

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 445 209**

51 Int. Cl.:

C12N 15/31 (2006.01)
C07K 14/35 (2006.01)
A61K 39/04 (2006.01)
C12N 15/62 (2006.01)
C07K 19/00 (2006.01)
G01N 33/569 (2006.01)
A61K 38/00 (2006.01)
A61K 39/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **20.05.1998 E 10174426 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **06.11.2013 EP 2270170**

54 Título: **Compuestos para inmunoterapia y diagnóstico de la tuberculosis y métodos de su uso**

30 Prioridad:

20.05.1997 US 859381

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

28.02.2014

73 Titular/es:

**CORIXA CORPORATION (100.0%)
CSC The United States Corporation 2711
Centerville Road
Wilmington, DE 19808, US**

72 Inventor/es:

**ALDERSON, MARK;
DILLON, DAVIN;
SKEIKY, YASIR A. W. y
CAMPOS-NETO, ANTONIO**

74 Agente/Representante:

DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto

ES 2 445 209 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Compuestos para inmunoterapia y diagnóstico de la tuberculosis y métodos de su uso

Campo técnico

La presente invención se refiere de forma general a la detección, tratamiento y prevención de la infección de *Mycobacterium tuberculosis*. La invención también se refiere más particularmente a polipéptidos que comprenden un antígeno de *Mycobacterium tuberculosis*, o una porción u otra variante del mismo, y al uso de dichos polipéptidos para diagnosticar y vacunar contra la infección de *Mycobacterium tuberculosis*.

Antecedentes de la invención

La tuberculosis es una enfermedad infecciosa crónica que generalmente es causada por la infección de *Mycobacterium tuberculosis*. Es una enfermedad importante en los países en desarrollo, así como un problema creciente en áreas desarrolladas del mundo, con aproximadamente 8 millones de nuevos casos y 3 millones de muertes cada año. Aunque la infección puede ser asintomática durante un periodo de tiempo considerable, la enfermedad se manifiesta más comúnmente como una inflamación pulmonar aguda, que da como resultado fiebre y tos no productiva. Si no se trata, normalmente se producen complicaciones graves o la muerte.

Aunque la tuberculosis generalmente puede controlarse usando una terapia con antibióticos extendida, dicho tratamiento no es suficiente para evitar la propagación de la enfermedad. Los individuos infectados pueden ser asintomáticos, pero contagiosos, durante un determinado tiempo. Además, aunque el cumplimiento del régimen de tratamiento es crítico, el comportamiento del paciente es difícil de monitorizar. Algunos pacientes no completan el curso del tratamiento, lo que puede conducir a un tratamiento ineficaz y al desarrollo de resistencia a los fármacos.

La inhibición de la propagación de la tuberculosis requiere una vacunación eficaz y un diagnóstico temprano y preciso de la enfermedad. Actualmente, la vacunación con bacterias vivas es el método más eficaz para inducir una inmunidad protectora. El *Mycobacterium* usado más habitualmente para este fin es el *Bacillus Calmette-Guerin* (BCG), una cepa no virulenta del *Mycobacterium bovis*. Sin embargo, la seguridad y la eficacia del BCG es una fuente de controversia y algunos países, tal como los Estados Unidos, no vacunan al público en general. El diagnóstico se realiza normalmente a través de un ensayo cutáneo, que implica una exposición intradérmica a tuberculina PPD (derivado purificado de proteína, del inglés "protein-purified derivative"). Las respuestas de células T específicas de antígeno dan como resultado una induración medible en la zona de inyección a las 48-72 horas de la inyección, lo que indica una exposición a antígenos *Mycobacterianos*. Sin embargo, la sensibilidad y la especificidad han sido un problema en este ensayo, y no se pueden distinguir los individuos vacunados con BCG de los individuos infectados.

Aunque se ha demostrado que los macrófagos actúan como efectores principales en la inmunidad frente a *M. tuberculosis*, las células T son los inductores predominantes de dicha inmunidad. La función esencial de las células T en la protección contra la infección de *M. tuberculosis* queda ilustrada por la frecuente aparición de *M. tuberculosis* en pacientes de SIDA, debido al agotamiento de células T CD4 asociado a la infección de virus de inmunodeficiencia humano (VIH). Se ha demostrado que las células T CD4 reactivas frente a *Mycobacterium* son potentes productores de interferón gamma (IFN- γ), el cual, a su vez, se ha demostrado que activa los efectos anti-micobacterianos de macrófagos en ratones. Aunque el papel del IFN- γ en humanos está menos claro, hay estudios que han demostrado que la 1,25-dihidroxi-vitamina D3, tanto sola como en combinación con IFN- γ o factor alfa de necrosis tumoral, activa los macrófagos humanos para que inhiban la infección de *M. tuberculosis*. Además, se sabe que el IFN- γ estimula los macrófagos humanos para que fabriquen 1,25-dihidroxi-vitamina D3. De forma similar, se ha demostrado que la IL-12 desempeña una función en la estimulación de la resistencia frente a la infección de *M. tuberculosis*. Para una revisión de la inmunología de la infección de *M. tuberculosis* véase Chan y Kaufmann en "*Tuberculosis: Pathogenesis, Protection and Control*", Bloom (ed.), ASM Press, Washington, DC, 1994.

Por consiguiente, existe una necesidad en la técnica de mejores vacunas y métodos de prevención, tratamiento y detección de la tuberculosis. La presente invención cubre estas necesidades y además proporciona otras ventajas relacionadas.

Resumen de la invención

En pocas palabras, esta invención proporciona compuestos para prevenir y diagnosticar la tuberculosis.

La presente invención proporciona un polipéptido aislado que comprende: (i) una porción inmunogénica de un antígeno de *M. tuberculosis* que tiene la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 138; ó (ii) una variante del antígeno de *M. tuberculosis* presentado en la SEQ ID NO: 138, que tiene al menos un 90% de identidad con la SEQ ID NO: 138.

En aspectos relacionados, también se proporcionan secuencias de ADN que codifican los anteriores polipéptidos, vectores de expresión que comprenden dichas secuencias de ADN y células hospedantes transformadas o transfectadas con dichos vectores de expresión.

En otro aspecto, la presente invención proporciona proteínas de fusión que comprenden un primer y un segundo polipéptidos de la invención o, alternativamente, un polipéptido de la invención y un antígeno de *M. tuberculosis* conocido.

Entre otros aspectos, la presente invención proporciona composiciones farmacéuticas que comprenden uno o más de los anteriores polipéptidos, o una molécula de ADN que codifica dichos polipéptidos, y un vehículo fisiológicamente aceptable. La invención también proporciona vacunas que comprenden uno o más de los polipéptidos tal como se han descrito anteriormente y un potenciador de respuesta inmune no específica, junto con vacunas que comprenden una o más secuencias de ADN que codifican dichos polipéptidos y un potenciador de respuesta inmune no específica.

Se describen métodos para inducir inmunidad protectora en un paciente, que comprenden la administración a un paciente de una cantidad eficaz de uno o más de los anteriores polipéptidos.

En otros aspectos de esta invención, se proporcionan kits de diagnóstico para detectar tuberculosis en un paciente.

Los kits de diagnóstico comprenden uno o más de los anteriores polipéptidos en combinación con un aparato que sea suficiente para poner en contacto el polipéptido con células dérmicas de un paciente.

Breve descripción de las figuras

Las Figuras 1A y 1B ilustran la estimulación de la proliferación y de la producción de interferón γ , respectivamente, en células T derivadas de un donante PPD positivo (designado D7) mediante ORF-2 recombinante y péptidos sintéticos a ORF-2.

Las Figuras 2A y 2B ilustran la estimulación de la proliferación y de la producción de interferón γ , respectivamente, en células T derivadas de un segundo donante PPD positivo (designado D160) mediante ORF-2 recombinante y péptidos sintéticos a ORF-2.

Descripción detallada de la invención

Tal como se ha indicado anteriormente, la presente invención está dirigida de forma general a composiciones para prevenir, tratar y diagnosticar la tuberculosis. Las composiciones de la presente invención incluyen polipéptidos que comprenden al menos una porción inmunogénica de un antígeno de *M. tuberculosis*, o una variante de dicho antígeno que difiere sólo en sustituciones y/o modificaciones conservativas. Tal como se usa en la presente memoria, el término "polipéptido" abarca cadenas de aminoácidos de cualquier longitud, que incluyen proteínas de longitud completa (es decir, antígenos), donde los residuos de aminoácidos están unidos mediante enlaces peptídicos covalentes. Así, un polipéptido que comprende una porción inmunogénica de uno de los anteriores antígenos puede consistir por completo en la porción inmunogénica, o puede contener secuencias adicionales. Las secuencias adicionales pueden derivar del antígeno de *M. tuberculosis* nativo o pueden ser heterólogas, y dichas secuencias pueden ser inmunogénicas (aunque no es necesario).

"Inmunogénico", tal como se usa en la presente memoria, se refiere a la capacidad de provocar una respuesta inmune (por ejemplo, celular) en un paciente, tal como un humano, y/o en una muestra biológica. En particular, los antígenos que son inmunogénicos (y las porciones u otras variantes inmunogénicas de dichos antígenos) son capaces de estimular la proliferación celular, la producción de interleucina-12 y/o la producción de interferón γ en muestras biológicas que comprenden una o más células seleccionadas del grupo de células T, células NK, células B y macrófagos, donde las células derivan de un individuo inmune a *M. tuberculosis*. Los polipéptidos que comprenden al menos una porción inmunogénica de uno o más antígenos de *M. tuberculosis* pueden usarse de forma general para detectar tuberculosis, o para inducir inmunidad protectora contra tuberculosis, en un paciente.

Las composiciones y métodos de esta invención también abarcan variantes de los anteriores péptidos. Una "variante" de polipéptido, tal como se usa en la presente memoria, es un polipéptido que difiere del polipéptido presentado solamente en sustituciones y/o modificaciones conservativas, de tal modo que se mantienen las propiedades terapéuticas, antigénicas y/o inmunogénicas del polipéptido, y que tiene al menos un 90%, y más preferiblemente al menos un 95%, de identidad con los polipéptidos identificados. Para polipéptidos con propiedades inmunorreactivas, alternativamente se pueden identificar variantes modificando la secuencia de aminoácidos de uno de los anteriores péptidos, y evaluando la inmunorreactividad del polipéptido modificado. Para polipéptidos útiles para la generación de agentes de diagnóstico, se puede identificar una variante evaluando un polipéptido modificado en términos de su capacidad para generar anticuerpos que detecten la presencia o la ausencia de tuberculosis. Alternativamente, se pueden identificar variantes de los antígenos que pueden ser empleados de forma útil en los métodos diagnósticos de la invención a través de la evaluación de polipéptidos modificados en términos de su capacidad para detectar anticuerpos presentes en sueros de pacientes infectados con tuberculosis. Dichas secuencias modificadas pueden prepararse y evaluarse usando, por ejemplo, los procedimientos representativos descritos en la presente memoria.

Una "sustitución conservativa" es aquella en la que un aminoácido es sustituido por otro aminoácido que tiene propiedades similares, de tal modo que el especialista en la técnica de la química de péptidos esperaría que la

estructura secundaria y la naturaleza hidropática del polipéptido permanecieran sustancialmente inalteradas. En general, los siguientes grupos de aminoácidos representan cambios conservativos: (1) ala, pro, gly, glu, asp, gln, asn, ser, thr; (2) cys, ser, tyr, thr; (3) val, ile, leu, met, ala, phe; (4) lys, arg, his; y (5) phe, tyr, trp, his.

Las variantes pueden también (o alternativamente) ser modificadas mediante, por ejemplo, la eliminación o la adición de aminoácidos que tengan una influencia mínima sobre las propiedades inmunogénicas, la estructura secundaria y la naturaleza hidropática del polipéptido. Por ejemplo, se puede conjugar un polipéptido a una secuencia señal (o líder) en el extremo N de la proteína, que dirija la transferencia de la proteína de forma co-traducciona l o post-traducciona l. El polipéptido también se puede conjugar con un ligando u otra secuencia para facilitar la síntesis, purificación o identificación del polipéptido (por ejemplo, poli-His), o para potenciar la unión del polipéptido a un soporte sólido. Por ejemplo, un polipéptido puede conjugarse con una región Fc de inmunoglobulina.

En general, los antígenos de *M. tuberculosis*, y las secuencias de ADN que codifican dichos antígenos, pueden prepararse usando cualquiera de una serie de procedimientos. Por ejemplo, se pueden escrutar bibliotecas genómicas o de ADNc derivadas de *M. tuberculosis* directamente usando células mononucleares sanguíneas periféricas (PBMCs) o líneas de células T o clones derivados de uno o más individuos inmunes a *M. tuberculosis*. Los escrutinios directos de bibliotecas pueden realizarse generalmente analizando conjuntos de proteínas recombinantes expresadas para determinar su capacidad para inducir la proliferación y/o la producción de interferón y en células T derivadas de un individuo inmune a *M. tuberculosis*. Los antígenos de células T potenciales pueden seleccionarse en primer lugar en base a la reactividad con anticuerpos, tal como se ha descrito antes.

Alternativamente, se pueden identificar secuencias de ADN que codifican antígenos mediante escrutinio de una biblioteca de expresión genómica o de ADNc de *M. tuberculosis* apropiada con sueros obtenidos de pacientes infectados con *M. tuberculosis*. Dichos escrutinios pueden llevarse a cabo de forma general usando técnicas bien conocidas por los especialistas en la técnica, tal como las descritas en Sambrook y col., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratories, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

A continuación se evalúan los antígenos purificados para determinar su capacidad para provocar una respuesta inmune apropiada (por ejemplo, celular) usando, por ejemplo, los métodos representativos descritos en la presente memoria. Luego los antígenos inmunogénicos pueden ser secuenciados parcialmente usando técnicas tales como la química de Edman tradicional. Véase Edman y Berg, *Eur. J. Biochem.* 80: 116-132, 1967. Los antígenos inmunogénicos también pueden ser producidos de manera recombinante usando una secuencia de ADN que codifique el antígeno, que ha sido insertada en un vector de expresión y expresada en un anfitrión apropiado.

Las secuencias de ADN que codifican los antígenos de la invención también pueden obtenerse mediante escrutinio de una librería de ADNc o de ADN genómico de *M. tuberculosis* apropiada para obtener secuencias de ADN que se hibriden con oligonucleótidos degenerados derivados de secuencias de aminoácidos parciales de antígenos aislados. Las secuencias de oligonucleótidos degenerados para su uso en un escrutinio de este tipo pueden diseñarse y sintetizarse, y el escrutinio puede llevarse a cabo, tal como se describe (por ejemplo) en Sambrook y col., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratories, Cold Spring Harbor, NY, 1989 (y las referencias citadas en dicho documento). También se puede emplear la reacción en cadena de polimerasa (PCR), usando los anteriores oligonucleótidos en métodos bien conocidos en la técnica, para aislar una sonda de ácido nucleico a partir de una biblioteca genómica o de ADNc. El escrutinio de la biblioteca se puede llevar a cabo entonces usando la sonda aislada.

Independientemente del método de preparación, los antígenos (y las porciones inmunogénicas de los mismos) descritos en la presente invención tienen la capacidad de inducir una respuesta inmunogénica. Más específicamente, los antígenos tienen la capacidad de inducir la proliferación y/o la producción de citocinas (es decir, la producción de interferón y y/o de interleucina-12) en células T, células NK, células B y/o macrófagos derivados de un individuo inmune a *M. tuberculosis*. La selección del tipo de célula para su uso en la evaluación de una respuesta inmunogénica frente a un antígeno dependerá, por supuesto, de la respuesta deseada. Por ejemplo, la producción de interleucina-12 se evalúa más fácilmente usando preparaciones que contienen células B y/o macrófagos. Un individuo inmune a *M. tuberculosis* es aquel que es considerado resistente al desarrollo de tuberculosis en virtud a haber generado una respuesta de células T eficaz contra *M. tuberculosis* (es decir, que está sustancialmente libre de síntomas de la enfermedad). Dichos individuos pueden identificarse en base a una respuesta fuertemente positiva en el ensayo cutáneo intradermal (es decir, una induración superior a aproximadamente 10 mm de diámetro) frente a proteínas de tuberculosis (PPD), y a una ausencia de cualquier signo o síntoma de la enfermedad de tuberculosis. Se pueden preparar células T, células NK, células B y macrófagos derivados de individuos inmunes a *M. tuberculosis* usando métodos conocidos por los especialistas en la técnica. Por ejemplo, se puede emplear una preparación de PBMCs (es decir, células mononucleares sanguíneas periféricas) sin separación adicional de componentes celulares. Las PBMCs se preparan generalmente, por ejemplo, usando centrifugación de densidad a través de Ficoll™ (Winthrop Laboratories, NY).

Las células T para su uso en los ensayos descritos en la presente memoria también pueden purificarse directamente a partir de PBMCs. Alternativamente, se puede emplear una línea de células T enriquecida que sea reactiva contra proteínas micobacterianas, ó clones de células T reactivos a proteínas micobacterianas individuales. Dichos clones

de células T pueden generarse, por ejemplo, mediante el cultivo de PBMCs a partir de individuos inmunes a *M. tuberculosis* con proteínas micobacterianas durante un periodo de 2-4 semanas. Esto permite la expansión sólo de las células T específicas de proteínas micobacterianas, lo que da como resultado una línea compuesta únicamente por dichas células. Estas células pueden clonarse a continuación y evaluarse con proteínas individuales usando métodos conocidos por los especialistas en la técnica, para definir con mayor precisión la especificidad de células T individuales. En general, los antígenos que son positivos en ensayos de proliferación y/o producción de citocinas (es decir, producción de interferón γ y/o de interleucina-12) llevados a cabo usando células T, células NK, células B y/o macrófagos derivados de un individuo inmune a *M. tuberculosis* son considerados inmunogénicos. Dichos ensayos pueden llevarse a cabo, por ejemplo, usando los procedimientos representativos descritos a continuación. Se pueden identificar las porciones inmunogénicas de dichos antígenos usando ensayos similares, y pueden estar presentes dentro de los polipéptidos descritos en la presente memoria.

La capacidad de un polipéptido (por ejemplo, un antígeno inmunogénico, o una porción u otra variante del mismo) para inducir proliferación celular se evalúa poniendo en contacto las células (por ejemplo, células T y/o células NK) con el polipéptido y midiendo la proliferación de las células. En general, la cantidad de polipéptido que es suficiente para la evaluación de aproximadamente 10^5 células oscila entre aproximadamente 10 ng/mL y aproximadamente 100 μ g/mL, y preferiblemente es aproximadamente 10 μ g/mL. La incubación de polipéptido con células se lleva a cabo típicamente a 37°C durante aproximadamente seis días. Después de la incubación con polipéptido, las células son evaluadas para determinar una respuesta proliferativa, que puede ser analizada mediante métodos conocidos por los especialistas en la técnica, tal como exponer las células a un pulso de timidina radiomarcada y medir la incorporación de marca al ADN celular. En general, un polipéptido que da como resultado al menos un aumento del triple en la proliferación respecto al ruido de fondo (es decir, la proliferación observada para células cultivadas sin polipéptido) se considera capaz de inducir proliferación.

La capacidad de un polipéptido para estimular la producción de interferón γ y/o de interleucina-12 en células puede evaluarse poniendo en contacto las células con el polipéptido y midiendo el nivel de interferón γ o de interleucina-12 producido por las células. En general, la cantidad de polipéptido que es suficiente para la evaluación de aproximadamente 10^5 células oscila entre aproximadamente 10 ng/mL y aproximadamente 100 μ g/mL y preferiblemente es aproximadamente 10 μ g/mL. El polipéptido puede, aunque no es necesario, encontrarse inmovilizado sobre un soporte sólido, tal como una bolita o una microesfera biodegradable, tal como las descritas en las Patentes de EE.UU. N° 4.897.268 y 5.075.109. La incubación de polipéptido con las células se lleva a cabo típicamente a 37°C durante aproximadamente seis días. Después de la incubación con polipéptido, las células son evaluadas para determinar interferón γ y/o interleucina-12 (o una o más subunidades de los mismos), que pueden evaluarse mediante métodos conocidos por los especialistas en la técnica, tal como un ensayo inmunosorbente ligado a enzima (ELISA) o, en el caso del heterodímero P70 de IL-12, un bioensayo tal como un ensayo que mida la proliferación de células T. En general, un polipéptido que da como resultado la producción de al menos 50 pg de interferón γ y por mL de sobrenadante cultivado (que contiene 10^4 - 10^5 células T por mL) es considerado capaz de estimular la producción de interferón γ . Un polipéptido que estimula la producción de al menos 10 pg/mL de subunidad P70 de IL-12, y/o al menos 100 pg/mL de subunidad P40 de IL-12, por cada 10^5 macrófagos o células B (o por cada 3×10^5 PBMC) es considerado capaz de estimular la producción de IL-12.

En general, los antígenos inmunogénicos son aquellos antígenos que estimulan la proliferación y/o la producción de citocinas (es decir, la producción de interferón γ y/o interleucina-12) en células T, células NK, células B y/o macrófagos derivados de al menos aproximadamente el 25% de individuos inmunes a *M. tuberculosis*. Entre estos antígenos inmunogénicos, los polipéptidos que tienen propiedades terapéuticas superiores pueden distinguirse en base a la magnitud de las respuestas en los anteriores ensayos y en base al porcentaje de individuos en los que se observa una respuesta. Además, los antígenos que tienen propiedades terapéuticas superiores no estimularán la proliferación y/o la producción de citoquinas *in vitro* en células derivadas de más de aproximadamente el 25% de individuos que no son inmunes a *M. tuberculosis*, eliminando con ello las respuestas que no son debidas específicamente a células que responden a *M. tuberculosis*. Los antígenos que inducen una respuesta en un alto porcentaje de preparaciones de células T, células NK, células B y/o macrófagos de individuos inmunes a *M. tuberculosis* (con una baja incidencia de respuestas en preparaciones celulares de otros individuos) tienen propiedades terapéuticas superiores.

Los antígenos con propiedades terapéuticas superiores también pueden ser identificados en base a su capacidad para disminuir la gravedad de la infección de *M. tuberculosis* en animales experimentales, cuando se administran como vacuna. Las preparaciones de vacuna adecuadas para su uso en animales experimentales se describen más detalladamente a continuación. La eficacia puede determinarse en base a la capacidad del antígeno para proporcionar al menos aproximadamente una reducción del 50% en el número de bacterias y/o al menos un descenso del 40% en la mortalidad tras la infección experimental. Los animales experimentales adecuados incluyen ratones, cobayas y primates.

Los antígenos que tienen propiedades diagnósticas superiores pueden identificarse generalmente en base a su capacidad para provocar una respuesta en un ensayo cutáneo intradérmico llevado a cabo con un individuo con tuberculosis activa, pero no en un ensayo llevado con un individuo que no esté infectado con *M. tuberculosis*. Los

ensayos cutáneos pueden llevarse a cabo generalmente como se describe a continuación, considerando positiva una respuesta de al menos 5 mm de induración.

Las porciones inmunogénicas de los antígenos descritos en la presente memoria se pueden preparar e identificar usando técnicas bien conocidas, tales como las resumidas en Paul, *Fundamental Immunology*, 3ª edición, Raven Press, 1993, páginas 243-247, y las referencias citadas en la misma. Dichas técnicas incluyen el escrutinio de porciones de polipéptido del antígeno activo para determinar propiedades inmunogénicas. En dichos escrutinios se pueden emplear de forma general los ensayos representativos de proliferación y producción de citocinas descritos en la presente memoria. Una porción inmunogénica de un polipéptido es una porción que, en dichos ensayos representativos, genera una respuesta inmune (por ejemplo, proliferación, producción de interferón y y/o producción de interleucina-12) que es sustancialmente similar a la generada por el antígeno de longitud completa. En otras palabras, una porción inmunogénica de un antígeno puede generar al menos aproximadamente un 20%, y preferiblemente aproximadamente el 100%, de la proliferación inducida por el antígeno de longitud completa en el ensayo de proliferación modelo descrito en la presente memoria. Una porción inmunogénica puede también, o alternativamente, estimular la producción de al menos un 20%, y preferiblemente de aproximadamente el 100%, del interferón y y/o de la interleucina-12 inducida por el antígeno de longitud completa en el ensayo modelo descrito en la presente memoria.

Las porciones y otras variantes de los antígenos de *M. tuberculosis* pueden generarse a través de medios sintéticos o recombinantes. Los polipéptidos sintéticos que tienen menos de aproximadamente 100 aminoácidos, y generalmente menos de aproximadamente 50 aminoácidos, pueden generarse usando técnicas bien conocidas por los especialistas en la técnica. Por ejemplo, dichos polipéptidos pueden sintetizarse usando cualquiera de las técnicas de fase sólida disponibles comercialmente, tal como el método de síntesis en fase sólida de Merrifield, en el que los aminoácidos son añadidos secuencialmente a una cadena de aminoácidos que va creciendo. Véase Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.* 85: 2149-2146, 1963. El equipo para la síntesis automatizada de polipéptidos se encuentra disponible comercialmente a través de suministradores como Perkin Elmer/Applied BioSystems Division, Foster City, CA, y pueden operarse según las instrucciones del fabricante. Las variantes de un antígeno nativo pueden prepararse generalmente usando técnicas de mutagénesis estándares, tal como la mutagénesis específica de posición dirigida de oligonucleótidos. También se pueden eliminar secciones de la secuencia de ADN usando técnicas estándares para permitir la preparación de polipéptidos truncados.

Se pueden preparar fácilmente polipéptidos recombinantes que contengan porciones y/o variantes de un antígeno nativo a partir de una secuencia de ADN que codifique el polipéptido usando una serie de técnicas bien conocidas por los especialistas en la técnica. Por ejemplo, los sobrenadantes de sistemas hospedante/vector adecuados que secretan proteína recombinante al medio de cultivo pueden concentrarse en primer lugar usando un filtro disponible comercialmente. Después de la concentración, el concentrado puede aplicarse a una matriz de purificación adecuada tal como una matriz de afinidad o una resina de intercambio iónico. Finalmente, se puede emplear una o más etapas de HPLC de fase inversa para purificar aún más una proteína recombinante.

Se puede usar cualquiera de una variedad de vectores de expresión conocidos por los especialistas en la técnica para expresar los polipéptidos recombinantes de esta invención. La expresión se puede lograr en cualquier célula hospedante apropiada que haya sido transformada o transfectada con un vector de expresión que contenga una molécula de ADN que codifique un polipéptido recombinante. Las células hospedantes adecuadas incluyen células procarióticas, de levadura y eucarióticas superiores. Preferiblemente, las células hospedantes empleadas son de una línea celular de *E. coli*, de levadura o de mamífero, tal como COS ó CHO. Las secuencias de ADN expresadas de este modo pueden codificar antígenos que existen de forma natural, porciones de antígenos que existen de forma natural, u otras variantes de los mismos.

En general, independientemente del método de preparación, los polipéptidos descritos en la presente memoria se preparan en forma sustancialmente pura. Preferiblemente, los polipéptidos son puros en al menos aproximadamente un 80%, más preferiblemente son puros en al menos aproximadamente un 90%, y aún más preferiblemente son puros en al menos aproximadamente un 99%. En determinadas realizaciones preferidas, descritas en detalle más adelante, los polipéptidos sustancialmente puros se incorporan en composiciones farmacéuticas o en vacunas para su uso en uno o más de los métodos descritos en la presente memoria.

