

(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS
ESPAÑA



(11) Número de publicación: **2 456 960**

(51) Int. Cl.:

C12N 15/55 (2006.01)
A23L 1/03 (2006.01)
C12N 9/16 (2006.01)
C12N 15/82 (2006.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **26.03.2008 E 08718230 (9)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **22.01.2014 EP 2129781**

(54) Título: **Fitasa de Hafnia**

(30) Prioridad:

26.03.2007 EP 07104870

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

24.04.2014

(73) Titular/es:

NOVOZYMES A/S (100.0%)
Krogshøjvej 36
2880 Bagsvaerd, DK

(72) Inventor/es:

LASSEN, SOREN FLENSTED;
SJOEHL HOLM, CARSTEN y
SKOV, LARS KOBBEROEE

(74) Agente/Representante:

TOMAS GIL, Tesifonte Enrique

ES 2 456 960 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

- Fitasa de *Hafnia*
- 5 Listado de secuencias
- [0001] La presente solicitud contiene una copia en papel y en formato digital de un listado de secuencias.
- 10 Depósito de material biológico
- [0002] Una cepa bacteriana que produce fitasa fue aislada a partir de suelo danés. Se demostró que la cepa produce una fitasa con pH óptimo ácido y alta termoestabilidad. La cepa fue identificada como *Hafnia alvei* y fue depositada el 21 de Marzo de 2007, según las condiciones del Tratado de Budapest con el Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ) y se le dio el siguiente número de acceso:
- 15

<u>Depósito</u>	<u>Número de acceso</u>	<u>Fecha del depósito</u>
<i>Hafnia alvei</i> NN020125	DSM 19197	21 de Marzo de 2007
- Campo de la invención
- 20 [0003] La presente invención se refiere a polipéptidos aislados que tienen actividad de fitasa y polinucleótidos aislados que codifican los polipéptidos. Los polipéptidos están relacionados con una fitasa derivada de la *Hafnia alvei*, la secuencia de aminoácidos que se muestra en el listado de secuencias anexo como SEQ ID NO: 10. La invención también se refiere a constructos de ácidos nucleicos, vectores y células huésped que comprenden los polinucleótidos así como los métodos para producir y usar los polipéptidos, en particular en piensos para animales.
- 25 Antecedentes de la invención
- [0004] Las fitasas son enzimas bien conocidas, como lo son las ventajas de añadirlas a productos alimenticios para animales, incluyendo humanos. Las fitasas han sido aisladas a partir de muchas fuentes, incluyendo varias cepas fúngicas y bacterianas.
- 30 [0005] Específicamente WO 2006/043178 (DANISCO) divulga fitasas de una cepa de *Buttiauxiella* sp. y variantes de la misma. Estas fitasas son aproximadamente idénticas en un 70% a las fitasas de la presente invención.
- 35 [0006] Es un objetivo de la presente invención el proporcionar polipéptidos alternativos que tienen actividad de fitasa y polinucleótidos que codifican los polipéptidos. Los polipéptidos de la invención son preferiblemente de propiedades modificadas, más preferiblemente mejoradas, por ejemplo, de una especificidad de sustrato diferente, de una actividad específica más alta, de una estabilidad incrementada (como por ejemplo estabilidad ácida, estabilidad calorífica y/o estabilidad de proteasa, en particular estabilidad de pepsina), de un pH óptimo alterado (por ejemplo un pH óptimo inferior o más alto) y/o de un rendimiento mejorado en piensos para animales (como por ejemplo una liberación y/o degradación de fitato mejorada).
- 40 Resumen de la invención
- 45 [0007] La presente invención se refiere a un polipéptido aislado con actividad de fitasa, seleccionado del grupo que consta de:
- 50 un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 85% de identidad con los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10 sobre la longitud de los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10, donde la termoestabilidad relativa al polipéptido de aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10 es, o bien no afectada, o bien mejorada.
- [0008] La invención también se refiere a polinucleótidos aislados que comprenden una secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido de la invención.
- 55 [0009] La invención también se refiere a constructos de ácidos nucleicos que comprenden los polinucleótidos de la invención operativamente enlazados a una o más secuencias de control que dirigen la producción del polipéptido en un huésped de expresión, vectores de expresión recombinantes que comprenden el constructo de ácidos nucleicos de la invención y células huésped recombinantes que comprenden los constructos de ácidos nucleicos.
- 60 [0010] La invención se refiere también a métodos para producir tales polipéptidos de la invención que comprenden (a) cultivar una célula, que en su forma de tipo salvaje es capaz de producir el polipéptido o una célula huésped recombinante de la invención, bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (b) recuperar el polipéptido.

- [0011] La invención se refiere adicionalmente a un método para la producción de un producto de fermentación, que comprende (a) fermentar un material que contiene carbohidratos en presencia de una fitasa de la invención usando un microorganismo fermentativo y (b) producir el producto de fermentación o el coproducto de fermentación del material fermentado que contiene carbohidratos, por el que el producto de fermentación es preferiblemente etanol, cerveza, vino o granos secos de destilería (GSD).
- [0012] La invención también se refiere a una planta transgénica, parte de la planta o célula vegetal, que ha sido transformada con un polinucleótido que codifica el polipéptido de la invención.
- [0013] Adicionalmente la invención se refiere a un aditivo para pienso que comprende
- (a) al menos un polipéptido de la invención; y
 - (b) al menos una vitamina soluble en grasa, al menos una vitamina hidrosoluble, al menos un oligoelemento o combinaciones de los mismos.
- [0014] Según la invención, tal aditivo de pienso puede además comprender al menos una amilasa, al menos una fitasa adicional, al menos una xilanasa, al menos una galactanasa, al menos una alfa-galactosidasa, al menos una proteasa, al menos una fosfolipasa y/o al menos una beta-glucanasa.
- [0015] La invención se refiere adicionalmente a una composición de pienso para animales con un contenido bruto de proteína de 50 a 800 g/kg y que comprende al menos un polipéptido de la invención y el uso de al menos un polipéptido de la invención en pienso para animales o en la preparación de una composición para uso en pienso para animales.
- Breve descripción de las figuras
- [0016]
- Fig. 1 muestra el fósforo residual unido al inositol-fosfato después de incubación *in vitro*, en una comparación entre la fitasa de *Hafnia alvei* y una fitasa de *Citrobacter braakii* dosificada desde 125 hasta 500 FYT/kg de pienso.
- Fig. 2 muestra una comparación del fósforo residual enlazado al inositol-fosfato después de incubación *in vitro* entre la fitasa de *Hafnia alvei* y una fitasa *Peniophora lycii* dosificada a 250 FYT/kg de pienso y a 500 FYT/kg de pienso.
- Fig. 3 muestra el Apéndice de las coordenadas estructurales para la estructura tridimensional cristalina resuelta de la fitasa de *Hafnia alvei*.
- Definiciones
- [0017] Actividad de fitasa: en el presente contexto, un polipéptido con actividad de fitasa (una fitasa) es una enzima que cataliza la hidrólisis de fitato (myo-inositol hexakisfosfato) a (1) myo-inositol y/o (2) mono-, di-, tri-, tetra y/o pentafosfatos del mismo y (3) fosfato inorgánico.
- [0018] El sitio ENZYMA en Internet (www.expasy.ch/enzyme/) es un repositorio de información relativo a la nomenclatura de enzimas. Está principalmente basado en las recomendaciones del Comité de Nomenclatura de la Unión Internacional de Bioquímica y Biología Molecular (IUB-MB) y describe cada tipo de enzima caracterizada para la cual un número EC (Comisión Enzimática) ha sido proporcionado (Bairoch A. The ENZYME database, 2000, Nucleic Acid Res 28:304-305). Ver también el manual de Nomenclatura Enzimática de NC-IUBMB, 1992.
- [0019] Según el sitio ENZYMA, se conocen tres tipos diferentes de fitasas: una 3-fitasa (myo-inositol hexafosfato 3-fosfohidrolasa, EC 3.1.3.8), una 6-fitasa (myo-inositol hexafosfato 6-fosfohidrolasa, EC 3.1.3.26) y una 5-fitasa (EC 3.1.3.72). A efectos de la presente invención, todos los tipos se incluyen en la definición de fitasa.
- [0020] En una realización particular, las fitasas de la invención pertenecen a la familia de las fosfatases de histidina ácida, que incluyen la fosfatasa ácida de *Escherichia coli* con pH 2.5 (gen appA) así como fitasas fúngicas tales como las fitasas de *Aspergillus awamori* A y B (EC: 3.1.3.8) (genes PhyA y phyB). Las fosfatases de ácido de histidina comparten dos regiones de similitud de la secuencia, cada una centrada alrededor de un residuo de histidina conservado. Estas dos histidinas parecen estar implicadas en el mecanismo catalítico de las enzimas. La primera histidina se sitúa en la sección N-terminal y forma un intermedio de fosfo-histidina mientras que la segunda se localiza en la sección C-terminal y posiblemente actúa como donante de protones.
- [0021] En una forma de realización particular adicional, las fitasas de la invención tienen un motivo conservado de sitio activo, esto es, R-H-G-X-R-X-P, donde X designa cualquier aminoácido (ver aminoácidos 18 a 24 de la fitasa madura mostrados en la SEQ ID NO: 10).
- [0022] A efectos de la presente invención la actividad de fitasa se determina en unidades FYT, siendo una FYT la cantidad de enzima que libera 1 micro-mol de ortofosfato inorgánico por minuto bajo las siguientes condiciones: pH 5.5;

temperatura 37°C; sustrato: fitato de sodio ($C_6 H_6 O_{24} P_6 Na_{12}$) en una concentración de 0.0050 mol/L. Ensayos adecuados de fitasa son los ensayos FYT y FTU descritos en ejemplo 1 de WO 00/20569. El FTU sirve para determinar la actividad de fitasa en el pienso y la premezcla. La actividad de fitasa puede también ser determinada usando los ensayos de fitasa de los ejemplos en este documento.

5 [0023] pH óptimo: el pH óptimo de un polipéptido de la invención se determina incubando la fitasa con varios valores de pH, usando un sustrato en una concentración predeterminada y una temperatura de incubación fija. El pH óptimo se determina luego a partir de una representación gráfica de la actividad de fitasa en función del pH. En una realización particular se usa el ensayo FYT, esto es, el sustrato es fitato de sodio de 5mM, la temperatura de reacción es 37°C y la actividad se determina en unidades FYT con varios valores de pH, como se hace más adelante en los ejemplos. En otra forma de realización particular se usa el ensayo de fitasa de cualquiera de los ejemplos. Un pH óptimo relativamente bajo significa un pH óptimo por debajo de pH 5.0, por ejemplo por debajo de pH 4.5, 4.0, 3.5, 3.0, 2.5 o incluso por debajo de 2.0. Un pH óptimo relativamente alto significa un pH óptimo por encima de pH 5.0, por ejemplo por encima de pH 5.5, 6.0, 6.5, 7.0, 7.5, 8.0, 8.5 o incluso por encima de 9.0.

10 15 [0024] Polipéptido aislado: el término "polipéptido aislado" tal como se usa en este caso se refiere a un polipéptido que es puro al menos en un 20%, preferiblemente puro al menos en un 40%, más preferiblemente puro al menos en un 60%, incluso más preferiblemente puro al menos en un 80%, de la forma más preferible puro al menos en un 90% e incluso de la forma más preferible puro al menos en un 95%, tal como se determina mediante SDS-PAGE.

20 25 30 [0025] Polipéptido sustancialmente puro: el término "polipéptido sustancialmente puro" denota en este caso un preparado de polipéptido que contiene como mucho un 10%, preferiblemente como mucho un 8%, más preferiblemente como mucho un 6%, más preferiblemente como mucho un 5%, más preferiblemente como mucho un 4%, como mucho un 3%, incluso más preferiblemente como mucho un 2%, de la forma más preferible como mucho 1% e incluso de la forma más preferible como mucho un 0.5% en peso de otro material de polipéptido con el cual esté originalmente asociado. Se prefiere, por lo tanto, que el polipéptido sustancialmente puro sea puro al menos en un 92%, preferiblemente puro al menos en un 94%, más preferiblemente puro al menos en un 95%, más preferiblemente puro al menos en un 96%, más preferiblemente puro al menos en un 96%, más preferiblemente puro al menos en un 97%, más preferiblemente puro al menos en un 98%, incluso más preferiblemente puro al menos en un 99%, de la forma más preferible puro al menos en un 99.5% e incluso de la forma más preferible puro al 100% en peso del material de polipéptido total presente en el preparado.

35 [0026] Los polipéptidos de la presente invención están preferiblemente en una forma sustancialmente pura. En particular, se prefiere que los polipéptidos estén en "forma esencialmente pura", es decir, que el preparado de polipéptidos esté esencialmente libre de otro material polipeptídico con el cual esté originalmente asociado. Esto se puede lograr, por ejemplo, preparando el polipéptido mediante métodos recombinantes bien conocidos o por métodos de purificación tradicionales.

40 [0027] En este caso, el término "polipéptido sustancialmente puro" es sinónimo de los términos "polipéptido aislado" y "polipéptido en forma aislada".

[0028] Identidad: el parentesco entre dos secuencias de aminoácidos o entre dos secuencias de nucleótidos es descrito por el parámetro "identidad".

45 50 [0029] A efectos de la presente invención, el grado de identidad entre dos secuencias de aminoácidos, así como el grado de identidad entre dos secuencias de nucleótidos, se determina mediante el programa "Align" que es un alineamiento Needleman-Wunsch (es decir, alineamiento global), útil para alineamientos tanto de proteínas como de ADN. La matriz de puntuación por defecto BLOSUM50 y la matriz de identidad por defecto se usan para alineamientos de proteínas y ADN respectivamente. La penalización para el primer residuo en un gap es -12 para proteínas y -16 para ADN. Mientras que las penalizaciones para residuos adicionales en un gap son -2 para proteínas y -4 para ADN.

[0030] "Align" es parte del paquete FASTA versión v20u6 (ver W.R. Pearson y D.J. Lipman (1988), "Improved Tools for Biological Sequence Analysis" PNAS 85:2444-2448, y W.R. Pearson (1990) "Rapid and Sensitive Sequence Comparison with FASTP and FASTA", Methods in Enzymology 183:63-98) Los alineamientos de proteínas mediante FASTA usan el algoritmo Smith-Waterman sin limitación en el tamaño de gap (ver "Smith-Waterman algorithm", T. F. Smith y M. S. Waterman (1981) J. Mol. Biol. 147:195-197).

60 [0031] El algoritmo Needleman-Wunsch es descrito en Needleman, S.B. y Wunsch, C.D., (1970), Journal of Molecular Biology, 48: 443-453 y el programa Align por Miers y W. Miller en "Optimal Alignments in Linear Space" CABIOS (aplicaciones de ordenador en las biociencias, por sus siglas en inglés) (1988) 4:11-17.

65 [0032] El grado de identidad entre la secuencia diana (o muestra, o prueba) y una secuencia especificada (aminoácidos 1 a 413 de la fitasa madura mostrada en la SEQ ID NO: 10) se puede determinar de la siguiente manera: las secuencias son alineadas usando el programa "Align". Se determina el número de correspondencias perfectas ("N-correspondencia perfecta") en el alineamiento (una correspondencia perfecta significa el mismo residuo de aminoácido en la misma

posición de alineamiento, normalmente designada con una "I" en el alineamiento). Se determina la longitud (el número de residuos de aminoácidos) de la secuencia especificada ("N-especificada", aquí = 413). El grado de identidad se calcula como la razón entre "N-especificada" y "N-correspondencia-perfecta" (para la conversión a porcentaje de identidad multiplicar por 100).

5 [0033] En una realización alternativa, el grado de identidad entre una secuencia diana (o muestra, o prueba) y la secuencia especificada (aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10) se determina de la siguiente manera: las dos secuencias son alineadas usando el programa "align". Se determina el número de correspondencias perfectas ("N-correspondencia-perfecta") en el alineamiento (una correspondencia perfecta significa el mismo residuo de aminoácido 10 en la misma posición de alineamiento, normalmente designada con una "I" en el alineamiento). La longitud común de las dos secuencias alineadas se determina también, esto es, el número total de aminoácidos en la parte del alineamiento que se solapa ("N-solapamiento"). El grado de identidad se calcula como la razón entre "N-solapamiento" y "N-correspondencia-perfecta" (para la conversión a porcentaje de identidad multiplicar por 100). El N-solapamiento excluye gaps iniciales y finales creados por el alineamiento, si los hay.

15 [0034] Fragmento de polipéptido: el término "fragmento de polipéptido" se define en este caso como un polipéptido que tiene uno o más aminoácidos delecionados de los terminales amino y/o carboxilo de la parte madura del péptido de la secuencia especificada, por ejemplo la SEQ ID NO: 10 o una secuencia homóloga de la misma, donde el fragmento tiene actividad de fitasa. En realizaciones particulares, el fragmento contiene al menos 350, 360, 370, 380, 390, 400, 20 405 o al menos 410 residuos de aminoácidos.

25 [0035] Subsecuencia: el término "subsecuencia" se define en este caso como una secuencia de nucleótidos con uno o más nucleótidos delecionados de los extremos 5' y/o 3' de la parte madura de codificación del péptido de la secuencia especificada, por ejemplo SEQ ID NO: 9, o una secuencia homóloga de la misma, donde la subsecuencia codifica un fragmento de polipéptido con actividad de fitasa. En realizaciones particulares, la subsecuencia contiene al menos 1050, 1080, 1110, 1140, 1170, 1200, 1215, 1230, 1245, 1260, 1275, 1290, 1305, 1320 o al menos 1335 nucleótidos.

30 [0036] Variante alélica: el término "variante alélica" denota en este caso cualesquiera dos o más formas alternativas de un gen que ocupa el mismo locus cromosómico. La variación alélica surge naturalmente a través de mutaciones y 35 puede suponer polimorfismo dentro de las poblaciones. Las mutaciones de genes pueden ser silenciosas (sin cambios en el polipéptido codificado) o pueden codificar polipéptidos que tienen secuencias de aminoácidos alteradas. Una variante alélica de un polipéptido es un polipéptido codificado por una variante alélica de un gen.

40 [0037] Polinucleótido sustancialmente puro: el término "polinucleótido sustancialmente puro" tal como se usa en este caso se refiere a un preparado de polinucleótidos libre de otros nucleótidos superfluos o no deseados y en una forma adecuada para el uso dentro de sistemas de producción de proteínas diseñadas genéticamente. Así, un polinucleótido sustancialmente puro contiene como mucho un 10%, preferiblemente como mucho un 8%, más preferiblemente como mucho un 6%, más preferiblemente como mucho un 5%, más preferiblemente como mucho un 4%, más preferiblemente como mucho un 3%, incluso más preferiblemente como mucho un 2%, de la forma más preferible como mucho un 1% e 45 incluso de la forma más preferible como mucho un 0.5% en peso de otro material polinucleótido con el cual está originalmente asociado. Un polinucleótido sustancialmente puro puede, no obstante, incluir regiones 5' y 3' no traducidas de origen natural, tales como promotores y terminadores. Se prefiere que el polinucleótido sustancialmente puro sea puro al menos en un 90%, preferiblemente puro al menos en un 92%, más preferiblemente puro al menos en un 94%, más preferiblemente puro al menos en un 95%, más preferiblemente puro al menos en un 96%, más 50 preferiblemente puro al menos en un 97%, incluso más preferiblemente puro al menos en un 98%, de la forma más preferible puro al menos en un 99% e incluso de la forma más preferible puro al menos en un 99.5% puro en peso. Los polinucleótidos de la presente invención están preferiblemente en una forma sustancialmente pura. En particular, se prefiere que los polinucleótidos descritos aquí estén en "forma esencialmente pura", es decir, que el preparado de polinucleótidos esté esencialmente libre de otro material de polinucleótidos con el cual esté originalmente asociado. Aquí, el término "nucleótido sustancialmente puro" es sinónimo de los términos "polinucleótido aislado" y "polinucleótido en forma aislada". Los polinucleótidos puede ser de origen genómico, ADNc, ARN, semisintético, sintético o cualquier combinación de los mismos.

