 3..884

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 10:

ES 2 144 386 T1

CC GGC GTC CCA CAC GAG GGT CCG CTG CAC CCC GCG CCT TCT GCA CCG Gly Val Pro His Glu Gly Pro Leu His Pro Ala Pro Ser Ala Pro 1 5 10 15	47
GCT CCG GCG CCG CCA CCC GCC GCC TCC CGC TCC ATG TTC CTG GCC CTC Ala Pro Ala Pro Pro Pro Ala Ala Ser Arg Ser Met Phe Leu Ala Leu 20 25 30	95
CTG GGG CTG GGA CTG GGC CAG GTG GTC TGC AGC ATC GCT CTG TTC CTG Leu Gly Leu Gly Leu Gly Gln Val Val Cys Ser Ile Ala Leu Phe Leu 35 40 45	143
TAC TTT CGA GCG CAG ATG GAT CCT AAC AGA ATA TCA GAA GAC AGC ACT Tyr Phe Arg Ala Gln Met Asp Pro Asn Arg Ile Ser Glu Asp Ser Thr 50 55 60	191
CAC TGC TTT TAT AGA ATC CTG AGA CTC CAT GAA AAC GCA GAT TTG CAG His Cys Phe Tyr Arg Ile Leu Arg Leu His Glu Asn Ala Asp Leu Gln 65 70 75	239
GAC TCG ACT CTG GAG AGT GAA GAC ACA CTA CCT GAC TCC TGC AGG AGG Asp Ser Thr Leu Glu Ser Glu Asp Thr Leu Pro Asp Ser Cys Arg Arg 80 85 90 95	287
ATG AAA CAA GCC TTT CAG GGG GCC GTG CAG AAG GAA CTG CAA CAC ATT Met Lys Gln Ala Phe Gln Gly Ala Val Gln Lys Glu Leu Gln His Ile 100 105 110	335
GTG GGG CCA CAG CGC TTC TCA GGA GCT CCA GCT ATG ATG GAA GGC TCA Val Gly Pro Gln Arg Phe Ser Gly Ala Pro Ala Met Met Glu Gly Ser 115 120 125	383
TGG TTG GAT GTG GCC CAG CGA GGC AAG CCT GAG GCC CAG CCA TTT GCA Trp Leu Asp Val Ala Gln Arg Gly Lys Pro Glu Ala Gln Pro Phe Ala 130 135 140	431
CAC CTC ACC ATC AAT GCT GCC AGC ATC CCA TCG GGT TCC CAT AAA GTC His Leu Thr Ile Asn Ala Ala Ser Ile Pro Ser Gly Ser His Lys Val 145 150 155	479
ACT CTG TCC TCT TGG TAC CAC GAT CGA GGC TGG GCC AAG ATC TCT AAC Thr Leu Ser Ser Trp Tyr His Asp Arg Gly Trp Ala Lys Ile Ser Asn 160 165 170 175	527
ATG ACG TTA AGC AAC GGA AAA CTA AGG GTT AAC CAA GAT GGC TTC TAT Met Thr Leu Ser Asn Gly Lys Leu Arg Val Asn Gln Asp Gly Phe Tyr 180 185 190	575
TAC CTG TAC GCC AAC ATT TGC TTT CGG CAT CAT GAA ACA TCG GGA AGC Tyr Leu Tyr Ala Asn Ile Cys Phe Arg His His Glu Thr Ser Gly Ser 195 200 205	623
GTA CCT ACA GAC TAT CTT CAG CTG ATG GTG TAT GTC GTT AAA ACC AGC Val Pro Thr Asp Tyr Leu Gln Leu Met Val Tyr Val Val Lys Thr Ser 210 215 220	671
ATC AAA ATC CCA AGT TCT CAT AAC CTG ATG AAA GGA GGG AGC ACG AAA Ile Lys Ile Pro Ser Ser His Asn Leu Met Lys Gly Gly Ser Thr Lys 225 230 235	719