En un aspecto relacionado, la presente invención proporciona proteínas de fusión que comprenden un primer y un segundo polipéptido de la invención o, alternativamente, un polipéptido de la presente invención y un antígeno de *M. tuberculosis* conocido, tal como el antígeno de 38 kD descrito por Andersen y Hansen, *Infect. Immun.* 57: 2481-2488, 1989 (Número de Acceso de Genbank M30046), o ESAT-6, identificado previamente en *M. bovis* (Número de Acceso de Genbank U34848) y en *M. tuberculosis* (Sorensen y col., *Infect. Immun.* 63: 1710-1717, 1995). También se proporcionan variantes de dichas proteínas de fusión. Las proteínas de fusión de la presente invención pueden incluir un péptido ligando entre el primer y segundo polipéptido.

Una secuencia de ADN que codifica una proteína de fusión de la presente invención se construye usando técnicas de ADN recombinantes conocidas para ensamblar secuencias de ADN separadas que codifican el primer y el segundo polipéptido en un vector de expresión apropiado. El extremo 3' de una secuencia de ADN que codifica el primer polipéptido es ligado, con o sin un enlace peptídico, al extremo 5' de una secuencia de ADN que codifica el

segundo polipéptido de tal modo que los marcos de lectura de las secuencias estén en fase para permitir la traducción de ARNm de las dos secuencias de ADN en una única proteína de fusión que retenga la actividad biológica tanto del primer como del segundo polipéptido.

Se puede emplear una secuencia de enlace peptídico para separar el primer y el segundo polipéptidos mediante una distancia suficiente para asegurar que cada polipéptido se pliega en sus estructuras secundaria y terciaria. Dicha secuencia de enlace peptídico se incorpora a la proteína de fusión usando técnicas estándares bien conocidas en la técnica. Las secuencias de enlace peptídico adecuadas pueden seleccionarse en base a los siguientes factores: (1) por su capacidad para adoptar una conformación extendida flexible; (2) por su incapacidad para adoptar una estructura secundaria que pudiera interactuar con epítomos funcionales del primer y segundo polipéptidos; y (3) la falta de residuos hidrofóbicos o cargados que podrían reaccionar con los epítomos funcionales del polipéptido. Las secuencias de enlace peptídico preferidas contienen residuos de Gly, Asn y Ser. También pueden usarse en la secuencia de enlace otros aminoácidos casi neutros, tales como Thr y Ala. Las secuencias de aminoácidos que pueden ser empleadas de forma útil como enlaces incluyen las descritas por Maratea y col., *Gene* 40: 39-46, 1985; Murphy y col., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 83: 8258-8262, 1986; la Patente de EE.UU. N° 4.935.233 y la Patente de EE.UU. N° 4.751.180. La secuencia de enlace puede tener una longitud de entre 1 y 50 aminoácidos. No se requieren secuencias de péptidos cuando el primer y segundo polipéptidos tienen regiones de aminoácidos N-terminales no esenciales que pueden ser usadas para separar los dominios funcionales y para prevenir una interferencia estérica.

Las secuencias de ADN enlazadas están ligadas operativamente a elementos adecuados reguladores transcripcionales o de la traducción. Los elementos reguladores responsables de la expresión de ADN están localizados sólo en 5' respecto a la secuencia de ADN que codifica el primer polipéptido. De forma similar, los codones de parada requeridos para finalizar las señales de terminación de la traducción y de la transcripción sólo están presentes en 3' respecto a la secuencia de ADN que codifica el segundo polipéptido.

Se describen métodos para usar uno o más de los anteriores polipéptidos o proteínas de fusión (o moléculas de ADN que codifican dichos polipéptidos) para inducir inmunidad protectora contra la tuberculosis en un paciente. Tal como se usa en la presente memoria, un "paciente" se refiere a cualquier animal de sangre caliente, preferiblemente un humano. Un paciente puede estar afligido por una enfermedad, o puede estar libre de enfermedades y/o infecciones detectables. En otras palabras, la inmunidad protectora puede ser inducida para prevenir o para tratar la tuberculosis.

En dichos métodos, el polipéptido, proteína de fusión o molécula de ADN generalmente se encuentra presente en una composición farmacéutica y/o en una vacuna. Las composiciones farmacéuticas pueden comprender uno o más polipéptidos, cada uno de los cuales puede contener una o más de las anteriores secuencias (o variantes de las mismas), y un vehículo fisiológicamente aceptable. Las vacunas pueden comprender uno o más de los anteriores polipéptidos y un potenciador de la respuesta inmune no específico, tal como un adyuvante o un liposoma (en el que se incorpora el polipéptido). Dichas composiciones farmacéuticas y vacunas también pueden contener otros antígenos de *M. tuberculosis*, tanto incorporados en un polipéptido de combinación o presentes en polipéptidos separados.

Alternativamente, una vacuna puede contener ADN que codifica uno o más polipéptidos como los anteriormente descritos, de tal modo que el polipéptido se genera *in situ*. En dichas vacunas, el ADN puede estar presente en cualquiera de una variedad de sistemas de administración conocidos por los especialistas en la técnica, incluyendo sistemas de expresión de ácido nucleico, y sistemas de expresión bacterianos y víricos. Los sistemas de expresión de ácido nucleico apropiados contienen las secuencias de ADN necesarias para la expresión en el paciente (tal como un promotor adecuado y una señal de terminación adecuada). Los sistemas de administración bacterianos implican la administración de una bacteria (tal como *Bacillus-Calmette-Guerrin*) que exprese una porción inmunogénica del polipéptido sobre su superficie celular. En una realización preferida, el ADN puede introducirse usando un sistema de expresión vírica (por ejemplo, virus vaccinia u otros virus de la viruela, retrovirus o adenovirus), que pueden implicar el uso de un virus de replicación competente no patogénico (defectuoso). Las técnicas para incorporar ADN en dichos sistemas de expresión son bien conocidas por los especialistas en la técnica. El ADN también puede estar "desnudo", tal como se describe, por ejemplo, en Ulmer y col., *Science* 259: 1745-1749, 1993, y como se revisa en Cohen, *Science* 259: 1691-1692, 1993. La captación de ADN desnudo puede incrementarse aplicando el ADN sobre bolitas biodegradables, que son transportadas de forma eficaz al interior de las células.

En un aspecto relacionado, se puede administrar una vacuna de ADN como la descrita antes simultáneamente o secuencialmente respecto a un polipéptido de la presente invención o a un antígeno de *M. tuberculosis* conocido, tal como el antígeno de 38 kD descrito anteriormente. Por ejemplo, la administración de ADN que codifica un polipéptido de la presente invención, "desnudo" o en un sistema de administración como los descritos antes, puede ir seguida de la administración de un antígeno con el fin de potenciar el efecto inmune protector de la vacuna.

Las rutas y la frecuencia de administración, así como la dosis, variarán de individuo a individuo y pueden ser iguales a las empleadas actualmente en inmunización con BCG. En general, las composiciones farmacéuticas y las vacunas pueden administrarse mediante inyección (por ejemplo, intracutánea, intramuscular, intravenosa o subcutánea),

intranasalmente (por ejemplo, mediante aspiración) u oralmente. Se pueden administrar entre 1 y 3 dosis durante un periodo de 1-36 semanas. Preferiblemente, se administran 3 dosis, a intervalos de 3-4 meses, y después de eso se pueden administrar periódicamente vacunas de recuerdo. Para pacientes individuales pueden ser apropiados protocolos alternativos. Una dosis adecuada es una cantidad de polipéptido o de ADN que, cuando se administra como se ha indicado anteriormente, es capaz de producir una respuesta inmune en un paciente inmunizado que sea suficiente para proteger al paciente frente a la infección de *M. tuberculosis* durante al menos 1-2 años. En general, la cantidad de polipéptido presente en una dosis (o producida *in situ* mediante el ADN en una dosis) oscila entre aproximadamente 1 pg y aproximadamente 100 mg por kg de anfitrión, normalmente entre aproximadamente 10 pg y aproximadamente 1 mg, y preferiblemente entre aproximadamente 100 pg y aproximadamente 1 µg. Los tamaños de dosis adecuados variarán con el tamaño del paciente, pero típicamente oscilarán entre aproximadamente 0,1 mL y aproximadamente 5 mL.

Aunque se puede emplear cualquier vehículo adecuado conocido por los especialistas en la técnica para las composiciones farmacéuticas de esta invención, el tipo de vehículo variará dependiendo del modo de administración. Para administración parenteral, tal como una inyección subcutánea, el vehículo preferiblemente comprende agua, disolución salina, alcohol, lípidos, una cera o un tampón. Para administración oral se puede emplear cualquiera de los vehículos anteriores o un vehículo sólido, tal como manitol, lactosa, almidón, estearato magnésico, sacarina sódica, talco, celulosa, glucosa, sacarosa y carbonato magnésico. También se pueden emplear microesferas biodegradables (por ejemplo, galactide poliláctico) como vehículo para las composiciones farmacéuticas de esta invención. Microesferas biodegradables adecuadas se describen, por ejemplo, en las Patentes de EE.UU. N° 4.897.268 y 5.075.109.

Se puede emplear cualquiera de una variedad de adyuvantes en las vacunas de esta invención para potenciar de forma no específica la respuesta inmune. La mayoría de adyuvantes contiene una sustancia diseñada para proteger el antígeno frente a un catabolismo rápido, tal como hidróxido de aluminio o aceite mineral, y un estimulador no específico de respuestas inmunes, tal como lípido A, *Bordetella pertussis* o *Mycobacterium tuberculosis*. Se encuentran disponibles comercialmente adyuvantes adecuados tales como, por ejemplo, Adyuvante Incompleto de Freund y Adyuvante Completo de Freund (Difco Laboratories) y Adyuvante Merck 65 (Merck and Company, Inc., Rahway, NJ). Otros adyuvantes adecuados incluyen alumbre, microesferas biodegradables, monofosforil lípido A y quil A.

En otro aspecto, esta invención proporciona kits de diagnóstico adecuados para su uso en un ensayo cutáneo. Tal como se usa en la presente memoria, un "ensayo cutáneo" es cualquier ensayo llevado a cabo directamente sobre un paciente en el que se mide una reacción (tal como hinchamiento, enrojecimiento o dermatitis) de hipersensibilidad de tipo retardado (DTH, del inglés "delayed-type hypersensitivity") después de una inyección intradérmica de uno o más polipéptidos como los descritos anteriormente. Dicha inyección se puede lograr usando cualquier dispositivo adecuado que sea suficiente para poner en contacto el polipéptido o polipéptidos con células dérmicas del paciente, tal como una jeringa de tuberculina o una jeringa de 1 mL. Preferiblemente, la reacción se mide al menos 48 horas después de la inyección, más preferiblemente 48-72 horas.

La reacción DTH es una respuesta inmune mediada por células, que es mayor en pacientes que hayan sido expuestos previamente al antígeno evaluado (es decir, la porción inmunogénica del polipéptido empleado, o una variante del mismo). La respuesta puede medirse visualmente, usando una regla. En general, una respuesta que sea superior a aproximadamente 0,5 cm de diámetro, preferiblemente superior a aproximadamente 1,0 cm de diámetro, es una respuesta positiva, indicativa de infección de tuberculosis, que puede o no manifestarse como enfermedad activa.

Los polipéptidos de esta invención se formulan preferiblemente para su uso en un ensayo cutáneo, como composiciones farmacéuticas que contienen un polipéptido y un vehículo fisiológicamente aceptable, tal como se ha descrito anteriormente. Dichas composiciones contienen típicamente uno o más de los anteriores polipéptidos en una cantidad que oscila entre aproximadamente 1 µg y aproximadamente 100 µg, preferiblemente entre aproximadamente 10 µg y aproximadamente 50 µg en un volumen de 0,1 mL. Preferiblemente, el vehículo empleado en dichas composiciones farmacéuticas es una disolución salina con los conservantes apropiados, tal como fenol y/o Tween 80TM.

En una realización preferida, un polipéptido empleado en un ensayo cutáneo tiene un tamaño suficiente para permanecer en la zona de inyección mientras dure el periodo de reacción. En general, es suficiente un polipéptido que tiene una longitud de al menos 9 aminoácidos. El polipéptido es descompuesto también preferiblemente por acción de macrófagos en cuestión de horas desde la inyección, para permitir la presentación de células T. Dichos polipéptidos pueden contener repeticiones de una o más de las anteriores secuencias y/u otras secuencias inmunogénicas o no inmunogénicas.

Los siguientes Ejemplos se ofrecen a modo de ilustración y no a modo de limitación.

Ejemplo 1

Purificación y caracterización de polipéptidos de *M. Tuberculosis* usando líneas de células T CD4+ generadas a partir de PBMC humanas

Los antígenos de *M. tuberculosis* de la presente invención fueron aislados mediante clonación de expresión de bibliotecas de ADNc de las cepas de *M. tuberculosis* H37Rv y Erdman esencialmente como han descrito Sanderson y col. (*J. Exp. Med.*, 1995, 182: 1751-1757) y se demostró que inducían proliferación de PBMC y de IFN- γ en una línea de células T inmunorreactivas.

Se generaron dos líneas de células T CD4+, denominadas DC-4 y DC-5, contra células dendríticas infectadas con *M. tuberculosis*. Específicamente, las células dendríticas fueron preparadas a partir de PBMC adherentes procedentes de un donante único, y a continuación fueron infectadas con tuberculosis. Se cultivaron linfocitos procedentes del mismo donante en condiciones de dilución limitantes con las células dendríticas infectadas para generar las líneas de células T CD4+, DC-4 y DC-5. Estas líneas celulares demostraron ser reactivas con proteínas solubles no purificadas procedentes de *M. tuberculosis* pero no con Tb38-1. Se emplearon condiciones de dilución limitante para obtener una tercera línea de células T CD4+, denominada DC-6, que demostró ser reactiva tanto con proteínas solubles no purificadas como con Tb38-1.

Se aisló ADN genómico a partir de las cepas de *M. tuberculosis* H37Rv y Erdman, y se usó para construir bibliotecas de expresión en el vector pBSK(-) usando el sistema de expresión Lambda ZAP (Stratagene, La Jolla, CA). Estas bibliotecas fueron transformadas en *E. coli*, se incubaron grupos de cultivos de *E. coli* inducidos con células dendríticas, y se examinó la capacidad de las células dendríticas incubadas resultantes para estimular la proliferación celular y la producción de IFN- γ en la línea de células T CD4+ DC-6 tal como se describe más adelante en el Ejemplo 2. Los grupos positivos fueron fraccionados y re-evaluados hasta que se obtuvieron clones puros de *M. tuberculosis*. Se aislaron diecinueve clones, de los cuales se observó que nueve contenían los antígenos de *M. tuberculosis* identificados previamente como TbH-9 y Tb38-1, descritos en la Solicitud de Patente de EE.UU. Nº 08/533.634. Las secuencias de ADNc determinadas para los otros diez clones (denominados de aquí en adelante Tb224, Tb636, Tb424, Tb436, Tb398, Tb508, Tb441, Tb475, Tb488 y Tb465) se proporcionan en las SEQ ID NO: 1-10, respectivamente. Las correspondientes secuencias de aminoácidos predichas para el Tb224 y el Tb636 se proporcionan en la SEQ ID NO: 13 y 14, respectivamente. Se descubrió que los marcos de lectura abiertos correspondientes a estos dos antígenos muestran homología con respecto al anteriormente descrito TbH-9. También se observó que el Tb224 y el Tb636 son clones solapados.

Se observó que los clones Tb424, Tb436, Tb398, Tb508, Tb441, Tb475, Tb488 y Tb465 contenían dos marcos de lectura abiertos pequeños (denominados ORF-1 y ORF-2) o formas truncadas de los mismos, encontrándose variaciones menores en el ORF-1 y el ORF-2 en cada clon. Las secuencias de aminoácidos predichas del ORF-1 y ORF-2 correspondientes a Tb424, Tb436, Tb398, Tb508, Tb441, Tb475, Tb488 y Tb465 se proporcionan en la SEQ ID NO: 16 y 17, 18 y 19, 20 y 21, 22 y 23, 24 y 25, 26 y 27, 28 y 29, y 30 y 31, respectivamente. Además, se observó que los clones Tb424 y Tb436 contienen un tercer marco de lectura abierto aparente, denominado ORF-U. Las secuencias de aminoácidos predichas del ORF-U de Tb424 y Tb436 se muestran en las SEQ ID NO: 32 y 33, respectivamente. Se descubrió que el Tb424 y el Tb436 son clones solapados o copias recién duplicadas/traspuestas. De forma similar, se descubrió que el Tb398, el Tb508 y el Tb465 son clones solapados o copias recién duplicadas/traspuestas, como también lo fueron el Tb475 y el Tb488.

Estas secuencias fueron comparadas con secuencias conocidas del banco de genes usando el sistema BLASTN. No se observaron homólogas con los antígenos Tb224 y Tb431. Se observó que el Tb636 es idéntico al 100% a un cósmido identificado previamente en *M. tuberculosis*. De forma similar, se descubrió que Tb508, Tb488, Tb398, Tb424, Tb436, Tb441, Tb465 y Tb475 muestran homología con respecto a cósmidos de *M. tuberculosis* conocidos. Adicionalmente, se descubrió que el Tb488 presenta una homología del 100% con la topoisomerasa I de *M. tuberculosis*.

Se sintetizaron diecisiete péptidos solapados con el marco de lectura abierto ORF-1 (denominados 1-1 – 1-17; SEQ ID NO: 34-50, respectivamente) y treinta péptidos solapados con el marco de lectura abierto ORF-2 (denominados 2-1 – 2-30, SEQ ID NO: 51-80) usando el procedimiento descrito más adelante en el Ejemplo 3.

Se evaluó la capacidad de los péptidos sintéticos, y de ORF-1 y ORF-2 recombinantes, para inducir la proliferación de células T y la producción de IFN- γ en PBMC procedentes de donantes positivos en PPD tal como se describe más adelante en el Ejemplo 2. Las Figuras 1A-B y 2A-B ilustran la estimulación de la proliferación de células T y de IFN- γ mediante ORF-2 recombinante y los péptidos 2-1 – 2-16 para dos donantes, referidos como D7 y D160, respectivamente. El ORF-2 recombinante (referido como MTI) estimuló la proliferación de células T y la producción de IFN- γ en PBMC de ambos donantes. La cantidad de estimulación de PBMC observada con los péptidos sintéticos individuales varía con cada donante, lo que indica que cada donante reconoce diferentes epítopos sobre el ORF-2. Las proteínas codificadas por ORF-1, ORF-2 y ORF-U fueron denominadas posteriormente MTS, MTI y MSF, respectivamente.

Se sintetizaron dieciocho péptidos solapados con la secuencia de MSF (referidos como MSF-1 – MSF-18; SEQ ID NO: 84-101, respectivamente) y se examinó su capacidad para estimular la proliferación de células T y la producción de IFN- γ en una línea de células T CD4+ generada contra filtrado de cultivo de *M. tuberculosis*, tal como se describe

más adelante. Se descubrió que los péptidos denominados MSF-12 y MSF-13 (SEQ ID NO: 95 y 96, respectivamente) muestran los mayores niveles de reactividad. Se sintetizaron dos péptidos solapados (SEQ ID NO: 81 y 82) con el marco de lectura abierto del Tb224 y se demostró que inducían la proliferación de células T y la producción de IFN- γ en PBMC procedentes de donantes positivos en PPD.

Se generaron dos líneas de células T CD4+ de donantes diferentes contra células dendríticas infectadas de *M. tuberculosis* usando la anterior metodología. El escrutinio de la biblioteca de expresión de ADNc de *M. tuberculosis* descrito anteriormente usando esta línea celular dio como resultado el aislamiento de dos clones denominados Tb867 y Tb391. Se descubrió que la secuencia de ADNc determinada para Tb867 (SEQ ID NO: 102) es idéntica a la del cósmido SCY22G10 de *M. tuberculosis* identificado previamente, con el marco de lectura abierto reactivo candidato que codifica una proteína quinasa de *M. tuberculosis* de 750 aminoácidos. La comparación de la secuencia de ADNc determinada para Tb391 (SEQ ID NO: 103) con las del banco de genes no reveló homologías significativas con secuencias conocidas.

En estudios adicionales, se generaron líneas de células T CD4+ contra filtrado de cultivo de *M. tuberculosis*, esencialmente como se ha esbozado antes, y se usaron para escrutar la biblioteca de expresión de ADNc de *M. tuberculosis* Erdman descrita anteriormente. Se aislaron cinco clones reactivos, referidos como Tb431, Tb472, Tb470, Tb838 y Tb962. Las secuencias de ADNc determinadas para Tb431, Tb472, Tb470 y Tb838 se proporcionan en las SEQ ID NO: 11, 12, 104 y 105, respectivamente, proporcionándose las secuencias de ADNc determinadas para el Tb962 en las SEQ ID NO: 106 y 107. La secuencia de aminoácidos predicha correspondiente a Tb431 se proporciona en la SEQ ID NO: 15.

Estudios posteriores condujeron al aislamiento de una secuencia de ADNc de longitud completa para Tb472 (SEQ ID NO: 108). Se sintetizaron péptidos solapados y se usaron para identificar el marco de lectura abierto reactivo. La secuencia de aminoácidos predicha correspondiente a la proteína codificada por Tb472 (denominada MSL) se proporciona en la SEQ ID NO: 109. La comparación de las secuencias correspondientes a Tb472 y MSL con las del banco de genes, tal como se ha descrito antes, no reveló homología con secuencias conocidas. Se sintetizaron quince péptidos solapados con la secuencia de MSL (referidos como MSL-1 – MSL-15; SEQ ID NO: 110-124, respectivamente) y se examinó, tal como se describe más adelante, su capacidad para estimular la proliferación de células T y la producción de IFN- γ en una línea de células T CD4+ generada contra filtrado de cultivo de *M. tuberculosis*. Se observó que los péptidos denominados MSL-10 (SEQ ID NO: 119) y MSL-11 (SEQ ID NO: 120) presentaban el mayor nivel de reactividad.

La comparación de la secuencia de ADNc determinada para Tb838 con las del banco de genes reveló una identidad con el cósmido SCY07H7 de *M. tuberculosis* identificado previamente. La comparación de las secuencias de ADNc determinadas para el clon Tb962 con las del banco de genes reveló algo de homología con dos cósmidos de *M. tuberculosis* identificados previamente, uno que codifica una porción de bactoferitina. Sin embargo, no se observó que la bactoferitina recombinante fuera reactiva con la línea de células T usada para aislar el Tb962.

El clon Tb470, descrito anteriormente, se usó para recuperar un marco de lectura abierto de longitud completa (SEQ ID NO: 125) que mostró homología con TbH9 y que se observó codificaba un antígeno de 40 kDa, referido como Mtb40. La secuencia de aminoácidos determinada para el Mtb40 se proporciona en la SEQ ID NO: 126. De forma similar, ESTUDIOS POSTERIORES CONDUJERON AL AISLAMIENTO DE LA SECUENCIA DE ADNc DE LONGITUD COMPLETA CORRESPONDIENTE A TB431, PROPORCIONADA EN LA SEQ ID NO: 83, que se determinó contenía un marco de lectura abierto que codifica Mtb40. También se observó que el Tb470 y el Tb431 contenían un marco de lectura abierto potencial que codifica un antígeno de tipo U-ORF.

El escrutinio de una biblioteca de expresión de ADNc de *M. tuberculosis* Erdman con múltiples líneas de células T CD4+ generada contra filtrado de cultivo de *M. tuberculosis*, dio como resultado el aislamiento de tres clones, referidos como Tb366, Tb433 y Tb439. Las secuencias de ADNc determinadas para Tb366, Tb433 y Tb439 se proporcionan en las SEQ ID NO: 127, 128 y 129, respectivamente. La comparación de estas secuencias con las del banco de genes no reveló homologías significativas con el Tb366. Se observó que el Tb433 muestra algo de homología con el antígeno MPT83 de *M. tuberculosis* identificado previamente. Se observó que el Tb439 muestra una identidad del 100% con el cósmido SCY02B10 de *M. tuberculosis* aislado previamente.

Se generó una línea de células T CD4+ contra PPD de *M. tuberculosis*, esencialmente descrita antes, y se usó para escrutar la anterior biblioteca de expresión de ADNc de *M. tuberculosis* Erdman. Se aisló un clon reactivo (referido como Tb372), proporcionándose las secuencias de ADNc determinadas en las SEQ ID NO: 130 y 131. La comparación de estas secuencias con las del banco de genes no reveló homologías significativas.

En estudios adicionales, el escrutinio de una biblioteca de expresión de ADNc de *M. tuberculosis* con una línea de células T CD4+ generada contra células dendríticas que habían sido infectadas con tuberculosis durante 8 días, tal como se ha descrito anteriormente, condujo al aislamiento de dos clones denominados Tb390R5C6 y Tb390R2C11. La secuencia de ADNc determinada para el Tb390R5C6 se proporciona en la SEQ ID NO: 132, proporcionándose las secuencias de ADNc determinadas para el Tb390R2C11 en las SEQ ID NO: 133 y 134. Se observó que el Tb390R5C6 mostraba una identidad del 100% con un cósmido de *M. tuberculosis* identificado previamente.

En estudios posteriores; la metodología descrita anteriormente se usó para escrutar una biblioteca de ADN genómico de *M. tuberculosis* preparada como se indica a continuación. Se desgajó ADN genómico de la cepa Erdman de *M. tuberculosis* hasta un tamaño medio de 2 kb, y se redondearon los extremos con polimerasa Klenow, seguido de la adición de adaptadores EcoRI. Seguidamente se ligó el injerto en el vector fago Screen (Novagen, Madison, WI) y se empaquetó *in vitro* usando el extracto PhageMaker (Novagen). La biblioteca de fagos (denominada biblioteca Erd λ Screen) se amplificó y se convirtió una porción en una biblioteca de expresión de plásmidos mediante un mecanismo de autosubclonación usando la cepa BM25.8 de *E. coli* (Novagen). Se purificó el ADN de plásmido a partir de cultivos de BM25.8 que contenían recombinantes pSCREEN y se usó para transformar células competentes de la cepa de expresión anfitriona BL21 (DE3)pLysS. Se llevaron alícuotas de las células transformadas a placas de microtitulación de 96 pocillos, poniendo en cada pocillo un conjunto de aproximadamente 50 colonias. Se indujeron placas de réplica de formato de biblioteca de plásmido de 96 pocillos con IPTG para permitir la expresión de proteína recombinante. Después de la inducción, las placas fueron centrifugadas hasta obtener una partícula de *E. coli* que fue usada directamente en la clonación de expresión de células T de una línea de células T CD4+ preparada a partir de un donante positivo en PPD (donante 160), tal como se ha descrito anteriormente. Los conjuntos que contenían antígenos de células T de *M. tuberculosis* que expresan *E. coli* fueron separados a continuación hasta obtener colonias individuales, y se volvieron a evaluar de un modo similar para identificar coincidencias positivas.