55 [0038] Constructo de ácidos nucleicos: el término "constructo de ácidos nucleicos" tal como se utiliza en este caso se refiere a una molécula de ácido nucleico tanto mono- como bicatenario, que es aislada de un gen de origen natural o que se modifica para contener segmentos de ácidos nucleicos de forma que de otra manera no existirían en naturaleza. El término constructo de ácidos nucleicos es sinónimo del término "casete de expresión" cuando el constructo de ácidos nucleicos contiene las secuencias de control requeridas para la expresión de una secuencia codificante de la presente invención.

60 [0039] Secuencia de control: el término "secuencia de control" es definido en este caso para incluir todos los componentes, que son necesarios o favorables para la expresión de un polinucleótido que codifica un polipéptido de la presente invención. Cada secuencia de control puede ser nativa o extranjera a la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido. Tales secuencias de control incluyen, pero de no se limitan a, un líder, una secuencia de poliadenilación, una secuencia de propéptidos, un promotor, una secuencia de péptidos señal y terminador de transcripción. Como mínimo, las secuencias de control incluyen un promotor y señales de terminación traducionales y

transcripcionales. Las secuencias de control se pueden proporcionar con enlazadores con el propósito de introducir sitios de restricción específicos que faciliten la unión de las secuencias de control con la región de codificación de la secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido.

- 5 [0040] Operativamente enlazado: el término "operativamente enlazado" denota en este caso una configuración en la que una secuencia de control se sitúa en una posición apropiada en relación a la secuencia codificante de la secuencia de polinucleótidos tal que la secuencia de control dirige la expresión de la secuencia codificante de un polipéptido.
- 10 [0041] Secuencia codificante: cuando se usa en este caso el término "secuencia codificante" significa una secuencia de nucleótidos que especifica directamente la secuencia de aminoácidos de su producto proteínico. Los bordes de la secuencia codificante están generalmente determinados por un marco de lectura abierto, que comienza normalmente con el codón ATG de inicio o con codones de inicio alternativos tales como GTG y TTG. La secuencia codificante puede ser un ADN, ADNc o una secuencia recombinante de nucleótidos.
- 15 [0042] Parte madura del polipéptido: cuando se usan en este caso los términos "parte madura del péptido" o "parte madura del polipéptido" se refieren a aquella parte del polipéptido que es segregada por una célula que contiene, como parte de su equipamiento genético, un polinucleótido que codifica el polipéptido. En otras palabras, la parte madura del polipéptido se refiere a aquella parte del polipéptido que permanece después de que la parte de péptido señal se corta una vez ha cumplido su función de dirigir el polipéptido codificado hacia la vía secretora de la célula. La parte de péptido señal predicha de la SEQ ID NO: 10 son los aminoácidos -33 a -1 de la misma, lo que significa que la parte madura de polipéptido predicha de la SEQ ID NO: 10 corresponde a los aminoácidos 1 a 413 del mismo. No obstante, una ligera variación puede ocurrir de célula huésped a célula huésped, y por lo tanto se prefiere la parte madura de expresión del polipéptido.
- 20 [0043] Parte de codificación madura del polipéptido: cuando se usa en este caso el término "parte de codificación madura del polipéptido" o "secuencia codificante madura del polipéptido" se refiere a aquella parte del polinucleótido que codifica el polipéptido el cual codifica la parte madura del polipéptido. Por ejemplo, para la SEQ ID NO: 9, la parte madura de codificación del polipéptido predicha corresponde a los nucleótidos 100 a 1338 (codificando los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10).
- 25 [0044] Expresión: el término "expresión" incluye cualquier paso implicado en la producción del polipéptido incluyendo, pero no limitado a, transcripción, modificación postranscripcional, traducción, modificación postraduccional y secreción.
- 30 [0045] Vector de expresión: el término "vector de expresión" se define en este caso como una molécula de ADN lineal o circular que comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido de la invención y que se enlaza operativamente a nucleótidos adicionales que garantizan su expresión.
- 35 [0046] Célula huésped: el término "célula huésped", como se utiliza en este caso, incluye cualquier tipo de célula que es susceptible a transformación, transfección, transducción y similares con un constructo de ácidos nucleicos que comprende un polinucleótido de la presente invención.
- 40 [0047] Modificación: el término "modificación" significa en este caso cualquier modificación química del polipéptido especificado, por ejemplo el polipéptido que consiste en los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10, así como la manipulación genética del ADN que codifica ese polipéptido. La(s) modificación(es) puede(n) ser sustitución(es), 45 delección(es) y/o inserción(es) del(los) aminoácido(s) así como sustitución(es) de cadena(s) laterales de aminoácidos.
- 45 [0048] Variante Artificial: cuando se usa en este caso, el término "variante artificial" significa un polipéptido que tiene actividad de fitasa producida por un organismo que expresa una secuencia de nucleótidos modificada de la parte madura de codificación de fitasa de la SEQ ID NO: 9. La secuencia de nucleótidos modificada se obtiene a través de intervención humana modificando la parte madura de codificación de fitasa de la secuencia de nucleótidos descrita en la SEQ ID NO: 9.
- 50 Descripción detallada de la invención
- 55 Polipéptidos con actividad de fitasa
- [0049] En un primer aspecto, la presente invención se refiere a un polipéptido aislado con actividad de fitasa, seleccionado del grupo que consta de:
- 60 un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 85% identidad con los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10 sobre la longitud de aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO:10, donde la termoestabilidad relativa al polipéptido de aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO:10 es, o bien no afectada, o bien mejorada.
- 65 [0050] En realizaciones particulares, el grado de identidad es al menos un 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 96.5%, 97%, 97. 5%, 98%, 98.5%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.0%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%,

99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% o al menos un 99.9%, que tienen actividad de fitasa (en adelante "polipéptidos homólogos").

5 [0051] En otras realizaciones particulares, los polipéptidos homólogos tienen una secuencia de aminoácidos que difiere en 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2 ó 1 aminoácido de los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10.

10 [0052] En realizaciones particulares, el polipéptido de la presente invención comprende la parte madura de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 10, que comprende los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10.

15 [0053] La secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 9, o una subsecuencia de la misma, así como la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 10, o un fragmento de la misma, se pueden utilizar para diseñar una sonda de ácido nucleico para identificar y clonar polipéptidos de codificación de ADN con actividad de fitasa de cepas de diferentes géneros o especies según métodos bien conocidos en la técnica. En particular, tales sondas se pueden usar para 20 hibridación con el ADNc o genómico del género o especie de interés, siguiendo procedimientos Southern blot estándar, para identificar y aislar el gen correspondiente en ellos. Tales sondas pueden ser considerablemente más cortas que la secuencia entera, pero deberían ser al menos de 14, preferiblemente al menos de 25, más preferiblemente al menos de 35 y lo más preferible al menos de 70 nucleótidos de longitud. Se prefiere, no obstante, que la sonda de ácido nucleico sea al menos de 100 nucleótidos de longitud. Por ejemplo, la sonda de ácido nucleico puede ser al menos de 200 nucleótidos, preferiblemente al menos de 300 nucleótidos, más preferiblemente al menos de 400 nucleótidos o lo más preferible al menos de 500 nucleótidos de longitud. Incluso sondas más largas pueden ser utilizadas, por ejemplo, sondas de ácido nucleico que son al menos de 600 nucleótidos, preferiblemente al menos de 700 nucleótidos, más preferiblemente al menos de 800 nucleótidos o lo más preferible al menos de 900 nucleótidos de longitud. Se pueden 25 usar sondas tanto de ADN como de ARN. Las sondas son típicamente marcadas para la detección del gen correspondiente (por ejemplo, con ^{32}P , ^{3}H , ^{35}S , biotina o avidina). Tales sondas están incluidas en la presente invención.

30 [0054] Una biblioteca de ADN genómico preparada a partir de tales otros organismos puede, por lo tanto, ser seleccionada para ADN que se hibride con las sondas anteriormente descritas y que codifica un polipéptido con actividad de fitasa. El ADN genómico o de otro tipo de tales otros organismos puede ser separado mediante electroforesis en gel de agarosa o poliacrilamida u otras técnicas de separación. El ADN de las bibliotecas o el ADN separado se puede transferir e inmovilizar en nitrocelulosa u otro material portador adecuado. Para identificar un clon o ADN que es homólogo a SEQ ID NO: 9 o una subsecuencia del mismo, el material portador se usa en un Southern blot.

35 [0055] La hibridación indica que la secuencia de nucleótidos se hibrida con una sonda de ácido nucleico marcada que corresponde a la secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO: 9, la cadena complementaria de la misma, o una subsecuencia de la misma, bajo condiciones de astringencia de muy bajas a muy altas. Las moléculas con las que la sonda de ácido nucleico se hibrida bajo estas condiciones se pueden detectar usando una película de rayos-x.

40 [0056] La sonda de ácido nucleico puede ser cualquiera de las SEQ ID NOs: 1-8. Particularmente, la sonda de ácido nucleico es la cadena complementaria de los nucleótidos 100 a 450, nucleótidos 450 a 90 o nucleótidos 900 a 1338 de la SEQ ID NO: 9. Adicionalmente, la sonda de ácido nucleico puede ser una secuencia de polinucleótidos que codifica la parte madura del polipéptido de la SEQ ID NO: 10 o una subsecuencia de la misma. Además, la sonda de ácido nucleico es SEQ ID NO: 9, en particular las regiones maduras de codificación de polipéptidos de las mismas.

45 [0057] Para sondas largas de al menos 100 nucleótidos de longitud, las condiciones de astringencia de muy baja a muy alta son definidas como prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0.3% de SDS, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón desnaturalizado y cortado y, o bien 25% de formamida para astringencias muy bajas y bajas, o bien 35% de formamida para astringencias medias y media-altas o bien 50% de formamida para astringencias altas y muy altas, siguiendo procedimientos Southern blot estándar durante 12 a 24 horas óptimamente.

50 [0058] Para sondas largas de al menos 100 nucleótidos de longitud, el material portador se lava finalmente tres veces, cada una durante 15 minutos, usando 2X SSC, 0.2% de SDS preferiblemente al menos a 45°C (astringencia muy baja), más preferiblemente al menos a 50°C (astringencia baja), más preferiblemente al menos a 55°C (astringencia media), más preferiblemente al menos a 60°C (astringencia media-alta), incluso más preferiblemente al menos a 65°C (astringencia alta) y de la forma más preferible al menos a 70°C (astringencia muy alta).

60 [0059] Para sondas cortas de nucleótidos que son aproximadamente de 15 hasta alrededor de 70 nucleótidos de longitud, las condiciones de astringencia son definidas como prehibridación, hibridación y lavado post-hibridación desde alrededor de 5°C hasta alrededor de 10°C por debajo de la T_f calculada usando el cálculo según Bolton y McCarthy (1962, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 48:1390) en 0.9 M de NaCl, 0.09 M de Tris-HCl pH 7.6, 6 mM de EDTA, 0.5% de NP-40, 1X solución de Denhardt, 1 mM de pirofosfato de sodio, 1 mM de fosfato monobásico de sodio, 0.1 mM de ATP, y 0.2 mg de ARN de levadura por ml siguiendo procedimientos estándar de Southern blot.

65 [0060] Para sondas cortas de nucleótidos que son aproximadamente de 15 hasta alrededor de 70 nucleótidos de longitud, el material portador se lava una vez en 6X SCC más 0.1% de SDS durante 15 minutos y dos veces durante 15 minutos cada una usando 6X SSC de 5°C a 10°C por debajo de la T_f calculada.

[0061] Bajo condiciones de hibridación con contenido de sal, la T_f eficaz es la que controla el grado de identidad requerida entre la sonda y el ADN unido al filtro para una hibridación exitosa. La T_f eficaz puede ser determinada usando la fórmula siguiente para determinar el grado de identidad requerida para que dos ADN se hibriden bajo varias condiciones de astringencia.

$$T_f \text{ eficaz} = 81,5 + 16,6(\log M[\text{Na}^+]) + 0,41(\%G+C) - 0,72(\% \text{ formamida})$$

(Ver www.ndsu.nodak.edu/instruct/mcclean/plsc731/dna/dna6.htm)

[0062] "G+C" designa el contenido de nucleótidos G y T en la sonda. Para astringencia media, por ejemplo, la formamida es el 35% y la concentración de Na^+ para 5X SSPE es 0.75 M.

[0063] Los polipéptidos aislados de la invención que tienen actividad de fitasa, puede tener las siguientes propiedades fisicoquímicas (tal y como se analizó en los polipéptidos sustancialmente puros):

(i) una alta actividad específica, tal como una actividad específica en fitato de al menos el 50% de la actividad específica del appA de *E. coli* (SPTREMBL:Q8GN88), siendo la actividad específica preferiblemente medida en unidades de FYT por mg de proteína de enzima fitasa;

(ii) estabilidad ácida; tal como

- 20 (a) al menos un 60%, preferiblemente al menos un 65%, al menos un 70% o al menos un 75% de actividad residual tras la incubación durante la noche a 37°C en tampón de glicina/ácido clorhídrico de pH 2.2, en relación a la actividad residual tras la incubación durante la noche a 37°C en tampón HEPES de pH 7.0
- (b) al menos un 80%, preferiblemente al menos un 85%, al menos un 90% o al menos un 95% de actividad residual tras la incubación durante la noche a 37°C en tampón de glicina/ácido clorhídrico de pH 3.0, en relación a la actividad residual tras la incubación durante la noche a 37°C en tampón HEPES de pH 7.0; y/o
- (c) una actividad de fitasa residual después de 2 horas de incubación a una temperatura de 25, 30, 35 ó 37°C, preferiblemente 37°C y un pH de 2.2, 2.4, 2.5, 2.6, 2.8, 3.0, 3.2, 3.4 ó 3.5, preferiblemente tampones de glicina/ácido clorhídrico de pH 2.2 ó 3.0, de al menos un 50%, en comparación con la actividad residual del appA de *E. coli* (SPTREMBL:Q8GN88);

30 (iii) estabilidad calorífica, tal como una actividad de fitasa residual después de 0.5, 1, 1.5 ó 2 horas, preferiblemente 0.5 horas, de incubación con un pH de 5.5 y una temperatura de 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85 ó 95°C, preferiblemente de 70°C, de al menos un 50%, en comparación con la actividad residual del appA de *E. coli* (SPTREMBL:Q8GN88);

35 [0064] En la alternativa, se pueden utilizar mediciones de Calorimetría Diferencial de Barrido (DSC, por sus siglas en inglés) para determinar la temperatura de desnaturalización, T_d , de la proteína de fitasa purificada. La T_d es indicativa de la estabilidad calorífica de la proteína: cuanto más alta es la T_d más alta es la estabilidad calorífica. Se pueden realizar mediciones de DSC con varios valores de pH, por ejemplo, usando el VP-DSC de MicroCal. Se realizan barridos a una tasa constante de 1.5°C/min de 20 a 90°C. Los valores de pH preferidos son 4.0 y 5.5, preferiblemente 4.0. Antes de llevar a cabo la DSC, las fitasas son desaladas, por ejemplo usando columnas de NAP-5 (Pharmacia) equilibradas en tampones apropiados (p. ej. 25mM de acetato de sodio de pH 4.0, 0.1M de acetato de sodio de pH 5.5). El tratamiento de los datos se realiza usando el software MicroCal Origin (versión 4.10) y la temperatura de desnaturalización, T_d (también llamada temperatura de fusión, T_f) se define como la temperatura en el vértice del pico en el termograma.

40 45 (iv) estabilidad de proteasa, tal como una actividad de fitasa residual después de 0.5, 1, 1.5 ó 2 horas, preferiblemente 1 hora, de incubación a una temperatura de 20, 25, 30, 35 o 37°C, preferiblemente 37°C y un pH de 5.5, en presencia de 0.1 mg/ml de pepsina, de al menos un 50%, en comparación con la actividad residual de appA de *E. coli* (SPTREMBL:Q8GN88); y/o

50 (v) un pH óptimo por debajo de pH 5.0, por ejemplo, por debajo de pH 4.5, 4.0, 3.5, 3.0, 2.5 o incluso por debajo de 2.0, determinado usando el ensayo FYT y/o usando el ensayo del ejemplo 4, como se ha descrito previamente.

particularmente para el aspecto (i) anterior, la actividad específica es al menos un 60, 70, 80, 90, 100, 110, 120, 130, 140 o al menos un 150% de la actividad específica de appA de *E. coli*. En particular para cada uno de los aspectos (ii) a (iv) anteriores, la actividad residual es al menos un 60, 70, 80, 90, 100, 110, 120, 130, 140 o al menos un 150% de la actividad residual de appA de *E. coli*.

55 [0065] Además, la actividad de la enzima de la invención, a pH 5.0 y 37°C, medida sobre el sustrato pNP-fosfato puede ser menos del 11% de la actividad de la enzima medida en el fitato del sustrato. Preferiblemente, la proporción es menos del 10%, 9%, 8%, 7%, 6%, o menos del 5%. La proporción de pNP respecto a la hidrólisis de fitato es indicativa de la verdadera naturaleza de fitasa de la enzima. Una alta proporción de actividad en pNP en relación a la actividad en el fitato puede indicar que la enzima en cuestión es una fosfatasa con especificidad de sustrato relativamente baja, mientras que una baja proporción indica que es una enzima que acepta más específicamente fitato como sustrato.

60 65 [0066] Además una fitasa de la invención puede tener una liberación más alta de fósforo (P) en un modelo *in vitro*, en comparación con la fitasa de Penicillium licii, preferiblemente al menos un 110 % de la misma, más preferiblemente al menos un 120%, un 130% o al menos un 140% de la misma. Una fitasa de la invención, dosificada a 0.25 FYT/g de

pienso, puede liberar al menos un 150% de fósforo (P) en relación al fósforo liberado por la fitasa de Penicillium licii, también dosificada a 0.25 FYT/g de pienso en el modelo in vitro. Preferiblemente, la liberación es al menos del 155%, 160%, 165%, 170%, 175% o al menos del 180%. Además una fitasa de la invención, dosificada a 0.75 FYT/g de pienso, puede liberar al menos un 150% de fósforo (P), en relación al fósforo liberado por la fitasa de Penicillium licii, también dosificada a 0.75 FYT/g de pienso, en el modelo in vitro. Preferiblemente, la liberación es al menos del 155%, 160%, 165%, 170%, 175%, 180%, 185% o al menos del 190%.