ES 2 144 386 T1

AAC	TGG	TCG	GGC	AAT	TCT	GAA	TTC	CAC	TTT	TAT	TCC	ATA	AAT	GTT	GGG	767
Asn	Trp	Ser	Gly	Asn	Ser	Glu	Phe	His	Phe	Tyr	Ser	Ile	Asn	Val	Gly	
240					245					250					255	
GGA	TTT	TTC	AAG	CTC	CGA	GCT	GGT	GAA	GAA	ATT	AGC	ATT	CAG	GTG	TCC	815
Gly	Phe	Phe	Lys	Leu	Arg	Ala	Gly	Glu	Glu	Ile	Ser	Ile	Gln	Val	Ser	
				260						265					270	
AAC	CCT	TCC	CTG	CTG	GAT	CCG	GAT	CAA	GAT	GCG	ACG	TAC	TTT	GGG	GCT	863
Asn	Pro	Ser	Leu	Leu	Asp	Pro	Asp	Gln	Asp	Ala	Thr	Tyr	Phe	Gly	Ala	
			275						280					285		
TTC	AAA	GTT	CAG	GAC	ATA	GAC	TGAGACTCAT	TTCGTGGAAC	ATTAGCATGG							914
Phe	Lys	Val	Gln	Asp	Ile	Asp										
			290													
ATGCCTAGA	TGTTTGGAAA	CTTCTTAAAA	AATGGATGAT	GTCTATACAT	GTGTAAGACT											974
ACTAAGAGAC	ATGGCCCACG	GTGTATGAAA	CTCACAGCCC	TCTCTCTTGA	GCCTGTACAG											1034
GTTGTGTATA	TGTAAAGTCC	ATAGGTGATG	TTAGATTCAT	GGTGATTACA	CAACGGTTTT											1094
ACAATTTTGT	AATGATTTCC	TAGAATTGAA	CCAGATTGGG	AGAGGTATTC	CGATGCTTAT											1154
GAAAACTTA	CACGTGAGCT	ATGGAAGGGG	GTCACAGTCT	CTGGGTCTAA	CCCCTGGACA											1214
TGTGCCACTG	AGAACCTTGA	AATTAAGAGG	ATGCCATGTC	ATTGCAAAGA	AATGATAGTG											1274
IGAAGGGTTA	AGTTCTTTTG	AATTGTTACA	TTGCGCTGGG	ACCTGCAAAT	AAGTTCTTTT											1334
TTTCTAATGA	GGAGAGAAAA	ATATATGTAT	TTTTATATAA	TGTCTAAAGT	TATATTTTCAG											1394
GTGTAATGTT	TTCTGTGCAA	AGTTTTGTAA	ATTATATTTG	TGCTATAGTA	TTTGATTCAA											1454
AATATTTAAA	AATGTCTCAC	TGTTGACATA	TTTAATGTTT	TAAATGTACA	GATGTATTTA											1514
ACTGGTGAC	TTTGTAATTC	CCCTGAAGGT	ACTCGTAGCT	AAGGGGGCAG	AATACTGTTT											1574
CTGGTGACCA	CATGTAGTTT	ATTTCTTTAT	TCTTTTTAAC	TTAATAGAGT	CTTCAG											1630

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 11 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 294 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

ES 2 144 386 T1

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 11:

Gly Val Pro His Glu Gly Pro Leu His Pro Ala Pro Ser Ala Pro Ala
1 5 10 15
Pro Ala Pro Pro Pro Ala Ala Ser Arg Ser Met Phe Leu Ala Leu Leu
20 25 30
Gly Leu Gly Leu Gly Gln Val Val Cys Ser Ile Ala Leu Phe Leu Tyr
35 40 45

ES 2 144 386 T1

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

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 12 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 954 pares de bases
 - (B) TIPO: ácido nucleico
 - (C) CADENA: sencillo
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: cADN
- (iii) HIPOTÉTICA: NO
- (iv) ANTI-SENTIDO: NO
- (vi) FUENTE ORIGINAL:
 - (A) ORGANISMO: Homo sapiens

- (vii) FUENTE INMEDIATA:
 - (A) GENOTECA:
 - (B) CLÓN: huRANKL (longitud total)

- (ix) CARÁCTER:
 - (A) NOMBRE/CLAVE: CDS
 - (B) LOCALIZACIÓN: 1..951

- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 12:

ES 2 144 386 T1

ATG CGC CGC GCC AGC AGA GAC TAC ACC AAG TAC CTG CGT GGC TCG GAG	48
Met Arg Arg Ala Ser Arg Asp Tyr Thr Lys Tyr Leu Arg Gly Ser Glu	
1 5 10 15	
GAG ATG GGC GGC GGC CCC GGA GCC CCG CAC GAG GGC CCC CTG CAC GCC	96
Glu Met Gly Gly Gly Pro Gly Ala Pro His Glu Gly Pro Leu His Ala	
20 25 30	
CCG CCG CCG CCT GCG CCG CAC CAG CCC CCC GCC GCC TCC CGC TCC ATG	144
Pro Pro Pro Pro Ala Pro His Gln Pro Pro Ala Ala Ser Arg Ser Met	
35 40 45	
TTC GTG GCC CTC CTG GGG CTG GGG CTG GGC CAG GTT GTC TGC AGC GTC	192
Phe Val Ala Leu Leu Gly Leu Gly Leu Gly Gln Val Val Cys Ser Val	
50 55 60	
GCC CTG TTC TTC TAT TTC AGA GCG CAG ATG GAT CCT AAT AGA ATA TCA	240
Ala Leu Phe Phe Tyr Phe Arg Ala Gln Met Asp Pro Asn Arg Ile Ser	
65 70 75 80	
GAA GAT GGC ACT CAC TGC ATT TAT AGA ATT TTG AGA CTC CAT GAA AAT	288
Glu Asp Gly Thr His Cys Ile Tyr Arg Ile Leu Arg Leu His Glu Asn	
85 90 95	
GCA GAT TTT CAA GAC ACA ACT CTG GAG AGT CAA GAT ACA AAA TTA ATA	336
Ala Asp Phe Gln Asp Thr Thr Leu Glu Ser Gln Asp Thr Lys Leu Ile	
100 105 110	
CCT GAT TCA TGT AGG AGA ATT AAA CAG GCC TTT CAA GGA GCT GTG CAA	384
Pro Asp Ser Cys Arg Arg Ile Lys Gln Ala Phe Gln Gly Ala Val Gln	
115 120 125	
AAG GAA TTA CAA CAT ATC GTT GGA TCA CAG CAC ATC AGA GCA GAG AAA	432
Lys Glu Leu Gln His Ile Val Gly Ser Gln His Ile Arg Ala Glu Lys	
130 135 140	
GCG ATG GTG GAT GGC TCA TGG TTA GAT CTG GCC AAG AGG AGC AAG CTT	480
Ala Met Val Asp Gly Ser Trp Leu Asp Leu Ala Lys Arg Ser Lys Leu	
145 150 155 160	
GAA GCT CAG CCT TTT GCT CAT CTC ACT ATT AAT GCC ACC GAC ATC CCA	528
Glu Ala Gln Pro Phe Ala His Leu Thr Ile Asn Ala Thr Asp Ile Pro	
165 170 175	

ES 2 144 386 T1

TCT	GGT	TCC	CAT	AAA	GTG	AGT	CTG	TCC	TCT	TGG	TAC	CAT	GAT	CGG	GGT	576
Ser	Gly	Ser	His	Lys	Val	Ser	Leu	Ser	Ser	Trp	Tyr	His	Asp	Arg	Gly	
			180					185					190			
TGG	GCC	AAG	ATC	TCC	AAC	ATG	ACT	TTT	AGC	AAT	GGA	AAA	CTA	ATA	GTT	624
Trp	Ala	Lys	Ile	Ser	Asn	Met	Thr	Phe	Ser	Asn	Gly	Lys	Leu	Ile	Val	
		195					200					205				
AAT	CAG	GAT	GGC	TTT	TAT	TAC	CTG	TAT	GCC	AAC	ATT	TGC	TTT	CGA	CAT	672
Asn	Gln	Asp	Gly	Phe	Tyr	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Asn	Ile	Cys	Phe	Arg	His	
	210					215					220					
CAT	GAA	ACT	TCA	GGA	GAC	CTA	GCT	ACA	GAG	TAT	CTT	CAA	CTA	ATG	GTG	720
His	Glu	Thr	Ser	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Glu	Tyr	Leu	Gln	Leu	Met	Val	
	225				230					235					240	
TAC	GTC	ACT	AAA	ACC	AGC	ATC	AAA	ATC	CCA	AGT	TCT	CAT	ACC	CTG	ATG	768
Tyr	Val	Thr	Lys	Thr	Ser	Ile	Lys	Ile	Pro	Ser	Ser	His	Thr	Leu	Met	
				245					250					255		
AAA	GGA	GGA	AGC	ACC	AAG	TAT	TGG	TCA	GGG	AAT	TCT	GAA	TTC	CAT	TTT	816
Lys	Gly	Gly	Ser	Thr	Lys	Tyr	Trp	Ser	Gly	Asn	Ser	Glu	Phe	His	Phe	
			260					265					270			
TAT	TCC	ATA	AAC	GTT	GGT	GGA	TTT	TTT	AAG	TTA	CGG	TCT	GGA	GAG	GAA	864
Tyr	Ser	Ile	Asn	Val	Gly	Gly	Phe	Phe	Lys	Leu	Arg	Ser	Gly	Glu	Glu	
		275					280						285			
ATC	AGC	ATC	GAG	GTC	TCC	AAC	CCC	TCC	TTA	CTG	GAT	CCG	GAT	CAG	GAT	912
Ile	Ser	Ile	Glu	Val	Ser	Asn	Pro	Ser	Leu	Leu	Asp	Pro	Asp	Gln	Asp	
	290					295					300					
GCA	ACA	TAC	TTT	GGG	GCT	TTT	AAA	GTT	CGA	GAT	ATA	GAT	TGA			954
Ala	Thr	Tyr	Phe	Gly	Ala	Phe	Lys	Val	Arg	Asp	Ile	Asp				
	305				310					315						