El escrutinio de la línea de células T procedente del donante 160 con una librería Erd λ Screen de placa de 96 pocillos proporcionó un total de nueve coincidencias positivas. Experimentos previos de escrutinio de la biblioteca pBSK descrita anteriormente con células T del donante 160 sugirieron que la mayoría o todos los clones positivos serían TbH-9, Tb38-1 ó MTI, o variantes de los mismos. Sin embargo, el análisis de transferencia Southern reveló que sólo tres pocillos se hibridaron con una sonda mixta de TbH-9, Tb38-1 y MTI. De los seis pocillos positivos restantes, se observó que dos eran idénticos. Las secuencias de ADNc 5' determinadas para dos de los clones aislados (referidos como Y1-26C1 e Y1-86C11) se proporcionan en las SEQ ID NO: 135 y 136, respectivamente. La secuencia de ADNc de longitud completa correspondiente al clon aislado denominado hTcc#1 se proporciona en la SEQ ID NO: 137, proporcionándose la correspondiente secuencia de aminoácidos predicha en la SEQ ID NO: 138. La comparación de las secuencias de hTcc#1 con las del banco de genes, como se ha descrito anteriormente, reveló algo de homología con el cósmido MTCY07H7B.06 de *M. tuberculosis* previamente aislado.

Ejemplo 2

Inducción de la proliferación de células T y de la producción de interferón- γ mediante antígenos de *M. Tuberculosis*

La capacidad de los antígenos de *M. tuberculosis* recombinantes para inducir la proliferación de células T y la producción de interferón y se puede determinar como se indica a continuación.

Las proteínas pueden ser inducidas mediante IPTG y purificadas mediante elución de gel, tal como se describe en Skeiky y col., *J. Exp. Med.*, 1995, 181: 1527-1537. Los polipéptidos purificados se escrutan a continuación para determinar su capacidad para inducir la proliferación de células T en preparaciones de PBMC. Las PBMCs procedentes de donantes que se sabe son positivos en el ensayo cutáneo de PPD y de los cuales se sabe que sus células T proliferan como respuesta a PPD, son cultivadas en un medio que comprende RPMI 1640 suplementado con un 10% de conjunto de suero humano y 50 μ g/mL de gentamicina. Se añaden los polipéptidos purificados por duplicado en concentraciones de 0,5 a 10 μ g/mL. Después de seis días de cultivo en placas de 96 pocillos de fondo redondo en un volumen de 200 μ L, se retiran 50 μ L de medio de cada pocillo para la determinación de los niveles de IFN- γ , tal como se describe a continuación. Las placas son pulsadas entonces con 1 μ Ci/pocillo de timidina tritiada durante otras 18 horas, son recolectadas y se determina la captación de tritio usando un contador de centelleo de gas. Las fracciones que dan como resultado la proliferación en ambas réplicas en un nivel tres veces superior a la proliferación observada en células cultivadas únicamente en medio son consideradas positivas.

El IFN- γ se mide usando un ensayo inmunosorbente ligado a enzima (ELISA). Las placas ELISA son recubiertas con un anticuerpo monoclonal de ratón dirigido a IFN- γ humano (PharMingen, San Diego, CA) en PBS durante cuatro horas a temperatura ambiente. A continuación los pocillos son bloqueados con PBS que contiene un 5% (p/v) de leche desnatada deshidratada durante 1 hora a temperatura ambiente. Las placas son lavadas seis veces en PBS/0,2% TWEEN-20 y las muestras diluidas 1:2 en medio de cultivo en las placas ELISA son incubadas durante una noche a temperatura ambiente. Las placas son lavadas nuevamente y a cada pocillo se añade un suero de IFN- γ policlonal de conejo anti-humano diluido 1:3000 en PBS/10% suero normal de cabra. Entonces las placas son incubadas durante dos horas a temperatura ambiente, lavadas, y se añade IgG anti-conejo de rábano acoplada a peroxidasa (Sigma Chemical So., St. Louis, MO) con una dilución 1:2000 en PBS/5% de leche desnatada deshidratada. Después de otras dos horas de incubación a temperatura ambiente, las placas son lavadas y se añade sustrato TMB. La reacción es detenida después de 20 minutos con ácido sulfúrico 1 N. Se determina la densidad óptica a 450 nm usando 570 nm como longitud de onda de referencia. Las fracciones que dan como resultado en las dos réplicas una DO del doble que la DO media de células cultivadas únicamente en medio, más 3 desviaciones estándar, son consideradas positivas.

Ejemplo 3

Purificación y caracterización de polipéptidos de *M. Tuberculosis* usando líneas de células T CD4+ generadas a partir de un modelo de *M. Tuberculosis* de ratón

La infección de ratones C57BL/6 con *M. tuberculosis* da como resultado el desarrollo de una enfermedad progresiva durante aproximadamente 2-3 semanas. La progresión de la enfermedad es detenida entonces como consecuencia de la aparición de una respuesta inmune mediada por células T fuertemente protectora. Este modelo de infección se usó para generar líneas de células T capaces de reconocer antígenos protectores de *M. tuberculosis*.

Específicamente, se obtuvieron células de bazo de ratones C57BL/6 infectados con *M. tuberculosis* durante 28 días y se usaron para activar líneas de células T específicas anti-*M. tuberculosis* tal como se ha descrito anteriormente. Se usaron las líneas de células T CD4+ resultantes, en conjunción con células (de bazo) normales presentadoras de antígeno procedentes de ratones C57BL/6, para escrutar la biblioteca Erd λ Screen de *M. tuberculosis* descrita anteriormente. Se seleccionó uno de los conjuntos reactivos de la biblioteca, que se descubrió era altamente estimulador de células T, y se aisló el correspondiente clon activo (referido como Y288C10).

El secuenciamiento del clon Y288C10 reveló que contenía dos genes potenciales, emparejados. Las secuencias de ADNc determinadas para estos dos genes (referidos como mTCC#1 y mTCC#2) se proporcionan en las SEQ ID NO: 139 y 140, respectivamente, proporcionándose las correspondientes secuencias de aminoácidos en las SEQ ID NO: 141 y 142, respectivamente. La comparación de estas secuencias con las del banco de genes reveló una identidad con secuencias desconocidas, observadas previamente en el cósmido MTY21C12 de *M. tuberculosis*. Se observó que las secuencias de aminoácidos predichas correspondientes a mTCC#1 y mTCC#2 mostraban algo de homología con miembros previamente identificados de la familia de proteínas TbH9, discutida anteriormente.

Ejemplo 4

Síntesis de polipéptidos sintéticos

Los polipéptidos pueden sintetizarse en un sintetizador de péptidos Millipore 9050 usando química FMOC con activación con HPTU (hexafluorofosfato de o-benzotriazol-N,N,N',N'-tetrametiluronio). Se puede acoplar una secuencia Gly-Cys-Gly al extremo amino del péptido para proporcionar un método de conjugación o marcado del péptido. La separación de los péptidos del soporte sólido puede llevarse a cabo usando la siguiente mezcla de ruptura: ácido trifluoroacético:etanoditiol:tioanisol:agua:fenol (40:1:2:2:3). Después de someter a ruptura durante 2 horas, los péptidos pueden ser precipitados en metil *t*-butil éter frío. A continuación, las partículas de péptidos pueden disolverse en agua con un 0,1% de ácido trifluoroacético (TFA) y ser liofilizadas antes de purificación mediante HPLC de fase inversa con una columna C18. Para eluir los péptidos, se puede usar un gradiente de 0%-60% de acetonitrilo (que contiene un 0,1% de TFA) en agua (que contiene un 0,1% de TFA). Después de la liofilización de las fracciones puras, se pueden caracterizar los péptidos usando espectrometría de masas de electropulverización y análisis de aminoácidos.

LISTADO DE SECUENCIAS

(1) INFORMACIÓN GENERAL:

(i) SOLICITANTES: Alderson, Mark Dillon, Davin C. Skeiky, Yasir A.W. Campos-Neto, Antonio

(ii) TÍTULO DE LA INVENCIÓN: COMPUESTO PARA INMUNOTERAPIA Y DIAGNOSIS DE LA TUBERCULOSIS, Y MÉTODOS PARA SU USO

(iii) NÚMERO DE SECUENCIAS: 144

(iv) DIRECCIÓN DE LA CORRESPONDENCIA:

(A) DESTINATARIO: SEED and BERRY

(B) CALLE: 6300 Coubia Center, 701 Fifth Ave.

(C) CIUDAD: Seattle

(D) ESTADO: Washington

(E) PAÍS: EE.UU.

(F) CÓDIGO POSTAL: 98104

(v) FORMA LEGIBLE EN ORDENADOR:

(A) TIPO DE MEDIO: disquete

(B) ORDENADOR: Compatible con PC IBM

(C) SISTEMA OPERATIVO: PC-DOS/MS-DOS

(D) PROGRAMA: PatentIn Edición nº 1.0, Versión nº 1.30

(vi) DATOS DE LA SOLICITUD ACTUAL:

(A) NÚMERO DE SOLICITUD:

(B) FECHA DE PRESENTACIÓN: 05-MAYO- 1998

(C) CLASIFICACIÓN:

(viii) INFORMACIÓN DEL APODERADO/AGENTE:

(A) NOMBRE: Maki, David J.

(B) NÚMERO DE REGISTRO: 31,392

(C) NÚMERO DE REFERENCIA/EXPEDIENTE: 210121.440C1

(ix) INFORMACIÓN DE TELECOMUNICACIÓN:

(A) TELÉFONO: 206-622-4900

(B) TELEFAX: 206-682-6031

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:1:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1886 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

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

CGCTCTGGTG	ACCACCAACT	TCTTCGGTGT	CAACACCATC	CCGATCGCCC	TCAACGAGGC	60
CGACTACCTG	CGCATGTGGA	TCCAGGCCGC	CACCGTCATG	AGCCACTATC	AAGCCGTGCG	120
GCACGAAATC	TGGTGTCTCC	ATGAATANGC	CAGTTCGGGA	AAGCCGTGGG	CCAGTATCAC	180
CACGGGTGCG	CCGGGCTCAC	CGGCCTCGAC	CACCTCGAGT	CGCACGCCGT	TGGTATCAAC	240
TAACCGTNCN	GTANGTGGCG	CCATCGTCTC	ACCAAATCAC	ACCGGGCACC	GGCCTGAGAA	300
GGGCTTGGGG	AGCANCCAGA	GGCGATTGTC	GCGGGTGCTG	CCGCGCATCA	TTGATCGGCC	360
GGCCGGACCA	NTCGGGCCTC	CCTTGACGTC	CGGATCNCAC	TTCTGTGCA	GCTGGCATGG	420
CTACAGTCA	CAATGACTGC	CCCACGATTG	CCGGCCAGGT	CCAGTTCAA	TTCCGGTGAA	480
TTCCGGTACA	AAAGCAGCAG	GTCAACCAAC	CGCAGTCAGT	CGAGGGTCCC	AAACGTGAGC	540
CAATCGGTGA	AATGGCTTGC	TGCAGTGACA	CCGGTCACAG	GCTTAGCCGA	CAGCACCGGA	600
ATAGCTCAGG	CGGGCTATAG	AGTCCTATAG	AAACATTTGC	TGATAGAATT	AACCGCTGTC	660
TTGGCGTGAT	CTTGATACGG	CTCGCCGTGC	GACCGGTTGG	CTCAGTAGCT	GACCACCATG	720
TAACCCATCC	TCGGCAGGTG	TCTACTAAGG	CGAGACCCG	CATTGGTGGG	GCTGCATCGC	780
AAATCGGTCC	GAGCATGTAG	CACTGCCGTT	ATCCCGGAT	AGCAAACCAC	CCGGAACCAG	840
GGCTATCCCA	GTCGCTCTCC	GACGGAGGCC	GTTTCGCTTT	CCGTTGCCCG	ATAACTCCCG	900
AGTGGATATC	GGCGTTATCA	NATTCAGGCT	TTTCTTCGCA	AGGTACCCGT	GTTCGCTATA	960
TTCCGGATATC	TCGGACGGAT	AATTACTAAA	ACTTCAGTGG	TTTAGATAAG	GCCGCCGCAA	1020
TACTTCGCCG	ATCTTGCCGA	GCGCAACGGA	TTTCCATCGT	CGGTTTTCGT	CGCCTTATCA	1080
AACATGATCG	GAGATAATGA	CAGATCGGCC	TAGCTAGGTG	TTTAGCGGAC	GCGATTTAGG	1140
ACAACCGAGA	TTTGCTTTGC	CTCGCAACCA	TGAGAGCGCC	CCGCTTCGAC	GCCGAATCGG	1200
GTGAGTGATG	GTGGGTTAGC	ACAGCCCTGA	TTGCGCCACC	GGCGAGGTGA	TTGTGCCCGC	1260
CACGAGGCCG	CCGCCGGCTA	GCCCCATGAG	CACGNTATAT	AGACTCTCCT	GCAACAGATC	1320
TCATACCGAT	CGAAGGCCGAA	GCGCAGGCAT	CGACGTCGGA	GACACTGCCT	TGGGATCGCG	1380
CCGCCTACAC	GGCGGTTGGC	GCATTGTGCG	AGCGCAGTTG	CAGGAGGGCA	AATGTGCGCA	1440
GACGATGTAG	TCGACAACAA	GTGNACATGC	CGTCTTCACG	AACTCAAAA	TGACGATCTG	1500
CTTAGCATGA	AAAAAACTGT	TGACATCGGA	CAAGCATGAC	AGCCAGACTG	TAGGCCTACG	1560
CGTGCAATGC	AGAACCAAGG	NTATGCATGG	AATCGACGAC	CGTTGAGATA	GGCGGCAGGC	1620
ATGAGCAGAG	CGTTCATCAT	CGATCCAACG	ATCAGTGCCA	TTGACGGCTT	GTACGACCTT	1680
CTGGGGATTG	GAATACCCAA	CCAAGGGGGT	ATCCTTTACT	CCTCACTAGA	GTACTTCGAA	1740
AAAGCCCTGG	AGGAGCTGGC	AGCAGCGTTT	CCGGGTGATG	GCTGGTTAGG	TTCCGGCCCG	1800
GACAAATACG	CCGGCAAAAA	CCGCAACCAC	GTGAATTTTT	TCCAGGAACT	GGCAGACCTC	1860
GATCGTCAGC	TCATCAGCCT	GATCCA				1886

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO: 2:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 2305 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: doble
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:2:

GGCAGCGCT	GGCCGCGCAA	TACACGAAA	TTGCAACGGA	ACTCGCAAGC	GTGCTCGCTG	60
CGGTGCAGGC	AAGCTCGTGG	CAGGGGCCCA	GCGCCGACCG	GTTCGTGCTC	GCCCATCAAC	120
CGTTCGGTGA	TTGGCTAACC	CACGCTGCCA	CGGTGGCCAC	CGCAGCAGCC	GCCGCGCACN	180

AAACGGCCGC	CGCCGGGTAT	ACGTCCGCAT	TGGGGGGCAT	GCCTACGCTA	GCCGAGTTGG	240
CGGCCAACCA	TGCCATGCAC	GGCGCTCTGG	TGACCACCAA	CTTCTTCGGT	GTCAACACCA	300
TCCCATCGC	CCTCAACGAG	GCCGACTACC	TGCGCATGTG	GATCCAGGCC	GCCACCGTCA	360
TGAGCCACTA	TCAAGCCGTC	GCGCACGAAA	GCGTGGCGGC	GACCCCAGC	ACGCCGCCGG	420
CGCCGCAGAT	AGTGACCAGT	GCGGCCAGCT	CGGCGGCTAG	CAGCAGCTTC	CCCGACCCGA	480
CCAAATTGAT	CCTGCAGCTA	CTCAAGGATT	TCCTGGAGCT	GCTGCGCTAT	CTGGCTGTTG	540
AGCTGCTGCC	GGGGCCGCTC	GGCGACCTCA	TCGCCCAGGT	GTTGGACTGG	TTCATCTCGT	600
TCGTGTCCGG	TCCAGTCTTC	ACGTTTCTCG	CCTACCTGGT	GCTGGACCCA	CTGATCTATT	660
TCGGACGGTT	CGCCCCGCTG	ACGAGTCCGG	TCCTGTTGCC	TGCTGTGGAG	TTACGCAACC	720
GCCTCAAAAC	CGCCACCGGA	CTGACGCTGC	CACCTACCCT	GATTTTCGAT	CATCCCACTC	780
CCACTGCGGT	CGCCGAGTAT	GTCGCCCAGC	AAATGTCTGG	CAGCCGCCCA	ACGGAATCCG	840
GTCATCCGAC	GTCGCAGGTT	GTCGAACCCG	CTCGTGCCGA	ATTCCGCACG	AGTGTCTGTT	900
ATCAAATCCC	CCCGAGACCT	GCGGACACCC	GGCGCGCTTG	CCGACATCGA	GATGATGTCC	960
CGCGAGATAG	CAGAATTGCC	CAACATCGTG	ATGGTGCGGG	GCTTGACCCG	ACCGAACGGG	1020
GAACCTCTGA	AGGAGACCAA	GGTCTCGTTT	CAGGCTGGTG	AAGTGGGCGG	CAAGCTCGAC	1080
GAAGCGACCA	CCCTGCTCGA	AGAGCACGGA	GGCGAGCTGG	ACCAGCTGAC	CGGCGGTGCG	1140
CACCAGTTGG	CCGACGCCCT	CGCCCAAATA	CGCAACGAAA	TCAATGGGGC	CGTGGCCAGC	1200
TCGAGCGGGA	TAGTCAACAC	CCTGCAGGCC	ATGATGGACC	TGATGGGCGG	TGACAAGACC	1260
ATCCGACAAC	TGGAAAATGC	GTCCCAATAT	GTCGGGCGCA	TGCGGGCTCT	GGGGGACAAT	1320
CTGAGCGGGA	CCGTCAACGA	TGCCGAACAA	ATCGCCACTT	GGGCCAGCCC	TATGGTCAAC	1380
GCCCTCAACT	CCAGCCCGGT	GTGTAACAGC	GATCCCGCCT	GTCGGACGTC	GCGCGCACAG	1440
TTGGCGGCGA	TTGTCCAGGC	GCAGGACGAC	GGCCTGCTCA	GGTCCATCAG	AGCGTAGCC	1500
GTACCCTGTC	AACAGACGCA	GGAATACCAG	ACACTCGCCC	GGACGGTGAG	CACACTGGAC	1560
GGCAACTGA	AGCAAGTCGT	CAGCACCCCT	AAAGCGGTCT	ACGGCCCTACC	CACCAAATTG	1620
GCTCAAATGC	AGCAAGGAGC	CAACGCTCTC	GCCGACGGCA	GCGCAGCGCT	GGCGGCAGGC	1680
GTGCAGGAAT	TGGTCGATCA	GGTCAAAAAG	ATGGGCTCAG	GGCTCAACGA	GGCCGCCGAC	1740
TTCTGTTGG	GGATCAAGCG	GGATGCGGAC	AAGCCGTCAA	TGGCGGGCTT	CAACATTTCCA	1800
CCGAGATTTT	TTTCGAGGGA	CGAGTTCAAG	AAGGGCGCCC	AGATTTTCCT	GTCGGCCGAT	1860
GGTCATGCGG	CGCGGTACTT	CGTGCAGAGC	GCGCTGAATC	CGGCCACCAC	CGAGGCGATG	1920
GATCAGGTCA	ACGATATCCT	CCGTGTTGCG	GATTCGCGC	GACCGAATAC	CGAACTCGAG	1980
GATGCCACGA	TAGGTCTGGC	GGGGGTTCCG	ACTGCGCTGC	GGGATATCCG	CGACTACTAC	2040
AACAGCGATA	TGAAATTCAT	CGTCATTGCG	ACGATCGTTA	TCGTATTCTT	GATTCTCGTC	2100
ATTCTGNTGC	GCGCACTTGT	GGNTCCGATA	TATCTGATAG	GCTCGGTGCT	GATTTCTTAC	2160
TTGTCGGCCC	TAGGCATAGG	AACTTTCGTT	TTCCAATTGA	TACTGGGCCA	GGAATGCAT	2220
TGGAGCCTGC	CGGGACTGTC	CTTCATATTA	TTGTTTGCCA	TCGGCGCTGA	CTACAACATG	2280
CTGCTCATTT	CACGCATCCG	CGACG				2305

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:3:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1742 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:3:

CCGCTCTCTT	TCAACGTCAT	AAGTTCGGTG	GGCCAGTCGG	CCGCGCGTGC	ATATGGCACC	60
AATAACGCGT	GTCCCATGGA	TACCCGGACC	GCACGACGGT	AGAGCGGATC	AGCGCAGCCG	120
GTGCCGAACA	CTACCGCGTC	CACGCTCAGC	CCTGCCGCGT	TGCGGAAGAT	CGAGCCCAGG	180

TTCTCATGGT	CGTTAACGCC	TTCCAACACT	GCGACGGTGC	GCGCCCCGGC	GACCACCTGA	240
GCAACGCTCG	GCTCCGGCAC	CCGGCGCGCG	GCTGCCAACA	CCCCACGATT	GAGATGGAAG	300
CCGATCACCC	GTGCCATGAC	ATCAGCCGAC	GCTCGATAGT	ACGGCGCGCC	GACACCGGCC	360
AGATCATCCT	TGAGCTCGGC	CAGCCGGCGG	TCGGTGCCGA	ACAGCGCCAG	CGGCGTGAAC	420
CGTGAGGCCA	GCATGCGCTG	CACCACCAGC	ACACCCTCGG	CGATCACCAA	CGCCTTGCCG	480
GTCGGCAGAT	CGGGACNACN	GTCGATGCTG	TTCAGGTCAC	GGAAATCGTC	GAGCCGTGGG	540
TCGTCGGGAT	CGCAGACGTC	CTGAACATCG	AGGCCGTCCG	GGTGCTGGGC	ACAACGGCCT	600
TCGGTCACGG	GCTTTCGTCG	ACCAGAGCCA	GCATCAGATC	GGCGGCGCTG	CGCAGGATGT	660
CACGCTCGCT	GCGGTTCCAG	GTCGCGAGCC	GCTCAGCCAG	CCACTCTTGC	AGAGAGCCGT	720
TGCTGGGATT	AATTGGGAGA	GGAAGACAGC	ATGTCGTTCG	TGACCACACA	GCCGGAAGCC	780
CTGGCAGCTG	CGGCGGCGAA	CCTACAGGGT	ATTGGCACGA	CAATGAACGC	CCAGAACGCG	840
GCCGCGGCTG	CTCCAACCAC	CGGAGTAGTG	CCCGCAGCCG	CCGATGAAGT	ATCAGCGCTG	900
ACCGCGGCTC	AGTTTGTCTG	GCACGCGCAG	ATGTACCAA	CGGTCAGCGC	CCAGGCCGCG	960
GCCATTCACG	AAATGTTTCG	GAACACGCTG	GTGGCCAGTT	CTGGCTCATA	CGCGGCCACC	1020
GAGGCGGCCA	ACGCAGCCGC	TGCCGGCTGA	ACGGGCTCGC	ACGAACCTGC	TGAAGGAGAG	1080
GGGGAACATC	CGGAGTTCTC	GGGTCAGGGG	TTGCGCCAGC	GCCCAGCCGA	TTCAGNTATC	1140
GGCGTCCATA	ACAGCAGACG	ATCTAGGCAT	TCAGTACTAA	GGAGACAGGC	AACATGGCCT	1200
CACGTTTTAT	GACGGATCCG	CATGCGATGC	GGGACATGGC	GGGCCGTTTT	GAGGTGCACG	1260
CCCAGACGGT	GGAGGACGAG	GCTCGCCGGA	TGTGGGCGTC	CGCGCAAAAC	ATTTCCGGTG	1320
CGGGCTGGAG	TGGCATGGCC	GAGGCGACCT	CGCTAGACAC	CATGACCTAG	ATGAATCAGG	1380
CGTTTTCGCAA	CATCGTGAAC	ATGCTGCACG	GGGTGCGTGA	CGGGCTGGTT	CGCGACGCCA	1440
ACAANTACGA	ACAGCAAGAG	CAGGCCCTCC	AGCAGATCCT	GAGCAGNTAG	CGCCGAAAGC	1500
CACAGCTGNG	TACGNTTTTCT	CACATTAGGA	GAACACCAAT	ATGACGATTA	ATTACCAGTT	1560
CGGGGACGTC	GACGCTCATG	GCGCCATGAT	CCGCGCTCAG	GCGGCGTCGC	TTGAGGCGGA	1620
GCATCAGGCC	ATCGTTCGTG	ATGTGTTGGC	CGCGGGTGAC	TTTTGGGGCG	GCGCCGGTTC	1680
GGTGGCTTGC	CAGGAGTTCA	TTACCCAGTT	GGGCCGTAAC	TTCCAGGTGA	TCTACGAGCA	1740
GG						1742

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:4:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2836 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:4:

GTTGATTCCG	TTGCGGCGGC	CGCCGAAGAC	CACCAACTCC	GCTGGGGTGG	TCGCACAGGC	60
GGTTGCGTCG	GTCAGCTGGC	CGAATCCCAA	TGATTGGTGG	CTCNGTGCGG	TTGCTGGGCT	120
CGATTACCCC	CACGGAAAGG	ACGACGATCG	TTCGTTTGCT	CGGTCAGTCG	TACTTGGCGA	180
CGGGCATGGC	GCGGTTTCTT	ACCTCGATCG	CACAGCAGCT	GACCTTCGGC	CCAGGGGGCA	240
CAACGGCTGG	CTCCGGCGGA	GCCTGGTACC	CAACGCCACA	ATTCGCCGGC	CTGGGTGCAG	300
GCCCGGCGGT	GTCGGCGAGT	TTGGCGCGGG	CGGAGCCGCT	CGGGAGGTTG	TCGGTGCCGC	360
CAAGTTGGGC	CGTCGCGGCT	CCGGCCTTCG	CGGAGAAGCC	TGAGGCGGGC	ACGCCGATGT	420
CCGTCATCGG	CGAAGCGTCC	AGCTGCGGTC	AGGGAGGCCT	GCTTCGAGGC	ATACCGCTGG	480
CGAGAGCGGG	GCGGCGTACA	GGCGCCTTCG	CTCACCGATA	CGGGTTCCGC	CACAGCGTGA	540
TTACCCGGTC	TCCGTCGGCG	GGATAGCTTT	CGATCCGGTC	TGCGCGGCCG	CCGAAATGTC	600
TGCAGATAGC	GATCGACCGC	GCCGGTCGGT	AAACGCCGCA	CACGGCACTA	TCAATGCGCA	660
CGGCGGGCGT	TGATGCCAAA	TTGACCGTCC	CGACGGGGCT	TTATCTGCGG	CAAGATTTCA	720