[0067] Una fitasa de la invención puede tener actividad residual tras una incubación a 37°C y en un tampón de glicina/HCl 0.1 M, pH 2.0, durante 4 horas, de al menos un 20%, en comparación con la actividad a tiempo t = 0, siendo la actividad (y la actividad residual) ensayada a 37°C y pH 5.5 en fitato de sodio al 1% (p/v), usando un tampón de acetato de sodio 0.25 M con pH 5.5, tampón usado como blanco. Preferiblemente, la actividad residual es al menos de un 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75% o al menos de un 80%. Además, la fitasa de la invención puede tener actividad residual tras una incubación a 37°C y en un tampón de glicina/HCl 0.1 M, pH 2.5, durante 1 día (24 horas) de al menos un 20%, en comparación con la actividad a tiempo, t = 0, siendo la actividad (y la actividad residual) ensayada a 37°C y pH 5.5 en fitato de sodio al 1% (p/v), usando un tampón de acetato de sodio 0.25 M con pH 5.5, tampón usado como blanco. En realizaciones preferidas, la actividad residual es al menos un 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75% o al menos un 80%.

[0068] La presente invención se puede referir a variantes artificiales que comprenden una sustitución conservadora, delección y/o inserción de uno o más aminoácidos de la SEQ ID NO: 10 o el polipéptido maduro de los mismos. Una inserción puede ser dentro de la molécula y/o en el N- y/o C-terminal de la molécula en cuyo caso es también llamada extensión. Preferiblemente, los cambios de aminoácidos son de una naturaleza menor, esto es, sustituciones de aminoácidos conservadoras; delecciones pequeñas, típicamente desde 1 hasta alrededor de 30 aminoácidos; extensiones amino- o carboxilo-terminal pequeñas, tales como un residuo de metionina amino-terminal; un péptido de enlace pequeño desde 20 hasta alrededor de 25 residuos; o una pequeña extensión que facilita la purificación cambiando la carga neta u otra función, tal como un tracto de polihistidina, un epítopo antigénico o un dominio de unión - en otras palabras: cambios que no afectan significativamente al plegamiento y/o actividad de las proteínas.

[0069] Ejemplos de sustituciones conservadoras se encuentran dentro del grupo de aminoácidos básicos (arginina, lisina e histidina), aminoácidos ácidos (ácido glutámico y ácido aspártico), aminoácidos polares (glutamina y asparagina), aminoácidos hidrofóbicos (leucina, isoleucina y valina), aminoácidos aromáticos (fenilalanina, triptófano y tirosina) y aminoácidos pequeños (glicina, alanina, serina, treonina y metionina).

[0070] Otros ejemplos de sustituciones conservadoras son sustituciones de los 20 aminoácidos estándar por aminoácidos no estándar (tales como 4-hidroxiprolina, 6-N-metil lisina, ácido 2-aminoisobutírico, isovalina y alfa-metil serina). Las sustituciones conservadoras pueden también incluir una sustitución en aminoácidos que no son codificados por el código genético y aminoácidos no naturales. Los "aminoácidos no naturales" han sido modificados después de la síntesis de proteínas y/o tienen una estructura química en sus cadena(s) lateral(es) diferente de la de los aminoácidos estándar. Los aminoácidos no naturales pueden ser químicamente sintetizados y, preferiblemente, están disponibles comercialmente e incluyen ácido pipecólico, ácido tiazolidincarboxílico, dehidroxiprolina, 3- y 4-metilprolina y 3,3-dimetilprolina.

[0071] Alternativamente, los cambios de aminoácidos son de tal naturaleza que las propiedades fisicoquímicas de los polipéptidos son alteradas. Por ejemplo, los cambios de aminoácidos pueden mejorar la termoestabilidad del polipéptido, alterar la especificidad del sustrato, cambiar el pH óptimo y otras propiedades similares.

[0072] Los aminoácidos esenciales en el polipéptido progenitor se pueden identificar según procedimientos conocidos en la técnica, tales como mutagénesis dirigida o mutagénesis de barrido de alanina (Cunningham y Wells, 1989, Science 244: 1081-1085). En esta última técnica, se introducen mutaciones individuales de alanina en cada residuo en la molécula y las moléculas mutantes resultantes son probadas para actividad biológica (es decir, actividad de fitasa) para identificar residuos de aminoácidos que son críticos para la actividad de la molécula. Ver también, Hilton et al., 1996, J. Biol. Chem. 271: 4699-4708. El sitio activo de la enzima u otra interacción biológica puede también ser determinado por análisis físico de estructura, como se determina mediante técnicas tales como resonancia magnética nuclear, cristalografía, difracción de electrones o marcaje por fotoafinidad, conjuntamente con la mutación de aminoácidos de sitios de contacto putativos. Ver, por ejemplo, de Vos et al., 1992, Science 255: 306-312; Smith et al., 1992, J. Mol. Biol. 224: 899-904; Wlodaver et al., 1992, FEBS Lett. 309:59-64. Las identidades de aminoácidos esenciales pueden también ser inferidas de análisis de identidades con polipéptidos que están relacionados con un polipéptido según la invención.

[0073] Sustituciones de aminoácidos individuales o múltiples o pueden ser hechas y probadas usando métodos conocidos de mutagénesis, recombinación y/o barajado, seguidos de un procedimiento de selección relevante, tal como aquellos descritos por Reidhaar-Olson y Sauer, 1988 Science 241: 53-57; Bowie y Sauer, 1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86: 2152-2156; WO 95/17413; o WO 95/22625. Otros métodos que pueden ser usados incluyen PCR propensa a error, despliegue de fagos (p. ej., Lowman et al., 1991, Biochem. 30:10832-10837; patente estadounidense nº. 5,223,409; WO 92/06204) y mutagénesis dirigida (Derbyshire et al., 1986, Gene 46:145; Ner et al., 1988, DNA 7:127).

- [0074] Los métodos de mutagénesis/barajado se pueden combinar con métodos de selección automatizados de alto rendimiento para detectar actividad de polipéptidos clonados mutagenizados expresados por células huésped. Las moléculas de ADN mutagenizadas que codifican polipéptidos activos pueden ser recuperadas de las células huésped y rápidamente secuenciadas usando métodos estándar en la técnica. Estos métodos permiten determinar rápidamente la importancia de los residuos de aminoácidos individuales en un polipéptido de interés y se pueden aplicar a polipéptidos de estructura desconocida.
- [0075] El número total de sustituciones de aminoácidos (preferiblemente sustituciones conservadoras), delecciones y/o inserciones en la secuencia de aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10 puede ser como mucho 10, preferiblemente como mucho 9, más preferiblemente como mucho 8, más preferiblemente como mucho 7, más preferiblemente como mucho 6, más preferiblemente como mucho 5, más preferiblemente como mucho 4, incluso más preferiblemente como mucho 3, de la forma más preferible como mucho 2 e incluso de la forma más preferible 1.
- [0076] El número total de sustituciones de aminoácidos, delecciones y/o inserciones de los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10 puede ser 10, preferiblemente 9, más preferiblemente 8, más preferiblemente 7, más preferiblemente como mucho 6, más preferiblemente como mucho 5, más preferiblemente 4, incluso más preferiblemente 3, de la forma más preferible 2 e incluso de la forma más preferible 1. En la alternativa, el número total de sustituciones de aminoácidos (preferiblemente sustituciones conservadoras), delecciones y/o inserciones en la secuencia de aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10 es como mucho 50, 45, 40, 35, 30, 25, 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12 o como mucho 11.
- [0077] Específicamente, el polipéptido de la invención puede ser una variante hipoalergénica, diseñada para invocar una respuesta inmunológica reducida cuando se expone a animales, incluido el hombre. El término respuesta inmunológica debe ser entendido como cualquier reacción del sistema inmunológico de un animal expuesto al polipéptido. Un tipo de respuesta inmunológica es una respuesta alérgica que conduce a niveles aumentados de IgE en el animal expuesto. Variantes hipoalergénicas pueden ser preparadas usando técnicas conocidas en la técnica. Por ejemplo, el polipéptido se puede conjugar con porciones de polímero protegiendo partes o epítopenos del polipéptido implicadas en una respuesta inmunológica. La conjugación con polímeros puede implicar acoplamiento químico *in vitro* del polímero al polipéptido, por ejemplo como se describe en WO 96/17929, WO98/30682, WO98/35026 y/o WO99/00489. La conjugación puede adicionalmente, o alternativamente a ella, implicar acoplamiento *in vivo* de polímeros al polipéptido. Tal conjugación se puede conseguir por ingeniería genética de la secuencia de nucleótidos que codifica al polipéptido, insertando secuencias de consenso que codifican sitios de glicosilación adicionales en el polipéptido y expresando el polipéptido en un huésped capaz de glicosilar el polipéptido, ver por ejemplo WO00/26354. Otra vía de proporcionar variantes hipoalergénicas de suministro es la ingeniería genética de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido para causar que el polipéptido se oligomealice a sí mismo, provocando el efecto de que monómeros del polipéptido puedan proteger los epítopenos de otros monómeros del polipéptido y así reducir la antigenicidad de los oligómeros. Tales productos y su preparación se describen por ejemplo en WO96/16177. Los epítopenos implicados en una respuesta inmunológica se pueden identificar por varios métodos tales como el método de exposición en fago descritos en WO 00/26230 y WO 01/83559 o la estrategia aleatoria descrita en EP 561907. Una vez que un epítopo ha sido identificado, su secuencia de aminoácidos se puede alterar para producir propiedades alteradas inmunológicas del polipéptido mediante técnicas de manipulación génica conocidas tales como mutagénesis dirigida (ver por ejemplo WO 00/26230, WO 00/26354 y/o WO00/22103) y/o conjugación de un polímero puede realizarse con proximidad suficiente al epítopo para que el polímero proteja el epítopo.
- Estructura tridimensional de una fitasa de *Hafnia alvei*
- [0078] La estructura tridimensional de una fitasa de *Hafnia alvei* (aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10) se proporciona en el apéndice. La estructura fue resuelta según los principios de los métodos cristalográficos de rayos-x, por ejemplo, como los dados en X-Ray Structure Determinations, Stout, G. K. y Jensen, L. H., John Wiley and Sons, Inc. NY 1989. Las coordenadas estructurales para la estructura cristalina resuelta de la fitasa de *Hafnia alvei* se dan en formato PDB estándar (Protein Database Bank, Brookhaven National Laboratory, Brookhaven, Conn.) como se expone en el apéndice. Debe entenderse que el apéndice forma parte de la presente solicitud. El apéndice proporciona las coordenadas de los átomos pesados, excluyendo los átomos de hidrógeno. Los primeros tres residuos de la enzima no fueron visibles en la estructura cristalina al igual que los residuos de aminoácidos entre los aminoácidos 180 y 189. No obstante, la estructura entre 180 y 189 fue construida usando un modelado que combina el modelado de homología (ver por ejemplo, Marti-Renom et al., 2000) el programa NEST del paquete JACKAL (wiki.c2b2.columbia.edu/honiglab_public/index.php/Software:Jackal) y el software de simulación llamado CHARMM ([//accelrys.com/products/scitegic/component-collections/charmm.html](http://accelrys.com/products/scitegic/component-collections/charmm.html)).
- Fuentes de polipéptidos con actividad de fitasa
- [0079] Un polipéptido de la presente invención se puede obtener de microorganismos de cualquier género. A efectos de la presente invención, el término "obtenido de" como se usa aquí en conexión con una fuente dada significará que el polipéptido codificado por una secuencia de nucleótidos es producido por la fuente o por una cepa en la que la secuencia de nucleótidos de la fuente ha sido insertada. En un aspecto preferido, el polipéptido obtenido de una fuente dada es segregado extracelularmente.

5 [0080] Un polipéptido de la presente invención puede ser un polipéptido bacteriano. Por ejemplo, el polipéptido puede ser un polipéptido bacteriano gram-positivo tal como un polipéptido de *Bacillus* o un polipéptido de *Streptomyces*; o un polipéptido bacteriano gram-negativo, por ejemplo, un polipéptido de *Escherichia coli*, *Yersinia*, *Klebsiella*, *Citrobacter* o *Pseudomonas*. En una realización particular, el polipéptido se obtiene de proteobacterias, tales como gammaproteobacterias, por ejemplo enterobacterianos tales como enterobacteriaceae.

10 [0081] En un aspecto particular, el polipéptido obtenido de enterobacteriaceae es un polipéptido de *hafnia*, tal como un polipéptido de la especie *Hafnia alvei*.

15 [0082] Un polipéptido de la presente invención puede también ser un polipéptido fúngico, tal como un polipéptido de levadura o un polipéptido filamentoso fúngico.

20 [0083] Cepas de los microorganismos anteriores son fácilmente accesibles para el público en varias colecciones de cultivo, tales como la American Type Culture Collection (ATCC), Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSM), Centraalbureau Voor Schimmelcultures (CBS) y la Agricultural Research Service Patent Culture Collection,Northern Regional Research Center(NRRL).

25 [0084] Además, tales polipéptidos se pueden identificar y obtener de otras fuentes incluyendo microorganismos aislados de la naturaleza (p. ej., tierra, abonos, agua, etc.) usando las sondas anteriormente mencionadas. Las técnicas para aislar microorganismos de hábitats naturales son bien conocidas en la técnica. El polinucleótido puede entonces ser obtenido de forma similar seleccionando una biblioteca genómica o de ADNc de otro microorganismo. Una vez que una secuencia de polinucleótidos un polipéptido ha sido detectada con la(s) sonda(s), el polinucleótido puede ser aislado o clonado utilizando técnicas que son bien conocidas por aquellos familiarizados con la técnica (ver por ejemplo, Sambrook et al., 1989, supra).

30 [0085] Los polipéptidos pueden incluir polipéptidos fusionados o polipéptidos divisibles de fusión en los que otro polipéptido se fusiona con N-terminal o el C-terminal del polipéptido o fragmento del mismo. Un polipéptido fusionado se produce fusionando una secuencia de nucleótidos (o una parte de la misma) que codifica a otro polipéptido a una secuencia de nucleótidos (o una parte de la misma) de la presente invención. Técnicas para producir polipéptidos de fusión se conocen en la técnica, e incluyen ligar las secuencias codificantes que codifican los polipéptidos de modo que éstas estén dentro del marco y que la expresión del polipéptido fusionado esté bajo el control del(los) mismo(s) promotor(es) y terminador(es).

35 Polinucleótidos

40 [0086] La presente invención también se refiere a polinucleótidos aislados con una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de la presente invención. En un aspecto preferido, la secuencia de nucleótidos es la región codificante madura del polipéptido de la SEQ ID NO: 9. La presente invención también abarca secuencias de nucleótidos que codifican un polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 10, que difiere de la SEQ ID NO: 9, en virtud de la degeneración del código genético.

45 [0087] La presente invención también se refiere a polinucleótidos mutantes que comprenden al menos una mutación en la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 9, en la que la secuencia de nucleótidos mutante codifica un polipéptido que consta de los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10.

50 [0088] Las técnicas usadas para aislar o clonar un polinucleótido que codifica un polipéptido se conocen en la técnica e incluyen aislamiento de ADN genómico, preparación de ADNc o una combinación de los mismos. La clonación de los polinucleótidos de la presente invención de tal ADN genómico puede ser efectuada, por ejemplo, usando la bien conocida reacción en cadena de polimerasa (PCR) o la selección de anticuerpos de bibliotecas de expresión para detectar fragmentos clonados de ADN con características estructurales compartidas. Ver, por ejemplo, Innis et al., 1990, PCR: A Guide to Methods and Application, Academic Press, New York. Otros procedimientos de amplificación de ácido nucleico tales como reacción en cadena de ligasa (LCR), transcripción activada ligada (LAT) y amplificación de nucleótidos basada en secuencias (NASBA) pueden ser utilizados. Los polinucleótidos se pueden clonar de una cepa de *Hafnia* o de otro organismo u organismo relacionado y así, por ejemplo, puede ser una variante alélica o de especie de la región de codificación del polipéptido de la secuencia de nucleótidos.

55 [0089] La modificación de una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de la presente invención puede ser necesaria para la síntesis de polipéptidos sustancialmente similares al polipéptido. El término "sustancialmente similar" al polipéptido se refiere a formas no naturales en las que se da el polipéptido. Estos polipéptidos pueden diferir del polipéptido aislado de su fuente nativa en alguna forma genéticamente creada, por ejemplo, variantes artificiales que difieren en actividad específica, termoestabilidad, pH óptimo, o similares. La secuencia variante puede ser construida basándose en la secuencia de nucleótidos presentada como la región de codificación de polipéptido de la SEQ ID NO: 9, por ejemplo, una subsecuencia de la misma, y/o mediante introducción de sustituciones de nucleótido que no dan lugar a otra secuencia de aminoácidos del polipéptido codificada por la secuencia de nucleótidos, pero que corresponden al uso del codón del organismo huésped destinado a la producción del polipéptido, o mediante

introducción de sustituciones de nucleótido que pueden dar lugar a una secuencia de aminoácidos diferente. Para una descripción general de sustitución de nucleótido, ver, por ejemplo, Ford et al., 1991, Protein Expression and Purification 2: 95-107.

- 5 [0090] Será aparente a los cualificados en la técnica que tales sustituciones puede ser hechas fuera de las regiones críticas para la función de la molécula y todavía resultar en un polipéptido activo. Residuos de aminoácidos esenciales para la actividad del polipéptido codificado por un polinucleótido aislado de la invención, y por lo tanto preferiblemente no sujeto a sustitución, se pueden identificar según procedimientos conocidos en la técnica, tales como mutagénesis dirigida o mutagénesis de barrido de alanina (ver, por ejemplo, Cunningham y Wells, 1989, Science 244: 1081-1085). En esta última técnica, se introducen mutaciones en cada residuo positivamente cargado en la molécula y las moléculas mutantes resultantes se prueban para actividad de fitasa para identificar residuos de aminoácidos que son críticas para la actividad de la molécula. Los sitios de interacción sustrato-polipéptido se pueden también determinar mediante análisis de la estructura tridimensional tal y como se determina mediante técnicas tales como análisis de resonancia magnética nuclear, cristalografía o marcaje por fotoafinidad (ver, por ejemplo, de Vos et al., 1992, Science 255: 306-312; Smith et al., 1992, Journal of Molecular Biology 224: 899-904; Wlodaver et al., 1992, FEBS Letters 309: 59-64).

Constructos de ácidos nucleicos

- 20 [0091] La presente invención también se refiere a constructos de ácidos nucleicos que comprenden un polinucleótido aislado de la presente invención operativamente enlazado a una o más secuencias de control que dirigen la expresión de la secuencia codificante en una célula huésped adecuada bajo condiciones compatibles con las secuencias de control.

- 25 [0092] Un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido de la presente invención se puede manipular en una diversidad de maneras para garantizar la expresión del polipéptido. La manipulación de la secuencia del polinucleótido antes de la inserción en un vector puede ser deseable o necesaria dependiendo del vector de expresión. Las técnicas para modificar las secuencias de polinucleótidos utilizando métodos de ADN recombinante son bien conocidas en la técnica.

- 30 [0093] La secuencia de control puede ser una secuencia apropiada de promotor, una secuencia de nucleótidos que es reconocida por una célula huésped para la expresión de un polinucleótido que codifica un polipéptido de la presente invención. La secuencia de promotor contiene secuencias de control transcripcionales que median en la expresión del polipéptido. El promotor puede ser cualquier secuencia de nucleótidos que muestra actividad transcripcional en la célula huésped de elección incluyendo promotores mutantes, truncados e híbridos, y se puede obtener de genes que codifican polipéptidos intracelulares o extracelulares tanto homólogos como heterólogos a la célula huésped.