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 13 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 317 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (C) TOPOLOGÍA: linear
- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína
- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 13:

ES 2 144 386 T1

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

ES 2 144 386 T1

Ala Leu Phe Phe Tyr Phe Arg Ala Gln Met Asp Pro Asn Arg Ile Ser
65 70 75 80

Glu Asp Gly Thr His Cys Ile Tyr Arg Ile Leu Arg Leu His Glu Asn
85 90 95

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

Pro Asp Ser Cys Arg Arg Ile Lys Gln Ala Phe Gln Gly Ala Val Gln
115 120 125

Lys Glu Leu Gln His Ile Val Gly Ser Gln His Ile Arg Ala Glu Lys
130 135 140

Ala Met Val Asp Gly Ser Trp Leu Asp Leu Ala Lys Arg Ser Lys Leu
145 150 155 160

Glu Ala Gln Pro Phe Ala His Leu Thr Ile Asn Ala Thr Asp Ile Pro
165 170 175

Ser Gly Ser His Lys Val Ser Leu Ser Ser Trp Tyr His Asp Arg Gly
180 185 190

Trp Ala Lys Ile Ser Asn Met Thr Phe Ser Asn Gly Lys Leu Ile Val
195 200 205

Asn Gln Asp Gly Phe Tyr Tyr Leu Tyr Ala Asn Ile Cys Phe Arg His
210 215 220

His Glu Thr Ser Gly Asp Leu Ala Thr Glu Tyr Leu Gln Leu Met Val
225 230 235 240

Tyr Val Thr Lys Thr Ser Ile Lys Ile Pro Ser Ser His Thr Leu Met
245 250 255

Lys Gly Gly Ser Thr Lys Tyr Trp Ser Gly Asn Ser Glu Phe His Phe
260 265 270

Tyr Ser Ile Asn Val Gly Gly Phe Phe Lys Leu Arg Ser Gly Glu Glu
275 280 285

Ile Ser Ile Glu Val Ser Asn Pro Ser Leu Leu Asp Pro Asp Gln Asp
290 295 300

Ala Thr Tyr Phe Gly Ala Phe Lys Val Arg Asp Ile Asp
305 310 315

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 14 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 1878 pares de bases
 - (B) TIPO: ácido nucleico
 - (C) CADENA: sencillo
 - (D) TOPOLOGÍA: linear

- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: cADN
- (iii) HIPOTÉTICA: NO
- (iv) ANTI-SENTIDO: NO
- (vi) FUENTE ORIGINAL:
 - (A) ORGANISMO: Múrido

- (vii) FUENTE INMEDIATA:
 - (A) GENOTECA: Murine Fetal Liver Epithelium
 - (C) CLÓN: muRANK

- (ix) CARÁCTER:
 - (A) NOMBRE/CLAVE: CDS
 - (B) LOCALIZACIÓN: 1..1875

- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 14:

ES 2 144 386 T1

ATG	GCC	CCG	CGC	GCC	CGG	CGG	CGC	CGC	CAG	CTG	CCC	GCG	CCG	CTG	CTG	48
Met	Ala	Pro	Arg	Ala	Arg	Arg	Arg	Arg	Gln	Leu	Pro	Ala	Pro	Leu	Leu	
1				5				10						15		
GCG	CTC	TGC	GTG	CTG	CTC	GTT	CCA	CTG	CAG	GTG	ACT	CTC	CAG	GTC	ACT	96
Ala	Leu	Cys	Val	Leu	Leu	Val	Pro	Leu	Gln	Val	Thr	Leu	Gln	Val	Thr	
			20					25					30			
CCT	CCA	TGC	ACC	CAG	GAG	AGG	CAT	TAT	GAG	CAT	CTC	GGA	CGG	TGT	TGC	144
Pro	Pro	Cys	Thr	Gln	Glu	Arg	His	Tyr	Glu	His	Leu	Gly	Arg	Cys	Cys	
		35					40					45				
AGC	AGA	TGC	GAA	CCA	GGA	AAG	TAC	CTG	TCC	TCT	AAG	TGC	ACT	CCT	ACC	192
Ser	Arg	Cys	Glu	Pro	Gly	Lys	Tyr	Leu	Ser	Ser	Lys	Cys	Thr	Pro	Thr	
	50					55					60					
TCC	GAC	AGT	GTG	TGT	CTG	CCC	TGT	GGC	CCC	GAT	GAG	TAC	TTG	GAC	ACC	240
Ser	Asp	Ser	Val	Cys	Leu	Pro	Cys	Gly	Pro	Asp	Glu	Tyr	Leu	Asp	Thr	
65				70				75						80		
TGG	AAT	GAA	GAA	GAT	AAA	TGC	TTG	CTG	CAT	AAA	GTC	TGT	GAT	GCA	GGC	288
Trp	Asn	Glu	Glu	Asp	Lys	Cys	Leu	Leu	His	Lys	Val	Cys	Asp	Ala	Gly	
				85				90						95		
AAG	GCC	CTG	GTG	GCG	GTG	GAT	CCT	GGC	AAC	CAC	ACG	GCC	CCG	CGT	CGC	336
Lys	Ala	Leu	Val	Ala	Val	Asp	Pro	Gly	Asn	His	Thr	Ala	Pro	Arg	Arg	
			100					105						110		
TGT	GCT	TGC	ACG	GCT	GGC	TAC	CAC	TGG	AAC	TCA	GAC	TGC	GAG	TGC	TGC	384
Cys	Ala	Cys	Thr	Ala	Gly	Tyr	His	Trp	Asn	Ser	Asp	Cys	Glu	Cys	Cys	
		115					120					125				
CGC	AGG	AAC	ACG	GAG	TGT	GCA	CCT	GGC	TTC	GGA	GCT	CAG	CAT	CCC	TTG	432
Arg	Arg	Asn	Thr	Glu	Cys	Ala	Pro	Gly	Phe	Gly	Ala	Gln	His	Pro	Leu	
	130					135					140					
CAG	CTC	AAC	AAG	GAT	ACG	GTG	TGC	ACA	CCC	TGC	CTC	CTG	GGC	TTC	TTC	480
Gln	Leu	Asn	Lys	Asp	Thr	Val	Cys	Thr	Pro	Cys	Leu	Leu	Gly	Phe	Phe	
145					150					155				160		
TCA	GAT	GTC	TTT	TCG	TCC	ACA	GAC	AAA	TGC	AAA	CCT	TGG	ACC	AAC	TGC	528
Ser	Asp	Val	Phe	Ser	Ser	Thr	Asp	Lys	Cys	Lys	Pro	Trp	Thr	Asn	Cys	
				165				170						175		