TCCCCAGCCC	GGTCGGTGGG	CCGATAAATA	CGCTGGTCAG	CGCGACTCTT	CCGGCTGAAT	780
TCGATGCTCT	GGGCGCCCGC	TCGACGCCGA	GTATCTCGAG	TGGGCCGCAA	ACCCGGTCAA	840
ACGCTGTTAC	TGTGGCGTTA	CCACAGGTGA	ATTTGCGGTG	CCAACTGGTG	AACACTTGCG	900
AACGGGTGGC	ATCGAAATCA	ACTTGTGCG	TTGCAGTGAT	CTACTCTCTT	GCAGAGAGCC	960
GTTGCTGGGA	TTAATTGGGA	GAGGAAGACA	GCATGTCGTT	CGTGACCACA	CAGCCGGAAG	1020
CCCTGGCAGC	TGCGGCGGCG	AACCTACAGG	GTATTGGCAC	GACAAATGAAC	GCCCGAAGC	1080
CGGCCGCGGC	TGCTCCAACC	ACCGGAGTAG	TGCCCGCAGC	CGCCGATGAA	GTATCAGCGC	1140
TGACCGCGGC	TCAGTTTGCT	GCGCACGCGC	AGATGTACCA	AACGGTCAGC	GCCCGGCGC	1200
CGGCCATTCA	CGAAATGTTC	GTGAACACGC	TGGTGGCCAG	TTCTGGCTCA	TACGCGGCCA	1260
CCGAGGCGGC	CAACGCAGCC	GCTGCCGGCT	GAACGGGCTC	GCACGAACTT	GCTGAAGGAG	1320
AGGGGGAACA	TCCGGAGTTC	TCGGGTCAGG	GGTTGCGCCA	GCGCCAGCC	GATTCAGCTA	1380
TCGGCGTCCA	TAACAGCAGA	CGATCTAGGC	ATTCACTACT	AAGGAGACAG	GCAACATGGC	1440
CTCACGTTTT	ATGACGGATC	CGCATGCGAT	GCGGGACATG	GCGGGCCGTT	TTGAGGTGCA	1500
CGCCAGACG	GTGGAGGACG	AGGCTCGCCG	GATGTGGGCG	TCCGCGCAA	ACATTCCCGG	1560
TGCGGGCTGG	AGTGGCATGG	CCGAGGCGAC	CTCGTAGAC	ACCATGACCT	AGATGAATCA	1620
GGCGTTTCGC	AACATCGTGA	ACATGCTGCA	CGGGGTGCGT	GACGGGCTGG	TTCGCGACGC	1680
CAACAACACT	GAACAGCAAG	AGCAGGCCTC	CCAGCAGATC	CTGAGCAGCT	AGCGCCGAAA	1740
GCCACACTG	CGTACGCTTT	CTCACATTAG	GAGAACACCA	ATATGACGAT	TAATTACCAG	1800
TTCGGGGACG	TCGACGCTCA	TGGCGCCATG	ATCCGCGCTC	AGGCGGCGTC	GCTTGAGGCG	1860
GAGCATCAGG	CCATCGTTCC	TGATGTGTTG	GCCGCGGGTG	ACTTTTGGGG	CGGCGCCGGT	1920
TCGGTGGCTT	GCCAGGAGTT	CATTACCCAG	TTGGGCCGTA	ACTTCCAGGT	GATCTACGAG	1980
CAGGCCAACG	CCCACGGGCA	GAAGGTGCAG	GCTGCCGGCA	ACAACATGGC	GCAAACCGAC	2040
AGCGCCGTCG	GCTCCAGCTG	GGCCTAAAC	TGAACTTCAG	TCGCGGCAGC	ACACCAACCA	2100
GCCGGTGTGC	TGCTGTGTCC	TGCAGTTAAC	TAGCACTCGA	CCGCTGAGGT	AGCGATGGAT	2160
CAACAGAGTA	CCCGCACCGA	CATCACCGTC	AACGTCGACG	GCTTCTGGAT	GCTTCAGGCG	2220
CTACTGGATA	TCCGCCACGT	TGCGCCTGAG	TTACGTTGCC	GGCCGTACGT	CTCCACCGAT	2280
TCCAATGACT	GGCTAAACGA	GCACCCGGGG	ATGGCGGTCA	TGCGCGAGCA	GGGCATTGTC	2340
GTCAACGACG	CGGTCAACGA	ACAGGTCGCT	GCCCCGATGA	AGGTGCTTGC	CGCACCTGAT	2400
CTTGAAGTCG	TCGCCCTGCT	GTCACGCGGC	AAGTTGCTGT	ACGGGGTCAT	AGACGACGAG	2460
AACCAGCCGC	CGGGTTCGCG	TGACATCCCT	GACAATGAGT	TCCGGGTGGT	GTTGGCCCGG	2520
CGAGGCCAGC	ACTGGGTGTC	GGCGGTACGG	GTTGGCAATG	ACATCACCGT	CGATGACGTG	2580
ACGGTCTCGG	ATAGCGCCTC	GATCGCCGCA	CTGGTAATGG	ACGGTCTGGA	GTCGATTAC	2640
CACGCCGACC	CAGCCGCGAT	CAACGCGGTC	AACGTGCCAA	TGGAGGAGAT	CTCGTGCCGA	2700
ATTCCGCACG	AGGCACGAGG	CGGTGTCGGT	GACGACGGGA	TCGATCACGA	TCATCGACCG	2760
GCCGGGATCC	TTGGCGATCT	CGTTGAGCAC	GACCCGGGCC	CGCGGGAAGC	TCTGCGACAT	2820
CCATGGGTTT	TTCCCG					2836

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:5:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 900 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:5:

AACATGCTGC	ACGGGGTGGC	TGACGGGCTG	GTTTCGCGACG	CCAACAACCTA	CGAGCAGCAA	60
GAGCAGGCCT	CCCAGCAGAT	CCTCAGCAGC	TAACGTCAGC	CGCTGCAGCA	CAATACTTTT	120
ACAAGCGAAG	GAGAACAGGT	TCGATGACCA	TCAACTATCA	GTTCCGGTGT	GTCGACGCTC	180

ACGGCGCCAT	GATCCGCGCT	CAGGCCGGGT	TGCTGGAGGC	CGAACATCAG	GCCATCATTC	240
GTGATGTGTT	GACCCGAGT	GACTTTTGGG	GCGGCGCCG	TTCGGCGCC	TGCCAGGGT	300
TCATTACCCA	ATTGGGCCGT	AACCTCCAGG	TGATCTACGA	ACAGGCCAAC	GCCCACGGG	360
AGAAGGTGCA	GGCTGCCGGC	AACAACATGG	CGCAAACCGA	CAGCGCCGTC	GGCTCCAGCT	420
GGGCCTGACA	CCAGGCCAAG	GCCAGGGACG	TGGTGTACGA	GTGAAGGTTT	CTCGCGTGAT	480
CCTTCGGGTG	GCAGTCTAGG	TGGTCACTGC	TGGGGTGTG	GTGGTTTGCT	GCTTGGCGGG	540
TTCTTCGGTG	CTGGTCACTG	CTGCTCGGGC	TCCGGGTGAGG	ACCTCGAGGC	CCAGGTAGCG	600
CCGTCCCTCG	ATCCATTCGT	CGTGTGTTC	GCGAGGACG	GCTCCGACGA	GGCGGATGAT	660
CGAGGCGCGG	TCGGGGAAGA	TGCCACGAC	GTCCGGTTCGG	CGTCGTACCT	CTCGGTTGAG	720
GCGTTCCCTG	GGTTTGTGG	ACCAGATTTG	GCGCCAGATC	TTCTTGGGGA	AGGCGGTGAA	780
CGCCAGCAGG	TCGGTGCGGG	CGGTGTCCAN	GTGCTCGGCC	ACCGCGGGGA	GTTTGTTCGGT	840
CAGAGCGTCG	AGTACCCGAT	CATATTGGGC	AACAACCTGAT	TCGGCGTTGG	GCTGGTTCGTA	900

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:6:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1905 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:6:

GCTCGCCGGA	TGTGGGCGTC	CGCGCAAAC	ATTTCCGGTG	CGGGCTGGAG	TGGCATGGCC	60
GAGGCGACCT	CGCTAGACAC	CATGGCCCAG	ATGAATCAGG	CGTTTCGCAA	CATCGTGAAC	120
ATGCTGCACG	GGGTGCGTGA	CGGGCTGGTT	CGCGACGCCA	ACAACCTACGA	GCAGCAAGAG	180
CAGGCCTCCC	AGCAGATCCT	CAGCAGCTAA	CGTCAGCCGC	TGCAGCACAA	TACTTTTACA	240
AGCGAAGGAG	AACAGGTTCC	ATGACCATCA	ACTATCAGTT	CGGTGATGTC	GACGCTCACG	300
GCGCCATGAT	CCGCGCTCAG	GCCGGGTTGC	TGGAGGCCGA	GCATCAGGCC	ATCATTCGTG	360
ATGTGTTGAC	COCAGTGAC	TTTTGGGGCG	GCGCCGTTTC	GGCGGCTGC	CAGGGGTTCA	420
TTACCCAGTT	GGGCCGTAAC	TTCCAGGTGA	TCTACGAACA	AGCCAACACC	CACGGGCAGA	480
AGGTGCAAGC	TGCCGGCAAC	AACATGGCGC	AAACCGACAG	CGCCGTCNGC	TCCAGCTGGG	540
CCTGACACCA	GGCCAAGGCC	AGGGACGTGG	TGTACNAGTG	AAGGTTCCCT	GCGTGATCCT	600
TCGGGTGGCA	GTCTAGGTGG	TCAGTGCTGG	GGTGTGGTG	GTTTGCTGCT	TGGCGGGTTC	660
TTCCGGTGCTG	GTCAAGTGCTG	CTCGGGCTCG	GGTGAGGACC	TCGAGGCCCA	GGTAGCGCCG	720
TCCTTCGATC	CATTCGTCTG	GTTGTTCCGC	GAGGACNGCT	CCGACGANGC	GGATGATCGA	780
GGCGCGGTCG	GGGAAGATGC	CCACGACGTC	GGTTCGGCGT	CGTACCTCTC	GGTTGAAGCG	840
TTCTGGGGG	CCACCGCTTG	GCGCCNANGC	ACTCCACGCC	AATTCGTCNC	ACCTAACAGC	900
GGTGGCCAAC	GACTATGACT	ACGACACCGT	TTTTGCCAGG	GCCCTCNAAC	GGATCTGCGC	960
GTCCCGGCGA	CACGCTTTTT	GCGATAAGTA	CCTCCGGCAA	TTCTATGAGT	GTAATGCGGN	1020
CCGCGAAAAC	CGCAAGGGAG	TTGGGTGTGA	CGGTTNTTGC	AAATGACGGG	CGAATCCGGC	1080
GGCCAGCTGG	CAGAATTCGC	AGATTTCTTG	ATCAACGTCC	CGTCACGCGA	CACCGGGCGA	1140
ATCCAGGAAT	CTCACATCGT	TTTTATTTCAT	GCGATCTCCG	AACATGTCGA	ACACGCGCTT	1200
TTCCGCGCTC	GCCAATAGGA	AAGCCGATCC	TTACGCGGCC	ATTCGAAAGA	TGGTCGCGGA	1260
ACGTGCGGGA	CACCAATGGT	GTCTCTTCCT	CGATAGAGAC	GGGGTCATCA	ATCGACAAGT	1320
GGTCCGCGAC	TACGTACGGA	ACTGGCGGCA	GTTTGAATGG	TTGCCCGGGG	CGGCGCGGGC	1380
GTTGAAGAAG	CTACGGGCAT	GGGCTCCGTA	CATCGTTGTC	GTGACAAACC	AGCAGGGCGT	1440
GGGTGCCGGA	TTGATGAGCG	CCGTCGACGT	GATGGTGATA	CATCGGCACC	TCCAAATGCA	1500
GCTTGCATCC	GATGGCGTGC	TGATAGATGG	ATTCAGGTT	TGCCCGCACC	ACCGTTCGCA	1560
GCGGTGTGGC	TGCCGTAAGC	CGAGACCGGG	TCTGGTCTTC	GACTGGCTCG	GACGACACCC	1620
CGACAGTGAG	CCATTGCTGA	GCATCGTGGT	TGGGGACAGC	CTCAGCGATC	TTGACATTGG	1680
CACACAACGT	CGCCGCTGCT	GCCGGTGCAT	GTGCCAGTGT	CCAGATAGGG	GGCGCCAGTT	1740
CTGGCGGTGT	CGCTGACGCG	TCATTTGACT	CGCTCTGGGA	GTTCCGCTGTC	GCAGTCGGAC	1800
ATGCGCGGGG	GGAGCGGGG	TAATGGCGAT	CTTGGCGGG	CGAGCGCCGT	NGCGGNTCGG	1860
ACTNNGCGGT	GGCGGGACAG	ACGTGGAACC	GTAATCGAGC	CAGTT		1905

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:7:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2921 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

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

CGGGATGCCG	TGGTGGTTGG	TATTGCCCAA	ACCCTGGCGC	TGGTCCCCGG	GGTATCCAGG	60
TCCGGGTCGA	CCATCAGCGC	TGGACTGTTT	CTCGGACTCG	ACCGTGAACT	GGCCGCCCGA	120
TTCGGATTCC	TGCTGGCCAT	TCCAGCGGTG	TTCGCCTCCG	GGTTGTTCTC	GTTGCCCGAC	180
GCATTCCACC	CGGTAACCGA	GGGCATGAGC	GCTACTGGCC	CGCAGTTGCT	GGTGGCCACC	240
CTGATCGCGT	TCGTCCCTCG	TCTGACCGCG	GTGGCCTGGC	TGCTGCGGTT	TCTGGTGCGA	300
CACAACATGT	ACTGGTTCGT	CGGCTACCGG	GTGCTCGTCG	GGACGGGCAT	GCTCGTGCTG	360
CTGGCTACCG	GGACGGTAGC	CGCGACATGA	CCGTCATCTT	GCTACGCCAT	GCCCCTTCCA	420
CCTCGAACAC	CGCGGGCGTG	CTGGCCGGCC	GGTCCGGCGT	CGACCTCGAC	GAGAAGGGGC	480
GCGAGCAGGC	CACCGGGTTG	ATCGATCGAA	TTGGTGACCT	GCCGATCCGG	GCGGTCGCGT	540
CTTCTCCAAT	GCTGCGGTGT	CAACGCACCG	TCGAACCGCT	GGCCGAGGCG	CTGTGCCTGG	600
AGCCGCTCAT	CGATGACCGG	TTCTCCGAAG	TCGACTACGG	CGAATGGACT	GGCAGAAAAA	660
TCGGTGACCT	GGTCGACGAG	CCGTTGTGGC	GGGTAGTCCA	GGCCACCCC	AGCGCGGCGG	720
TGTTTCCCGG	CGGTGAGGGT	TTGGCGCAGG	TGCAGACGTG	GTTGTCCTGA	CGGATTTCCA	780
TGCCGGGGAA	CACCAAGACC	GGATCGGCAC	TGGCGGTCCG	CGGCGAAAAC	CCGGCCGCCA	840
ATAGGGCGAC	CGTCGCTCGG	AATGCGCGTG	GTACCAGGCG	GACCACCTTG	AACTCCCATC	900
CGTCGGGGCC	AAGCGCATCG	CCCGCCCGCG	GTTACGGCTA	AGGCGTACCA	AAACCCGACG	960
GTAATACTTC	GGCAATGTCG	GGTCNCGACG	TTACCGAGAC	GTGACCAGNG	AGGCNCGGGC	1020
ATTGGATTTA	TCGATGGTGC	GCGGTTCCCA	NCCCGGCGGT	CCGAANACGT	AGCCAGCCG	1080
ATCCCGCAGA	CGTGTTGCCG	ACCGCCAGTC	ACGCACGATC	GCCACGTACT	CGCGGTCTG	1140
CAGCTTCCAG	ATGTTGAACG	TGTCGACCCG	CTTGGTCAAG	CCATAATGCG	GTCGGAATAG	1200
CTCCGGCTGA	AAGTACCGA	ACAGGCGGTC	CCAGATGATG	AGGATGCCGC	CATAGTTCTT	1260
GTCCANATAC	ACCGGGTCCA	TTCCGTGGTG	GACCCGGTGG	TGCGACGGGG	TATTGAAGAC	1320
GAATTGCAAC	CACCGCGGCA	GCCTGTTCGAT	CCGCTCGGTG	TGCACCCAGA	ACTGGTAGAT	1380
CAAGTTCAGC	GACCAATTGC	AGAACACCAT	CCAAGGGGGA	AGCCCCATCA	GTGGCAGCGG	1440
AACCCACATG	AGAATCTCGC	CGCTGTTGTT	CCANTTTCTG	GCGCAGCGCG	GTGGCGAAGT	1500
TGAAGTATTC	GCTGGAGTGA	TGCGCCTGGT	GGGTAGCCCA	GATCAGCCGA	ACTCGGTGGG	1560
CGATGCGGTG	ATAGGAGTAG	TACAGCAGAT	CGACACCAAC	GATCGCGATC	ACCCAGGTGT	1620
ACCACCGGTG	GGCGGACAGC	TGCCAGGGGG	CAAGGTAGGC	ATAGATTGCG	GCATAACCGA	1680
GCAGGGCAAG	GGACTTCCAG	CCGGCGGTGG	TGGCTATCGA	AACCAGCCCC	ATCGAGATGC	1740
TGGCCACCGA	GTCGCGGGTG	AGGTAAGCGC	CCGAGGCGGG	CCGTGGCTGC	CCGGTAGCAG	1800
CGGTCTCGAT	GCTTTCCAGC	TTGCGGGCCG	CCGTCCATTC	GAGAATCAGC	AGCAATAGAA	1860
AACATGGAAT	GGCGAACAGT	ACGGGTCCC	GCATTTCTC	GGGCAGCGCT	GAGAAGAATC	1920
CGGCGACGGC	ATGGCCGAGG	CGACCTCGNT	AGACACCATG	ACCCAGATGA	ATCAGGCGTT	1980
TCGCAACATC	GTGAACATGC	TGCACGGGGT	GCGTGACGGG	CTGGTTCGCG	ACGCCAACAA	2040

NTACGAACAG	CAAGAGCAGG	CCTCCCAGCA	GATCCTCAGC	AGCTGACCCG	GCCCGACGAC	2100
TCAGGAGGAC	ACATGACCAT	CAACTATCAA	TTCGGGGACG	TCGACGCTCA	CGGCGCCATG	2160
ATCCGCGCTC	AGGCCGGGTC	GCTGGAGGCC	GAGCATCAGG	CCATCATTTC	TGATGTGTTG	2220
ACCGCGAGTG	ACTTTTGGGG	CGGCGCCGGT	TCGGCGGCCT	GCCAGGGGTT	CATTACCCAG	2280
CTGGGCCGTA	ACTTCCAGGT	GATNTACGAG	CAGGCCAACG	CCCACGGGCA	GAAGGTGCAG	2340
GCTGCCGGCA	ACAACATGGC	ACAAACCGAC	AGCGCCGTCG	GCTCCAGCTG	GGCATAAAGN	2400
TGGCTTAAGG	CCCGCGCCGT	CAATTACAAC	GTGGCCGCAC	ACCGGTGGT	GTGTGGCCAC	2460
GTTGTTATCT	GAACGACTAA	CTACTTCGAC	CTGCTAAAGT	CGGCGCGTTG	ATCCCCGGTC	2520
GGATGGTGCT	GAACTGGGAA	GATGGCCTCA	ATGCCCTTGT	TGCGGAAGGG	ATTGAGGCCA	2580
TCGTGTTTCG	TACTTTAGGC	GATCAGTGCT	GGTTGTGGGA	GTCGCTGCTG	CCCGACGAGG	2640
TGCGCCGACT	GCCCCAGGAA	CTGGCCCGGG	TGGACGCATT	GTTGGACGAT	CCGGCGTTCT	2700
TCGCCCCGTT	CGTGCCGTTT	TTCGACCCGC	GCAGGGGCCG	GCCGTCGACG	CCGATGGAGG	2760
TCTATCTGCA	GTTGATGTTT	GTGAAGTCC	GCTACCGGCT	GGGCTATGAG	TCGCTGTGCC	2820
GGGAGGTGGC	TGATTGATC	ACCTGACGGC	GGTTTTGCCG	CATTGCGCTG	GACGGGTCCG	2880
TGCCGCATCC	GACCACATTG	ATGAAGCTCA	CCACGCGTTG	C		2921

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:8:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 1704 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: doble
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

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

CGCGATCGTC	GTCAACGANG	TCGACCGTCA	CCACGGAAGT	ATCAACAAGT	TCGCAGGCCA	60
CGCCGCCCTG	GCCATCTTCG	GAGCCCCGAA	CCGCCTCGAC	CGTCCCGAAG	ACGCCGCGCT	120
GGCCGCCGCC	CGGGCCATAN	CCGANCGGCT	GGCCNACGAG	ATGCCCGAGG	TCCAAGCCGG	180
CATCGGGGTG	GCGCCAGGCC	ANATCGTCGC	CGGCAATGTC	GGCGCCAAGC	AAAGATTENA	240
ATACACAGTG	TCGGCAAGC	CGGTCAACCA	NGCGGCCCGA	TTGTGCGAAC	TGGCCAAATC	300
ACACCCCGCG	CGATTGGGTC	TCGCCCGCTC	GGTTCATGGT	CACCCAATTC	AAGGACTACT	360
TTGGCCTGGC	GCACGACCTG	CCGAAGTGGG	CGAGTGAAGG	CGCCAAAGCC	GCCGGTGAGG	420
CCGCCAAGGC	GTTGCCGGCC	GCCGTCCCGG	CCATTCCGAG	TGCTGGCCTG	AGCGGCGTTG	480
CGGGCGCCGT	CGGTCAGGCG	GCGTCGGTCG	GGGGATTGAA	GGTCCCGCC	GTTTGGACCG	540
CCACGACCCC	GGCGGCGAGC	CCCGCGGTGC	TGGCGGCGTC	CAACGGCCTC	GGAGCCGCGG	600
CCGCCCGCTGA	AGGTTGACACA	CACGCGTTTG	GCGGGATGCC	GCTCATGGGT	ANCGGTGCCG	660
GACGTGCGTT	TAACAACCTC	GCTGCCCTC	GATACGGATT	CAAGCCGACC	GTGATCGCCC	720
AACCGCCGGC	TGGCGGATGA	CCAACACTCGT	TCGTTGATCG	AGGATCGAAT	TCNACGATTC	780
AAAGGGAGGA	ATTCATATGA	CCTCNCGTTT	TATGACGGAT	CCGCACGCNA	TNCGGGACAT	840
GGCGGGCCGT	TTTGAGGTGC	ACGCCCAGAC	GGTGGAGGAC	GAGGCTNGCN	GGATGTGGGC	900
GTCCCGCGAA	AACATTTCCG	GTGCGGGCTG	GAGTGGCATG	GCCGAGGCGA	CCTCGNTAGA	960
CACCATGGCC	CAGATGAATC	AGGCGTTTCN	CAACATCGTG	AACATGCTGC	ACGGGGTGNG	1020
TGACGGGCTG	GTTGCGGACG	CCAACAACCTA	CGAACAGCAA	GAGCAGGCCT	CCCAGCAGAT	1080
CCTCAGCAGC	TGACCCGGCC	CGACGACTCA	GGAGGACACA	TGACCATCAA	CTATCAATTC	1140
GGGGACGTCG	ACGCTCATGG	CGCCATGATC	CGCGCTNTGG	CCGGGTTGCT	GGAGGCCGAG	1200
CATCAGGCCA	TCATTTCTGA	TGTGTTGACC	GCGAGTGACT	TTTGGGGCGG	CGCCGGTTCTG	1260
GCGGCCTGCC	AGGGGTTTCAT	TACCCAGTTG	GGCCGTAACCT	TCCAGGTGAT	TTACGAGCAG	1320
GCCAACGCC	ACGGGCAGAA	GGTGCAGGCT	GCCGGCAACA	ACATGGCACA	AACCGACAGC	1380
GCCGTNGGNT	CCAGTGGGCT	CTAACCCGGG	TCNTAAGTTG	GGTCCGCGCA	GGGCGGGCCG	1440
ATCAGCGTNG	ACTTTGGCGC	CGGATACACG	GGCATNTTNT	NGTCGGGAAC	ACTGCGCCCG	1500
CGTCAGNTGC	CCGCTTCCCC	TTGTTNGGCG	ACGTTGCTCG	TGATGGCTTT	GACGACCGCT	1560
TCGCCGGCGC	GGCCAATCAA	TTGGTTCGCG	TTGCCNTAG	CCCATTCTGT	CGACGCCCGC	1620
GGCGCCGCGA	GTTGTCCCTT	GAAATAAGGA	ATCACAGCAC	GGGCGAACAG	CTCATAGGAG	1680
TGAAAGGTTG	CCGTGGCGGG	GCCC				1704

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:9:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 2286 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:9:

```

CCGTCTTGGC GTCTGGGCGC ATTGTGATCT GGGCCANTTG CCCCTCCACC CAGACCGCGC      60
CCAGCTTGTC GATCCAGCCC GCGACCCGGA TTGCCACCGC GCGAACCGGG AACGGATTCT      120
CCGCTGAATT CTGGGTCACT TCGCAGTCGC GCGGGTGATC CTGTTGGCGA NCAGCGTCTG      180
GAACGGGCGT CNAACGCGTG CCGTAAGCCC AGCGTGTACG CCGTCAGCCC GACGCCGATG      240
CCGAATGCCT TGCCGCCCAA GCTGAGCCGC GCGGGCTCCA CCAAGAGCGT CACGGTGAGC      300
CAGCCAACCA GATGCAAGGC GACGATCACC GCGAAGTGCC GAATTCGGCA CGAGAGGTGC      360
TGGAAATCCA GCAATACGCC CGCGAGCCGA TCTCGTTGGA CCAGACCATC GGCAGCGANG      420
GCGACAGNCA GCTTGCGGAT TTCATCGAAA ACAGCGAGGC GGTGGTGGNC GTCGACGCGG      480
TGTCC TTCAC TTTGCTGCAT GATCAACTGC ANTCGGTGCT GGACACGCTC TCCGAGCGTG      540
AGGCGGGCGT GGTGCGGCTA CGCTTCGGCC TTACCAGCGG CCAGCCGCGC ACCCTTGACG      600
AGATCGGCCA GGTCTACGGC GTGACCCGGG AACGCATCCG CCAGATCGAA TCCAAGACTA      660
TGTCGAAGTT GCGCCATCCG AGCCGCTCAC AGGTCTTCGC CGACTATCGT GCCGAATTCG      720
GCACGAGCCG TTTTGAGGTG CACGCCCAGA CGAGTGAGGA CAGAGCTCGC CGGATGTGGG      780
CGTCCGCGCA AAACATTTCC GGTGCGGGCT GGAGTGGCAT GGCCGANGCG ACCTCGCTAG      840
ACACCATGGC CCAGATGAAT CAGGCGTTTC GCAACATCGT GAACATGCTG CACGGGGTGC      900
GTGACGGGCT GGTTCGCGAC GCCAACAACT ACGAACAGCA AGAGCAGGCC TCCCAGCAGA      960
TCCTCAGCAG CTGACCCGGC CCGACGACTC AGGAGGACAC ATGACCATCA ACTATCAATT     1020
CGGGGACGTC GACGCTCATG GCGCCATGAT CCGCGCTCTG GCCGGGTTGC TGGAGCCGA      1080
GCATCAGGCC ATCATTTCTG ATGTGTTGAC CGCGAGTGAC TTTTGGGGCG GCGCCGGTTC      1140
GGCGGCCTGC CAGGGGTTCA TTACCAGTT GGGCCGTAAC TTCCAGGTGA TCTACGAGCA      1200
GGCCAACGCC CACGGGCAGA AGGTGCAGGC TGCCGGCAAC AACATGGCAC AAACCGACAG      1260
CGCCGTCCGC TCCAGTTGGG CCTAACCCGG GTCCTAAGTT GGGTCCGCGC AGGGCGGGCC      1320
GATCAGCGTC GACTTTGGCG CCCGATACAC CGGCATGTNG TNGTCGGGAA CACTGCGCCC      1380
GCGTCAGCTG CCCGCTTCCC CTTGTTGCGC GACGTGCTCG GTGATGGCTT TGACGACCGC      1440
TTCGCCGGCG CGGCCAATCA ATTGGTCGCG CTTGCCTCTA GCCTCGTGCC GAATTCGGCA      1500
CGAGGGTGCT GGTGCCGCGC TATCGGCAGC ACGTGAGCTC CACGACGAAC TCATCCAGT      1560
GCTGGGTTCC GCGGAGTTCG GCATCGGCGT GTCGGCCGGA AGGGCCATCG CCGGCCACAT      1620
CGGCGCTCAA GCCCGCTTCG AGTACACCGT CATCGGCGAC CCGTCAACG AGGCCGCCC      1680
GCTCACCGAA CTGGCCAAAG TCGAGGATGG CCACGTCTG GCGTCGGCGA TCGCGGTCAG      1740
TGGCGCCCTG GACGCCGAAG CATTGTGTTG GGATGTTGGC GAGGTGGTTG AGCTCCGCGG      1800
ACGTGCTGCA CCCACCCAAC TAGCCAGGCC AATGAATNTG GCNGCACCCG AAGAGGTTTC      1860
CAGCGAAGTA CGCGGCTAGT CGCGCTTGGC TGCNTTCTTC GCCGGCACCT TCCGGGCAGC      1920
TTTCCTGGCT GGCCGTTTTG CCGGACCCCG GGTGCGGCGA TCGGCCAACA GCTCGGCGGC      1980
GCGCTCGTCG GTTATGGAAG CCACGTNGTC GCCCTTACGC AGGCTGGCAT TGGTCTCACC      2040
GTCGGTGACG TACGGCCCGA ATCGGCCGTC CTTGATGACC ATTGGCTTGC CAGACGCCGG      2100
ATNTGNTCCC AGCTCGCGCA GCGGCGGAGC CGAAGCGCTT TGCCGGCCAC GACNTTTCGG      2160
CTCTGNGTAG ATNTTCAGGG CTTGTCGAG CGNGATGGTG AATATATGGT CTTGCGGTGAC      2220
CAGTGATCGA GAATCGTTGC CGCGCTTAG ATACGGTCNG TAGCGCCCGT TCTGCGCGGT      2280
GATNTC
    
```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:10:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 1136 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