- 35 [0094] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de los constructos de ácidos nucleicos de la presente invención, especialmente en una célula huésped bacteriana, son los promotores obtenidos del operón lac de *E. coli*, el gen de agarasa de *Streptomyces coelicolor* (dagA), el gen de levansucrasa de *Bacillus subtilis* (sacB), el gen de alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis* (amyL), el gen de amilasa maltogénica de *Bacillus stearothermophilus* (amyM), el gen de alfa-amilasa de *Bacillus amyloliquefaciens* (amyQ), el gen de penicilinasa de *bacillus licheniformis* (penP), los genes xylA y xylB de *Bacillus subtilis* y el gen de beta-lactamasa procariótica (Villar-Kamaroff et al., 1978, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 75: 3727-3731), así como el promotor tac (DeBoer et al., 1983, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 80: 21-25).

- 40 Otros promotores son descritos en "Useful proteins from recombinant bacteria" en Scientific American, 1980, 242: 74-94; y en Sambrook et al., 1989, supra.

- 45 [0095] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de los constructos de ácidos nucleicos de la presente invención en una célula huésped filamentosa fúngica son los promotores obtenidos de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*, alfa-amilasa neutra de *Aspergillus niger*, alfa-amilasa estable en ácido de *Aspergillus niger*, glucoamilasa (glaA) de *Aspergillus niger* o *Aspergillus awamori*, lipasa de *Rhizomucor miehei*, proteasa alcalina de *Aspergillus oryzae*, triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus oryzae*, acetamidasa de *Aspergillus nidulans*, amiloglucosidasa de *Fusarium venenatum* (WO 00/56900), *Fusarium venenatum* Daria (WO 00/56900), *Fusarium venenatum* Quinn (WO 00/56900), proteasa de tipo tripsina de *Fusarium oxysporum* (WO 96/00787), beta-glucosidasa de *Trichoderma reesei*, cellobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa I de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa II de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa III de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa IV de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa V de *Trichoderma reesei*, xilanasa I de *Trichoderma reesei*, xilanasa II de *Trichoderma reesei*, beta-xilosidasa de *Trichoderma reesei*, así como el promotor NA2-TPI (un híbrido de los promotores de los genes para alfa-amilasa neutra de *Aspergillus niger* y de triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus oryzae*); y promotores mutantes, truncados e híbridos de los mismos.

- 50 [0096] En un huésped de levadura, promotores útiles se obtienen de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ENO-1), galactoquinasa de *Saccharomyces cerevisiae* (GAL1), alcohol deshidrogenasa/gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ADH1, ADH2/GAP), triosa fosfato isomerasa de *Saccharomyces cerevisiae* (TPI), metalotionina de *Saccharomyces cerevisiae* (CUP1), 3-fosglicerato quinasa de *Saccharomyces*

cerevisiae y alcohol-oxidasa de *Pichia pastoris* (AOX1). Otros promotores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos et al., 1992, Yeast 8: 423-488.

5 [0097] La secuencia de control puede también ser una secuencia terminadora de transcripción adecuada, una secuencia reconocida por una célula huésped para terminar la transcripción. La secuencia terminadora se enlaza operativamente al terminal 3' de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido. Cualquier terminador que es funcional en la célula huésped elegida se puede utilizar en la presente invención.

10 [0098] Los terminadores preferidos para células huésped filamentosas fúngicas se obtienen de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, antranilato sintasa de *Aspergillus nidulans*, alfa glucosidasa de *Aspergillus niger* y proteasa tipo tripsina de *Fusarium oxysporum*.

15 [0099] Los terminadores preferidos para células huésped de levadura se obtienen de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae*, citocromo C de *Saccharomyces cerevisiae* (CYC1) y gliceraldehído-3-fosfato-deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otros terminadores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos et al., 1992, supra.

20 [0100] La secuencia de control puede también ser una secuencia líder adecuada, una región no traducida de un ARNm que es importante para la traducción por la célula huésped. La secuencia líder se enlaza operativamente al terminal 5' de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido. Cualquier secuencia líder que es funcional en la célula huésped elegida se puede utilizar en la presente invención.

25 [0101] La secuencia de control puede también ser una secuencia líder adecuada, una región no traducida de un ARNm que es importante para traducción por la célula huésped. La secuencia líder se enlaza operativamente al terminal 5' de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido. Cualquier secuencia líder que es funcional en la célula huésped elegida se puede utilizar en la presente invención.

30 [0102] Los líderes preferidos para células huésped filamentosas fúngicas se obtienen de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae* y triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus nidulans*.

35 [0103] Los líderes adecuados para células huésped de levadura se obtienen de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ENO-1), fosfoglicerato-quinasa de *Saccharomyces cerevisiae*, factor-alfa de *Saccharomyces cerevisiae*, alcohol deshidrogenasa/gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ADH2/GAP).

40 [0104] La secuencia de control puede también ser una secuencia de poliadenilación, una secuencia enlazada operativamente al terminal 3' de la secuencia de nucleótidos y que, cuando se transcribe, es reconocido por la célula huésped como una señal para añadir residuos de poliadenosina al ARNm transcripto. Cualquier secuencia de poliadenilación que es funcional en la célula huésped elegida se puede utilizar en la presente invención.

45 [0105] Las secuencias de poliadenilación preferidas para células huésped filamentosas fúngicas se obtienen de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, antranilato sintasa de *Aspergillus nidulans*, proteasa tipo tripsina de *Fusarium oxysporum* y alfa-glucosidasa de *Aspergillus niger*.

50 [0106] Secuencias de poliadenilación útiles para células huésped de levadura son descritas por Guo y Sherman, 1995, Molecular Cellular Biology 15: 5983-5990.

[0107] La secuencia de control puede también ser una región de codificante de péptido señal que codifica para una secuencia de aminoácidos enlazada al terminal amino de un polipéptido y dirige el polipéptido codificado hacia la vía secretora de la célula. El extremo 5'de la secuencia codificante de la secuencia de nucleótidos puede contener intrínsecamente una región codificante de péptido señal enlazado naturalmente en el marco de lectura de traducción con el segmento de la región codificante que codifica el polipéptido segregado. Alternativamente, el extremo 5' de la secuencia codificante puede contener una región codificante de péptido señal que es extranjera a la secuencia codificante. La región codificante de péptido señal extranjera puede ser requerida dónde la secuencia codificante no contiene naturalmente una región de codificación de péptido señal. Alternativamente, la región de codificación de péptido señal extranjera puede simplemente reemplazar la región codificante de péptido señal natural para mejorar la secreción del polipéptido. No obstante, cualquier región codificante de péptido señal que dirige el polipéptido expresado en la vía secretora de una célula huésped elegida se puede utilizar en la presente invención.

60 [0108] Las regiones codificantes de péptido señal eficaces para células huésped bacterianas son las regiones de codificación de péptido señal obtenidas de los genes para amilasa maltogénica de *Bacillus NCIB 11837*, alfa-amilasa de *Bacillus stearothermophilus*, subtilisina de *Bacillus licheniformis*, beta-lactamasa de *Bacillus licheniformis*, proteasas neutras de *Bacillus stearothermophilus* (nprT, nprS, nprM) y *Bacillus subtilis* (prsA). Péptidos señal adicionales son descritos por Simonen y Palva, 1993, Microbiological Reviews 57:109-137.

65 [0109] Regiones codificantes de péptido señal eficaz para células huésped filamentosas fúngicas son las regiones de

codificación de péptido señal obtenidas de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, amilasa neutra de *Aspergillus niger*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*, celulasa de *Humicola insolens* y lipasa *Humicola lanuginosa*.

- 5 [0110] Péptidos señal útiles para células huésped de levadura se obtienen de los genes para factor-alfa de *Saccharomyces cerevisiae* e invertasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otras regiones codificantes de péptido señal útiles son descritas por Romanos et al., 1992, supra, y por Xiong et al en *Journal of Applied Microbiology* 2005, 98, 418-428.
- 10 [0111] En un aspecto preferido, la región codificante de péptido señal son los nucleótidos 1 a 99 de la SEQ ID NO: 9, que codifica los aminoácidos 1 a 33 de la SEQ ID NO: 10. En otro aspecto preferido, la región codificante de péptido señal son los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 11, que codifica los aminoácidos 1 a 27 de la SEQ ID NO: 12.
- 15 [0112] La secuencia de control puede también ser una región codificante de propéptido que codifica una secuencia de aminoácidos situada en el amino-terminal de un polipéptido. El polipéptido resultante es conocido como un propolipéptido o propolipéptido (o un zimógeno en algunos casos). Un propolipéptido está generalmente inactivo y se puede convertir en un polipéptido maduro activo por división catalítica o autocatalítica del propéptido del propolipéptido. La región codificante de propéptido se puede obtener de los genes para proteasa alcalina de *Bacillus subtilis* (*aprE*), proteasa neutra de *bacillus subtilis* (*nprT*), factor-alfa de *Saccharomyces cerevisiae*, proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei* y lacasa de *Myceliophthora thermophila* (WO 95/33836).
- 20 [0113] Dónde regiones tanto de péptido señal como de propéptido están presentes en el amino-terminal de un polipéptido, la región de propéptido está situada junto al amino-terminal de un polipéptido y la región de péptido señal está situada junto al amino terminal de la región de propéptido.
- 25 [0114] Puede también ser deseable añadir secuencias reguladores que permiten la regulación de la expresión del polipéptido en relación al crecimiento de la célula huésped. Ejemplos de sistemas reguladores son aquellos que causan que la expresión del gen se active o se desactive en respuesta a un estímulo físico o químico, incluyendo la presencia de un compuesto regulador. Sistemas reguladores en sistemas procarióticos incluyen los sistemas operadores *lac*, *tac* y *trp*. En levadura, se pueden utilizar los sistemas *ADH2* o *GAL1*. En hongos filamentosos, el promotor TAKA alfaamilasa, promotor de glucoamilasa de *Aspergillus niger* y el promotor de glucoamilasa de *Aspergillus oryzae* se pueden utilizar como secuencias reguladoras. Otros ejemplos de secuencias reguladoras son los que permiten amplificación génica.
- 35 Vectores de expresión
- [0115] La presente invención también se refiere a vectores de expresión recombinantes que comprenden un constructo de ácidos nucleicos de la presente invención. Puede comprender adicionalmente un promotor y señales de terminación traduccionales y transcripcionales. Los diversos ácidos nucleicos y secuencias de control anteriormente descritas se pueden juntar para producir un vector de expresión recombinante que puede incluir uno o más sitios de restricción convenientes para permitir inserción o sustitución de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido en tales sitios. Alternativamente, una secuencia de nucleótidos de la presente invención se puede expresar mediante la inserción en un vector apropiado para la expresión de la secuencia de nucleótidos o un constructo de ácidos nucleicos que comprende la secuencia. En la creación el vector de expresión, la secuencia codificante se localiza en el vector de modo que la secuencia codificante está operativamente enlazada con las secuencias de control apropiadas para la expresión.
- 40 [0116] El vector de expresión recombinante puede ser cualquier vector (p. ej., un plásmido o virus) que puede ser convenientemente sometido a procedimientos de ADN recombinante y puede provocar expresión de la secuencia de nucleótidos. La elección del vector dependerá típicamente de la compatibilidad del vector con la célula huésped en la que el vector debe ser introducido. Los vectores pueden ser plásmidos lineales o circulares cerrados.
- 45 [0117] El vector puede ser un vector de replicación autónoma, es decir, un vector que existe como una entidad extracromosómica, cuya replicación es independiente de la replicación cromosómica, por ejemplo un plásmido, un elemento extracromosómico, un minicromosoma o un cromosoma artificial. El vector puede contener cualquier medio para asegurar la autorreplicación. Alternativamente, el vector puede ser uno que, cuando se introduce en la célula huésped, se integre en el genoma y se replique junto con el(s) cromosoma(s) en el(s) que ha sido integrado. Es más, un único vector o dos o más vectores o plásmidos, que juntos contienen el ADN total que se va a introducir en el genoma de la célula huésped, o un transposón pueden ser utilizados.
- 50 [0118] Los vectores de la presente invención preferiblemente contienen uno o más marcadores seleccionables que permiten la fácil selección de células transformadas. Un marcador seleccionable es un gen cuyo producto proporciona resistencia biocida o vírica, resistencia a metales pesados, prototrofía a auxotrofios y propiedades similares.
- 55 [0119] Un gen condicionalmente esencial puede funcionar como un marcador seleccionable no antibiótico. Ejemplos no limitantes de marcadores seleccionables bacterianos condicionalmente esenciales no antibióticos son los genes dal de

- Bacillus subtilis, Bacillus licheniformis u otros Bacilos que son sólo esenciales cuando la bacteria se cultiva en ausencia de D-alanina. También los genes que codifican enzimas implicadas en el recambio de UDP-galactosa pueden funcionar como marcadores condicionalmente esenciales en una célula cuando la célula se cultiva en presencia de galactosa o se cultiva en un medio que da lugar a la presencia de galactosa. Ejemplos no limitantes de tales genes son los de B. subtilis o B. licheniformis que codifican fosforilasa dependiente de UTP (EC 2.7.7.10), uridiltransferasa dependiente de UDP-glucosa (EC 2.7.7.12) o UDP-galactosa epimerasa (EC 5.1.3.2). También un gen de xilosa isomerasa, como el xylA, de Bacilos se puede usar como marcador seleccionable en células cultivadas en medio mínimo con xilosa como única fuente de carbono. Los genes necesarios para utilizar gluconato, gntK y gntP, pueden también ser usados como marcadores seleccionables en células cultivadas en medio mínimo con gluconato como única fuente de carbono. Otros ejemplos de genes condicionalmente esenciales se conocen en la técnica. Marcadores seleccionables antibióticos confieren resistencia antibiótica a antibióticos tales como ampicilina, canamicina, cloranfenicol, eritromicina, tetraciclina, neomicina, higromicina o metotrexato.
- [0120] Marcadores adecuados para células huésped de levadura son ADE2, HIS3, LEU2, LiS2, MET3, TRP1 y URA3. Marcadores seleccionables para usar en una célula huésped filamentosa fúngica incluyen, pero no se limitan a, amdS (acetamidas), argB (ornitina-carbamoyltransferasa), bar (fosfonitricina acetiltransferasa), hph (higromicina fosfotransferasa), niaD (nitrato-reductasa), pyrG (orotidina-5'-fosfato-descarboxilasa), sC (sulfato adeniltransferasa) y trpC (antranilato sintasa), así como equivalentes de los mismos. Preferidos para el uso en una célula de Aspergillus son los genes amdS y pyrG de Aspergillus nidulans o Aspergillus oryzae y el gen bar de Streptomyces hygroscopicus.
- [0121] Los vectores de la presente invención contienen preferiblemente un(os) elemento(s) que permite(n) la integración del vector en el genoma de la célula huésped o la replicación autónoma del vector en la célula independiente del genoma.
- [0122] Para la integración en el genoma de la célula huésped, el vector puede depender de la secuencia de polinucleótidos que codifica el polipéptido o cualquier otro elemento del vector para la integración en el genoma mediante recombinación homóloga o no homóloga. Alternativamente, el vector puede contener secuencias de nucleótidos adicionales para dirigir la integración mediante recombinación homóloga en el genoma de la célula huésped en una(s) ubicación(es) precisa(s) en el(las) cromosoma(s). Para incrementar la probabilidad de integración en una ubicación precisa, los elementos integracionales deberían contener preferiblemente un número suficiente de ácidos nucleicos, como de 100 a 10000 pares de bases, preferiblemente de 400 a 10000 pares de bases y de la forma más preferible de 800 a 10000 pares de bases, que tienen un alto grado de identidad con la secuencia diana correspondiente para mejorar la probabilidad de recombinación homóloga. Los elementos integracionales pueden ser cualquier secuencia que es homóloga a la secuencia diana en el genoma de la célula huésped. Además, los elementos integracionales pueden ser secuencias de nucleótidos no codificantes o codificantes. Por otro lado, el vector se puede integrar en el genoma de la célula huésped por recombinación no homóloga.
- [0123] Para replicación autónoma, el vector puede comprender adicionalmente un origen de replicación habilitando al vector para replicarse de manera autónoma en la célula huésped en cuestión. El origen de replicación puede ser cualquier replicador del plásmido mediando la replicación autónoma que funciona en una célula. El término "replicador del plásmido" o "origen de replicación" se define aquí como una secuencia de nucleótidos que habilita a un plásmido o vector para replicar *in vivo*.
- [0124] Ejemplos de orígenes bacterianos de replicación son los orígenes de replicación de los plásmidos pBR322, pUC19, pACYC177 y pACYC184 permitiendo replicación en E. coli; y pUB110, pE194, pTA1060 y pAMβ1 permitiendo replicación en Bacillus.
- [0125] Ejemplos de orígenes de replicación para uso en una célula huésped de levadura son el origen de replicación de 2 micras, ARS1, ARS4, la combinación de ARS1 y CEN3 y la combinación de ARS4 y CEN6.
- [0126] Ejemplos de orígenes de replicación útiles en una célula fúngica filamentosa son AMA1 y ANS1 (Gems et al., 1991, Gene 98:61-67; Cullen et al., 1987, Nucleic Acids Research 15: 9163-9175; WO 00/24883). El aislamiento del gen AMA1 y la construcción de plásmidos o vectores que comprenden el gen se pueden lograr según los métodos descritos en WO 00/24883.
- [0127] Más de una copia de un polinucleótido de la presente invención se puede insertar en la célula huésped para aumentar producción del producto genético. Un incremento en el número de copias del polinucleótido se puede obtener integrando al menos una copia adicional de la secuencia en el genoma de la célula huésped o incluyendo un gen marcador seleccionable amplificable con el polinucleótido donde las células que contienen copias amplificadas del gen de marcador seleccionable y, por lo tanto, copias adicionales del polinucleótido, pueden ser seleccionadas cultivando las células en presencia del agente seleccionable apropiado.
- [0128] Los procedimientos usados para ligar los elementos anteriormente descritos para construir los vectores de expresión recombinantes de la presente invención son conocidos por alguien familiarizado con la técnica (ver, por ejemplo, Sambrook et al., 1989, supra).