ES 2 144 386 T1

ACC	CTC	CTT	GGA	AAG	CTA	GAA	GCA	CAC	CAG	GGG	ACA	ACG	GAA	TCA	GAT	576
Thr	Leu	Leu	Gly	Lys	Leu	Glu	Ala	His	Gln	Gly	Thr	Thr	Glu	Ser	Asp	
			180					185					190			
GTG	GTC	TGC	AGC	TCT	TCC	ATG	ACA	CTG	AGG	AGA	CCA	CCC	AAG	GAG	GCC	624
Val	Val	Cys	Ser	Ser	Ser	Met	Thr	Leu	Arg	Arg	Pro	Pro	Lys	Glu	Ala	
		195					200					205				
CAG	GCT	TAC	CTG	CCC	AGT	CTC	ATC	GTT	CTG	CTC	CTC	TTC	ATC	TCT	GTG	672
Gln	Ala	Tyr	Leu	Pro	Ser	Leu	Ile	Val	Leu	Leu	Leu	Phe	Ile	Ser	Val	
	210					215					220					
GTA	GTA	GTG	GCT	GCC	ATC	ATC	TTC	GGC	GTT	TAC	TAC	AGG	AAG	GGA	GGG	720
Val	Val	Val	Ala	Ala	Ile	Ile	Phe	Gly	Val	Tyr	Tyr	Arg	Lys	Gly	Gly	
	225				230					235					240	
AAA	GCG	CTG	ACA	GCT	AAT	TTG	TGG	AAT	TGG	GTC	AAT	GAT	GCT	TGC	AGT	768
Lys	Ala	Leu	Thr	Ala	Asn	Leu	Trp	Asn	Trp	Val	Asn	Asp	Ala	Cys	Ser	
			245					250						255		
AGT	CTA	AGT	GGA	AAT	AAG	GAG	TCC	TCA	GGG	GAC	CGT	TGT	GCT	GGT	TCC	816
Ser	Leu	Ser	Gly	Asn	Lys	Glu	Ser	Ser	Gly	Asp	Arg	Cys	Ala	Gly	Ser	
			260				265						270			
CAC	TCG	GCA	ACC	TCC	AGT	CAG	CAA	GAA	GTG	TGT	GAA	GGT	ATC	TTA	CTA	864
His	Ser	Ala	Thr	Ser	Ser	Gln	Gln	Glu	Val	Cys	Glu	Gly	Ile	Leu	Leu	
		275				280						285				
ATG	ACT	CGG	GAG	GAG	AAG	ATG	GTT	CCA	GAA	GAC	GGT	GCT	GGA	GTC	TGT	912
Met	Thr	Arg	Glu	Glu	Lys	Met	Val	Pro	Glu	Asp	Gly	Ala	Gly	Val	Cys	
	290					295					300					
GGG	CCT	GTG	TGT	GCG	GCA	GGT	GGG	CCC	TGG	GCA	GAA	GTC	AGA	GAT	TCT	960
Gly	Pro	Val	Cys	Ala	Ala	Gly	Gly	Pro	Trp	Ala	Glu	Val	Arg	Asp	Ser	
	305			310					315						320	
AGG	ACG	TTC	ACA	CTG	GTC	AGC	GAG	GTT	GAG	ACG	CAA	GGA	GAC	CTC	TCG	1008
Arg	Thr	Phe	Thr	Leu	Val	Ser	Glu	Val	Glu	Thr	Gln	Gly	Asp	Leu	Ser	
			325					330						335		
AGG	AAG	ATT	CCC	ACA	GAG	GAT	GAG	TAC	ACG	GAC	CGG	CCC	TCG	CAG	CCT	1056
Arg	Lys	Ile	Pro	Thr	Glu	Asp	Glu	Tyr	Thr	Asp	Arg	Pro	Ser	Gln	Pro	
			340				345						350			
TCG	ACT	GGT	TCA	CTG	CTC	CTA	ATC	CAG	CAG	GGA	AGC	AAA	TCT	ATA	CCC	1104
Ser	Thr	Gly	Ser	Leu	Leu	Leu	Ile	Gln	Gln	Gly	Ser	Lys	Ser	Ile	Pro	
		355					360					365				
CCA	TTC	CAG	GAG	CCC	CTG	GAA	GTG	GGG	GAG	AAC	GAC	AGT	TTA	AGC	CAG	1152
Pro	Phe	Gln	Glu	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Glu	Asn	Asp	Ser	Leu	Ser	Gln	
	370				375						380					
TGT	TTC	ACC	GGG	ACT	GAA	AGC	ACG	GTG	GAT	TCT	GAG	GGC	TGT	GAC	TTC	1200
Cys	Phe	Thr	Gly	Thr	Glu	Ser	Thr	Val	Asp	Ser	Glu	Gly	Cys	Asp	Phe	
	385				390					395					400	
ACT	GAG	CCT	CCG	AGC	AGA	ACT	GAC	TCT	ATG	CCC	GTG	TCC	CCT	GAA	AAG	1248
Thr	Glu	Pro	Pro	Ser	Arg	Thr	Asp	Ser	Met	Pro	Val	Ser	Pro	Glu	Lys	
			405					410						415		