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

GGGCATCTTC	CCCGACCGCG	CCTCGATCAT	CCGCCTCGTC	GGAGCCGTCC	TCGCCGAACA	60
ACACGACGAA	TGGATCGAAG	GACGCGCCTA	CCTGGGCCTC	GAGGTCCTCA	CCCGAGCCCG	120
AGCAGCACTG	ACCAGCACCG	AAGAACCGCC	AAGCAGCAAA	CCACCAACAC	CCCAGCACTG	180
ACCACCTAGA	CTGCCACCCG	AAGGATCACG	CGAGGAACCT	TCACTCGTAC	ACCACGTCCC	240
TGGCCTTGGC	CTGGTGTGAG	GCCCAGCTGG	AGCCGACGGC	GCTGTGCGTT	TGCGCCATGT	300
TGTTGCCGGC	AGCCTGCACC	TTCTGCCCGT	GGGCGTTGGC	CTGCTCGTAG	ATCACCTGGA	360
AGTTACGGCC	CAACTGGGTA	ATGAACCCCT	GGCAGGCCGC	CGAACCGGCG	CCGCCCAAA	420
AGTCACTCGC	GGTCAACACA	TCACGAATGA	TGGCCTGATG	CTCGGCCTCC	AGCAACCCGG	480
CCTGAGCGCG	GATCATGGCG	CCGTGAGCGT	CGACATCACC	GAAGTATGAT	TTGATGGTCA	540
TCGAACCTGT	TCTCCTTCGC	TTGTAAAAGT	ATTGTGCTGC	AGCGGCTGAC	GTTAGCTGCT	600
GAGGATCTGC	TGGGAGGCCT	GCTCTGCCT	CGTGCCGAAT	TCGGCACGAG	AGGCCGCCTT	660
CGAAGAAATC	CTTTGAGAAT	TCGCCAAGGC	CGTCGACCCA	GCATGGGGTC	AGCTCGCCAG	720
CCGCGCCGGC	TGGCAACCGT	TCCCGCTCGA	GAAAGACCTG	GAGGAATACC	AGTGACAAAC	780
GACCTCCCAG	ACGTCCGAGA	GCGTGACGGC	GGTCCACGTC	CCGCTCCTCC	TGCTGGCGGG	840
CCACGCTTGT	CAGACGTGTG	GGTTTACAAC	GGGCGGGCGT	ACGACCTGAG	TGAGTGGATT	900
TCCAAGCATC	CCGGCGGCGC	CTTNTTCATT	GGGCGGACCA	AGAACCGCGA	CATCACCGCA	960
ATCGTCAAGT	CCTACCATCG	TGATCCGGCG	ATTGTGAGC	GAATCCTGCA	GCGGAGGTAC	1020
GCGTTGGGCC	GCGACGCAAC	CCCTAGGGAC	ATCCACCCA	AGCACATGC	ACCGGCATTT	1080
CTGTTCAAAG	ACGACTTCAA	CAGCTGGCGG	GACACCCCGA	AGTATCGATT	NGACGA	1136

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:11:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 967 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: doble

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

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

TGAGCGCCAA	CCCTACCGTC	GGTTCGTAC	ACGGACCGCA	TGGCCTGCTC	CGCGGACTGC	60
CGCTAGGGTC	GCGGATCACT	CGGCGTAGCG	GCGCCTTTGC	CCACCGATAT	GGGTTCCGTC	120
ACAGTGTGGT	TGCCCCCCCG	CCATCGGCCG	GATAACGCCA	TGACCTCAGC	TCGGCAGAAA	180
TGACAATGCT	CCCAAAGCG	TGAGCACCCG	AAGACAATA	AGCAGGAGAT	CGCATGCCGT	240
TTGTGACTAC	CCAACCAGAA	GCACTGGCGG	CGGCGCCCGG	CAGTCTGCAG	GGAATCGGCT	300
CCGCATTGAA	CGCCCAGAA	GCGGCTGCGG	CGACTCCCAC	GACGGGGGTG	GTCCGGCGGC	360
CGCCGATGAA	NTGTCCGGCG	TGACGGCGGC	TCAGTTCGCG	GCACACGCCC	AGATCTATCA	420
GGCCGTCAGC	GCCCAGGCCG	CGGCGATTCA	CGAGATGTTT	GTCAACTCTC	TACAGATGAG	480
CTCAGGGTCG	TATGCTGCTA	CCGAGGCCGC	CAACGCGGCC	GCGGCCGNT	AGAGGAGTCA	540
CTGCGATGGA	TTTTGGGGCG	TTGCCGCGG	AGGTCAATTC	GGTCCGGATG	TATGCCGTTT	600
CTGGCTCGGC	ACCAATGGTC	GCTGCGGCGT	CGGCCTGGAA	CGGGTTGGCC	GCGGAGCTGA	660
GTTCCGGCGC	CACCGGTTAT	GAGACGGTGA	TCACTCAGCT	CAGCAGTGAG	GGGTGGCTAG	720
GTCCGGCGTC	AGCGGCGATG	GCCGAGGCAG	TTGCGCCGTA	TGTGGCGTGG	ATGAGTGCCG	780
CTGCGGCGCA	AGCCGAGCAG	GCGGCCACAC	AGGCCAGGGC	CGCCGCGGCC	GCTTTTGAGG	840
CGGCGTTTGC	CGCGACGGTG	CCTCCGCGGT	TGATCGCGGC	CAACCGGGCT	TCGTTGATGC	900
AGCTGATCTC	GACGAATGTC	TTTGCTCAGA	ACACCTCGGC	GATCGCGGCC	GCCGAAGCTC	960
AGTACGG						967

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:12:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 585 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: doble
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADN (genómico)

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:12:

TGGATTCCGA	TAGCGGTTTC	GGCCCCTCGA	CGGGCGACCA	CGGCGCGCAG	GCCTCCGAAC	60
GGGGGGCCGG	GACGCTGGGA	TTCGCCGGGA	CCGCAACCAA	AGAACGCCGG	GTCCGGGCGG	120
TCGGGCTGAC	CGCACTGGCC	GGTGATGAGT	TCGGCAACGG	CCCCGGATG	CCGATGGTGC	180
CGGGGACCTG	GGAGCAGGGC	AGCAACGAGC	CCGAGGCGCC	CGACGGATCG	GGGAGAGGGG	240
GAGGCGACGG	CTTACCGCAC	GACAGCAAGT	AACCGAATTC	CGAATCACGT	GGACCCGTAC	300
GGGTCGAAAG	GAGAGATGTT	ATGAGCCTTT	TGGATGCTCA	TATCCCACAG	TTGGTGGCCT	360
CCCAGTCGGC	GTTTGCCGCC	AAGGCGGGC	TGATGCGGCA	CACGATCGGT	CAGGCCGAGC	420
AGGCGGCGAT	GTCGGCTCAG	GCGTTTCACC	AGGGGGAGTC	GTCGGCGGCG	TTTCAGGCCG	480
CCCATGCCCG	GTTTGTGGCG	GCGGCCGCCA	AAGTCAACAC	CTTGTTGGAT	GTCGCGCAGG	540
CGAATCTGGG	TGAGGCCGCC	GGTACCTATG	TGGCCGCCGA	TGCTG		585

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:13:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 144 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:13:

```

Ala Leu Val Thr Thr Asn Phe Phe Gly Val Asn Thr Ile Pro Ile Ala
1          5          10          15
Leu Asn Glu Ala Asp Tyr Leu Arg Met Trp Ile Gln Ala Ala Thr Val
          20          25          30
Met Ser His Tyr Gln Ala Val Ala His Glu Ile Trp Cys Leu His Glu
          35          40          45
Xaa Ala Ser Ser Gly Lys Pro Trp Ala Ser Ile Thr Thr Gly Ala Pro
          50          55          60
Gly Ser Pro Ala Ser Thr Thr Arg Ser Arg Thr Pro Leu Val Ser Thr
65          70          75          80
Asn Arg Xaa Val Xaa Ala Pro Ile Val Ser Pro Asn His Thr Gly His
          85          90          95
Arg Pro Glu Lys Gly Leu Gly Ser Xaa Gln Arg Arg Leu Ser Arg Val
          100          105          110
Leu Pro Arg Ile Ile Asp Arg Pro Ala Gly Pro Xaa Gly Pro Pro Leu
          115          120          125
Thr Ser Gly Ser His Phe Leu Cys Ser Trp His Gly Tyr Ser Ser Gln
130          135          140

```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:14:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 352 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO: 14:

```

His Ala Leu Ala Ala Gln Tyr Thr Glu Ile Ala Thr Glu Leu Ala Ser
1          5          10          15
Val Leu Ala Ala Val Gln Ala Ser Ser Trp Gln Gly Pro Ser Ala Asp
          20          25          30
Arg Phe Val Val Ala His Gln Pro Phe Arg Tyr Trp Leu Thr His Ala
          35          40          45
Ala Thr Val Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala His Xaa Thr Ala Ala Ala
          50          55          60
Gly Tyr Thr Ser Ala Leu Gly Gly Met Pro Thr Leu Ala Glu Leu Ala
65          70          75          80
Ala Asn His Ala Met His Gly Ala Leu Val Thr Thr Asn Phe Phe Gly
          85          90          95
Val Asn Thr Ile Pro Ile Ala Leu Asn Glu Ala Asp Tyr Leu Arg Met
          100          105          110
Trp Ile Gln Ala Ala Thr Val Met Ser His Tyr Gln Ala Val Ala His
          115          120          125

```


Glu Ser Val Ala Ala Thr Pro Ser Thr Pro Pro Ala Pro Gln Ile Val
 130 135 140
 Thr Ser Ala Ala Ser Ser Ala Ala Ser Ser Ser Phe Pro Asp Pro Thr
 145 150 155 160
 Lys Leu Ile Leu Gln Leu Leu Lys Asp Phe Leu Glu Leu Leu Arg Tyr
 165 170 175
 Leu Ala Val Glu Leu Leu Pro Gly Pro Leu Gly Asp Leu Ile Ala Gln
 180 185 190
 Val Leu Asp Trp Phe Ile Ser Phe Val Ser Gly Pro Val Phe Thr Phe
 195 200 205
 Leu Ala Tyr Leu Val Leu Asp Pro Leu Ile Tyr Phe Gly Pro Phe Ala
 210 215 220
 Pro Leu Thr Ser Pro Val Leu Leu Pro Ala Val Glu Leu Arg Asn Arg
 225 230 235 240
 Leu Lys Thr Ala Thr Gly Leu Thr Leu Pro Pro Thr Val Ile Phe Asp
 245 250 255
 His Pro Thr Pro Thr Ala Val Ala Glu Tyr Val Ala Gln Gln Met Ser
 260 265 270
 Gly Ser Arg Pro Thr Glu Ser Gly Asp Pro Thr Ser Gln Val Val Glu
 275 280 285
 Pro Ala Arg Ala Glu Phe Gly Thr Ser Ala Val His Gln Ile Pro Pro
 290 295 300
 Arg Pro Ala Asp Thr Arg Arg Ala Cys Arg His Arg Asp Asp Val Pro
 305 310 315 320
 Arg Asp Ser Arg Ile Ala Gln His Arg Asp Gly Ala Gly Leu Asp Pro
 325 330 335
 Thr Glu Arg Gly Thr Ser Glu Gly Asp Gln Gly Leu Val Ser Gly Trp
 340 345 350

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:15:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 141 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:15:

Met Asp Phe Gly Ala Leu Pro Pro Glu Val Asn Ser Val Arg Met Tyr
 1 5 10 15
 Ala Val Pro Gly Ser Ala Pro Met Val Ala Ala Ala Ser Ala Trp Asn
 20 25 30
 Gly Leu Ala Ala Glu Leu Ser Ser Ala Ala Thr Gly Tyr Glu Thr Val
 35 40 45
 Ile Thr Gln Leu Ser Ser Glu Gly Trp Leu Gly Pro Ala Ser Ala Ala
 50 55 60
 Met Ala Glu Ala Val Ala Pro Tyr Val Ala Trp Met Ser Ala Ala Ala
 65 70 75 80
 Ala Gln Ala Glu Gln Ala Ala Thr Gln Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala

ES 2 445 209 T3

```

                85                90                95
Phe Glu Ala Ala Phe Ala Ala Thr Val Pro Pro Pro Leu Ile Ala Ala
                100                105                110
Asn Arg Ala Ser Leu Met Gln Leu Ile Ser Thr Asn Val Phe Gly Gln
                115                120                125
Asn Thr Ser Ala Ile Ala Ala Ala Glu Ala Gln Tyr Gly
                130                135                140

```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:16:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 58 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

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

```

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

```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:17:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 67 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

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

```

Met Thr Ile Asn Tyr Gln Phe Gly Asp Val Asp Ala His Gly Ala Met
1          5          10          15
Ile Arg Ala Gln Ala Ala Ser Leu Glu Ala Glu His Gln Ala Ile Val
          20          25          30
Arg Asp Val Leu Ala Ala Gly Asp Phe Trp Gly Gly Ala Gly Ser Val
          35          40          45
Ala Cys Gln Glu Phe Ile Thr Gln Leu Gly Arg Asn Phe Gln Val Ile
          50          55          60
Tyr Glu Gln
65

```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:18:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 58 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:18:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:19:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 94 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:19

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:20:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 30 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:20:

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:21:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 94 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:21:

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:22:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 69 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:22:

Ala Arg Arg Met Trp Ala Ser Ala Gln Asn Ile Ser Gly Ala Gly Trp
 1 5 10 15
 Ser Gly Met Ala Glu Ala Thr Ser Leu Asp Thr Met Ala Gln Met Asn
 20 25 30
 Gln Ala Phe Arg Asn Ile Val Asn Met Leu His Gly Val Arg Asp Gly
 35 40 45
 Leu Val Arg Asp Ala Asn Asn Tyr Glu Gln Gln Glu Gln Ala Ser Gln
 50 55 60
 Gln Ile Leu Ser Ser
 65

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:23:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 94 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:23:

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:24:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 52 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:24:

Gly Met Ala Glu Ala Thr Ser Xaa Asp Thr Met Thr Gln Met Asn Gln
 1 5 10 15
 Ala Phe Arg Asn Ile Val Asn Met Leu His Gly Val Arg Asp Gly Leu
 20 25 30
 Val Arg Asp Ala Asn Xaa Tyr Glu Gln Gln Glu Gln Ala Ser Gln Gln
 35 40 45
 Ile Leu Ser Ser
 50

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:25:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 94 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:25:

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:26:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 98 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:26:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:27:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 94 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:27:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:28:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 81 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:28:

```

Arg Phe Glu Val His Ala Gln Thr Val Glu Asp Glu Ala Arg Arg Met
1           5           10           15
Trp Ala Ser Ala Gln Asn Ile Ser Gly Ala Gly Trp Ser Gly Met Ala
          20           25           30
Xaa Ala Thr Ser Leu Asp Thr Met Ala Gln Met Asn Gln Ala Phe Arg
          35           40           45
Asn Ile Val Asn Met Leu His Gly Val Arg Asp Gly Leu Val Arg Asp
          50           55           60
Ala Asn Asn Tyr Glu Gln Gln Glu Gln Ala Ser Gln Gln Ile Leu Ser
65           70           75           80
Ser
    
```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:29:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 94 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:29:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:30:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 11 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:30:

```

Gln Glu Gln Ala Ser Gln Gln Ile Leu Ser Ser
1           5           10
    
```


(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:31:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 94 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:31:

```

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

2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO: 32:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 99 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:32:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:33:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 99 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:33:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:34:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:34:

```

Asp Pro His Ala Met Arg Asp Met Ala Gly Arg Phe Glu Val His
1          5          10          15
    