Células huésped

- 5 [0129] La presente invención también se refiere a células huésped recombinantes, que comprenden un polinucleótido de la presente invención, las cuales se usan favorablemente en la producción recombinante de los polipéptidos. Un vector que comprende un polinucleótido de la presente invención se introduce en una célula huésped de modo que el vector se mantiene como un integrante cromosómico o como un vector extracromosomal auto-replicante tal y como se ha descrito anteriormente. El término "célula huésped" abarca cualquier descendiente de una célula madre que no es idéntica a la célula madre debido a mutaciones que ocurren durante la replicación. La elección de una célula huésped depende en gran parte del gen que codifica el polipéptido y su fuente.
- 10 [0130] La célula huésped puede ser un microorganismo unicelular, por ejemplo, un procariota, o un microorganismo no unicelular, por ejemplo, un eucariota.
- 15 [0131] Microorganismos unicelulares útiles son células bacterianas tales como bacterias gram positivas que incluyen, pero no se limitan a, una célula de bacillus, por ejemplo, *Bacillus alkalophilus*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus brevis*, *Bacillus circulans*, *Bacillus clausii*, *Bacillus coagulans*, *Bacillus laetus*, *Bacillus lenthus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus stearothermophilus*, *bacillus subtilis* y *Bacillus thuringiensis*; o una célula de *Streptomyces*, por ejemplo, *Streptomyces lividans* y *Streptomyces murinus*; o bacterias gram negativas tales como *E. coli* y *Pseudomonas sp.* En un aspecto preferido, la célula huésped bacteriana es un *bacillus lenthus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus stearothermophilus* o una célula de *Bacillus subtilis*. En otro aspecto preferido, la célula de *Bacillus* es un *Bacillus alcalofílico*.
- 20 [0132] La introducción de un vector en una célula huésped bacteriana puede, por ejemplo, ser efectuada por transformación de protoplasto (ver, por ejemplo, Chang y Cohen, 1979, *Molecular General Genetics* 168: 111-115), usando células competentes (ver, por ejemplo, Young y Spizizin, 1961, *Journal of Bacteriology* 81: 823-829 o Dubnau y Davidoff-Abelson, 1971, *Journal of Molecular Biology* 56: 209-221), por electroporación (ver, por ejemplo, Shigekawa y Dower, 1988 *Biotechniques* 6: 742-751) o conjugación (ver, por ejemplo, Koehler y Thome, 1987, *Journal of Bacteriology* 169: 5771-5278).
- 25 [0133] La célula huésped puede también ser un eucariota, tal como una célula de mamífero, de insecto, de planta o fúngica.
- 30 [0134] En un aspecto preferido, la célula huésped es una célula fúngica. "Hongos" como se utiliza en este caso incluye los fila Ascomycota, Basidiomycota, Chytridiomycota y Zygomycota (según es definido por Hawkswort et al., In, Ainsworth and Bisby's Dictionary of Fungi, 8^a edición, 1995, CAB international, University Press, Cambridge, Reino Unido) así como los Oomicota (como se cita en Hawkswort et al., 1995, supra, página 171) y todos hongos mitospóricos (Hawkswort et al., 1995, supra).
- 35 [0135] En un aspecto más preferido, la célula huésped fúngica es una célula de levadura. "Levadura" como se utiliza en este caso incluye levadura ascoesporógena (Endomicetales), levadura basidiosporógena y levadura perteneciente a los Fungi Imperfecti (Blastomicetos). Ya que la clasificación de levadura puede cambiar en el futuro, a efectos de esta invención, la levadura debe ser definida como se describe en *Biology and Activities of Yeast* (Skinner, F.A., Passmore, S.M. y Davenport, R.R., eds, Soc. App. Bacteriol. Symposium Series n°. 9, 1980).
- 40 [0136] En un aspecto incluso más preferido, la célula huésped de levadura es una célula de *Candida*, *Hansenula*, *Kluyveromyces*, *Pichia*, *Saccharomyces*, *Schizosaccharomyces* o *Yarrowia*.
- 45 [0137] En un aspecto más preferido, la célula huésped de levadura es una célula de *Pichia pastoris*, *Pichia methanolica*, *Saccharomyces carlsbergensis*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces douglasii*, *Saccharomyces Kluyveri*, *Saccharomyces norbensis* o *Saccharomyces oviformis*. En otro aspecto más preferido, la célula huésped de levadura es una Célula de *Kluyveromices lactis*. En otro aspecto más preferido, la célula huésped de levadura es una Célula de *Yarrowia lipolytica*.
- 50 [0138] En otro aspecto más preferido, la célula huésped fúngica es una célula fúngica filamentosa. "Fúngica filamentosa" incluye todas las formas filamentosas de la subdivisión Eumycota y Oomicota (como definido por Hawkswort et al., 1995, supra). Los hongos filamentosos se caracterizan generalmente por una pared micelial compuesta por quitina, celulosa, glucano, quitosano, manano y otros polisacáridos complejos. El crecimiento vegetativo es por alargamiento hifal y el catabolismo de carbono es estrictamente aeróbico. En cambio, el crecimiento vegetativo por levaduras tales como *Saccharomyces cerevisiae* es mediante injerto de un tallo unicelular y el catabolismo de carbono puede ser fermentativo.
- 55 [0139] En un aspecto incluso más preferido, la célula huésped filamentosa fúngica es una célula de *Acremonium*, *Aspergillus*, *Aureobasidium*, *Bjerkandera*, *Ceriporiopsis*, *Coprinus*, *Coriolus*, *Cryptococcus*, *Filobasidium*, *Fusarium*, *Humicola*, *Magnaporthe*, *Mucor*, *Mycelopithora*, *Neocallimastix*, *Neurospora*, *Paecilomyces*, *Penicillium*, *Phanerochaete*, *Phlebia*, *Piromyces*, *Pleurotus*, *Schizophyllum*, *Talaromyces*, *Thermoascus*, *Thielavia*, *Tolypocladium*, *Trametes* o

Trichoderma.

[0140] En un aspecto más preferido, la célula huésped filamentosa fúngica es una célula de *Aspergillus awamori*, *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus foetidus*, *Aspergillus japonicus*, *Aspergillus nidulans*, *Aspergillus niger* o *Aspergillus oryzae*. En otro aspecto más preferido, la célula huésped filamentosa fúngica es una célula de *Fusarium bactridioides*, *Fusarium cerealis*, *Fusarium crookwellense*, *Fusarium culmorum*, *Fusarium graminearum*, *Fusarium graminum*, *Fusarium heterosporum*, *Fusarium negundi*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium reticulatum*, *Fusarium roseum*, *Fusarium Sambucinum*, *Fusarium sarcochroum*, *Fusarium sporotrichioides*, *Fusarium sulphureum*, *Fusarium torulosum*, *Fusarium trichothecioides*, *Fusarium venenatum*. En otro aspecto más preferido, la célula huésped filamentosa fúngica es una célula de cepa de *Bjerkandera adusta*, *Ceriporiopsis aneirina*, *Ceriporiopsis aneirina*, *Ceriporiopsis caregia*, *Ceriporiopsis gilvescens*, *Ceriporiopsis pannocinta*, *Ceriporiopsis rivulosa*, *Ceriporiopsis subrufa* o *Ceriporiopsis subvermispora*, *Coprinus cinereus*, *Coriolus hirsutus*, *Humicola insolens*, *Humicola lanuginosa*, *Mucor miehei*, *Myceliophthora thermophila*, *Neurospora crassa*, *Penicillium purpurogenum*, *Phanerochaete chrysosporium*, *Phlebia radiata*, *Pleurotus eryngii*, *Thielavia terrestris*, *Trametes villosa*, *Trametes versicolor*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma koningii*, *Trichoderma longibrachiatum*, *Trichoderma reesei* o *Trichoderma viride*.

[0141] Las células fúngicas se pueden transformar por un proceso que implica la formación de protoplasto, transformación de los protoplastos y regeneración de la pared celular de una manera conocida per se. Procedimientos adecuados para la transformación de células huésped De *Aspergillus* y *Trichoderma* se describen en EP 238 023 y Yelton et al., 1984, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 81: 1470-1474. Métodos adecuados para transformar especies de *Fusarium* son descritos por Malardier et al., 1989, Gene 78: 147-156 y WO 96/00787. La levadura puede ser transformada usando los procedimientos descritos por Becker y Guarente, In Abelson, J.N. y Simon, M.I., editors, Guide to Yeast Genetics and Molecular Biology, Methods in Enzymology, Volume 194, pp 182-187, Academic Press, Inc., Nueva York; Ito et al., 1983, Journal of Bacteriology 153: 163; y Hinnen et al., 1978, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 75: 1920.

Métodos de producción

[0142] La presente invención también se refiere a métodos para producir un polipéptido de la presente invención, que comprenden (a) cultivar una célula, que en su forma de tipo salvaje es capaz de producir el polipéptido, bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (b) recuperar el polipéptido. Preferiblemente, la célula es del género *Hafnia* y más preferiblemente *Hafnia alvei*.

[0143] La presente invención también se refiere a métodos para producir un polipéptido de la presente invención, que comprenden (a) cultivar una célula huésped bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (b) recuperar el polipéptido.

[0144] La presente invención también se refiere a métodos para producir un polipéptido de la presente invención, que comprenden (a) cultivar una célula huésped recombinante bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido, donde la célula huésped puede comprender una secuencia de nucleótidos mutante con al menos una mutación en la región de codificación de polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 9, donde la secuencia de nucleótidos mutante codifica un polipéptido que consta de los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10; y (b) recuperar el polipéptido.

[0145] En los métodos de producción de la presente invención, las células se cultivan en un medio nutriente adecuado para la producción del polipéptido usando métodos bien conocidos en la técnica. Por ejemplo, la célula se puede cultivar mediante cultivo en matraz de agitación y fermentación a escala grande o a escala pequeña (incluyendo fermentaciones continuas, por lote, por lote alimentado o fermentaciones de estado sólido) en laboratorios o fermentadores industriales realizadas en un medio adecuado y bajo condiciones que permitan que el polipéptido se exprese y/o aísle. El cultivo se desarrolla en un medio nutriente adecuado que comprende fuentes de nitrógeno y carbono y sales inorgánicas, usando procedimientos conocidos en la técnica. Los medios adecuados están disponibles en proveedores comerciales o se pueden preparar según composiciones publicadas (p. ej., en catálogos de la American Type Culture Collection). Si el polipéptido se segregó en el medio nutriente, el polipéptido se puede recuperar directamente del medio. Si el polipéptido no se segregó, puede ser recuperado de lisatos de células.

[0146] Los polipéptidos pueden ser detectados usando métodos conocidos en la técnica que son específicos para los polipéptidos. Estos métodos de detección pueden incluir el uso de anticuerpos específicos, la formación de un producto de polipéptido o la desaparición de un sustrato de polipéptido. Por ejemplo, un ensayo de polipéptido se puede utilizar para determinar la actividad del polipéptido como se describe en este caso.

[0147] El polipéptido resultante puede ser recuperado usando métodos conocidos en la técnica. Por ejemplo, el polipéptido puede ser recuperado del medio nutriente por procedimientos convencionales incluyendo, pero no limitándose a, centrifugado, filtración, extracción, secado por pulverización, evaporación o precipitación.

[0148] Los polipéptidos de la presente invención se pueden purificar mediante una variedad de procedimientos conocidos en la técnica incluyendo, pero no limitándose a, cromatografía (p. ej., intercambio iónico, afinidad,

cromatoenfoque hidrófobo y exclusión de tamaño), procedimientos electroforéticos (p. ej., enfoque isoeléctrico preparativo), solubilidad diferencial (p. ej., precipitación de sulfato de amonio), SDS-PAGE o extracción (ver, por ejemplo, Protein Purification, J.-C. Janson y Lars Ridén, editores, VCH Publishers, New York, 1989).

5

Plantas transgénicas

[0149] La presente invención también se refiere a una planta transgénica, parte de la planta o célula de la planta que ha sido transformada con una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de la presente invención. Una planta tal puede expresar y producir el polipéptido en cantidades recuperables. El polipéptido se puede recuperar de la planta o parte de la planta. Alternativamente, la planta o parte de la planta que contiene el polipéptido recombinante se puede utilizar como tal para mejorar la calidad de alimentos o pienso, por ejemplo, mejorando el valor nutricional, el sabor y las propiedades reológicas o para destruir un factor antinutricionales.

15

[0150] En una realización particular, el polipéptido es dirigido a las vacuolas de almacenamiento de endospermo en semillas. Éste se puede obtener sintetizándolo esta como un precursor con un péptido señal adecuado, ver Horvat et al en PNAS, Feb. 15, 2000, vol. 97, n°. 4, p. 1914-1919.

20

[0151] La planta transgénica puede ser dicotiledónea (una dicot) o monocotiledónea (una monocot) o variantes de las mismas creadas genéticamente. Ejemplos de plantas monocot son hierbas, tales como poa de los prados (poa pratense, poa); hierbas forrajeras tales como Festuca, Lolium; césped templado, como Agrostis; y cereales, por ejemplo, trigo, avena, centeno, cebada, arroz, sorgo, triticale (híbrido estabilizado de trigo (*Triticum*) y centeno (*Secale*)) y maíz. Ejemplos de plantas dicot son el tabaco, las leguminosas, tales como el girasol (*Helianthus*), algodón (*Gossypium*), altramujes, patata, remolacha azucarera, guisante, judías y semilla de soja, y plantas crucíferas (familia Brassicaceae) tales como coliflor, semilla de colza y el organismo modelo estrechamente relacionado de la *Arabidopsis thaliana*. Plantas de bajo fitato tal y como se describe, por ejemplo, en la patente estadounidense n° 5.689.054 y la patente estadounidense n° 6.111.168 son ejemplos de plantas creadas genéticamente.

25

[0152] Ejemplos de partes de planta son tallo, callo, hojas, raíz, frutos, semillas y tubérculos, así como los tejidos individuales que comprenden estas partes, por ejemplo: epidermis, mesófilo, parénquima, tejidos vasculares y meristemas. Compartimentos específicos de la planta, tales como cloroplasto, apoplasto, mitocondria, vacuola, peroxisomas y citoplasma se consideran también una parte de planta. Además, cualquier célula vegetal, cualquiera que sea el origen del tejido, se considera que es una parte de planta. Asimismo, partes de planta tales como tejidos específicos y células aisladas para facilitar la utilización de la invención son también consideradas partes de planta, por ejemplo: embriones, endospermos, aleurona y tegumentos.

35

[0153] También incluida dentro del campo de la presente invención está la descendencia de tales plantas, partes de planta y células vegetales.

40

[0154] La planta transgénica o la célula vegetal que expresa un polipéptido de la presente invención se puede construir conforme a métodos conocidos en la técnica. Brevemente, la planta o célula vegetal se construye incorporando uno o más constructos de expresión que codifican un polipéptido de la presente invención en el genoma huésped de la planta, y propagando la planta o célula vegetal modificada resultante a una planta o célula vegetal transgénica.

45

[0155] Convenientemente, el constructo de expresión es un constructo de ácidos nucleicos que comprende una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un polipéptido de la presente invención operativamente enlazado a secuencias reguladoras apropiadas requeridas para la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos en la planta o parte de planta elegida. Además, el constructo de expresión puede comprender un marcador seleccionable, útil para identificar células huésped en las que el constructo de expresión ha sido integrado y secuencias de ADN necesarias para introducir el constructo en la planta en cuestión (éste último depende del método usado para introducir el ADN).

50

[0156] La elección de las secuencias reguladoras, tales como secuencias promotoras y terminadoras y opcionalmente secuencias de señal o tránsito se determinan, por ejemplo, basándose en cuando, dónde y cómo se desea que el polipéptido se exprese. Por ejemplo, la expresión del gen que codifica un polipéptido de la presente invención puede ser constitutiva o inducible, o puede ser específica de desarrollo, fase o tejido, y el producto genético puede ser dirigido a un compartimento celular, tejido o parte de planta específicos tales como semillas u hojas. Secuencias reguladoras son, por ejemplo, descritas por Tagle et al., 1988, *Plant Physiology* 86: 506.

55

[0157] Para expresión constitutiva, se pueden utilizar los siguientes promotores: el promotor 35S-CaMV (Franck et al., 1980, *Cell* 21: 285-294), la ubiquitina 1 de maíz (Christensen AH, Sharrock RA y Quail 1992, *Maize Polyubiquitin Genes: structure, thermal perturbation of expression and transcript splicing, and promoter activity following transfer to protoplasts by electroporation*) o el promotor de actina 1 de arroz (Plant Mo. Biol. 18, 675-689.; Zhang W, McElroy D. y Wu R 1991, *Analysis of rice Act1 5' region activity in transgenic rice plants*. Plant Cell 3, 1155-1165). Promotores específicos de un órgano pueden ser, por ejemplo, un promotor de tejidos sumidero de almacenamiento tales como semillas, tubérculos de patata y frutos (Edwards & Coruzzi, 1990, Ann. Rev. Genet. 24: 275-303), o de tejidos sumidero metabólicos tales como meristemas (Ito et al., 1994, Plant. Mol. Biol. 24: 863-878), un promotor específico de semilla tal como el promotor

- de la glutelina, prolamina, globulina, o promotor de albúmina de arroz (Wu et al., 1998, Plant and Cell Physiology 39: 885-889), un promotor de Vicia faba de la legumina B4 y el gen de proteína de semilla desconocido de Vicia faba (Conrad et al., 1998, Journal of Plant Physiology 152: 708-711), un promotor de una proteína de cuerpo aceitoso de semilla (Chen et al., 1998, Plant and Cell Physiology 39: 935-941), el promotor napA de proteína de almacenamiento de 5 Brassica napus o cualquier otro promotor específico de semilla conocido en la técnica, por ejemplo; tal y como se describe en WO 91/14772. Además, el promotor puede ser un promotor específico de hoja tal como el promotor de rbcS de arroz o tomate (Kiozuka et al., 1993, Plant Physiology 102: 991-1000), el promotor del gen de adenina metiltransferasa del virus chlorella (Mitra y Higgins, 1994, Plant Molecular Biology 26: 85-93), o el promotor del gen aldP del arroz (Kagaia et al., 1995, Genética General y Molecular 248: 668-674), o un promotor inducible por herida tal como el promotor pin2 de la patata (Xu et al., 1993, Plant Molecular Biology 22: 573-588). Asimismo, el promotor puede ser inducible por tratamientos abióticos tales como temperatura, sequía o alteraciones en salinidad o inducibles por sustancias aplicadas exógenamente que activan el promotor, por ejemplo: etanol, estrógenos, hormonas de planta tipo etileno, ácido abscísico, ácido giberélico y/o metales pesados.
- 10 [0158] Un elemento intensificador del promotor se puede usar también para lograr una expresión mayor del polipéptido en la planta. Por ejemplo, el elemento intensificador del puede ser un intrón que se coloca entre el promotor y la secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de la presente invención. Por ejemplo, Xu et al., 1993, supra, describen el uso del primer intrón del gen de actina del arroz 1 para mejorar la expresión.
- 15 [0159] Aún más, el uso del codón se puede optimizar en las especies de planta en cuestión para mejorar la expresión (ver Horvat et al. referido anteriormente).
- 20 [0160] El gen marcador seleccionable y cualquier otra parte del constructo de expresión se puede elegir de entre aquellas disponibles en la técnica.
- 25 [0161] El constructo de ácidos nucleicos se incorpora en el genoma de la planta según técnicas convencionales conocidas en la técnica, incluyendo transformación mediada por Agrobacterium, transformación mediada por virus, microinyección, bombardeo de partículas, transformación biolística y electroporación (Gassen et al., 1990, Science 244: 1293; Potrykus, 1990, Bio/Technology 8: 535; Shimamoto et al., 1989, Nature 338: 274).
- 30 [0162] Actualmente, la transferencia de genes mediada por Agrobacterium tumefaciens es el método elegido para generar dicot transgénicas (para revisión ver Hooykas y Schilperoort, 1992, Plant Molecular Biology 19: 15-38) y puede también ser usada para transformar monocot, aunque se usan más frecuentemente otros métodos de transformación para estas plantas. Actualmente, el método elegido para generar monocot transgénicas, complementando la estrategia de Agrobacterium, es el bombardeo de partículas (partículas microscópicas de oro o tungsteno revestidas con el ADN que se ha de transformar) de tejidos embrionarios o embriones en desarrollo (Christou, 1992, Plant Journal 2: 275-281; Shimamoto, 1994, Current Opinion Biotechnology 5: 158-162; Vasil et al., 1992, Bio/technology 10: 667-674). Un método alternativo para transformación de monocot se basa en la transformación de protoplastos tal como es descrito por Omirulleh et al., 1993, Plant Molecular Biology 21: 415-428.
- 35 [0163] Después de la transformación, los transformantes que han incorporado en ello el constructo de expresión incorporada en estos el constructo de expresión son seleccionados y regenerados en plantas completas según métodos bien conocidos en la técnica. Frecuentemente el procedimiento de transformación se diseña para la eliminación selectiva de genes de selección tanto durante la regeneración como en las siguientes generaciones usando por ejemplo cotransformación con dos constructos de ADN-T separados o escisión específica de sitio del gen de selección mediante una recombinasa específica.
- 40 [0164] La presente invención también se refiere a métodos para producir un polipéptido de la presente invención que comprenden (a) cultivar una planta transgénica o una célula vegetal que comprenden una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un polipéptido con actividad de fitasa de la presente invención bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (b) recuperar el polipéptido.
- 45 Composiciones y usos
- 50 [0165] En otros aspectos adicionales, la presente invención se refiere a composiciones que comprenden un polipéptido de la presente invención, así como métodos para el uso de éstos.
- 55 [0166] Las composiciones de polipéptidos se pueden preparar conforme a métodos conocidos en la técnica y pueden estar en forma de una composición líquida o una composición seca. Por ejemplo, la composición de polipéptidos puede estar en forma de granulados o microgranulados. El polipéptido se incluye en la composición puede ser estabilizado conforme a métodos conocidos en la técnica.
- 60 [0167] La fitasa de la invención se puede usar para degradación, en cualquier contexto industrial de, por ejemplo, fitato, ácido fítico y/o los mono-, di-, tri-, tetra y/o pentafosfatos de myo-inositol. Es bien conocido que las fracciones de fosfato de estos compuestos quelan los cationes divalentes y trivalentes tales como iones metálicos, es decir, los iones nutricionalmente esenciales de calcio, hierro, zinc y magnesio así como los oligoelementos de manganeso, cobre y

molibdeno. Además, el ácido fítico, hasta cierto punto, también enlaza proteínas por interacción electroestática.