ES 2 144 386 T1

CAC	CTG	ACA	AAA	GAA	ATA	GAA	GGT	GAC	AGT	TGC	CTC	CCC	TGG	GTG	GTC	1296
His	Leu	Thr	Lys	Glu	Ile	Glu	Gly	Asp	Ser	Cys	Leu	Pro	Trp	Val	Val	
			420					425					430			
AGC	TCC	AAC	TCA	ACA	GAT	GGC	TAC	ACA	GGC	AGT	GGG	AAC	ACT	CCT	GGG	1344
Ser	Ser	Asn	Ser	Thr	Asp	Gly	Tyr	Thr	Gly	Ser	Gly	Asn	Thr	Pro	Gly	
		435					440					445				
GAG	GAC	CAT	GAA	CCC	TTT	CCA	GGG	TCC	CTG	AAA	TGT	GGA	CCA	TTG	CCC	1392
Glu	Asp	His	Glu	Pro	Phe	Pro	Gly	Ser	Leu	Lys	Cys	Gly	Pro	Leu	Pro	
	450					455					460					
CAG	TGT	GCC	TAC	AGC	ATG	GGC	TTT	CCC	AGT	GAA	GCA	GCA	GCC	AGC	ATG	1440
Gln	Cys	Ala	Tyr	Ser	Met	Gly	Phe	Pro	Ser	Glu	Ala	Ala	Ala	Ser	Met	
465					470					475					480	
GCA	GAG	GCG	GGA	GTA	CGG	CCC	CAG	GAC	AGG	GCT	GAT	GAG	AGG	GGA	GCC	1488
Ala	Glu	Ala	Gly	Val	Arg	Pro	Gln	Asp	Arg	Ala	Asp	Glu	Arg	Gly	Ala	
				485					490					495		
TCA	GGG	TCC	GGG	AGC	TCC	CCC	AGT	GAC	CAG	CCA	CCT	GCC	TCT	GGG	AAC	1536
Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Ser	Pro	Ser	Asp	Gln	Pro	Pro	Ala	Ser	Gly	Asn	
			500					505					510			
GTG	ACT	GGA	AAC	AGT	AAC	TCC	ACG	TTC	ATC	TCT	AGC	GGG	CAG	GTG	ATG	1584
Val	Thr	Gly	Asn	Ser	Asn	Ser	Thr	Phe	Ile	Ser	Ser	Gly	Gln	Val	Met	
		515					520					525				
AAC	TTC	AAG	GGT	GAC	ATC	ATC	GTG	GTG	TAT	GTC	AGC	CAG	ACC	TCG	CAG	1632
Asn	Phe	Lys	Gly	Asp	Ile	Ile	Val	Val	Tyr	Val	Ser	Gln	Thr	Ser	Gln	
	530					535					540					
GAG	GGC	CCG	GGT	TCC	GCA	GAG	CCC	GAG	TCG	GAG	CCC	GTG	GGC	CGC	CCT	1680
Glu	Gly	Pro	Gly	Ser	Ala	Glu	Pro	Glu	Ser	Glu	Pro	Val	Gly	Arg	Pro	
545					550					555					560	
GTG	CAG	GAG	GAG	ACG	CTG	GCA	CAC	AGA	GAC	TCC	TTT	GCG	GGC	ACC	GCG	1728
Val	Gln	Glu	Glu	Thr	Leu	Ala	His	Arg	Asp	Ser	Phe	Ala	Gly	Thr	Ala	
				565					570					575		
CCG	CGC	TTC	CCC	GAC	GTC	TGT	GCC	ACC	GGG	GCT	GGG	CTG	CAG	GAG	CAG	1776
Pro	Arg	Phe	Pro	Asp	Val	Cys	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Leu	Gln	Glu	Gln	
			580					585					590			
GGG	GCA	CCC	CGG	CAG	AAG	GAC	GGG	ACA	TCG	CGG	CCG	GTG	CAG	GAG	CAG	1824
Gly	Ala	Pro	Arg	Gln	Lys	Asp	Gly	Thr	Ser	Arg	Pro	Val	Gln	Glu	Gln	
		595					600					605				
GGT	GGG	GCG	CAG	ACT	TCA	CTC	CAT	ACC	CAG	GGG	TCC	GGA	CAA	TGT	GCA	1872
Gly	Gly	Ala	Gln	Thr	Ser	Leu	His	Thr	Gln	Gly	Ser	Gly	Gln	Cys	Ala	
	610					615					620					
GAA	TGA															1878
Glu																
625																

ES 2 144 386 T1

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 15 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 625 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (C) TOPOLOGÍA: linear
- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína
- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 15:

ES 2 144 386 T1

Met Ala Pro Arg Ala Arg Arg Arg Arg Gln Leu Pro Ala Pro Leu Leu
1 5 10 15

Ala Leu Cys Val Leu Leu Val Pro Leu Gln Val Thr Leu Gln Val Thr
20 25 30

Pro Pro Cys Thr Gln Glu Arg His Tyr Glu His Leu Gly Arg Cys Cys
35 40 45

Ser Arg Cys Glu Pro Gly Lys Tyr Leu Ser Ser Lys Cys Thr Pro Thr
50 55 60

Ser Asp Ser Val Cys Leu Pro Cys Gly Pro Asp Glu Tyr Leu Asp Thr
65 70 75 80

Trp Asn Glu Glu Asp Lys Cys Leu Leu His Lys Val Cys Asp Ala Gly
85 90 95

Lys Ala Leu Val Ala Val Asp Pro Gly Asn His Thr Ala Pro Arg Arg
100 105 110

Cys Ala Cys Thr Ala Gly Tyr His Trp Asn Ser Asp Cys Glu Cys Cys
115 120 125

Arg Arg Asn Thr Glu Cys Ala Pro Gly Phe Gly Ala Gln His Pro Leu
130 135 140

Gln Leu Asn Lys Asp Thr Val Cys Thr Pro Cys Leu Leu Gly Phe Phe
145 150 155 160

Ser Asp Val Phe Ser Ser Thr Asp Lys Cys Lys Pro Trp Thr Asn Cys
165 170 175

Thr Leu Leu Gly Lys Leu Glu Ala His Gln Gly Thr Thr Glu Ser Asp
180 185 190

Val Val Cys Ser Ser Ser Met Thr Leu Arg Arg Pro Pro Lys Glu Ala
195 200 205

Gln Ala Tyr Leu Pro Ser Leu Ile Val Leu Leu Leu Phe Ile Ser Val
210 215 220

Val Val Val Ala Ala Ile Ile Phe Gly Val Tyr Tyr Arg Lys Gly Gly
225 230 235 240

Lys Ala Leu Thr Ala Asn Leu Trp Asn Trp Val Asn Asp Ala Cys Ser
245 250 255

Ser Leu Ser Gly Asn Lys Glu Ser Ser Gly Asp Arg Cys Ala Gly Ser
260 265 270

His Ser Ala Thr Ser Ser Gln Gln Glu Val Cys Glu Gly Ile Leu Leu
275 280 285

ES 2 144 386 T1

Met Thr Arg Glu Glu Lys Met Val Pro Glu Asp Gly Ala Gly Val Cys
 290 295 300

Gly Pro Val Cys Ala Ala Gly Gly Pro Trp Ala Glu Val Arg Asp Ser
 305 310 315 320

Arg Thr Phe Thr Leu Val Ser Glu Val Glu Thr Gln Gly Asp Leu Ser
 325 330 335

Arg Lys Ile Pro Thr Glu Asp Glu Tyr Thr Asp Arg Pro Ser Gln Pro
 340 345 350

Ser Thr Gly Ser Leu Leu Leu Ile Gln Gln Gly Ser Lys Ser Ile Pro
 355 360 365

Pro Phe Gln Glu Pro Leu Glu Val Gly Glu Asn Asp Ser Leu Ser Gln
 370 375 380

Cys Phe Thr Gly Thr Glu Ser Thr Val Asp Ser Glu Gly Cys Asp Phe
 385 390 395 400

Thr Glu Pro Pro Ser Arg Thr Asp Ser Met Pro Val Ser Pro Glu Lys
 405 410 415

His Leu Thr Lys Glu Ile Glu Gly Asp Ser Cys Leu Pro Trp Val Val
 420 425 430

Ser Ser Asn Ser Thr Asp Gly Tyr Thr Gly Ser Gly Asn Thr Pro Gly
 435 440 445

Glu Asp His Glu Pro Phe Pro Gly Ser Leu Lys Cys Gly Pro Leu Pro
 450 455 460

Gln Cys Ala Tyr Ser Met Gly Phe Pro Ser Glu Ala Ala Ala Ser Met
 465 470 475 480

Ala Glu Ala Gly Val Arg Pro Gln Asp Arg Ala Asp Glu Arg Gly Ala
 485 490 495

Ser Gly Ser Gly Ser Ser Pro Ser Asp Gln Pro Pro Ala Ser Gly Asn
 500 505 510

Val Thr Gly Asn Ser Asn Ser Thr Phe Ile Ser Ser Gly Gln Val Met
 515 520 525

Asn Phe Lys Gly Asp Ile Ile Val Val Tyr Val Ser Gln Thr Ser Gln
 530 535 540

Glu Gly Pro Gly Ser Ala Glu Pro Glu Ser Glu Pro Val Gly Arg Pro
 545 550 555 560

Val Gln Glu Glu Thr Leu Ala His Arg Asp Ser Phe Ala Gly Thr Ala
 565 570 575

Pro Arg Phe Pro Asp Val Cys Ala Thr Gly Ala Gly Leu Gln Glu Gln
 580 585 590

Gly Ala Pro Arg Gln Lys Asp Gly Thr Ser Arg Pro Val Gln Glu Gln
 595 600 605

ES 2 144 386 T1

Gly Gly Ala Gln Thr Ser Leu His Thr Gln Gly Ser Gly Gln Cys Ala
610 615 620

Glu
625

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 16 :

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 20 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TOPOLOGÍA: linear

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 16:

Met Glu Thr Asp Thr Leu Leu Leu Trp Val Leu Leu Leu Trp Val Pro
1 5 10 15

Gly Ser Thr Gly
20

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 17 :

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 5 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(D) TOPOLOGÍA: linear

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 17:

Asp Tyr Lys Asp Glu
5

ES 2 144 386 T1

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 18 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 6 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (D) TOPOLOGÍA: linear
- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína
- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 18:

His His His His His His
5

(2) INFORMACIÓN PARA SEQ ID NO : 19 :

- (i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:
 - (A) LONGITUD: 33 aminoácidos
 - (B) TIPO: aminoácido
 - (D) TOPOLOGÍA: linear
- (ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína
- (xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEQ ID NO: 19:

Arg Met Lys Gln Ile Glu Asp Lys Ile Glu Glu Ile Leu Ser Lys Ile
1 5 10 15
Tyr His Ile Glu Asn Glu Ile Ala Arg Ile Lys Lys Leu Ile Gly Glu
20 25 30
Arg