```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:35:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:35:

Arg	Asp	Met	Ala	Gly	Arg	Phe	Glu	Val	His	Ala	Gln	Thr	Val	Glu
1				5					10					15

2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:36:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:36:

Arg	Phe	Glu	Val	His	Ala	Gln	Thr	Val	Glu	Asp	Glu	Ala	Arg	Arg
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:37:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:37:

Ala	Gln	Thr	Val	Glu	Asp	Glu	Ala	Arg	Arg	Met	Trp	Ala	Ser	Ala
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:38:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:38:

Asp Glu Ala Arg Arg Met Trp Ala Ser Ala Gln Asn Ile Ser Gly
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:39:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:39:

Met Trp Ala Ser Ala Gln Asn Ile Ser Gly Ala Gly Trp Ser Gly
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:40:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:40:

Gln Asn Ile Ser Gly Ala Gly Trp Ser Gly Met Ala Glu Ala Thr
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:41:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 16 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:41:

Ala Gly Trp Ser Gly Met Ala Glu Ala Thr Ser Leu Asp Thr Met Thr
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:42:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:42:

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:42:

Met Ala Glu Ala Thr Ser Leu Asp Thr Met Ala Gln Met Asn Gln
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:43:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:43:

Ser Leu Asp Thr Met Ala Gln Met Asn Gln Ala Phe Arg Asn Ile
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:44:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD: 15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:44:

Ala Gln Met Asn Gln Ala Phe Arg Asn Ile Val Asn Met Leu His
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:45:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD: 15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:45:

Ala Phe Arg Asn Ile Val Asn Met Leu His Gly Val Arg Asp Gly
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:46:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:45:

Ala Phe Arg Asn Ile Val Asn Met Leu His Gly Val Arg Asp Gly
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:47:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:47:

Gly	Val	Arg	Asp	Gly	Leu	Val	Arg	Asp	Ala	Asn	Asn	Tyr	Glu	Gln
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:48:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:48:

Leu	Val	Arg	Asp	Ala	Asn	Asn	Tyr	Glu	Gln	Gln	Glu	Gln	Ala	Ser
1				5				10						15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:49:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:16 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:49:

Asn	Asn	Tyr	Glu	Gln	Gln	Glu	Gln	Ala	Ser	Gln	Gln	Ile	Leu	Ser	Ser
1				5				10						15	

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:50:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:17 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:50:

Met Ala Ser Arg Phe Met Thr Asp Pro His Ala Met Arg Asp Met Ala
 1 5 10 15
 Gly

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:51:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:51:

Met Thr Ile Asn Tyr Gln Phe Gly Asp Val Asp Ala His Gly Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:52:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:52:

Gln Phe Gly Asp Val Asp Ala His Gly Ala Met Ile Arg Ala Gln
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:53:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:53:

ES 2 445 209 T3

Asp Ala His Gly Ala Met Ile Arg Ala Gln Ala Ala Ser Leu Glu
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:54:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:54:

Met Ile Arg Ala Gln Ala Ala Ser Leu Glu Ala Glu His Gln Ala
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:55:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:55:

Ala Ala Ser Leu Glu Ala Glu His Gln Ala Ile Val Arg Asp Val
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:56:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:56:

Ala Glu His Gln Ala Ile Val Arg Asp Val Leu Ala Ala Gly Asp
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:57:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:57:

Ile	Val	Arg	Asp	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Asp	Phe	Trp	Gly	Gly	Ala
1				5				10					15	

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:58:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:16 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:58:

Leu	Ala	Ala	Gly	Asp	Phe	Trp	Gly	Gly	Ala	Gly	Ser	Val	Ala	Cys	Gln
1				5				10						15	

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:59:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:59:

Phe	Trp	Gly	Gly	Ala	Gly	Ser	Val	Ala	Cys	Gln	Glu	Phe	Ile	Thr
1				5				10					15	

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:60:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:60:

Gly	Ser	Val	Ala	Cys	Gln	Glu	Phe	Ile	Thr	Gln	Leu	Gly	Arg	Asn
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:61:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:18 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:61:

Gly	Ser	Val	Ala	Cys	Gln	Glu	Phe	Ile	Thr	Gln	Leu	Gly	Arg	Asn
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:62:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:62:

Arg	Asn	Phe	Gln	Val	Ile	Tyr	Glu	Gln	Ala	Asn	Ala	His	Gly	Gln
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:63:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:63:

Ile	Tyr	Glu	Gln	Ala	Asn	Ala	His	Gly	Gln	Lys	Val	Gln	Ala	Ala
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:64:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:64:

Asn	Ala	His	Gly	Gln	Lys	Val	Gln	Ala	Ala	Gly	Asn	Asn	Met	Ala
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:65:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:65:

Lys	Val	Gln	Ala	Ala	Gly	Asn	Asn	Met	Ala	Gln	Thr	Asp	Ser	Ala
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:66:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:16 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:66:

Gly Asn Asn Met Ala Gln Thr Asp Ser Ala Val Gly Ser Ser Trp Ala
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:67:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:67:

Asp Ala His Gly Ala Met Ile Arg Ala Leu Ala Gly Leu Leu Glu
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:68:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:68:

Asp Ala His Gly Ala Met Ile Arg Ala Gln Ala Gly Leu Leu Glu
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:69:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:69:

Met	Ile	Arg	Ala	Leu	Ala	Gly	Leu	Leu	Glu	Ala	Glu	His	Gln	Ala
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:70:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:70:

Met	Ile	Arg	Ala	Gln	Ala	Gly	Leu	Leu	Glu	Ala	Glu	His	Gln	Ala
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:71:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:71:

Ala	Gly	Leu	Leu	Glu	Ala	Glu	His	Gln	Ala	Ile	Ile	Ser	Asp	Val
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:72:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:72:

Ala	Gly	Leu	Leu	Glu	Ala	Glu	His	Gln	Ala	Ile	Ile	Arg	Asp	Val
1			5						10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:73:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:73:

Ala	Glu	His	Gln	Ala	Ile	Ile	Ser	Asp	Val	Leu	Thr	Ala	Ser	Asp
1			5						10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:74::

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:74:

Ala	Glu	His	Gln	Ala	Ile	Ile	Arg	Asp	Val	Leu	Thr	Ala	Ser	Asp
1			5						10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:75:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:75:

Ile Ile Ser Asp Val Leu Thr Ala Ser Asp Phe Trp Gly Gly Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:76:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:76:

Ile Ile Arg Asp Val Leu Thr Ala Ser Asp Phe Trp Gly Gly Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:77: (2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:76:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:77:

Leu Thr Ala Ser Asp Phe Trp Gly Gly Ala Gly Ser Ala Ala Cys Gln
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:78:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:78:

Phe	Trp	Gly	Gly	Ala	Gly	Ser	Ala	Ala	Cys	Gln	Gly	Phe	Ile	Thr
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:79:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:79:

Gly	Ser	Ala	Ala	Cys	Gln	Gly	Phe	Ile	Thr	Gln	Leu	Gly	Arg	Asn
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:80: (2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:79:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:80:

Gln	Gly	Phe	Ile	Thr	Gln	Leu	Gly	Arg	Asn	Phe	Gln	Val	Ile	Tyr
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:81:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:81:

Val Thr Thr Asn Phe Phe Gly Val Asn Thr Ile Pro Ile Ala Leu Asn
 1 5 10 15
 Glu Ala Asp Tyr Leu Arg Met Trp Ile
 20 25

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:82:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:82:

Asn Glu Ala Asp Tyr Leu Arg Met Trp Ile Gln Ala Ala Thr Val Met
 1 5 10 15
 Ser His Tyr Gln Ala Val Ala His Glu
 20 25

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:83:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

- (A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:83:

TGAGCGCAA CCCTACCGTC GGTTCGTCAC ACGGACCGCA TGGCCTGCTC CGCGGACTGC 60
 CGCTAGGGTC GCGGATCACT CGGCGTAGCG GCGCCTTTGC CCACCGATAT GGGTTCCGTC 120
 ACAGTGTGGT TGCCCGCCCC CCATCGGCCG GATAACGCCA TGACCTCAGC TCGGCAGAAA 180
 TGACAATGCT CCCAAAGGCG TGAGCACCCG AAGACAAC TA AGCAGGAGAT CGCATGCCGT 240
 TTGTGACTAC CCAACCAGAA GCACTGGCGG CGGCGGCCGG CAGTCTGCAG GGAATCGGCT 300
 CCGCATTGAA CGCCAGAAT GCGGCTGCGG CGACTCCCAC GACGGGGGTG GTCCGGCGGC 360
 CGCCGATGAA NTGTCGGCGC TGACGGCGGC TCAGTTCGCG GCACACGCCC AGATCTATCA 420
 GGCCGTCAGC GCCCAGGCCG CGGCGATTCA CGAGATGTTT GTCAACACTC TACAGATGAG 480
 CTCAGGGTGC TATGCTGCTA CCGAGGCCCG CAACGCGGCC GCGGCCGNT AGAGGAGTCA 540
 CTGCGATGGA TTTTGGGGCG TTGCCGCCGG AGGTCAATTC GGTGCGGATG TATGCCGTTT 600
 CTGGCTCGGC ACCAATGGTC GCTGCGGCGT CGGCCTGGAA CGGGTTGGCC GCGGAGCTGA 660
 GTTCGGCGGC CACCGTTTAT GAGACGGTGA TCACTCAGCT CAGCAGTGAG GGGTGGCTAG 720
 GTCCGGCGTC AGCGGCGATG GCCGAGGCAG TTGCCCGTA TGTGGCGTGG ATGAGTGCCG 780
 CTGCGCGCA AGCCGAGCAG GCGGCCACAG AGGCCAGGGC CGCCCGGCC GCTTTTGAGG 840
 CGGCGTTTGC CCGCAGGTTG CCTCCGCCGT TGATCGCGGC CAACCGGGCT TCGTTGATGC 900
 AGCTGATCTC GACGAATGTC TTTGGTCAGA ACACCTCGGC GATCGCGGCC GCCGAAGCTC 960
 AGTACGG 967

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:84:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:84:

Met Ser Phe Val Thr Thr Gln Pro Glu Ala Leu Ala Ala Ala Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:85:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:85:

Thr Gln Pro Glu Ala Leu Ala Ala Ala Ala Ala Asn Leu Gln Gly
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:86:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:86:

Leu Ala Ala Ala Ala Ala Asn Leu Gln Gly Ile Gly Thr Thr Met
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:87:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:87:

Ala	Asn	Leu	Gln	Gly	Ile	Gly	Thr	Thr	Met	Asn	Ala	Gln	Asn	Ala
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:88:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(vi) FUENTE ORIGINAL:

(A) ORGANISMO: Mycobacterium tuberculosis

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:88:

Ile	Gly	Thr	Thr	Met	Asn	Ala	Gln	Asn	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Pro
1				5				10						15

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:89:

Asn	Ala	Gln	Asn	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Pro	Thr	Thr	Gly	Val	Val
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:90:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:90:

Ala	Ala	Ala	Ala	Pro	Thr	Thr	Gly	Val	Val	Pro	Ala	Ala	Ala	Asp
1				5					10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:91:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos

- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:91:

Thr	Thr	Gly	Val	Val	Pro	Ala	Ala	Ala	Ala	Asp	Glu	Val	Ser	Ala	Leu
1				5						10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:92:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:91:

Thr	Thr	Gly	Val	Val	Pro	Ala	Ala	Ala	Ala	Asp	Glu	Val	Ser	Ala	Leu
1				5						10					15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:93:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:93:

Glu	Val	Ser	Ala	Leu	Thr	Ala	Ala	Gln	Phe	Ala	Ala	His	Ala	Gln
1				5				10						15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:94:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:94:

Thr	Ala	Ala	Gln	Phe	Ala	Ala	His	Ala	Gln	Met	Tyr	Gln	Thr	Val
1				5				10						15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:95:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:95:

Ala Ala His Ala Gln Met Tyr Gln Thr Val Ser Ala Gln Ala Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:96:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:16 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:96:

Met Tyr Gln Thr Val Ser Ala Gln Ala Ala Ala Ile His Glu Met Phe
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:97:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:97:

Ser Ala Gln Ala Ala Ala Ile His Glu Met Phe Val Asn Thr Leu
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:98:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:98:

Ala Ile His Glu Met Phe Val Asn Thr Leu Val Ala Ser Ser Gly
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:99:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:99:

Phe Val Asn Thr Leu Val Ala Ser Ser Gly Ser Tyr Ala Ala Thr
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:100:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:100:

Val Ala Ser Ser Gly Ser Tyr Ala Ala Thr Glu Ala Ala Asn Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:101:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:14 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:101:

Ser Tyr Ala Ala Thr Glu Ala Ala Asn Ala Ala Ala Ala Gly
 1 5 10

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:102:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:1784 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:102:

ATTCGTTTCCT	GCCGCAGCTA	AATCCCAGGG	ACATCGTCGC	CGGCCAGTAC	GAGGTCAAAG	60
GCTGCATCGC	GCACGGCAGG	CTGGGCTGGA	TCTACCTCGC	TCTCGACCGC	AATGTCAAACG	120
GCCGTCCGGT	GGTGCTCAAG	GGCCTGGTGC	ATTCCGGTGA	TGCCGAAGCG	CAGGCAATGG	180
CGATGGCCGA	ACGCCAGTTC	CTGGCCGAGG	TGGTGCACCC	GTCGATCGTG	CAGATCTTCA	240
ACTTTGTCGA	GCACACCGAC	AGGCACGGGG	ATCCGGTCCG	CTACATCGTG	ATGGAATACG	300
TCGGCGGGCA	ATCGCTCAAA	CGCAGCAAGG	GTCANAAACT	GCCCGTCGCG	GAGGCCATCG	360
CCTACCTGCT	GGAGATCCTG	CCGGCGCTGA	GCTACCTGCA	TCCCATCGGC	TTGGTCTACA	420
ACGACCTGAA	GCCGAAAAC	ATCATGCTGA	CCGAGGAACA	GCTCAAGCTG	ATCGACCTGG	480
GCGCGGTATC	GCGGATCAAC	TCGTTCCGGCT	ACCTCTACGG	GACCCAGGC	TTCCAGGCGC	540
CCGAGATCGT	GCGGACCGGT	CCGACGGTGG	CCACCGACAT	CTACACCGTG	GGACGCACGC	600
TCGCGGCGCT	CACGCTGGAC	CTGCCACCC	GCAATGGCCG	TTATGTGGAT	GGGTACCCG	660
AAGACGACCC	GGTGCTGAAA	ACCTACGACT	CTTACGGCCG	GTGCTGCGC	AGGGCCATCG	720
ACCCCGATCC	GCGGCAACGG	TTCACCACCG	CCGAAGAGAT	GTCCGCGCAA	TTGACGGGCG	780
TGTTGCGGGA	GGTGGTCGCC	CAGACACCGG	GGTGCCGCGG	CCAGGCTATC	AACGATCTTC	840
AGTCCCAGT	GGTCGACATT	TGGAGTGGAC	TGCTGGTGGC	GCACACCGAC	GTGTATCTGG	900
ACGGGCAGGT	GCCACGCGAG	AAGCTGACCG	CCAACGAGAT	CGTGACCGCG	CTGTCGGTGC	960
CGTGGTTCGA	TCCGACCGAC	GTCGACGCTT	CGTCCCTGCA	GGCCACGGTG	CTCTCCAGC	1020
CGGTGCAGAC	CCTAGACTCG	NTGCGCGCGG	CCCGCCACGG	TGCGCTGGAC	GCCGACGGCG	1080
TCGATTNTCC	GAGTCAGTGG	AGCTGCCGCT	AATGGAAGTC	CGCGCGCTGC	TGGATCTCGG	1140
CGATGTGGCC	AAGGCCACCC	GAAAACCTGA	CGATCTGGCC	GAACGCGTTG	GCTGGCGATG	1200
GCGATTGGTC	TGGTACCGGG	CCGTCGCCGA	GCTGCTCACC	GGCGACTATG	ACTCGGCCAC	1260
CAAACATTTT	ACCGAGGTGC	TGGATACCTT	TCCCGCGGAG	CTGGCGCCCA	AGCTCGCCCT	1320
GGCCGCCACC	GCCGAAGTAG	CCGGCAACAC	CGACGAACAC	AAGTTCTATC	AGACGGTGTG	1380
GAGCACCAAC	GACGGCGTGA	TCTCGGCGGC	TTTCGGACTG	GCCAGAGCCC	GGTCGGCCGA	1440
AGGTGATCGG	GTCGGCGCCG	TGCGCACGCT	CGACGAGGTA	CCGCCCACTT	CTCGGCATTT	1500
CACCACGGCA	CGGCTGACCA	GCGCGGTGAC	TCTGTTGTCC	GGCCGGTCAA	CGAGTGAAGT	1560
CACCGAGGAA	CAGATCCGCG	ACGCCGCCCG	AAGAGTGGAG	GCGCTGCCCC	CGACCGAACC	1620
ACGCGTGTG	CAGATCCGCG	CCCTGGTGTG	GGGTGGCGCG	CTGGACTGGC	TGAAGGACAA	1680
CAAGGCCAGC	ACCAACCACA	TCCTCGGTTT	CCCGTTCACC	AGTCACGGGC	TGCGGCTGGG	1740
TGTCGAGGCG	TCACTGCGCA	GCCTGGCCCC	GGTAGCTCCC	ACTC		1784

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:103:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:766 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:103:

ACAARACACT	CGGYGGCKGC	CGMTCCGGCC	TGATCGTCGG	TGATCAGCYT	CGTGCCAAAY	60
TCGGCACAAG	GTGCGCGCTR	CCCAANGAGT	TCTTCGCCGC	RGTGCGMGCM	KAAGTGGCCT	120
ATCNTGGTTG	GGTGCCGTCC	CGCANAAACC	GCGAACTTAA	ACCCATTTTA	ACCGGGCAGG	180
AAGTTTCCTA	CATYTACCCN	RGSMAACCAA	CCGGGCCGCC	NANAAMTCCG	TCCTGGANTC	240
CGANCGGTTT	CCGGTGTTCG	CCGCACTGCT	GACCGGCACG	GARTATCCGC	AGGCGGCGTT	300
GGCCAACGCG	TGGGTGCAAC	TGGCCTACGG	TGCGCACCAS	GACGCCATCA	CCGGCTCGGA	360
GTCCGACCAG	GTAATCAATG	CTGGCGACCA	CACCAGCCAG	CAGACCAAAC	TGGTGCACGC	420
CGATCTCCAG	GCGCGCCGGC	CCGGTGGCAT	ACGGATTGGT	CGAAACCAAT	CCGAAGGAAT	480
TCATCACGGA	CGGTCACGGA	AAACGATCGC	CCCAATGGGN	GGACNACCCN	AGCCAGGCGN	540
ATTNACCGTT	NAACAAGTTG	GNGTAGGTTT	TTTGATATCG	AKCAACCGAT	ACGGAACCGM	600
CCGCGGAATG	GTAGAACACC	ACCAGTCCCC	NCAMGTMGTG	CACCAGTTTG	GTCAATCGCCC	660
GCAGATCGGT	GACCCCGCCA	AGCGTTCGGG	ATGCGGAGAT	GASGGTGACC	AGCCYGGTTG	720
ACCTGTTGAT	CAGGTTNTCC	CAGTGCCACG	TCGGCAGCTG	GCCGGT		766

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:104:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:1231 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:104:

CGGCACGAGA	ATGTCGCCTG	TGCCTCGATA	GCCACTTGCG	TGTGGTCGCG	CTGCCAGCGG	60
GTCAGCCAGG	TCGCCTGGTC	CAGGCCATCG	GGCCGGCGCA	GGAGCGCGAT	GTTGGCCAGA	120
CCCGGTGTAC	GAGAACCGBA	CTCGACNAAG	TGTCGGCGCT	GACGGCGGCT	CAGTTCGCGG	180
CACACGCCCA	GATCTATCAG	GCCGTCAGCG	CCCAGGCCGC	GGCGATTCAC	GAGATGTTCC	240
TCAACACTCT	ACAGATNANC	TCAGGGTCGT	ATGCTGCTAC	CGAGGCCGCC	AACGCGGCCG	300
CGGCCGGCTA	GAGGAGTCAC	TGCGATGGAT	TTTGGGGCGT	TGCCGCCGGA	GGTCAATTCG	360
GTGCGGATGT	ATGCCGGTCC	TGGCTCGGCA	CCAATGGTCG	CTGCGGCGTC	GGCCTGGAAC	420
GGGTTGGCCG	CGGAGCTGAG	TTCGGCGGCC	ACCGGTTATG	AGACGGTGAT	CACTCAGCTC	480
AGCAGTGAGG	GGTGGCTAGG	TCCGGCGTCA	GCGGCGATGG	CCGAGGCAGT	TGCGCCGTAT	540
GTGGCGTGGA	TGAGTGCCGC	TGCGGCGCAA	GCCGAGCAGG	CGGCCACACA	GGCCAGGGCC	600
GCCGCGGCCG	CTTTTGAGGC	GGCGTTTGCC	GCGACGGTGC	CTCCGCCGTT	GATCGCGGCC	660
AACCGGGCTT	CGTTGATGCA	GCTGATCTCG	ACGAATGTCT	TTGGTCAGAA	CACCTCGGCG	720
ATCGCGGCCG	CCGAAGCTCA	GTACGGCGAG	ATGTGGGCC	AAGACTCCGC	GGCGATGTAT	780
GCCTACGCGG	GCAGTTCGGC	GAGCGCCTCG	GCGGTCACGC	CGTTTAGCAC	GCCGCCGCAG	840
ATTGCCAACC	CGACCGCTCA	GGGTACGCAG	GCCGCGGCCG	TGGCCACCGC	CGCCGGTACC	900
GCCCAGTCGA	CGCTGACGGA	GATGATCACC	GGGCTACCCA	ACGCGCTGCA	AAGCCTCACC	960
TCACNTCTGT	TGCAGTCGTC	TAACGGTCCG	CTGTCGTGGC	TGTGGCAGAT	CTTGTTCCGG	1020
ACGCCCCAAT	TCCCCACCTC	AATTTGCGCA	CTGCTGACCG	ACCTGCAGCC	CTACGCGAGC	1080
TTNTTNTATA	ACACCGAGGG	CCTGCCGTAC	TTCAGCATCG	GCATGGGCAA	CAACTTCATT	1140
CAGTCGGCCA	AGACCCTGGG	ATTGATCGGC	TAGGCGGCAC	CGGCTGCGGT	CGCGGNTGCT	1200
GGGGATNCCG	CCAAGGGCTT	GCCTCGTGCC	G			1231

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:105:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:2041 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:105:

CGGCACGAGC	TCGTGCCGAT	CAGTGCCATT	GACGGCTTGT	ACGACCTTCT	GGGGATTGGA	60
ATACCCAACC	AAGGGGGTAT	CCTTTACTCC	TCACTAGAGT	ACTTCGAAAA	AGCCCTGGAG	120
GAGCTGGCAG	CAGCGTTTCC	GGGTGATGGC	TGTTAGGTT	CGGCCGCGGA	CAAATACGCC	180
GGCAAAAACC	GCAACCACGT	GAATTTTTTC	CAGGAACTGG	CAGACCTCGA	TCGTACAGCTC	240
ATCAGCCTGA	TCCACGACCA	GGCCAACGCG	GTCCAGACGA	CCCAGCAGAT	CCTGGAGGGC	300
GCCAAGAAAG	GTCTCGAGTT	CGTGCGCCCG	GTGGCTGTGG	ACCTGACCTA	CATCCCGGTC	360
GTGGGGCAGC	CCCTATCGGC	CGCCTTCCAN	GCGCCGTTTT	GCGCGGGCGC	GATGGCCGTA	420
GTGGGGCAGC	CCCTATCGGC	CGCCTTCCAN	GCGCCGTTTT	GCGCGGGCGC	GATGGCCGTA	480
AAATTGCTTG	CCAAATTGGC	GGAGTTGGTC	GCGGCCGCCA	TTGCGGACAT	CATTTCCGGAT	540
GTGGCGGACA	TCATCAAGGG	CATCCTCGGA	GAAGTGTGGG	AGTTCATCAC	AAACGCGCTC	600
AACGGCCTGA	AAGAGCTTTG	GGACAAGCTC	ACGGGGTGGG	TGACCGGACT	GTTCTCTCGA	660
GGGTGGTCGA	ACCTGGAGTC	CTTCTTTGCG	GGCGTCCCG	GCTTGACCGG	CGCGACCAGC	720
GGCTTGTCGC	AAGTGAAGTG	CTTGTTCGGT	GCGGCCGGTC	TGTCCGCATC	GTCGGGCTTG	780
GCTCACGCGG	ATAGCCTGGC	GAGCTCAGCC	AGCTTGCCCG	CCCTGGCCGG	CATTGGGGGC	840
GGGTCCGGTT	TTGGGGGCTT	GCCGAGCCTG	GCTCAGGTCC	ATGCCGCTC	AACTCGGCAG	900
GCGCTACGGC	CCCGAGCTGA	TGGCCCGGTC	GCGCCGCTG	CCGAGCAGGT	CGGCGGGCAG	960
TCGCAGCTGG	TCTCCCGGCA	GGTTCCCAA	GGTATGGGCG	GACCCGTAGG	CATGGGCGGC	1020
ATGCACCCCT	CTTCGGGGGC	GTCGAAAGGG	ACGACGACGA	AGAAGTACTC	GGAAGGCGCG	1080
GCGGGCGGCA	CTGAAGACGC	CGAGCGCGCG	CCAGTCGAAG	CTGACGCGGG	CGGTGGGCAA	1140
AAGGTGCTGG	TACGAAACGT	CGTCTAACGG	CATGGCGAGC	CAAATCCATT	GCTAGCCAGC	1200
GCCTAACAAAC	GCGCAATGCT	AAACGGAAGG	GACACGATCA	ATGACGGAAA	ACTTGACCGT	1260
CCAGCCCGAG	CGTCTCGGTG	TACTGGCGTC	GCACCATGAC	AACGCGGCGG	TCGATGCNTC	1320
CTCGGGCGTC	GAAGCTGCCG	CTGGCCTAGG	CGAATCTGTG	GCGATCACTC	ACGGTCCGTA	1380
CTGCTCACAG	TTCAACGACA	CGTTAAATGT	GTACTTGACT	GCCCACAATG	CCCTGGGCTC	1440
GTCCTTGTCAT	ACGGCCGGTG	TCGATCTCGC	CAAAAGTCTT	CGAATTGCGG	CGAAGATATA	1500
TAGCGAGGCC	GACGAAGCGT	GGCGCAAGGC	TATCGACGGG	TTGTTTACCT	GACCACGTTT	1560
GCTGCCCGCA	GTGACGGCCA	CGACGTAGCG	CAGGTCTGTG	CCCTCGTAGG	CGTGGATGCG	1620
ACCGGCCAGC	ACCAGCACCC	GGTGCGCACC	GATGGGCACG	GACAGTAGCT	CGCCCGCATG	1680
CCCGGCTGCG	GTTGGCGGCA	CAAACCCGGG	CAGTTCGGCC	TGCGGCAGCA	CGGTGGTNGG	1740
GGAGCCCAAC	GCCGCAACGG	CCGGTAACCA	TCCCGACCCG	AGCACGACCG	AGACGTCATG	1800
TTCCCGGATC	CCGGTGCGGT	CAGCGATGAC	CTGCGCCGCC	CGCCGGGCCA	GTTTGTGCGG	1860
ATCGGGGCGC	GGGTGAGCCA	CACTGGGCGA	GCTTAACTGA	GCCGCTCGCC	GGGGAGCGGG	1920
TGCTNGTTCGA	TGAGATACTG	CGAGCATGCC	AGCAGCCAGC	GCATCCGACC	GCGTCCGAGGA	1980
ATTGGTGCAG	CGCCGTGGTG	GCGAGCTGGT	CGAGCTGTCC	CATGCCATCC	ACCTCGTGCC	2040
G						2041

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:106:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:1202 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:106:

GAGCTCACCG	CTATCAACCA	ATACTTTCTG	CACTCCAAGA	TGCAGGACAA	CTGGGGTTTT	60
ACCGAGCTGG	CGGCCACAC	CCGCGGGAG	TCGTTCCAGC	AAATGCGGCA	CGCCGAGGAA	120
ATCACCGATC	GCATCTTGTT	GCTGGATGGT	TTGCCGAACT	ACCAGCGCAT	CGGTTCTGTTG	180
CGTATCGGCC	AGACGCTCCG	CGAGCAATTT	GAGGCCGATC	TGGCGATCGA	ATACGACGTG	240