[0168] Por consiguiente, los usos preferidos de los polipéptidos de la invención son las preparaciones de pienso o en aditivos para este tipo de preparaciones.

5 [0169] En particular, el polipéptido de la invención se puede usar para mejorar el valor nutritivo de un pienso. Ejemplos no limitantes de mejoras del valor nutritivo de pienso para animales (incluyendo alimentación humana) son: mejorar la digestibilidad del pienso; promover el crecimiento del animal; mejorar la utilización del pienso; mejorar la biodisponibilidad de proteínas; aumentar el nivel de fosfato digerible; mejorar la liberación y/o degradación de fitato; mejorar la biodisponibilidad de oligoelementos; mejorar la biodisponibilidad de macrominerales; eliminar la necesidad de añadir fosfato adicional suplementario, oligoelementos y/o macrominerales; y/o mejorar la calidad de la cáscara de huevo. El valor nutritivo del pienso es, por lo tanto, incrementado, y el índice de crecimiento y/o aumento de peso y/o conversión de pienso (es decir, el peso del pienso ingerido en relación a la ganancia de peso) del animal puede ser mejorado.

10 [0170] Adicionalmente, el polipéptido de la invención se puede usar para reducir el nivel de fitato del abono.

Animales, piensos y aditivos de pienso

20 [0171] El término animal incluye todos animales, incluyendo seres humanos. Ejemplos de animales son no rumiantes y rumiantes. Los animales rumiantes incluyen, por ejemplo, animales tales como ovejas, cabras, caballos y ganado bovino, por ejemplo ganado bovino para carne, vacas y terneras jóvenes. En una realización particular, el animal es un animal no rumiante. Los animales no rumiantes incluyen animales monogástricos, por ejemplo cerdos o puerco (incluyendo, pero no limitándose a, lechones, cerdos en crecimiento y cerdas); aves de corral tales como pavos, patos y pollo (incluyendo, pero no limitándose a, pollos para consumo y gallinas ponedoras); terneras jóvenes; y pescado (incluyendo, pero no limitándose a, salmón, trucha, tilapia, siluro y carpas; y crustáceos (incluyendo, pero no limitándose a, gambas y cigalas).

25 [0172] El término pienso o composición de pienso quiere decir cualquier compuesto, preparación, mezcla o composición adecuada para, o destinada a, ser ingerida por un animal.

30 [0173] En el uso según la invención el polipéptido se puede dar al animal antes, después o simultáneamente con la dieta. Esto último es lo que se prefiere.

35 [0174] En una realización particular, el polipéptido, en la forma en la que se añade al pienso o cuando se incluye en un aditivo de pienso, es sustancialmente puro. En una realización particular está bien definido. El término "bien definido" significa que el preparado de fitasa es puro al menos en un 50% según se determina mediante cromatografía de exclusión por tamaños (véase el ejemplo 12 de WO 01/58275). En otras realizaciones particulares El preparado de fitasa es pura al menos en un 60, 70, 80, 85, 88, 90, 92, 94 o al menos en un 95% según se determina mediante este método.

40 [0175] Un preparado sustancialmente puro y/o bien definido de polipéptidos es beneficioso. Por ejemplo, es mucho más fácil administrar correctamente al pienso un polipéptido que está esencialmente libre de interferir o contaminar otros polipéptidos. El término administrar correctamente se refiere en particular al objetivo de obtener resultados constantes y consistentes, y la capacidad de optimizar la dosificación basándose en el efecto deseado.

45 [0176] Para el uso en pienso, no obstante, el polipéptido de fitasa de la invención no necesita ser tan puro; puede, por ejemplo, incluir otros polipéptidos, en cuyo caso podría ser denominado preparado de fitasa.

50 [0177] El preparado de fitasa puede ser (a) añadido directamente al pienso (o usado directamente en un proceso de tratamiento de proteínas) o (b) puede ser usado en la producción de una o más composiciones intermedias tales como aditivos de pienso o premezclas que son posteriormente añadidas al pienso (o usadas en un proceso de tratamiento). El grado de pureza anteriormente descrito se refiere a la pureza del preparado de polipéptido original, tanto si se usa según (a) como según (b).

55 [0178] Preparados de polipéptido con purezas de este orden de magnitud son en particular obtenibles usando métodos recombinantes de producción, mientras que no se obtienen tan fácilmente y están sujetos también a una variación lote a lote mucho más alta cuando el polipéptido se produce por métodos de fermentación tradicionales.

60 [0179] Tal preparado de polipéptido puede por supuesto ser mezclado con otros polipéptidos.

[0180] El polipéptido se puede añadir al pienso en cualquier forma, ya sea como un polipéptido relativamente puro, o en una mezcla con otros componentes destinados a ser añadidos a pienso, es decir en forma de aditivos de pienso, tales como las llamadas premezclas para pienso.

65 [0181] En un aspecto adicional, la presente invención se refiere a composiciones para uso en piensos, tales como

piensos y aditivos de pienso, por ejemplo premezclas.

[0182] Además del polipéptido de la invención, los aditivos de pienso de la invención contienen al menos una vitamina grasa soluble y/o al menos una vitamina soluble en agua y/o al menos un oligoelemento. El aditivo de pienso puede 5 también contener al menos un macromineral.

[0183] Adicionalmente, ingredientes de aditivo de pienso opcionales son agentes colorantes, por ejemplo carotenoides tales como beta-caroteno, astaxantina y luteína; compuestos de aroma; estabilizadores; péptidos antimicrobianos; 10 ácidos grasos poliinsaturados; especies generadoras de oxígeno reactivo; y/o como mínimo otro polipéptido seleccionado de entre fitasa (EC 3.1.3.8 ó 3.1.3.26); xilanasa (EC 3.2.1.8); galactanasa (EC 3.2.1.89); alfa-galactosidasa (EC 3.2.1.22); proteasa (EC 3.4.-.-), fosfolipasa A1 (EC 3.1.1.32); fosfolipasa A2 (EC 3.1.1.4); lisofosfolipasa (EC 3.1.1.5); fosfolipasa C (3.1.4.3); fosfolipasa D (EC 3.1.4.4); amilasa como, por ejemplo, alfa-amilasa (EC 3.2.1.1); y/o beta-glucanasa (EC 3.2.1.4 o EC 3.2.1.6).

15 [0184] En una realización particular estos otros polipéptidos están bien definidos (como se define anteriormente para preparados de fitasa).

[0185] En una realización particularmente preferida, la fitasa de la invención con un pH óptimo relativamente bajo se combina con al menos una fitasa con un pH óptimo más alto. Ejemplos preferidos de fitasas de pH óptimo más alto son 20 fitasas de *Bacillus*, tales como las fitasas de *Bacillus licheniformis* y *Bacillus subtilis*, así como derivados, variantes o fragmentos de las mismas que tienen actividad de fitasa.

[0186] La fitasa de la invención puede también combinarse con otras fitasas, por ejemplo fitasas de ascomicetos tales 25 como fitasas de *Aspergillus*, por ejemplo derivadas de *Aspergillus ficuum*, *Aspergillus niger* o *Aspergillus awamori*; o fitasas de basidiomiceto, por ejemplo derivado de *Peniofora licii*, *Agrocibe pediades*, *Trametes pubescens*, o *Paxillus involutus*; o derivados, fragmentos o variantes de las mismas que tienen actividad de fitasa.

[0187] De este modo, en realizaciones preferidas del uso de la invención en piensos, y en realizaciones preferidas del 30 aditivo de pienso y el pienso de la invención, la fitasa de la invención se combina con tales fitasas.

[0188] Las fitasas de ascomiceto y basidiomiceto mencionadas anteriormente, en particular la fitasa de RONOZYME P derivada de *Peniofora licii* así como derivados, variantes y fragmentos de la misma, pueden también combinarse con fitasas de *Bacillus*, en particular la fitasa de *B.licheniformis* así como con un derivado, fragmento o variante de la misma, 35 en particular a efectos de piensos.

[0189] Ejemplos de péptidos antimicrobianos (PAM) son CAP18, Leucocina A, Tritrpticina, Protegrin-1, Tanatina, Defensina, Lactoferrina, Lactoferricina, y Ovispirina tal como Novispirina (Robert Lehrer, 2000), Plectasinas y Estatinas, incluyendo los compuestos y polipéptidos descritos en WO 03/044049 y WO 03/048148, así como variantes o fragmentos de los anteriores que retienen actividad antimicrobiana.

[0190] Ejemplos de polipéptidos antifungicidas (PAF) son los péptidos de *Aspergillus giganteus* y *Aspergillus niger*, así 40 como variantes y fragmentos de los mismos que retienen actividad antifúngica, como se describe en WO 94/01459 y WO 02/090384.

[0191] Ejemplos de ácidos grasos poliinsaturados son los ácidos grasos poliinsaturados C18, C20 y C22, tales como 45 ácido araquidónico, ácido docosohexaenoico, ácido eicosapentanoico y ácido gamma-linolénico.

[0192] Ejemplos de especies generadoras de oxígeno reactivo son productos químicos tales como perborato, persulfato 50 o percarbonato; y polipéptidos tales como una oxidasa, una oxigenasa o una sintetasa.

[0193] Normalmente vitaminas liposolubles e hidrosolubles, así como oligoelementos forman parte de la llamada premezcla destinada a ser agregada al pienso, mientras que los macrominerales son normalmente añadidos al pienso por separado. Cualquiera de estos tipos de composición, cuando se enriquece con un polipéptido de la invención, es un 55 aditivo de pienso de la invención.

[0194] En una realización particular, se pretende que el aditivo de pienso de la invención se incluya (o se prescriba que tiene que incluirse) en dietas para animales o pienso a niveles de 0.01% a 10.0%; más particularmente de 0.05% a 5.0%; o de 0.2% a 1.0% (siendo % los gramos de aditivo por cada 100 g de pienso). Esto es así en particular para 60 premezclas.

[0195] Lo siguiente son listas no exclusivas de ejemplos de estos componentes:

Ejemplos de vitaminas liposolubles son vitamina A, vitamina D3, vitamina E y vitamina K, por ejemplo vitamina K3.

[0196] Ejemplos de vitaminas hidrosolubles son vitamina B12, biotina y colina, vitamina B1, vitamina B2, vitamina B6, niacina, ácido fólico y pantoténato, por ejemplo Ca-D-pantoténato.

- [0197] Ejemplos de oligoelementos son manganeso, zinc, hierro, cobre, yodo, selenio y cobalto.
- [0198] Ejemplos de macrominerales son calcio, fósforo y sodio.
- 5 [0199] Los requisitos nutricionales de estos componentes (ejemplificados con aves de corral y lechones/cerdos) se catalogan en la tabla A de WO 01/58275. Los requisitos nutricionales significan que estos componentes deberían ser proporcionados en la dieta en las concentraciones indicadas.
- 10 [0200] En la alternativa, el aditivo de pienso de la invención comprende al menos uno de los componentes individuales especificados en la tabla A de WO 01/58275. Al menos uno significa, o bien uno, o bien más de uno o dos, o tres, o cuatro etcétera hasta los trece, o hasta los quince componentes individuales. Más específicamente, este al menos un componente individual se incluye en el aditivo de la invención en tal cantidad como para proporcionar una concentración en el pienso en el rango indicado en las columnas cuatro, cinco o seis de la tabla A.
- 15 [0201] La presente invención también se refiere a composiciones de piensos. Las composiciones o dietas de pienso tienen un contenido relativamente alto de proteínas. Las dietas de aves de corral y de cerdo se pueden caracterizar como se indica en la tabla B de WO 01/58275, columnas 2-3. Las dietas de pescado se pueden caracterizar como se indica en la columna 4 de esta tabla B. Además tales dietas de pescado normalmente tienen un contenido bruto de grasa de 200-310 g/kg.
- 20 [0202] WO 01/58275 corresponde a US 09/779334.
- [0203] Una composición de pienso según la invención tiene un contenido bruto de proteína de 50-800 g/kg y comprende además al menos un polipéptido como se reivindica en la presente.
- 25 [0204] Además, o en la alternativa (al contenido bruto de proteína indicado antes), la composición del pienso para animales puede tener un contenido de energía metabolizable de 10-30 MJ/kg; y/o un contenido de calcio de 0.1-200 g/kg; y/o un contenido disponible de fósforo de 0.1-200 g/kg; y/o un contenido de metionina de 0.1-100 g/kg; y/o un contenido de metionina más cisteína de 0.1-150 g/kg; y/o un contenido de lisina de 0.5-50 g/kg.
- 30 [0205] En particular, el contenido de energía metabolizable, proteína bruta, calcio, fósforo, metionina, metionina más cisteína y/o lisina está dentro de cualquiera de los rangos 2, 3, 4 ó 5 en la tabla B de WO 01 /58275 (R. 2-5).
- 35 [0206] La proteína bruta se calcula como nitrógeno (N) multiplicado por un factor 6.25, es decir, Proteína bruta (g/kg)= N (g/kg) x 6.25. El contenido de nitrógeno se determina mediante el método Kjeldahl (A.O.A.C., 1984, Official Methods of Analysis 14th ed., Association of Official Analytical Chemists, Washington DC).
- 40 [0207] La energía metabolizable puede ser calculada basándose en la publicación del NRC: Nutrient requirements in swine, novena edición revisada 1988, Subcommittee on Swine Nutrition, Committee on Animal Nutrition, Board of agriculture, National Research Council. National Academy Press, Washington, D.C., pp. 2-6, y en la European Table of Energy Values for Poultry Feed-stuffs, Spedelholst Centre for Poultry Research and Extension, 7361 DA Beekbergen, Países Bajos. Grafisch bedrijf Ponsen & looijen bv, Wageningen. ISBN 90-71463-12-5.
- 45 [0208] El contenido dietético de calcio, fósforo disponible y aminoácidos en dietas completas para animales se calcula basándose en tablas de piensos tales como la Veevoedertabel 1997, Gegevens over chemische samenstelling, Verteerbaarheid en voederwaarde van voedermiddelen, Central Veevoederbureau, Runderweg 6, 8219 pk Lelystad. ISBN 90-72839-13-7.
- 50 [0209] En particular, la composición de pienso para animales puede contener al menos una proteína. La proteína puede ser una proteína animal, tal como harina de carne y hueso, y/o harina de pescado; o puede ser una proteína vegetal. El término proteínas vegetales como se utiliza en este caso se refiere en cualquier compuesto, composición, preparado o mezcla que incluye al menos una proteína derivada de u originada en un vegetal, incluyendo proteínas modificadas y derivados de proteínas, en realizaciones particulares, el contenido de proteína de las proteínas vegetales es al menos del 10, 20, 30, 40, 50, o 60% (p/p).
- 55 [0210] Las Proteínas vegetales se pueden obtener de fuentes de proteína vegetal, tales como leguminosas y cereales, por ejemplo, materiales de plantas de las familias Fabaceae (Leguminosae), Cruciferaceae, Chenopodiaceae y Poaceae, tales como harina de soja, harina de lupino y harina de semilla de colza.
- 60 [0211] En particular, la fuente de proteína vegetal es material que viene de una o más plantas de la familia Fabaceae, por ejemplo, soja, altramuz, guisante o judía.
- 65 [0212] De otra manera, la fuente de proteína vegetal es material que viene de una o más plantas de la familia Chenopodiaceae, por ejemplo, remolacha, remolacha azucarera, espinaca o quinoa.

- [0213] Otros ejemplos de fuentes de proteína vegetal son semilla de colza, semilla de girasol, semilla de algodón y repollo.
- [0214] La soja es una fuente de proteína vegetal preferida.
- [0215] Otros ejemplos de fuentes de proteína vegetal son cereales tal como cebada, trigo, centeno, avena, maíz, arroz, triticale y sorgo.
- [0216] Todavía más particularmente, la composición de pienso para animales puede contener un 0-80% de maíz; y/o un 0-80% de sorgo; y/o un 0-70% de trigo; y/o 0-70% un cebada; y/o un 0-30% de avena; y/o un 0-40% de harina de soja; y/o un 0-25% de harina de pescado; y/o un 0-25% de harina de carne y hueso; y/o 0-20% de lactosuero.
- [0217] Las dietas para animales pueden por ejemplo fabricarse como pienso en harina (no granulado) o pienso granulado. Típicamente, los piensos son molidos y se añaden cantidades suficientes de vitaminas y minerales esenciales según las especificaciones para la especie en cuestión. Se pueden añadir polipéptidos como formulaciones de polipéptidos sólidas o líquidas. Por ejemplo, una formulación de polipéptido sólida típicamente se añade antes o durante la fase de mezcla; y una preparación de polipéptido líquida típicamente se añade después de la fase de granulación. El polipéptido puede también ser incorporado en un aditivo de pienso o premezcla.
- [0218] La concentración final de polipéptido en la dieta está en el rango de los 0.01-200 mg de proteína de polipéptido por kg de dieta, por ejemplo en el rango de 0.1-10 mg/kg de dieta animal (la dosificación típica está en el rango de 250 a 2000 FYT/kg de dieta para animales).
- [0219] La fitasa de la invención debería por supuesto ser aplicada en una cantidad eficaz, es decir, en una cantidad adecuada para mejorar la solubilización y/o mejorar valor nutritivo del pienso. Se contempla actualmente que el polipéptido se administre en una o más de las siguientes cantidades (rangos de dosificación): 0.01-200; 0.01-100; 0.5-100; 1-50; 5-100; 10- 100; 0.05-50; o 0.10-10, siendo todos estos rangos en mg de proteína de polipéptido de fitasa por kg (ppm) de pienso.
- [0220] Para determinar los mg de proteína de polipéptido de fitasa por kg de pienso, la fitasa es purificada a partir de la composición de pienso y la actividad específica de la fitasa purificada se determina usando un ensayo pertinente. La actividad de fitasa de la composición de pienso como tal se determina también usando el mismo ensayo y, basándose en estas dos determinaciones, se calcula la dosificación en mg de proteína fitasa por kg de pienso.
- [0221] Los mismos principios se aplican para determinar los mg de proteína polipeptídica fitasa en aditivos para piensos. Por supuesto, si una muestra de la fitasa usada para preparar el aditivo para pienso o el pienso está disponible, la actividad específica se determina a partir de esta muestra (sin necesidad de purificar la fitasa de la composición de piensos o el aditivo).
- Métodos para producir productos de fermentación**
- [0222] Otro aspecto de la presente invención se refiere a los métodos para producir un producto de fermentación, tal como, por ejemplo, etanol, cerveza, vino, granos secos de destilería (GSD), donde la fermentación se realiza en presencia de una fitasa de la presente invención. Ejemplos de procesos de fermentación incluyen, por ejemplo, los procesos descritos en WO 01/62947. La fermentación se realiza usando un microorganismo fermentativo, tal como levadura.
- [0223] En un particular, la presente invención proporciona métodos para producir un producto de fermentación, que comprenden (a) fermentar usando un microorganismo fermentativo, (tal como levadura) un material que contiene carbohidratos (por ejemplo; almidón) en la presencia de una fitasa de la presente invención; y (b) producir el producto de fermentación del material fermentado que contiene carbohidratos.
- [0224] Particularmente, la presente invención puede proporcionar métodos para producir etanol, que comprenden fermentar (usando un microorganismo fermentativo, tal como levadura) un material que contiene carbohidratos (por ejemplo; almidón) en presencia de una fitasa de la presente invención y producir o recuperar el etanol del material que contiene carbohidratos fermentado.
- [0225] Además, la presente invención puede proporcionar métodos para producir etanol que comprenden: a) hidrolizar almidón, por ejemplo, mediante una licuefacción y/o proceso de sacarificación, un proceso de hidrólisis de almidón crudo; b) fermentar el almidón resultante en presencia de una fitasa de la presente invención; y c) producir etanol.
- [0226] La fitasa se puede agregar al proceso de fermentación en cualquier fase adecuada y en cualquier composición adecuada, incluyendo sola o en combinación con otras enzimas, tales como una o más alfa-amilasas, glucoamilasas, proteasas y/o celulasas.
- [0227] Adicionalmente, la presente invención puede proporcionar métodos para producir etanol que comprenden

hidrolizar biomasa y fermentar (usando un microorganismo fermentativo, tal como levadura) la biomasa resultante en presencia de una fitasa de la presente invención.

Ejemplos

5

Ejemplo 1. Clonación de un gen de fitasa de *Hafnia alvei*

[0228] Un alineamiento múltiple fue hecho a partir de las siguientes fosfatasas ácidas de histidina (HAP): appA *Escherichia coli* (SPTREMBL:Q8GN88), fitasa de *Citrobacter gillenii* DSM 13694 (geneseqp:aeh04533), fitasa de *Citrobacter amalonaticus* ATCC 25407 (geneseqp:aeh04535), fitasa de *Citrobacter braakii* (geneseqp:aeh04827) e ypo1648 *Yersinia pestis* CO92 (SPTREMBL:Q8ZFP6). Dos cebadores degenerados de oligonucleótidos fueron diseñados basándose en secuencias de consenso:

2123fw: 5'- CATGGTGTGCGNGCNCCNACNAA -3' (SEQ ID NO:1)
15 2065rev: 5'- CCCACCAGGNGNGTRTRTCNGGiTG -3' (SEQ ID NO:2),

donde Y designa T o C, R designa A o G, y N designa A, C, G o T.

[0229] Los cebadores se usaron para selección PCR de varias especies bacterianas a temperaturas de anillamiento entre 40 y 50°C pero típicamente como programa “touch down” empezando por 50°C y luego reduciendo la temperatura de anillamiento en 1°C por cada ciclo durante los siguientes 10 ciclos antes llevar a cabo PCR estándar.

[0230] Un gen de fitasa parcial en forma de un fragmento PCR de aproximadamente 950 pb fue identificado en *Hafnia alvei* (DSM 19197).

25

[0231] El fragmento de PCR fue aislado de gel de agarosa y el fragmento fue secuenciado usando los mismos cebadores PCR con los que el fragmento fue generado. Mediante la traducción de la secuencia de nucleótidos, se confirmó que el fragmento de ADN era parte de un gen de fitasa HAP.

30 [0232] Para obtener la secuencia completa de nucleótidos del gen se usó el kit DNA WALKING SPEEDUP™ (DWSK-V102 de Seegene, Inc., 2^a planta, Edificio Miungji, 142-21, Samsung-dong, Kangnam-gu, Seoul, 135-090, Corea), el cual está diseñado para capturar sitios diana desconocidos. Con este fin, se diseñaron y usaron 6 oligonucleótidos específicos con el kit.

35 2328 TSP1dw: 5'- ACTTGCATCGACGTTGGCTG (SEQ ID NO: 3)
2329 TSP2dw: 5'- ACTGAGCAGCAATGGAACCTCTCTG (SEQ ID NO: 4)
2330 TSP3dw: 5'- ACTGGGTTCCAATATCACGAGTC (SEQ ID NO: 5)
2331 TSP1up: 5'- ATGGTGGATCGCTAAATCACACTG (SEQ ID NO: 6)
2332 TSP2up: 5'- ACGTCTGCCAACATACACG (SEQ ID NO: 7)
40 2333 TSP3up: 5'- ACCGCCATCAGGCTAATC (SEQ ID NO: 8)

[0233] La secuencia completa de nucleótidos que codifica la fitasa de *Hafnia alvei* DSM 19197 se muestra en el listado de secuencias como SEQ ID NO: 9 y la secuencia codificada de aminoácidos correspondiente se muestra en SEQ ID NO: 10. Los primeros 33 aminoácidos de la SEQ ID NO:10 (es decir, los aminoácidos -33 a -1) son un péptido señal, como fue predicho por el software Signal P V3.0 (ver www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/).

45

Ejemplo 2. Expresión del gen de la fitasa de *Hafnia alvei*.

[0234] Un péptido señal de 27 aminoácido que codifica un polinucleótido de una proteasa original, Savinase™, de *Bacillus licheniformis* fue fusionada mediante PCR dentro del marco al gen que codifica la fitasa madura de *Hafnia alvei*. La secuencia codificante de péptido señal se muestra en la SEQ ID NO: 11, codificando el péptido señal de la SEQ ID NO: 12.

55 [0235] La codificación de ADN para el polipéptido fusionado se integró mediante recombinación homóloga en un genoma de célula huésped de *Bacillus subtilis*. El constructo de gen se expresó bajo el control de un sistema de promotor triple (como se describe en WO 99/43835), que consta de los promotores del gen de alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis* (amyL), del gen de alfa-amilasa de *Bacillus amyloliquefaciens* (amyQ) y el promotor cryIIIa de *Bacillus thuringiensis* que incluye la secuencia estabilizante de ARNm. El gen que codifica la cloranfenicol acetyltransferasa se usó como marcador, como se describe en, por ejemplo, Diderichsen et al., A useful cloning vector for *Bacillus subtilis*. Plasmid, 30, p. 312, 1993.

60 [0236] Transformantes resistentes al cloranfenicol se cultivaron medio PS-1 medio (10% de sacarosa, 4% de harina de soja, 1% de Na₃PO₄ ·12H₂O, 0.5% de CaCO₃ y 0.01% ácido plurónico) agitado a 250 r.p.m. a 30°C. Despues de 2-5 días de incubación se retiró el sobrenadante y la actividad de fitasa fue identificada aplicando 20 microlitros del sobrenadante en agujeros de 4 mm de diámetro perforados en placas de un 1% de LSB-agarosa que contienen 0.1M de acetato de sodio pH 4.5 y 0.1% ácido inositol hexafosfórico. Las placas se dejaron durante la noche a 37°C y se vertió

un tampón que consistía en 0.25M de CaCl₂ y 500mM de MES (ajustada a pH 6.5 con 4N NaOH) sobre las placas. Las placas se dejaron a temperatura ambiente durante 1h y la actividad de inositol-fosfato fosfatasa, o fitasa, se identificó luego como una zona limpia.

- 5 [0237] Se analizaron diferentes transformantes positivos de fitasa mediante secuenciación de ADN para asegurar la secuencia de ADN correcta de los constructos. Se seleccionó un clon correcto.

Ejemplo 3. Fermentación del huésped de fitasa Hafnia NN020125

- 10 [0238] El clon seleccionado de *Bacillus subtilis*, que albergaba el constructo de fitasa de *Hafnia alvei* y fue capaz de expresar la fitasa (parte madura) se cultivó a 30°C y con 250 rpm durante 6 días en un medio SK-1M (40g caseinato de sodio (Miprodan 30 de Arla), 200g de maltodextrina 01 (Glucidex 6, catálogo nº. 332203 de Roquette), 50 g de harina de soja, 0.1ml Dowfax 63N10 (un surfactante no iónico de Dow) 0.1ml, agua corriente hasta 1000 ml, pastillas de CaCO₃ de 0.5g/100 ml).

- 15 Ejemplo 4. Purificación de Fitasa de *Hafnia alvei*

- [0239] El sobrenadante de fermentación con la fitasa se centrifugó primero a 7200 rpm y 5°C durante una hora y filtrado a través de un "sándwich" de cuatro filtros de microfibra de vidrio Whatman (2.7, 1.6, 1.2 y 0.7 micrómetros). Después de esto la solución se filtró estérilmente a través de un filtro de profundidad Seitz-EK usando presión. A continuación, el sobrenadante filtrado fue pretratado de la siguiente manera:

- 20 [0240] La solución de muestra fue lavada con agua y concentrada usando una unidad de ultrafiltración (Filtron, de Filtron Technology Corporation) equipada con una membrana de ultrafiltración de 10kDa de corte. Luego el pH fue ajustado a 4,5 con ácido acético al 10%(p/v), lo que causó una precipitación poco importante. No se encontró ninguna actividad en el precipitado y fue retirado mediante filtración a través de un filtro de tapa de botella de PES rápido con un corte de 0.22 micrómetros.

- 25 [0241] Después del pretratamiento, la fitasa fue purificada por cromatografía en S sefarosa, aproximadamente 50 ml en una columna XK26, usando como tampón A 50 mM de acetato de sodio pH 4.5 y como tampón B 50 mM de acetato de sodio + 1 M de NaCl pH 4.5. Las fracciones de la columna se analizaron para actividad usando el ensayo de fosfatasa (ver más adelante) y las fracciones con actividad fueron agrupadas.

- 30 [0242] A la solución se le añadió sulfato de amonio sólido que da una concentración final de 1.5 M y el pH fue ajustado a 6.0 usando 6 M de HCl. La solución que contenía fitasa fue aplicada a una columna de butil sefarosa, aproximadamente 30 ml en una columna XK26, usando como tampón A 25 mM de bis-tris (Bis-(2-hidroxietil)imino-tris(hidroximetil)metano)) + 1.5 M de sulfato de amonio pH 6.0 y como tampón B 25 mM de bis-tris pH 6.0. Las fracciones de la columna se analizaron para actividad usando el ensayo de fosfatasa (ver más adelante) y las fracciones con actividad fueron agrupadas. Finalmente, la solución que contenía la fitasa purificada se cambió a otro tampón de 50 mM de acetato de sodio + 0.1 M de NaCl, pH 4.5 y fue concentrada usando un dispositivo de filtrado Amicon ultra-15 con una membrana con un corte de 30 kDa.

- 35 [0243] El peso molecular, tal y como se estima mediante SDS-PAGE, fue aproximadamente de 40 kDa y la pureza fue > 95%.

- 40 Ejemplo 5. Ensayos de actividad

Determinación de actividad de fosfatasa

- 45 [0244] Una solución enzimática de 75 microlitros que contiene fitasa se dispensa en un pocillo de una placa de microtitulación, por ejemplo, NUNC 269620 y se añade un sustrato de 75 microlitros (para preparar el sustrato, se disuelven dos pastillas de 5 mg de p-nitrofenil fosfato (Sigma, Cat.Nº.N-9389) en 10 ml de 0.1 M de tampón de acetato de sodio, pH 5.5). La placa se sella y se incuba durante 15 minutos, agitando a 750 r.p.m. a 37°C. Despues del periodo de incubación se añaden 75 microlitros de reactivo de parada (el reactivo de parada es 0.1 M de tetraborato de disodio en agua) y la absorbancia a 405 nm se mide en un espectrofotómetro de placa de microtitulación.

Determinación de la actividad de fitasa

- 50 [0245] Una solución enzimática de 75 microlitros que contiene fitasa, apropiadamente diluida en 0.25M de acetato de sodio, Tween-20 al 0.005% (p/v) pH 5.5, se dispensa en un pocillo de una placa de microtitulación, por ejemplo, NUNC 269620 y se añade un sustrato de 75 microlitros (preparado disolviendo 100mg de fitato de sodio de arroz (Aldrich Cat.Nº. 274321) en 10 ml de 0.25M de tampón de acetato de sodio, pH 5.5). La placa se sella y se incuba durante 15 minutos, agitando a 750 r.p.m. a 37°C. Tras la incubación, se añaden 75 microlitros de reactivo de parada (siendo el reactivo de parada preparado mezclando 10 ml de solución de molibdato (hepta molibdato de amonio al 10% (p/v) en solución de amonio al 0.25% (p/v)), 10ml vanadato de amonio (0.24% producto comercial de Bie&Berntsen, Cat.No.LAB17650) y 20ml de ácido nítrico al 21.7% (p/v)), y la absorbancia a 405nm se mide en un espectrofotómetro

de placa de microtitulación. La actividad de fitasa se expresa en la unidad de FYT, siendo un FYT la cantidad de enzima que libera 1 micromol de ortofosfato inorgánico por minuto bajo las condiciones anteriores. Un valor absoluto para la actividad de fitasa medida se puede obtener haciendo referencia a una curva estándar preparada a partir de diluciones apropiadas de fosfato inorgánico o haciendo referencia a una curva estándar hecha de diluciones de un preparado de enzima fitasa con actividad conocida (tal preparado de enzima fitasa con una actividad conocida está disponible previa instancia a Novozymes A/S, Krogshoejvej 36; DK-2880 Bagsvaerd).

Determinación de actividad de fitasa específica

5 [0246] La actividad específica de la fitasa fue determinada en tampón de acetato sódico, pH 5.5. La fitasa fue altamente purificada como se ha descrito anteriormente, es decir, sólo se identificó un componente en un gel de poliacrilamida SDS.

10 [0247] La concentración de proteína se determinó mediante análisis de aminoácidos de la siguiente manera: una alícuota de la muestra fue hidrolizada en HCl 6M, 0.1% de fenol durante 16 horas a 110°C en un tubo de vidrio evacuado. Los aminoácidos resultantes fueron cuantificados usando un sistema de análisis de aminoácidos Applied Biosystems 420A operado según las instrucciones del fabricante. A partir de las cantidades de aminoácidos se calculó la masa total - y así también la concentración - de proteína en la alícuota hidrolizada.

15 [0248] La actividad de fitasa fue determinada en las unidades de FYT tal y como se ha descrito anteriormente y la actividad específica fue calculada como la actividad de fitasa medida en unidades FYT por mg de proteína de enzima fitasa.

20 [0249] La actividad específica resultante fue 980 FYT/mg de proteína. La actividad específica fue determinada en fitato de sodio a pH 5.5 y 37°C.

Ejemplo 6. Determinación del perfil de pH de la fitasa

25 [0250] El perfil de pH fue determinado a 37°C en el rango de pH de 2.0 a 7.5 (en pasos de 0.5 unidades de pH) tal y como se ha descrito anteriormente en la sección "Determinación de la actividad de fitasa", excepto que se usó un cóctel de tampones (50mM de glicina, 50mM de ácido acético y 50mM de Bis-tris) en vez del tampón de 0.25M de acetato de sodio pH 5.5. Los resultados se resumen en la tabla 1 más adelante. Los valores dados para cada pH en el rango de 2.0 - 7.5 son la actividad relativa en % normalizada al valor óptimo.

30 Tabla 1: perfil de pH

Fitasa	pH	2.0	2.5	3.0	3.5	4.0	4.5	5.0	5.5	6.0	6.5	7.0	7.5
<i>Hafnia alvei</i>		46	61	83	95	100	100	88	71	43	18	3	0

Ejemplo 7. Determinación del punto isoeléctrico de la fitasa

35 [0251] El punto isoeléctrico, pl, para la fitasa fue determinado usando geles de isoelectroenfoque (gel Novex pH 310 IEF de Invitrogen, número de catálogo EC6655A2) utilizados según es descrito por el fabricante. El pl para la fitasa de *Hafnia alvei* es aproximadamente 7.4.

Ejemplo 8. Perfil de temperatura de la fitasa

40 [0252] Se determinó el perfil de temperatura (actividad de fitasa como función de la temperatura) para la Fitasa de *Hafnia alvei* en el rango de temperaturas de 20-90°C esencialmente como se ha descrito antes (Determinación). No obstante, las reacciones enzimáticas (100 microlitros de solución enzimática que contiene fitasa + 100 microlitros de sustrato) se desarrollaron en tubos PCR en vez de en placas de microtitulación. Después de un periodo de reacción de 15 minutos a la temperatura deseada los tubos fueron enfriados a 20°C durante 20 segundos y se transfirieron 150 microlitros de cada mezcla de reacción a una placa de microtitulación. Se añadieron 75 microlitros de reactivo de parada y se midió la absorbancia a 405 nm en un espectrofotómetro de placa de microtitulación. Los resultados se resumen en la tabla 2 a continuación. Los números dados para cada temperatura son la actividad relativa (en %) normalizada al valor óptimo.

45 Tabla 2: Perfil de temperatura

Temperatura °C	20	30	40	50	55	60	65	70	80	90
Actividad relativa	17	27	45	69	79	85	100	95	7	0

Ejemplo 9.Termostabilidad de fitasa

[0253] Se sometió la fitasa de *Hafnia alvei* expresada tanto en *Aspergillus oryzae* como en *Bacillus subtilis* a mediciones de termoestabilidad mediante Calorimetría Diferencial de Barrido (DSC) y se comparó con la fitasa de *E.coli* (disponible comercialmente como PHYZYME XP de Danisco A/S).

[0254] Una alícuota de la muestra proteínica de fitasa de *Hafnia alvei* (purificada tal y como se describe en el ejemplo 4) fue dializada contra 2 x 500 ml de 20 mM de acetato de sodio, pH 4.0 a 4°C en una fase de 2-3h seguida de una fase durante toda la noche. La muestra fue filtrada a 0.45 µm y diluida con tampón a aprox. 2 A280 unidades. Los valores exactos de absorbancia medidos se dan en la tabla de resultados mostrada más abajo. El tampón de diáisisis se usó como referencia en la Calorimetría Diferencial de Barrido (DSC). Las muestras fueron desgasificadas usando succión de vacío y agitando durante aprox. 10 minutos. Una alícuota de la fitasa de *E. coli* del producto comercial PHYZYME XP fue purificada de una forma similar a como se describe en el ejemplo 4.