TTGAATCGTC	TCAAGCCAGG	AATCGTCATG	TGCCGGGAGA	AACAGGACAC	CACCAGCGCC	300
GTACTGCTGG	AGAAAATCGT	TGCCGACGAG	GAAGAACACA	TCGACTACTT	GGAAACGCAG	360
CTGGAGCTGA	TGGACAAGCT	AGGAGAGGAG	CTTTACTCGG	CGCAGTGGCT	CTCTCGCCCA	420
CCGACCTGAT	GCCCCTTGA	GGATTCTCCG	ATACCACTCC	GGGCGCCGCT	GACAAGCTCT	480
AGCATCGACT	CGAACAGCGA	TGGGAGGGCG	GATATGGCGG	GCCCCACAGC	ACCGACCACT	540
GCCCCACCG	CAATCCGAGC	CGGTGGCCCCG	CTGCTCAGTC	CGGTGCGACG	CAACATTATT	600
TTCACCGCAC	TTGTGTTCCG	GGTGCTGGTC	GCTGCGACCG	GCCAAACCAT	CGTTGTGCC	660
GCATTGCCGA	CGATCGTCGC	CGAGCTGGGC	AGCACCGTTG	ACCAGTCGTG	GGCGGTCACC	720
AGCTATCTGC	TGGGGGAAC	ACTSKYGKKK	KTGKKGKSKS	KSRMRMKCTC	GGTGATCTGC	780
TCGGCCGCAA	CAGGGTGCTG	CTAGGCTCCG	TCGTGGTCTT	CGTCGTGGC	TCTGTGCTGT	840
GCGGGTTATC	GCAGACGATG	ACCATGCTGG	CGATCTCTCG	CGCACTGCAG	GGCGTCGGTG	900
CCGGTGCGAT	TTCCGTCACC	GCCTACGCGC	TGGCCGCTGA	GGTGGTCCCA	CTGCGGGACC	960
GTGGCCGCTA	CCAGGGCGTC	TTANGTGCGG	TGTTCCGGTG	CAACACGGTC	ACCGGTCCGC	1020
TGCTGGGGGG	CTGGCTCACC	GACTATCTGA	GCTGGCGGTG	GGCGTTCCGA	CCACCAGCCC	1080
CATCACCGAC	CCGATCGCGG	TCATCGCGGC	GAACACCGCC	CTCGCGGCGT	TGCGGGCAGG	1140
TCCCTTGGGG	AACGTGGTCC	CACAGCGCCA	GAACGGTCCG	AAATGCGATG	GCCGACCCAC	1200
AC						1202

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:107:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:496 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:107:

GGCGGCGGCA	GTTGGCCAGC	AGTTNGGGCG	GGGGAGCCGG	TTCGGNGACC	AAGAAATCGG	60
CCTGGGCAAG	CAGCCGGGAC	CGCGNACCGT	GATCAGTTNG	GATCGCCGGG	ACCGCCGCGG	120
ACCAANGCCA	TTCCGCCGNT	GAGGAAGTCG	GAANTNTGCG	CAGTGATGAC	GCCCTGCTGC	180
AACGCNTCCC	GGATTGCCGA	GCGGATCGCC	GCCGAACGGC	GGTGCTCACC	ACCGGCGAGC	240
ACCCCTACNG	ACAGGCCCGC	ATAGCTGAAT	GACGCCGGGT	NACCGCCGTC	CCNTCCACCG	300
NGANATCGGC	CCGGANGCAA	AAGATCCGTC	GGCGCTCCGC	CTCGGCGACG	ACAGCCACGT	360
TCACCCGCGC	GTTATCGGTG	GCCGCGATCG	CATACCAGGC	GCCGTCAAGG	TNGCCGTYGC	420
GGTAGTCACG	CACCGACAAG	GTGATYTGGT	CCATCGCCTN	GACGGCGGGG	GTGACGCTGG	480
GGGCGATCAM	GTGCAC					496

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:108:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:849 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:108:

TGGATTCCGA	TAGCGGTTTC	GGCCCTCGA	CGGGCGACCA	CGGCGCGCAG	GCCTCCGAAC	60
GGGGGGCCGG	GACGCTGGGA	TTCGCCGGGA	CCGCAACCAA	AGAACGCCGG	GTCCGGGGCGG	120
TCGGGCTGAC	CGCACTGGCC	GGTGATGAGT	TCGGCAACGG	CCCCCGGATG	CCGATGGTGC	180
CGGGGACCTG	GGAGCAGGGC	AGCAACGAGC	CCGAGGCGCC	CGACGGATCG	GGGAGAGGGG	240
GAGGCGACGG	CTTACCGCAC	GACAGCAAGT	AACCGAATTC	CGAATCACGT	GGACCCGTAC	300
GGGTCGAAAG	GAGAGATGTT	ATGAGCCTTT	TGGATGCTCA	TATCCCACAG	TTGGTGGCCT	360
CCCAGTCGGC	GTTTGCCGCC	AAGGCGGGGC	TGATGCGGCA	CACGATCGGT	CAGGCCGAGC	420
AGGCGGCGAT	GTCGGCTCAG	GCGTTTCACC	AGGGGGAGTC	GTCGGCGGCG	TTCAGGCCG	480
CCCATGCCCG	GTTTGTGGCG	GCGGCCGCCA	AAGTCAACAC	CTTGTTGGAT	GTCGCGCAGG	540
CGAATCTGGG	TGAGGCCGCC	GGTACCTATG	TGGCCGCCGA	TGCTGCGGCC	GCGTCGACCT	600
ATACC GGTT	CTGATCGAAC	CCTGCTGACC	GAGAGGACTT	GTGATGTCGC	AAATCATGTA	660
CAACTACCCC	GCGATGTTGG	GTCACGCCGG	GGATATGGCC	GGATATGCCG	GCACGCTGCA	720
GAGCTTGGGT	GCCGAGATCG	CCGTGGAGCA	GGCCGCGTTG	CAGAGTGCCT	GGCAGGGCGA	780
TACCGGGATC	ACGTATCAGG	CGTGGCAGGC	ACANTGGTAA	CCANGCCANG	GAAGATTTGG	840
TGCGGGCCT						849

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:109:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:97 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:109:

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:110:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:110:

Met	Ser	Leu	Leu	Asp	Ala	His	Ile	Pro	Gln	Leu	Val	Ala	Ser	Gln	
1				5				10						15	

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:111:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:111:

Ala His Ile Pro Gln Leu Val Ala Ser Gln Ser Ala Phe Ala Ala
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:112:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:112:

Leu Val Ala Ser Gln Ser Ala Phe Ala Ala Lys Ala Gly Leu Met
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:113:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:113:

Ser Ala Phe Ala Ala Lys Ala Gly Leu Met Arg His Thr Ile Gly
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:114:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:114:

Lys Ala Gly Leu Met Arg His Thr Ile Gly Gln Ala Glu Gln Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:115:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:115:

Arg His Thr Ile Gly Gln Ala Glu Gln Ala Ala Met Ser Ala Gln
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:116:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:116:

Gln Ala Glu Gln Ala Ala Met Ser Ala Gln Ala Phe His Gln Gly
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:117:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:117:

Ala Met Ser Ala Gln Ala Phe His Gln Gly Glu Ser Ser Ala Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:118:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:15 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:118:

Ala Phe His Gln Gly Glu Ser Ser Ala Ala Phe Gln Ala Ala His
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:119:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:1189:

Glu Ser Ser Ala Ala Phe Gln Ala Ala His Ala Arg Phe Val Ala
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:120:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:120:

Phe Gln Ala Ala His Ala Arg Phe Val Ala Ala Ala Ala Lys Val
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:121:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:121:

Ala Arg Phe Val Ala Ala Ala Ala Lys Val Asn Thr Leu Leu Asp
 1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:122:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:122:

Ala Ala Ala Lys Val Asn Thr Leu Leu Asp Val Ala Gln Ala Asn
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:123:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:15 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:123:

Asn Thr Leu Leu Asp Val Ala Gln Ala Asn Leu Gly Glu Ala Ala
1 5 10 15

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:124:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:18 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: péptido

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:124:

Val Ala Gln Ala Asn Leu Gly Glu Ala Ala Gly Thr Tyr Val Ala Ala
1 5 10 15
Asp Ala

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:125:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:1752 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:125:

CGGCACGAGA	ATGTCGCCTG	TGCCTCGATA	GCCACTTGCG	TGTGGTCGCG	CTGCCAGCGG	60
GTCAGCCAGG	TCGCCTGGTC	CAGGCCATCG	GGCCGGCGCA	GGAGCGCGAT	GTTGGCCAGA	120
CCCGGTGTAC	GAGAACCGGA	CTCGACNAAG	TGTCGGCGCT	GACGGCGGCT	CAGTTCGCGG	180
CACACGCCCA	GATCTATCAG	GCCGTCAGCG	CCCAGGCCGC	GGCGATTAC	GAGATGTTCC	240
TCAACACTCT	ACAGATNANC	TCAGGGTCGT	ATGCTGCTAC	CGAGGCCGCC	AACGCGGCCG	300
CGGCCGGCTA	GAGGAGTCAC	TGCGATGGAT	TTTGGGGCGT	TGCCGCCGGA	GGTCAATTCC	360
GTGCGGATGT	ATGCCGGTCC	TGGCTCGGCA	CCAATGGTCG	CTGCGGCGTC	GGCCTGGAAC	420
GGGTGGGCCG	CGGAGCTGAG	TTCGGCGGCC	ACCGGTTATG	AGACGGTGAT	CACTCAGCTC	480
AGCAGTGAGG	GGTGGCTAGG	TCCGGCGTCA	GCGGCGATGG	CCGAGGCAGT	TGCGCCGTAT	540
GTGGCGTGGA	TGAGTGCCGC	TGCGGCGCAA	GCCGAGCAGG	CGGCCACACA	GGCCAGGGCC	600
GCCGCGGCCG	CTTTTGAGGC	GGCGTTTGCC	GCGACGGTGC	CTCCGCCGTT	GATCGCGGCC	660
AACCGGGCTT	CGTTGATGCA	GCTGATCTCG	ACGAATGTCT	TTGGTCAGAA	CACCTCGGCG	720
ATCGCGGCCG	CCGAAGCTCA	GTACGGCGAG	ATGTGGGCC	AAGACTCCGC	GGCGATGTAT	780
GCCTACGCGG	GCAGTTCGGC	GAGCGCCTCG	GCGGTCACGC	CGTTTAGCAC	GCCGCCGAG	840
ATTGCCAACC	CGACCGCTCA	GGGTACGCAG	GCCGCGGCCG	TGGCCACCGC	CGCCGGTACC	900
GCCCAGTCGA	CGCTGACGGA	GATGATCACC	GGGCTACCCA	ACGCGCTGCA	AAGCCTCACC	960
TCACNTCTGT	TGCAGTCGTC	TAACGGTCCG	CTGTCTGGC	TGTGGCAGAT	CTTGTTCCGGC	1020
ACGCCCAATT	TCCCCACCTC	AATTTCGGCA	CTGCTGACCG	ACCTGCAGCC	CTACGCGAGC	1080
TTNTNTATA	ACACCGAGGG	CCTGCCGTAC	TTCAGCATCG	GCATGGGCAA	CAACTTCATT	1140
CAGTCGGCCA	AGACCCTGGG	ATTGATCGGC	TAGGCGGCAC	CGGCTGCGGT	CGCGGCTGCT	1200
GGGGATGCCG	CCAAGGGCTT	GCCTGGACTG	GCGGGATGC	TCGGTGGCGG	GCCGGTGGCG	1260
GCGGGTCTGG	GCAATGCGGC	TTCGGTTGGC	AAGCTGTCCG	TGCCGCCGGT	GTGGANTGGA	1320
CCGTTGCCCG	GGTCGGTGAC	TCCGGGGCT	GCTCCGCTAC	CGGTGAGTAC	GGTCAGTGCC	1380
GCCCCGGAGG	CGGCGCCCGG	AAGCCTGTTG	GGCGGCCTGC	CGCTANCTGG	TGCGGGCGGG	1440
GCCGGCGCGG	GTCCACGCTA	CGGATTC CRT	CCCACCGTCA	TGGCTCGCCC	ACCCTTCGMC	1500
GGGATAGTCG	CTGCCGCAAC	GTATTAACGC	GCCGGCCTCG	GCTGGTGTGG	TCCGCTGCGG	1560
GTGGCAATTG	GTCNGCGCGG	AAATCTCSGT	GGGTTATTTT	CGGTGGGATT	TTTTCCCGAA	1620
GCCGGGTTCA	RCACCGGATT	TCCTAACGGT	CCCCKACTC	TCGTGCCGAA	TTCSGCACTA	1680
AGTGACGTCC	GGCGGAAACC	CGTTGGGTNT	GAAAGCTTCA	GAAAGGCCCG	CTCCCAGGGG	1740
TTCGGCAAAC	GG					1752

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:126:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:400 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:126:

Met	Asp	Phe	Gly	Ala	Leu	Pro	Pro	Glu	Val	Asn	Ser	Val	Arg	Met	Tyr
1				5					10					15	
Ala	Gly	Pro	Gly	Ser	Ala	Pro	Met	Val	Ala	Ala	Ala	Ser	Ala	Trp	Asn
			20					25					30		
Gly	Leu	Ala	Ala	Glu	Leu	Ser	Ser	Ala	Ala	Thr	Gly	Tyr	Glu	Thr	Val
		35					40					45			
Ile	Thr	Gln	Leu	Ser	Ser	Glu	Gly	Trp	Leu	Gly	Pro	Ala	Ser	Ala	Ala
	50					55					60				
Met	Ala	Glu	Ala	Val	Ala	Pro	Tyr	Val	Ala	Trp	Met	Ser	Ala	Ala	Ala
65					70					75					80
Ala	Gln	Ala	Glu	Gln	Ala	Ala	Thr	Gln	Ala	Arg	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala
				85					90					95	
Phe	Glu	Ala	Ala	Phe	Ala	Ala	Thr	Val	Pro	Pro	Pro	Leu	Ile	Ala	Ala
			100					105					110		
Asn	Arg	Ala	Ser	Leu	Met	Gln	Leu	Ile	Ser	Thr	Asn	Val	Phe	Gly	Gln
		115					120					125			
Asn	Thr	Ser	Ala	Ile	Ala	Ala	Ala	Glu	Ala	Gln	Tyr	Gly	Glu	Met	Trp
	130					135					140				
Ala	Gln	Asp	Ser	Ala	Ala	Met	Tyr	Ala	Tyr	Ala	Gly	Ser	Ser	Ala	Ser
145					150						155				160
Ala	Ser	Ala	Val	Thr	Pro	Phe	Ser	Thr	Pro	Pro	Gln	Ile	Ala	Asn	Pro
			165					170					175		
Thr	Ala	Gln	Gly	Thr	Gln	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Thr	Ala	Ala	Gly	Thr
		180						185					190		
Ala	Gln	Ser	Thr	Leu	Thr	Glu	Met	Ile	Thr	Gly	Leu	Pro	Asn	Ala	Leu
	195					200						205			
Gln	Ser	Leu	Thr	Ser	Xaa	Leu	Leu	Gln	Ser	Ser	Asn	Gly	Pro	Leu	Ser
	210					215					220				
Trp	Leu	Trp	Gln	Ile	Leu	Phe	Gly	Thr	Pro	Asn	Phe	Pro	Thr	Ser	Ile
225					230					235					240
Ser	Ala	Leu	Leu	Thr	Asp	Leu	Gln	Pro	Tyr	Ala	Ser	Xaa	Xaa	Tyr	Asn
			245					250						255	
Thr	Glu	Gly	Leu	Pro	Tyr	Phe	Ser	Ile	Gly	Met	Gly	Asn	Asn	Phe	Ile
		260						265					270		
Gln	Ser	Ala	Lys	Thr	Leu	Gly	Leu	Ile	Gly	Ser	Ala	Ala	Pro	Ala	Ala
	275					280							285		
Val	Ala	Ala	Ala	Gly	Asp	Ala	Ala	Lys	Gly	Leu	Pro	Gly	Leu	Gly	Gly
	290					295					300				
Met	Leu	Gly	Gly	Gly	Pro	Val	Ala	Ala	Gly	Leu	Gly	Asn	Ala	Ala	Ser
305					310						315				320
Val	Gly	Lys	Leu	Ser	Val	Pro	Pro	Val	Trp	Xaa	Gly	Pro	Leu	Pro	Gly
			325					330					335		
Ser	Val	Thr	Pro	Gly	Ala	Ala	Pro	Leu	Pro	Val	Ser	Thr	Val	Ser	Ala
			340					345					350		
Ala	Pro	Glu	Ala	Ala	Pro	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	Gly	Leu	Pro	Leu	Xaa
		355					360						365		
Gly	Ala	Gly	Gly	Ala	Gly	Ala	Gly	Pro	Arg	Tyr	Gly	Phe	Xaa	Pro	Thr
	370					375					380				
Val	Met	Ala	Arg	Pro	Pro	Phe	Xaa	Gly	Ile	Val	Ala	Ala	Ala	Thr	Tyr
385					390					395					400

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:127:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:474 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:127:

GGCACGAGCA	CCAGTTGACC	CGCGAAGAAC	CTGACCGCGC	CACCCAGCGC	CGCCCCGCATC	60
ACCGGCCCCG	TCCCACGAAC	CTTTTCGGTA	AACGAGCCAC	TCCAGCGGAG	ATCGGTACCG	120
CCCGACGCAT	TTGGTGTAAG	GACCACCTCG	CCGAAGTAGT	CCTGGACGGG	TGTCCTCGCG	180
CCAACCAGCT	TGTAGACGTG	GCGACGGTCC	TGCTCATACT	CGACGGTCTC	TTCTGCACG	240
AACACCGGCC	ACATGCCTAG	TTTGCGGATG	GCCCCGATGC	CGCCGGGCGC	GGGATCACCG	300
CGTCGCGCCC	AACTCGATTG	AGCAACGATG	GGCTTGGCC	AGGTCGCCCA	GTTGCCACCG	360
TCTGTACGA	GCCGAAACAA	GGTTGCAGCC	GGCGCGCTGC	TGGTCTTGGT	GACCTCGAAC	420
GAAAATTTCC	GACCCGACAT	GCGCGACTCC	CGAAACGACA	ACTGAAGCTC	GTGC	474

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:128:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:1431 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:128:

CTGCGCGCCG	GAAAAAANTA	TTACTGGCAG	GACCGGCAGA	ATGCATGGTG	ATATTCCGGT	60
GATGAGGCCG	CCGAGGAACC	GACTAGTGCG	AGGGTCAACA	CATCGGTTAT	TCGTTGCCGT	120
TTAGGTCTTG	GATCTGCCGG	GACGGCAACG	AGTTGGCAGG	ACCGCTCACG	CGAGCGCTGT	180
TGACAGAGTC	GGTTCACGTC	GAATCGCCA	CCCGTCAGAT	GCGAATGATA	GCCACATCGG	240
CCACACCATC	GACGGCGTCG	AAGTCGCCGT	CGTGGGTAC	GACCGGCACC	CCTTGCGACG	300
TGGCAACGGC	AGCGGCCCTC	ACCGGACGGG	ACCGAGATCG	TCGGTGGTGT	CGCCAGTGAG	360
CGTTGCGAGG	TCGCGGGTGC	AATCCCGCAT	CTGCTTGCGT	ATGCCGAAGC	CGCCGACGCA	420
GCTCGTCTCG	ACTCAACCAT	CGGCGCCGTG	CGGGCTGCCT	GCGGTCAGCA	GCGCAACGGG	480
TTTGCCGTTG	GCAGTGATGG	TGATGTCTTC	GCCGGCCTGC	ACGCGCCGTA	GCAGCCCGGC	540
GGTGTGTGTT	CGCAGTTCGC	GAGACGCGAC	TTCAGCAGGC	ATGCTGCGGG	GATCGGCTTG	600
CGCTGGGCGC	GGTGTACCCG	TCATGCGCTT	GGGATATCAC	GTGATCTATC	GGCAGGAAGC	660
CGCCGGATGA	GCGAGGCAAA	CCGCCTACAC	GGGCTGCCTC	GCCTTGACCG	CGCCGAACGT	720
TACTGTGCCG	GGGGCATCAG	CACCGTATCG	ATCATGTACA	CCGTCGCGTG	GGCGGTGTGA	780
CTCCGCCACA	TACCAAACGG	GCGTTGTTGA	CCATGAGTCG	TCGCGGGCGC	CTATCACCGT	840
CAGGTCGGCA	CCTTGCAGGT	CTGATGGGTG	CCGTCGATCC	TGCTCGGACT	CGCCTGGCCG	900
GCTATCACGT	GGTAGGTCAG	GATGCTGCTG	AGCAGCTTGG	CGTCAGTCTT	GAGTTGATCG	960
ATAGTGCCG	CCGGCAGCTT	GTCGAATGCG	GCGTTGGTGG	GGGCGAAAAC	GGTGTACTCG	1020
CCGCCGTTGA	GGGTGTCGAC	CAGATTCACA	TCCGGGTTCA	GCTTGCCCGA	CAGAGCCGAG	1080
GTCAGGGTAC	TGAGCATCGG	GTTGTTGGAA	GCCGCGGTAG	CGACCGGGTC	TTGCGCCATT	1140
CCGGCCACCG	ATCCGGGACC	GGTGGGATTT	TGCGCCGCGT	ATTGCGCGCA	CCCACGACCA	1200
ATCAGGTCCG	CTGCGGTACG	CCATTGCCGC	CGTGGTAACG	GGCGCCCGCG	GGCTGGTCCG	1260
CGGTTTCGGG	CTGGTGTCTT	GCGACACGGG	TTTGGTGTCT	GAACAACCCG	CTAAGAACGC	1320
AATCGCGATG	GCTGCGAGGC	TCGCTGCTGC	GGCCGGTTTG	GCCTGAACGT	TGATCATCGC	1380
TTCGATTCTT	TTGCTTCTGC	GGCGGCGTTG	AACGCCGTCC	TCCTGGGTGG	A	1431

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:129:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:279 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:129:

GCACGAGAGT	CGTATCTTTG	CACCCAGCGC	CCGTAGGAAA	CCGCTGGCCT	GGCTAACTCA	60
GATGCGGGCG	GCCGTCGATT	CGAGAGGTAA	CCGATCGCCC	GCCGACAATG	GGTTACCCAC	120
CGAGACTGAT	TGCCCGCGCAG	CCGCCTTCGA	CGTGTAAGCG	CCGGTTCGTG	CATGCCCGGA	180
ACGGCTGCAC	TCACGGACCT	TCTACGTAGT	ACGTGACGGA	CTTTTACGCA	TTATCGCTGA	240
CGATCTTTGC	CTCCAGGAC	TCCAGAATCT	ACTCGTGCC			279

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:130:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:1470 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:130:

ACCGCCACCC	GCAGCCCGGA	ATCACCGTCG	GTAACCTGCG	AATACAATTT	CTTCATCGAC	60
GACTTCGCGA	ACAGCGAAC	CGAGCCCACC	GCCTGATAGC	CTTCTTCCTC	GATGTTCCAA	120
CCGCCGGCGG	CGTCGAACGA	AACGATACGA	CCCGCGCTCT	GCGGGTCAGA	CGCATGAATG	180
TCGTAGCCCG	CCAGCAACGG	CAACGCCAGC	AGACCTGCA	TCGCGGCCGC	CAGATTGCCA	240
CGCACCATAA	TCGCCAGCCG	GTTGATTTTG	CCGGCAAACG	TCAGCGGCAC	ACCCTCGAGC	300
TTCTCGTAGT	GCTCAAGTTC	CACGGCATA	AGCCGGGCAA	ACTCAACCGC	GACCGCAGCC	360
GTGCCAGCGA	TGCCGGTAGC	GGTGTAGTCA	TCGGTGATAT	ACACCTTGCG	CACATCACGC	420
CCAGAAATCA	TGTTGCCCTG	CGTCGAACGC	CGGTCACCCG	CCATGACAAC	ACCGCCGGGG	480
TATTTAGCG	CGACAATGGT	GGTGCCGTGC	GGCAGTTGCG	CATCGCCGCC	TGCGAGTGGC	540
GCACCGCCGC	TGATGCTTGC	CGGCAGCAAC	TCCGGCGCCT	GGCGGCGCAG	GAAGTCAAGT	600
GAAAGAAGAT	AGGTCTACAG	CGGGTGTTC	AGAGAGTGAA	TTAATGGACA	GGCGATCGGG	660
CAACGGCCAG	GTCACTGTCC	GCCCTTTTGG	ACGTATGCGC	GGACGAAGTC	CTCGGCGTTC	720
TCCTCGAGGA	CGTCGTCGAT	TTCGTCGAGC	AGATCGTCGG	TCTCCTCGGT	CAGCTTTTCG	780
CGACGCTCCT	GGCCCGCGGC	GGTGCTGCCG	GCGATGTCGT	CATCATCGCC	GCCGCCACCG	840
CCACGCTTGG	TCTGCTCTTG	CGCCATCGCC	GCCTCCTGCT	TCCTCATGGC	CTTTCAAAG	900
GCCGCGGGTG	CGCGTCACAC	GCCCCTGTC	TTTCTCTCAC	CTACCGGTCA	ACACCAACGT	960
TTCCCGGCCT	AACCAGGCTT	AGCGAGGCTC	AGCGGTCAGT	TGCTCTACCA	GCTCCACGGC	1020
ACTGTCCACC	GAATCCAGCA	ACGCACCAAC	ATGCGCCTTA	CTACCCCGCA	ACGGCTCCAG	1080
CGTCGGGATG	CGAACCAGC	AGTCGCCGCC	AGGTCGAAGA	TCACCGAGTC	CCAGCTAGCC	1140
GCGGCGATAT	CAGCCCCGAA	CCGGCGCAGG	CATTCGCCG	CGGAAATACG	CGCGGGTGTC	1200
GGTCGGCGGT	TCTCCACCGC	ACTCAGCAC	TGGTGTTCG	GTGACTAAAC	GCTTTATCGA	1260
GCCGCGCGCG	ACCAGCCGGT	TGTACAGGCC	CTTGTCCAGC	CGGACATCGG	AGTACTGCAG	1320
GTTGACGAGG	TGCAGCCGGG	GCGCCGACCA	GCTCAGGTTC	TCCCGCTGCC	GGAAACCGTC	1380
GAGCAGCCGC	AGTTTGGCCG	GCCAGTCCAG	CAGCTCCGCG	CAATCCATCG	GGTCACGCTC	1440
GAGCTGATCC	AGCACGTGTG	CCCAGGTTTC				1470

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:131:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:1059 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:131:

ATTCCCATCG	CTCCGGCACC	TATCACCAGG	TAGTCGGTTT	CGATGGTTTT	CGCCGGCCCT	60
TGCGTTGGCC	TGGGCCACGG	GTCGTTTCATG	GGCCCTCCTG	TGCGGATTGG	AATTTGTGAC	120
AACGAAATCG	GGCGATCGGT	GAGCAATCGT	CGCCGATGCA	AGACACGCTT	TCGCTGCCGC	180
GGCGTCAGGT	GGAGTTTAGG	CCAGCGTAAC	AACGTAGACC	GGCCACTGAC	CAAACCCCAA	240
ACCCACAAAC	CCTGGACGCA	TGCGGGTCTC	GGGCGTCAAA	TTCCGGGTAG	ATATCGTATA	300
CCGATATCGG	ATGCCGTAGC	CTTATCGAGG	CATGAGACGC	CCGCTAGACC	CACGCGATAT	360
TCCAGATGAG	CTGCGGCGAC	GGCTGGGGCT	CTTGATGCG	GTGGTGATCG	GGCTGGGGTC	420
CATGATCGGT	GCCGGAATCT	TTGCTCGTGC	CGAATTCGGC	ACGAGCTCGT	GCCGAATTCG	480
GCACGAGATT	CCAATCCCCA	GAAGGTCGTA	CAAGCCGTC	ATGGCACTTG	ATCGTTGGAT	540
CGATGATGAA	CGCTCTGCTC	ATGCCTGCCG	CCTATCTCAA	CGGTCGTCGA	TTCCATGCAT	600
TAGCCTTGGT	TCTGCATTGC	ACGCGTAGGG	CCTACAGTCT	GGCTGTCATG	CTTGCCGAT	660
GTCAACAGTT	TTTTTCATGC	TAAGCAGATC	GTCAGTTTTG	AGTTTCGTGAA	GACGGCATGT	720
TCACTTGTGG	TCGACTACAT	CGTCTGCGCA	CATTTGCCCT	CCTGCAACTG	CGCTGCGACA	780
ATGCGCCAAC	CGCCGTAGTAG	CTCGTGCCGA	ATTCGGCACG	AGGATCCACC	GGAGATGGCC	840
GACGACTACG	ACGAGGCCCTG	GATGCTCAAC	ACCGTGTTTCG	ACTATCACAA	CGAGAACGCA	900
AAAGAAGAGG	TCATCCATCT	CGTGCCCCGAC	GTGAACAAGG	AGAGGGGGCC	CATCGAACTC	960
GTAACCAAGG	TAGACAAAGA	GGGACATCAG	ACTCGTCTAC	GATGGGGAGC	CACGTTTTCA	1020
TACAAGGAAC	ATCCTAAGTT	TTGATTCTGGG	AACATCCTA			1059

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:132:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:153 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:132:

GCACGAGGCA	TTGGCGGGCA	TCTGCATAAA	CGGTGACGTA	TCAGCACAAA	ACAGCGGAGA	60
GAACAACATG	CGATCAGAAC	GTCTCCGGTG	GCTGGTAGCC	GCAGAAGGTC	CGTTCCGCCTC	120
GGTGTATTTT	GACGACTCGC	ACGACTCGTG	CCG			153

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:133:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:387 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:133:

CCGCGCGGTC	GATCAGCGAG	CCAGGCAAAA	ACTCCGTCGA	GCCCGAGTCG	ATGATGGTCA	60
CCCGGCGCAG	CATCTGGCGA	ACGATCACCT	CGATGTGCTT	GTCGTGGATC	GACACACCTT	120
GGGCGCGGTA	GACCTCCTGG	ACCTCGCGAA	CCAGGTGTAT	CTGCACCTCG	CGGGGGCCCT	180
GCACCCGCAG	CACCTCATGC	GGGTCGGCCG	AGCCTTCCAT	CAGCTGCTGG	CCCACCTCGA	240
CGTGGTCGCC	ATCGGAGAGC	ACCCGTTCCG	AACCGTCTTC	GTGCTTGAAC	ACCCGCAGCC	300
GCTGCCGCTT	GGAGATCTTG	TCGTAGACCA	CTTCCCTACC	GCCGTGCTCA	GGAACGATGG	360
TGATCTTGTA	GAACCGCTCG	CCGTCTT				387

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:134:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:387 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:134:

G TTCAGCACG	G CTATCCGAT	T GTGCCGTT	G CTTCCGGTGG	G TGCTGAACA	C GGCATCGAC	60
A TCGTGCTCG	A CAACGAATC	C CCCACTGCTG	G CACCCGGTCC	A GTTCCTCGC	C GAGAAGCTG	120
C TCGGCACCA	A AGACGGTCC	G GCGCTGGTC	C GTGGTGTTCG	G ACTGACACC	G GTACCGCGC	180
C CCGAACGGC	A GTATTACTG	G TTCGGCGAG	C CAACCGACA	C CCACAGAGTT	T ATGGGGCAG	240
C AAGCCGACG	A TAACGCCGC	A CGCAGGGTG	C GCAGAGCGTG	C CGCCGCCGC	T ATCGAACAC	300
G GCATCGAGC	T GATGCTGGC	C GAGCGCGCA	G CCCGATCCAA	A TCGATCCCT	G GTCGGACGG	360
C TCTTGCGCT	C GGACGCCTA	A AGGCGCCCC				389

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:135:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:480 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:135:

C CCGCGGTCG	G AATGATCCC	C GTCTCGTCG	C GCGCCCAT	T GATGCTGTT	G ATGAGCTGT	60
T TTGGAGAAGC	C CGGTTGGCG	T ACCGGTGAG	C CGGAATATC	T GTTGGAAGC	G TCACCGGAT	120
G TNACATGA	A NTNCNTTGN	C CCNGTNGCG	G TNNTGGNTG	N NGNAAACAC	G TGTGTNTA	180
A GCCTTGNTG	G NCTCGNAAG	N GCCGTNGAC	G CCTGTGTTCG	C CGAAGATAA	T GAGCACCTG	240
A CGGTTGGCG	G GATCGCCGT	T ATCCAAGG	A ATTCCGAGG	T CGGTCCCGG	A GATGCCGAA	300
G CGTTCCAGG	G TCTTGTGG	G GCTGTCCGG	T CCGGTCACC	C ACTCGGCGA	G GGGATGTGGN	360
A GCCCGGCG	A GCGTGGCAC	C AGGATCCGG	C GCCGCCGCC	G GAGCAGGGT	C GGNNGCTGN	420
N NCTGNNTTCC	T MNMGCCNAA	T TNNACTCCN	N CNACAANCT	T GNNNCCGAC	T CNNACCCGN	480

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:136:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:587 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:136:

GCACGAGGCT	ACCGGCGCGT	CGCCCGCCAT	GCCCTGGATG	CACGCGTAGC	CACCCGTNCA	60
TNCAGCGGGT	CAGCCGCCGC	GTCCGGGCTT	AACGCTATAG	CAGCTGCAAA	CAACCCAGCG	120
CCGGCAATTA	CTTTGATGTT	GAACCGATGA	CCATNGCCTN	CGNGTNCAAT	CTCNTCTCTT	180
NGCGCGCCNC	TATTTNNGCC	ATANATTTGG	TTNNANNCGN	AACGCTAGAC	GTATCGAGTT	240
CCTTTTCGAC	CACCGGC'TCA	ATTGTCAGCA	TCCTATGGGG	AACATGAGCC	CCGCCGCACC	300
GGGCCGTTTC	CAAATGGTGA	CGTCACAACG	GTGTCACAAG	CCAGCGCAAT	GTCCCGGGTA	360
GGGACGCGGC	GGCTGGGATC	GGTGGGGTGA	GCGCCCGGCT	TCTCAAAGCG	AGGGGAGCCC	420
CGGGACTCTT	ACCGGCCGAA	GGCGGCGGGT	GTCACTGATC	TAGGCTGACG	GCCAGTGGTT	480
GNTNAGCCAA	CAAGGATGAC	NACAAATAAN	CCGAGGANAG	ACANGNGACG	GNCCGANANG	540
CTNANCCGGN	NTTGNNCNA	NNNNACNCAC	TTNTACCGNN	CTTATGN		587

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:137:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:1200 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:137:

CAGGCATGAG	CAGAGCGTTC	ATCATCGATC	CAACGATCAG	TGCCATTGAC	GGCTTGTACG	60
ACCTTCTGGG	GATTGGAATA	CCCAACCAAG	GGGGTATCCT	TTACTCCTCA	CTAGAGTACT	120
TCGAAAAGC	CCTGGAGGAG	CTGGCAGCAG	CGTTTCCGGG	TGATGGCTGG	TTAGGTTCCGG	180
CCGCGGACAA	ATACGCCGGC	AAAAACCGCA	ACCACGTGAA	TTTTTTCCAG	GAAGTGGCAG	240
ACCTCGATCG	TCAGCTCATC	AGCCTGATCC	ACGACCAGGC	CAACGCGGTC	CAGACGACCC	300
GCGACATCCT	GGAGGGCGCC	AAGAAAGGTC	TCGAGTTTCGT	GCGCCCGGTG	GCTGTGGACC	360
TGACCTACAT	CCCGGTCGTC	GGGCACGCC	TATCGGCCCG	CTTCCAGGCG	CCGTTTTGCG	420
CGGGCGCGAT	GGCCGTAGTG	GGCGGC CGC	TTGCCTACTT	GGTCGTGAAA	ACGCTGATCA	480
ACGCGACTCA	ACTCCTCAA	TTGCTTGCCA	AATTTGGCGGA	GTTGGTTCGCG	GCCGCCATTG	540
CGGACATCAT	TTCGGATGTG	GCGGACATCA	TCAAGGGCAC	CCTCGGAGAA	GTGTGGGAGT	600
TCATCACAAA	CGCGCTCAAC	GGCCTGAAAG	AGCTTTGGGA	CAAGCTCACG	GGGTGGGTGA	660
CCGGACTGTT	CTCTCGAGGG	TGGTCGAACC	TGGAGTCCTT	CTTTGCGGGC	GTCCCGGGCT	720
TGACCGGCGC	GACCAGCGGC	TTGTCGCAAG	TGACTGGCTT	GTTCCGGTGC	GCCGGTCTGT	780
CCGCATCGTC	GGGCTTGGCT	CACGCGGATA	GCCTGGCGAG	CTCAGCCAGC	TTGCCCGCCC	840
TGGCCGGCAT	TGGGGGCGGG	TCCGGTTTTG	GGGGCTTGCC	GAGCCTGGCT	CAGGTCCATG	900
CCGCCTCAAC	TCCGCAGGCG	CTACGGCCCC	GAGCTGATGG	CCCGGTCGGC	GCCGCTGCCG	960
AGCAGGTCGG	CGGGCAGTCG	CAGCTGGTCT	CCGCGCAGGG	TTCCCAAGGT	ATGGGCGGAC	1020
CCGTAGGCAT	GGGCGGCATG	CACCCCTCTT	CGGGGGCGTC	GAAAGGGACG	ACGACGAAGA	1080
AGTACTCGGA	AGGCGCGGCG	GCGGGCACTG	AAGACGCCGA	GCGCGCGCCA	GTCGAAGCTG	1140
ACGCGGGCGG	TGGGCAAAAG	GTGCTGGTAC	GAAACGTCGT	CTAACGGCAT	GGCGAGCCAA	1200

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:138:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:392 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:138:

```

Met Ser Arg Ala Phe Ile Ile Asp Pro Thr Ile Ser Ala Ile Asp Gly
 1           5           10           15
Leu Tyr Asp Leu Leu Gly Ile Gly Ile Pro Asn Gln Gly Gly Ile Leu
           20           25           30
Tyr Ser Ser Leu Glu Tyr Phe Glu Lys Ala Leu Glu Glu Leu Ala Ala
 35           40           45
Ala Phe Pro Gly Asp Gly Trp Leu Gly Ser Ala Ala Asp Lys Tyr Ala
 50           55           60
Gly Lys Asn Arg Asn His Val Asn Phe Phe Gln Glu Leu Ala Asp Leu
 65           70           75           80
Asp Arg Gln Leu Ile Ser Leu Ile His Asp Gln Ala Asn Ala Val Gln
           85           90           95
Thr Thr Arg Asp Ile Leu Glu Gly Ala Lys Lys Gly Leu Glu Phe Val
 100           105           110
Arg Pro Val Ala Val Asp Leu Thr Tyr Ile Pro Val Val Gly His Ala
 115           120           125
Leu Ser Ala Ala Phe Gln Ala Pro Phe Cys Ala Gly Ala Met Ala Val
 130           135           140
Val Gly Gly Ala Leu Ala Tyr Leu Val Val Lys Thr Leu Ile Asn Ala
 145           150           155           160
Thr Gln Leu Leu Lys Leu Leu Ala Lys Leu Ala Glu Leu Val Ala Ala
           165           170           175
Ala Ile Ala Asp Ile Ile Ser Asp Val Ala Asp Ile Ile Lys Gly Thr
 180           185           190
Leu Gly Glu Val Trp Glu Phe Ile Thr Asn Ala Leu Asn Gly Leu Lys
 195           200           205
Glu Leu Trp Asp Lys Leu Thr Gly Trp Val Thr Gly Leu Phe Ser Arg
 210           215           220
Gly Trp Ser Asn Leu Glu Ser Phe Phe Ala Gly Val Pro Gly Leu Thr
 225           230           235           240
Gly Ala Thr Ser Gly Leu Ser Gln Val Thr Gly Leu Phe Gly Ala Ala
           245           250           255
Gly Leu Ser Ala Ser Ser Gly Leu Ala His Ala Asp Ser Leu Ala Ser
 260           265           270
Ser Ala Ser Leu Pro Ala Leu Ala Gly Ile Gly Gly Gly Ser Gly Phe
 275           280           285
Gly Gly Leu Pro Ser Leu Ala Gln Val His Ala Ala Ser Thr Arg Gln
 290           295           300
Ala Leu Arg Pro Arg Ala Asp Gly Pro Val Gly Ala Ala Ala Glu Gln
 305           310           315           320
Val Gly Gly Gln Ser Gln Leu Val Ser Ala Gln Gly Ser Gln Gly Met
           325           330           335
Gly Gly Pro Val Gly Met Gly Gly Met His Pro Ser Ser Gly Ala Ser
 340           345           350
Lys Gly Thr Thr Thr Lys Lys Tyr Ser Glu Gly Ala Ala Ala Gly Thr
 355           360           365
Glu Asp Ala Glu Arg Ala Pro Val Glu Ala Asp Ala Gly Gly Gly Gln
 370           375           380
Lys Val Leu Val Arg Asn Val Val
 385           390

```

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:139:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:439 pares de bases

(B) TIPO: ácido nucleico

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:139:

ACGTTTACCC	ATGCCGTCGG	TGCAGAGCAA	CGCCAGACAA	CACAAAGTAG	TCTAATTCCG	60
TTATAAAGCA	GACATTTCCG	TGGTTATGTA	GAAGATGTCG	ACCGATCAGA	TGAAGCGATC	120
CGCGTCAGGT	GGTATCCGAT	GTCTTTTGTG	ACCATCCAGC	CGGTGGTCTT	GGCAGCCGCG	180
ACGGGGGACT	TGCCGACGAT	CGGTACCGCC	GTGAGTGCTC	GGAACACAGC	CGTCTGTGCC	240
CCGACGACGG	GGGTGTTACC	CCCTGCTGCC	AATGACGTGT	CGGTCCTGAC	GGCGGCCCGG	300
TTCACCGCGC	ACACCAAGCA	CTACCGAGTG	GTGAGTAAGC	CGGCCGCGCT	GGTCCATGGC	360
ATGTTTCGTGG	CCCTCCCGGC	GGCCACCGCC	GATGCGTATG	CGACCACCGA	GGCCGTCAAT	420
GTGGTCGCGA	CCGGTTAAG					439

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:140:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:1441 pares de bases
- (B) TIPO: ácido nucleico
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: ADNc

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:140:

GAGGTTGCTG	GCAATGGATT	TCGGGCTTTT	ACCTCCGGAA	GTGAATTCAA	GCCGAATGTA	60
TTCCGGTCCG	GGGCCGGAGT	CGATGCTAGC	CGCCGCGGCC	GCCTGGGACG	GTGTGGCCGC	120
GGAGTTGACT	TCCGCCGCGG	TCTCGTATGG	ATCGGTGGTG	TCGACGCTGA	TCGTTGAGCC	180
GTGGATGGGG	CCGGCGGCGG	CCGCGATGGC	GGCCGCGGCA	ACGCCGTATG	TGGGGTGGCT	240
GGCCGCCACG	GCGGCGCTGG	CGAAGGAGAC	GGCCACACAG	GCGAGGGCAG	CGGCGGAAGC	300
GTTTGGGACG	GCGTTCGCGA	TGACGGTGCC	ACCATCCCTC	GTCGCGGCCA	ACCGCAGCCG	360
GTTGATGTCG	CTGGTCGCGG	CGAACATTCT	GGGGCAAAC	AGTGC GGCGA	TCGCGGCTAC	420
CCAGGCCGAG	TATGCCGAAA	TGTGGGCCCA	AGACGCTGCC	GTGATGTACA	GCTATGAGGG	480
GGCATCTGCG	GCCGCGTCGG	CGTTGCCGCC	GTTCACTCCA	CCCGTGCAAG	GCACCGGCC	540
GGCCGGGCC	GCGGCCGCGG	CCGCGGCGAC	CCAAGCCGCC	GGTGC GGCG	CCGTTGCGGA	600
TGCACAGGCG	AACTGGCCCC	AGCTGCCCCC	GGGGATCCTG	AGCGACATTC	TGTCCGCATT	660
GGCCGCCAAC	GCTGATCCGC	TGACATCGGG	ACTGTTGGGG	ATCGCGTCGA	CCCTCAACCC	720
GCAAGTCGGA	TCCGCTCAGC	CGATAGTGAT	CCCCACCCCG	ATAGGGGAAT	TGGACGTGAT	780
CGCGCTCTAC	ATTGCATCCA	TCGCGACCGG	CAGCATTGCG	CTCGCGATCA	CGAACACGGC	840
CAGACCTGG	CACATCGGCC	TATACGGGAA	CGCCGGCGGG	CTGGGACCGA	CGCAGGGCCA	900
TCCACTGAGT	TCGGCGACCG	ACGAGCCGGA	GCCCGACTGG	GGCCCCTTCC	GGGGCGCGGC	960
GCCGGTGTCC	GCGGGCGTCC	GCCACGCGAG	ATTAGTCGGA	GCGTTGTCCG	TGCCGCACAG	1020
CTGGACCACG	GCCGCCCCCG	AGATCCAGCT	CGCCGTTCCG	GCAACACCCA	CCTTCAGCTC	1080
CAGCGCCGGC	GCCGACCCGA	CGGCCCTAAA	CGGGATGCCG	GCAGGCCTGC	TCAGCGGGAT	1140
GGCTTTGGCG	AGCCTGGCCG	CACGCGGCAC	GACGGGCGGT	GGCGGCACCC	GTAGCGGCAC	1200
CAGCACTGAC	GGCCAAGAGG	ACGGCCGCAA	ACCCCCGGTA	GTTGTGATTA	GAGAGCAGCC	1260
GCCGCCCGGA	AACCCCCCGC	GGTAAAAGTC	CGGCAACCGT	TCGTCGCCCG	GCGGAAAATG	1320
CCTGGTGTAGC	GTGGCTATCC	GACGGGCCGT	TCACACCGCT	TGTAGTAGCG	TACGGCTATG	1380
GACGACGGTG	TCTGATTCT	CGGCGGCTAT	CAGAGCGATT	TTGCTCGCAA	CCTCAGCAA	1440
G						1441

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:141:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

- (A) LONGITUD:99 aminoácidos
- (B) TIPO: aminoácido
- (C) TIPO DE CADENA: sencilla
- (D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:141:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:142:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:423 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:142:

Met Asp Phe Gly Leu Leu Pro Pro Glu Val Asn Ser Ser Arg Met Tyr
 1 5 10 15
 Ser Gly Pro Gly Pro Glu Ser Met Leu Ala Ala Ala Ala Ala Trp Asp
 20 25 30
 Gly Val Ala Ala Glu Leu Thr Ser Ala Ala Val Ser Tyr Gly Ser Val
 35 40 45
 Val Ser Thr Leu Ile Val Glu Pro Trp Met Gly Pro Ala Ala Ala Ala
 50 55 60
 Met Ala Ala Ala Ala Thr Pro Tyr Val Gly Trp Leu Ala Ala Thr Ala
 65 70 75 80
 Ala Leu Ala Lys Glu Thr Ala Thr Gln Ala Arg Ala Ala Ala Glu Ala
 85 90 95
 Phe Gly Thr Ala Phe Ala Met Thr Val Pro Pro Ser Leu Val Ala Ala
 100 105 110
 Asn Arg Ser Arg Leu Met Ser Leu Val Ala Ala Asn Ile Leu Gly Gln
 115 120 125
 Asn Ser Ala Ala Ile Ala Ala Thr Gln Ala Glu Tyr Ala Glu Met Trp
 130 135 140
 Ala Gln Asp Ala Ala Val Met Tyr Ser Tyr Glu Gly Ala Ser Ala Ala
 145 150 155 160
 Ala Ser Ala Leu Pro Pro Phe Thr Pro Pro Val Gln Gly Thr Gly Pro
 165 170 175
 Ala Gly Pro Ala Ala Ala Ala Ala Thr Gln Ala Ala Gly Ala Gly
 180 185 190
 Ala Val Ala Asp Ala Gln Ala Thr Leu Ala Gln Leu Pro Pro Gly Ile
 195 200 205
 Leu Ser Asp Ile Leu Ser Ala Leu Ala Ala Asn Ala Asp Pro Leu Thr
 210 215 220
 Ser Gly Leu Leu Gly Ile Ala Ser Thr Leu Asn Pro Gln Val Gly Ser
 225 230 235 240
 Ala Gln Pro Ile Val Ile Pro Thr Pro Ile Gly Glu Leu Asp Val Ile
 245 250 255
 Ala Leu Tyr Ile Ala Ser Ile Ala Thr Gly Ser Ile Ala Leu Ala Ile
 260 265 270
 Thr Asn Thr Ala Arg Pro Trp His Ile Gly Leu Tyr Gly Asn Ala Gly
 275 280 285
 Gly Leu Gly Pro Thr Gln Gly His Pro Leu Ser Ser Ala Thr Asp Glu
 290 295 300
 Pro Glu Pro His Trp Gly Pro Phe Gly Gly Ala Ala Pro Val Ser Ala
 305 310 315 320
 Gly Val Gly His Ala Ala Leu Val Gly Ala Leu Ser Val Pro His Ser
 325 330 335
 Trp Thr Thr Ala Ala Pro Glu Ile Gln Leu Ala Val Gln Ala Thr Pro
 340 345 350
 Thr Phe Ser Ser Ser Ala Gly Ala Asp Pro Thr Ala Leu Asn Gly Met
 355 360 365
 Pro Ala Gly Leu Leu Ser Gly Met Ala Leu Ala Ser Leu Ala Ala Arg
 370 375 380
 Gly Thr Thr Gly Gly Gly Gly Thr Arg Ser Gly Thr Ser Thr Asp Gly
 385 390 395 400
 Gln Glu Asp Gly Arg Lys Pro Pro Val Val Val Ile Arg Glu Gln Pro
 405 410 415
 Pro Pro Gly Asn Pro Pro Arg
 420

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:143:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:97 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:143:

```

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

(2) INFORMACIÓN PARA LA SEC ID NO:144:

(i) CARACTERÍSTICAS DE LA SECUENCIA:

(A) LONGITUD:99 aminoácidos

(B) TIPO: aminoácido

(C) TIPO DE CADENA: sencilla

(D) TOPOLOGÍA: lineal

(ii) TIPO DE MOLÉCULA: proteína

(xi) DESCRIPCIÓN DE LA SECUENCIA: SEC ID NO:144:

```

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

REIVINDICACIONES

1. Un polipéptido aislado que comprende:
 - (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138;
 - (ii) una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138, en donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 138;
 - (iii) una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
2. El polipéptido aislado según la reivindicación 1, que consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
3. El polipéptido aislado según la reivindicación 1, que consiste en una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138, donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
4. El polipéptido aislado según la reivindicación 1, que consiste en una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
5. El polipéptido aislado según la reivindicación 1, que comprende (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, o (ii) una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138, donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad con respecto a la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
6. El polipéptido aislado según la reivindicación 1, que comprende (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, o (ii) una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
7. El polipéptido aislado según la reivindicación 1, que comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
8. Una proteína de fusión que comprende un polipéptido que comprende:
 - (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138;
 - (ii) una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138, donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 138; ó
 - (iii) una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, y un antígeno de *M. tuberculosis* conocido.
9. Una molécula de ADN aislada que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende:
 - (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138;
 - (ii) una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138, donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 138; ó
 - (iii) una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
10. La molécula de ADN aislada según la reivindicación 9, que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138 ó (ii) una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138 donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
11. La molécula de ADN aislada según la reivindicación 9, que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138 ó (ii) una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
12. La molécula de ADN aislada según la reivindicación 9, que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, para uso como medicamento.
13. Una molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína de fusión según la reivindicación 8.

- 14.** Una composición farmacéutica que comprende al menos un polipéptido según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, o una proteína de fusión según la reivindicación 8 y un vehículo fisiológicamente aceptable.
- 15.** Una composición farmacéutica que comprende al menos una molécula de ADN según una cualquiera de las reivindicaciones 9 a 13 y un vehículo fisiológicamente aceptable.
- 16.** Una vacuna que comprende al menos un polipéptido según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, o una proteína de fusión según la reivindicación 8 y un potenciador de respuesta inmune no específico.
- 17.** Una vacuna que comprende al menos una molécula de ADN según una cualquiera de las reivindicaciones 9 a 13 y un potenciador de la respuesta inmune no específico.
- 18.** Una vacuna de la reivindicación 16 ó de la 17, donde el potenciador de la respuesta inmune no específico es un adyuvante.
- 19.** El uso de un polipéptido según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, en la fabricación de un medicamento para el tratamiento o la prevención de infección de *Mycobacterium tuberculosis*.
- 20.** El uso según la reivindicación 19, donde el polipéptido es una proteína de fusión según la reivindicación 8.
- 21.** El uso de una molécula de ADN aislada que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que comprende:
- (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138;
 - (ii) una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138, donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 138; ó
 - (iii) una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, en la fabricación de un medicamento para el tratamiento o la prevención de tuberculosis.
- 22.** El uso de un polipéptido que comprende:
- (i) la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138;
 - (ii) una variante inmunogénica de la SEQ ID NO: 138, donde dicha variante tiene al menos un 90% de identidad respecto a la SEQ ID NO: 138; ó
 - (iii) una porción inmunogénica de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 138, en la fabricación de un medio diagnóstico para tuberculosis.

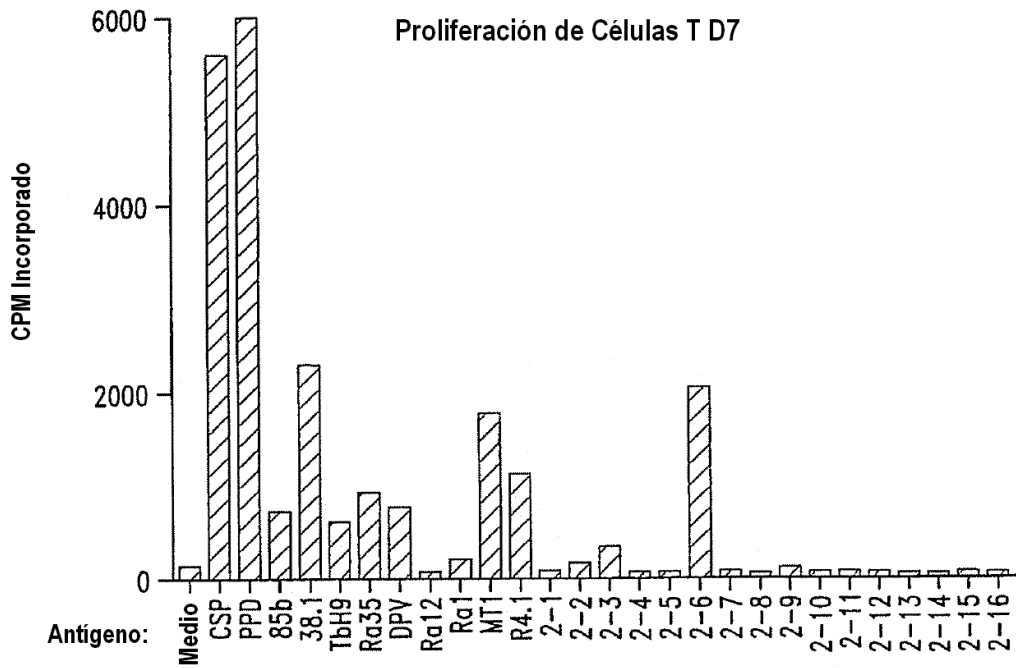


Fig. 1A

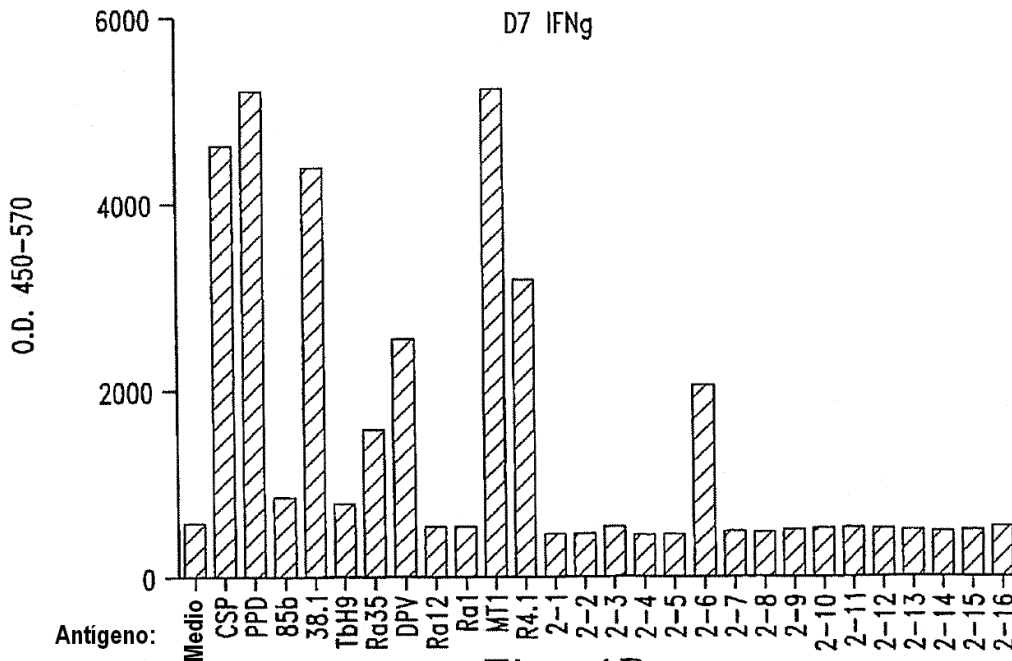


Fig. 1B

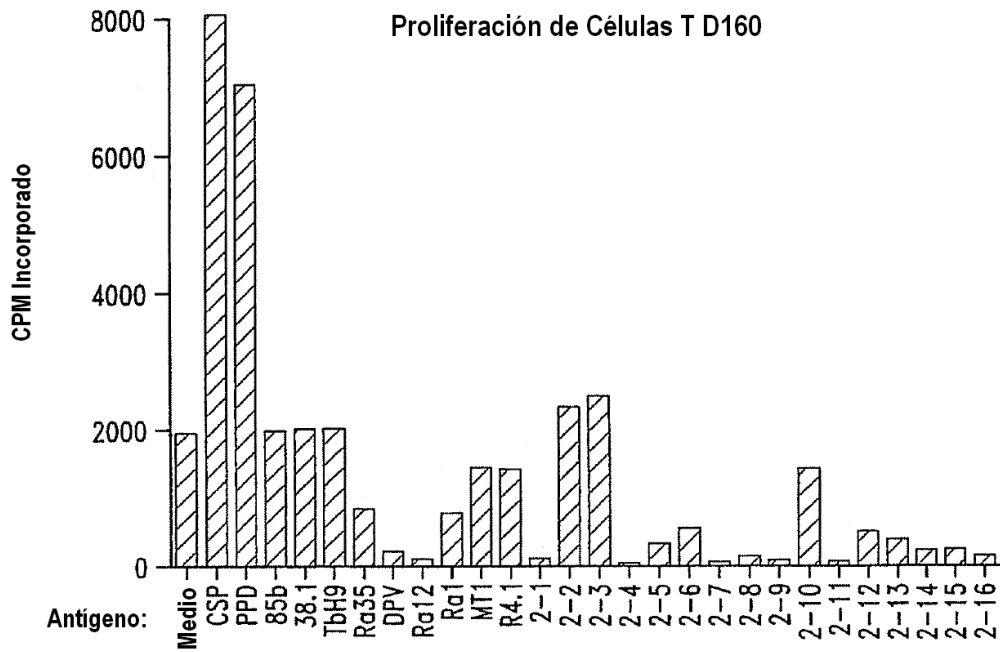


Fig. 2A

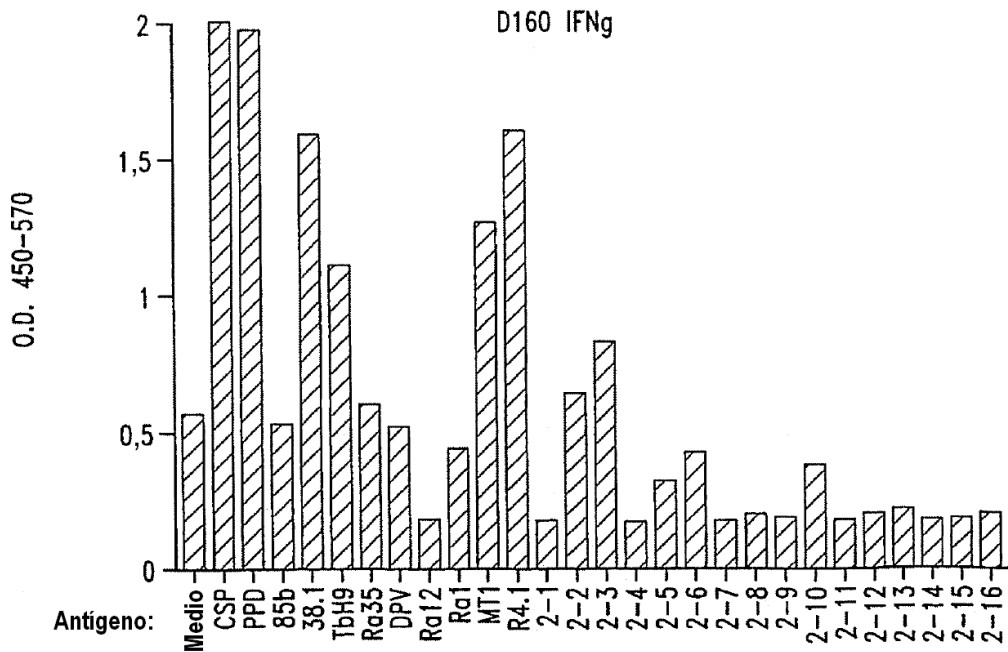


Fig. 2B