[0255] Se realizó un barrido de DSC a una tasa constante de barrido de 1.5 °C/min de 20 a 80 °C. Periodo de filtración: 16 s. Antes de llevar acabo la DSC, las fitasas fueron dializadas contra los tampones apropiados (p. ej. 0.1 M de glicina-HCl pH 2.5 ó 3.0, 20mM de acetato sódico pH 4.0, 0.1 M de acetato sódico pH 5.5, 0.1 M de Tris-HCl pH 7.0). El tratamiento de datos fue realizado usando el software MicroCal Origin (versión 4.10), y la temperatura de desnaturización, T_d (también llamado temperatura de fusión, T_f) se define como la temperatura en el vértice del pico en el termograma. Para sondear la reversibilidad del proceso de desplegado, se llevó a cabo un segundo barrido inmediatamente después de una corta fase de enfriamiento. Para el segundo barrido el área del pico (el área entre el valor máximo y la referencia = la entalpía de desplegado que se está comparando) se compara con el área del pico del primer barrido. Un valor de pico grande (entre 75-100% del área de pico del primer barrido) se interpreta como un proceso de plegado/desplegado reversible.

[0256] Los resultados de DSC para Fitasa de *Hafnia alvei* expresada tanto en *Aspergillus oryzae* como *Bacillus subtilis* y la fitasa de *E.coli* se resumen en la tabla 3 a continuación.

Tabla 3. Termoestabilidad comparativa de fitasa de *Hafnia alvei* y fitasa *E. coli*

Fitasa	Tampón	A280	T_d 1º barr. (°C)	T_d 2º barr. (°C)	Tamaño relativo de pico (área real) en 2 barridos
<i>H. alvei</i> expresada en <i>Aspergillus</i>	20 nM NaAc ph 4.0	3.2	70.2	70.3	grande
<i>H. alvei</i> expresada en <i>Bacillus</i>	20 nM NaAc pH 4.0	1.6	70.1	70.3	grande
<i>E. coli</i>	20 nM NaAc pH 4.0	2.4	62.6	62.9	medio

[0257] Como se ilustra en la tabla anterior, la fitasa de *Hafnia alvei* tenía mayor termoestabilidad que la fitasa de *E. coli*. Está también claro que la termoestabilidad de la fitasa de *Hafnia alvei* no fue afectada por el huésped de expresión.

Ejemplo 10. Resistencia Proteolítica Gástrica de la fitasa de *Hafnia alvei* y fitasa de *E. coli*

[0258] Muestras de fitasa *H. alvei* y fitasa de *E. coli* (PHYZYME XP, disponible en DANISCO) fueron tratadas con pepsina (Pepsina 1:60000 obtenida de Mucosa de Estómago Porcino, Wako 162-18721, 2900 unidades/mg, lote SDK5232) en 250 mM de tampón de glicina pH 3.0 (aprox. 1000 unidades de pepsina/mg de fitasa). Incubación durante 30 minutos a 40°C con agitado (750 r.p.m.). Después de la incubación con pepsina, la actividad de fitasa fue determinada como se describe en el ejemplo 5 y comparada con la actividad de una muestra tratada de la misma manera, pero sin adición de pepsina. Los resultados se resumen en la tabla 4 a continuación.

TABLA 4. Resistencia Proteolítica Gástrica de la fitasa de *Hafnia alvei* y la fitasa de *E. coli*

Fitasa	Media (act. res. %)	
<i>E. coli</i>	96	Resulta de dos ejecuciones con resultados de actividad residual de un 95% y un 97%.
<i>H. alvei</i>	95.5	Resulta de dos ejecuciones con resultados de actividad residual de un 97% y un 94%.

Por tanto, la fitasa de *E. coli* y la fitasa *H. alvei* tienen propiedades de Resistencia Proteolítica Gástrica muy similares.

Ejemplo 11: Rendimiento en piensos para animales en un modelo in vitro para la fitasa de *Hafnia alvei* y la fitasa de *Citrobacter braakii*

[0259] El rendimiento en piensos para animales de la fitasa de *Hafnia alvei* fue comparado, en un modelo in vitro, con el rendimiento de una fitasa de *Citrobacter braakii*. El modelo in vitro simula condiciones gastro-intestinales en un animal monogástrico y se correlaciona bien con los resultados obtenidos en ensayos in vivo de animales. La actividad de fitasa en la muestra se determina de la manera descrita en el ejemplo 5 bajo "Determinación de actividad de fitasa". La comparación se realizó de la siguiente manera:

[0260] Muestras de pienso compuestas por 30% harina de soja y 70% de harina de maíz con CaCl_2 añadido hasta una concentración de 5 g de calcio por kg de pienso, son luego preincubadas y preparadas a 40°C y pH 3.0 durante 30 minutos seguidos de adición de pepsina (pienso de 3000 U/g) y dosificaciones adecuadas de las fitasas (se usan dosificaciones idénticas para todas las fitasas que se deben probar para permitir comparación), por ejemplo en pienso de entre 0.1 y 1.0 unidades de fitasa FYT/g. Un espacio sin actividad de fitasa fue también incluido como referencia. Las muestras se incubaron luego a 40°C y pH 3.0 durante 60 minutos seguidos de pH 4.0 durante 30 minutos.

[0261] Se pararon las reacciones y se extrajeron inositol-fosfatos y ácido fítico mediante adición de HCl a una concentración final de 0.5 M e incubación a 40°C durante 2 horas, seguido de un ciclo de congelación-descongelación e incubación de 1 hora a 40°C.

[0262] El ácido fítico y los inositol-fosfatos fueron separados mediante cromatografía iónica de alto rendimiento tal y como describen Chen et al. en Journal of Chromatography A (2003) vol. 1018, págs. 41-52 y cuantificados como describen Skoglund et al. en J. Agric. Food Chem. (1997), vol. 45, págs. 431-436.

[0263] La figura 1 muestra una dosis-respuesta de la fitasa de *Hafnia alvei* en comparación con una fitasa *Citrobacter braakii* para dosis de 125 FYT/kg de pienso, 250 FYT/kg de pienso y 500 FYT/kg de pienso. Los efectos de fitasas in vitro se muestran como el fósforo enlazado a inositol-fosfato (IP-P) residual que queda en una muestra después de incubación in vitro y se comparan con el IP-P residual que queda en una muestra de control sin fitasa. Todos los números que se dan son promedios y desviaciones típicas de 4 ó 5 réplicas (incubaciones in vitro). La administración de 250 FYT/kg de la fitasa de *Hafnia* redujo la cantidad de IP-P residual en la muestra in vitro hasta más o menos el mismo grado que las 125 FYT/kg de la fitasa de *Citrobacter*.

[0264] Por consiguiente, la fitasa de *Hafnia* fue capaz de obtener una reducción óptima en la cantidad de fósforo enlazado a inositol-fosfato residual.

Ejemplo 12: Rendimiento en piensos para animales en un modelo in vitro para la fitasa de *Hafnia alvei* y la fitasa *Peniofora licii*

[0265] El rendimiento en piensos para animales de la fitasa de *Hafnia alvei* en un modelo in vitro fue también comparado con el rendimiento de una fitasa *Peniofora licii* a dosis de 250 FYT/kg y 500 FYT/kg de pienso. Los resultados fueron obtenidos siguiendo el protocolo experimental tal como se describe en el ejemplo 11. Como se muestra en Figura 2, la fitasa de *Hafnia alvei* redujo la cantidad de IP-P residual en la muestra in vitro en mayor grado que la fitasa *Peniofora licii*.

Listado de secuencias

[0266]

<110> Novozymes A/S

<120> Fitasa de *Hafnia*

<130> 11202.204-WO

<160> 12

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 23

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador 2123fw
 <220>
 5 <221> misc_feature
 <222> (12)..(12)
 <223> N designa A, C, G o T.
 <220>
 10 <221> misc_feature
 <222> (15)..(15)
 <223> N designa A, C, G o T.
 <220>
 15 <221> misc_feature
 <222> (18)..(18)
 <223> N designa A, C, G o T.
 <220>
 20 <221> misc_feature
 <222> (21)..(21)
 <223> N designa A, C, G o T.
 <400> 1
 catggtgtgc gngcncnac naa 23
 25 <210> 2
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 30 <220>
 <223> cebador 2065rev
 <220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (10)..(10)
 <223> N designa A, C, G o T.
 <220>
 40 <221> misc_feature
 <222> (13)..(13)
 <223> N designa A, C, G o T.
 <220>
 45 <221> misc_feature
 <222> (16)..(16)
 <223> R designa A o G.
 <220>
 50 <221> misc_feature
 <222> (19)..(19)
 <223> R designa A o G.
 <220>
 55 <221> misc_feature
 <222> (22)..(22)
 <223> N designa A, C, G o T.
 <220>
 60 <221> misc_feature
 <222> (25)..(25)
 <223> Y designa T o C.
 <400> 2
 65 cccaccaggn ggngtrrtt cnggytg 27

ES 2 456 960 T3

<210> 3
<211> 20
<212> ADN
<213> secuencia Artificial
5
<220>
<223> cebador 2328 TSP1dw

<400> 3
10 acttgcacg acgtggctg 20

<210> 4
<211> 24
<212> ADN
15 <213> secuencia Artificial

<220>
<223> cebador 2329 TSP2dw

20 <400> 4
actgaggcagc aatgaaactc tctg 24

<210> 5
<211> 23
25 <212> ADN
<213> secuencia Artificial

<220>
<223> cebador 2330 TSP3dw
30 <400> 5
actgggtcc aatatcacga gtc 23

<210> 6
35 <211> 24
<212> ADN
<213> secuencia Artificial

<220>
40 <223> cebador 2331 TSP1up

<400> 6
atggtgatc gctaaatcac actg 24

45 <210> 7
<211> 21
<212> ADN
<213> secuencia Artificial

50 <220>
<223> cebador 2332 TSP2up

<400> 7
55 acgtctgccc aaacatacac g 21

<210> 8
<211> 19
<212> ADN
<213> secuencia Artificial
60
<220>
<223> cebador 2333 TSP3up

<400> 8
65 accgccccatc aggctaactc 19

ES 2 456 960 T3

<210> 9
 <211> 1338
 <212> ADN
 <213> Hafnia alvei
 5
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1338)

10 <220>
 <221> sig_peptide
 <222> (1)..(99)

15 <220>
 <221> mat_peptide
 <222> (100)..(1338)

<400> 9

atg aca atc tct ctg ttt aac cgt aat aaa ccc gct att gca cag cgt Met Thr Ile Ser Leu Phe Asn Arg Asn Lys Pro Ala Ile Ala Gln Arg -30 -25 -20	48
att tta tgt cct ctg atc gtg gct tta ttc tca ggt tta ccg gca tac Ile Leu Cys Pro Leu Ile Val Ala Leu Phe Ser Gly Leu Pro Ala Tyr -15 -10 -5	96
gcc agt gat acc gcc cct gct ggg ttc cag ttg gaa aag gtt gtt atc Ala Ser Asp Thr Ala Pro Ala Gly Phe Gln Leu Glu Lys Val Val Ile -1 1 5 10 15	144
cta agc aga cat ggt gta cgc gcg cca acc aaa atg aca caa acg atg Leu Ser Arg His Gly Val Arg Ala Pro Thr Lys Met Thr Gln Thr Met 20 25 30	192
cgc gac gtc aca cct cac cag tgg cct gaa tgg ccg gta aaa ctc ggc Arg Asp Val Thr Pro His Gln Trp Pro Glu Trp Pro Val Lys Leu Gly 35 40 45	240
tat atc acg cca cgc ggc gaa cat ctg att agc ctg atg ggc ggt ttt Tyr Ile Thr Pro Arg Gly Glu His Leu Ile Ser Leu Met Gly Gly Phe 50 55 60	288
tat cga gag cgc ttt cag caa caa ggt tta tta cct aag gat aac tgt Tyr Arg Glu Arg Phe Gln Gln Gly Leu Leu Pro Lys Asp Asn Cys 65 70 75	336

ES 2 456 960 T3

cct	aca	cca	gat	gcc	gtg	tat	gtt	tgg	gca	gac	gtc	gat	caa	cgc	aca		384
Pro	Thr	Pro	Asp	Ala	Val	Tyr	Val	Trp	Ala	Asp	Val	Asp	Gln	Arg	Thr		
80					85				90					95			
cgt	aaa	acc	ggc	gag	gct	tcc	tta	gca	ggt	ctt	gct	ccc	cag	tgt	gat		432
Arg	Lys	Thr	Gly	Glu	Ala	Phe	Leu	Ala	Gly	Leu	Ala	Pro	Gln	Cys	Asp		
					100				105					110			
tta	gcg	atc	cac	cat	cag	caa	aac	act	cag	cag	gcc	gat	ccg	ctg	tcc		480
Leu	Ala	Ile	His	His	Gln	Gln	Asn	Thr	Gln	Gln	Ala	Asp	Pro	Leu	Phe		
					115				120					125			
cac	cct	gtg	aaa	gcc	ggt	att	tgt	tcg	atg	gat	aaa	tca	cag	gta	cac		528
His	Pro	Val	Lys	Ala	Gly	Ile	Cys	Ser	Met	Asp	Lys	Ser	Gln	Val	His		
					130				135					140			
gcc	gcg	gtt	gaa	aag	cag	gca	ggc	aca	ccg	att	gag	acg	ctc	aat	caa		576
Ala	Ala	Val	Glu	Lys	Gln	Ala	Gly	Thr	Pro	Ile	Glu	Thr	Leu	Asn	Gln		
					145				150					155			
cgc	tat	caa	gcc	tct	tta	gcg	ctg	atg	agt	tcg	gta	ctc	gat	ttt	cca		624
Arg	Tyr	Gln	Ala	Ser	Leu	Ala	Leu	Met	Ser	Ser	Val	Leu	Asp	Phe	Pro		
					160				165					170			175
aaa	tcc	ccc	tat	tgt	cag	cag	cac	aac	att	ggc	aaa	ctc	tgc	gat	ttt		672
Lys	Ser	Pro	Tyr	Cys	Gln	Gln	His	Asn	Ile	Gly	Lys	Leu	Cys	Asp	Phe		
					180				185					190			
tca	cag	gcg	atg	cct	agc	aga	ctg	gca	ata	aat	gac	gac	ggt	aat	aaa		720
Ser	Gln	Ala	Met	Pro	Ser	Arg	Leu	Ala	Ile	Asn	Asp	Asp	Gly	Asn	Lys		
					195				200					205			
gtg	gct	ctc	gaa	ggt	gcc	gtg	gga	ctt	gca	tcg	acg	ttg	gct	gaa	att		768
Val	Ala	Leu	Glu	Gly	Ala	Val	Gly	Leu	Ala	Ser	Thr	Leu	Ala	Glu	Ile		
					210				215					220			
ttc	ctg	ctg	gaa	cac	gct	cag	gga	atg	cct	aaa	gtg	gct	tgg	ggg	aat		816
Phe	Leu	Leu	Glu	His	Ala	Gln	Gly	Met	Pro	Lys	Val	Ala	Trp	Gly	Asn		
					225				230					235			
att	cac	act	gag	cag	caa	tgg	aac	tct	ctg	ttg	aaa	ttg	cat	aat	gca		864
Ile	His	Thr	Glu	Gln	Gln	Trp	Asn	Ser	Leu	Leu	Lys	Leu	His	Asn	Ala		
					240				245					250			255
cag	ttt	gac	ttg	atg	tcg	cgc	acg	ccc	tat	atc	gcc	aag	cat	aa	ggt		912
Gln	Phe	Asp	Leu	Met	Ser	Arg	Thr	Pro	Tyr	Ile	Ala	Lys	His	Asn	Gly		
					260				265					270			
act	cca	ctg	ctg	caa	acc	atc	gcc	cac	gca	ctg	ggt	tcc	aat	atc	acg		960
Thr	Pro	Leu	Leu	Gln	Thr	Ile	Ala	His	Ala	Leu	Gly	Ser	Asn	Ile	Thr		
					275				280					285			
agt	cgc	cca	ctg	ccg	gat	att	tcg	cca	gac	aat	aag	atc	ctg	ttt	att		1008
Ser	Arg	Pro	Leu	Pro	Asp	Ile	Ser	Pro	Asp	Asn	Lys	Ile	Leu	Phe	Ile		
					290				295					300			
gcc	ggt	cac	gac	acc	aat	att	gcc	aat	att	tct	ggc	atg	tta	ggg	atg		1056
Ala	Gly	His	Asp	Thr	Asn	Ile	Ala	Asn	Ile	Ser	Gly	Met	Leu	Gly	Met		
					305				310					315			
aca	tgg	aca	ctt	ccg	gga	caa	cca	gat	aac	acg	cct	ccg	ggt	ggc	gct		1104
Thr	Trp	Thr	Leu	Pro	Gly	Gln	Pro	Asp	Asn	Thr	Pro	Pro	Gly	Gly	Ala		
					320				325					330			335
ttg	gtg	ttt	gaa	cgc	tgg	gta	gat	aac	gcg	ggg	aaa	ccg	tat	gtt	acg		1152
Leu	Val	Phe	Glu	Arg	Trp	Val	Asp	Asn	Ala	Gly	Lys	Pro	Tyr	Val	Ser		
					340				345					350			
gtg	aat	atg	gtg	tat	caa	aca	ctg	gca	cag	ttg	cac	gac	cag	gcg	ccg		1200

ES 2 456 960 T3

val Asn Met Val Tyr Gln Thr Leu Ala Gln Leu His Asp Gln Ala Pro			
355	360	365	
cta acg ttg cag cat cct gcg ggc agc gta cga cta aac ata ccg ggt			1248
Leu Thr Leu Gln His Pro Ala Gly Ser Val Arg Leu Asn Ile Pro Gly			
370	375	380	
tgc agc gat caa acg ccc gat ggc tat tgc ccg ctc tcc acc ttc agc			1296
Cys Ser Asp Gln Thr Pro Asp Gly Tyr Cys Pro Leu Ser Thr Phe Ser			
385	390	395	
cgc tta gtc agc cac agc gtt gag cct gcg tgc cag ctt cct			1338
Arg Leu Val Ser His Ser Val Glu Pro Ala Cys Gln Leu Pro			
400	405	410	

5 <210> 10
<211> 446
<212> PRT
<213> Hafnia alvei

10 <400> 10

Met Thr Ile Ser Leu Phe Asn Arg Asn Lys Pro Ala Ile Ala Gln Arg
 -30 -25 -20

Ile Leu Cys Pro Leu Ile Val Ala Leu Phe Ser Gly Leu Pro Ala Tyr
 -15 -10 -5

Ala Ser Asp Thr Ala Pro Ala Gly Phe Gln Leu Glu Lys Val Val Ile
 -1 1 5 10 15

Leu Ser Arg His Gly Val Arg Ala Pro Thr Lys Met Thr Gln Thr Met
 20 25 30

Arg Asp Val Thr Pro His Gln Trp Pro Glu Trp Pro Val Lys Leu Gly
 35 40 45

Tyr Ile Thr Pro Arg Gly Glu His Leu Ile Ser Leu Met Gly Gly Phe
 50 55 60

Tyr Arg Glu Arg Phe Gln Gln Gly Leu Leu Pro Lys Asp Asn Cys
 65 70 75

Pro Thr Pro Asp Ala Val Tyr Val Trp Ala Asp Val Asp Gln Arg Thr
 80 85 90 95

Arg Lys Thr Gly Glu Ala Phe Leu Ala Gly Leu Ala Pro Gln Cys Asp
 100 105 110

Leu Ala Ile His His Gln Gln Asn Thr Gln Gln Ala Asp Pro Leu Phe
 115 120 125

His Pro Val Lys Ala Gly Ile Cys Ser Met Asp Lys Ser Gln Val His
 130 135 140

Ala Ala Val Glu Lys Gln Ala Gly Thr Pro Ile Glu Thr Leu Asn Gln
 145 150 155

Arg Tyr Gln Ala Ser Leu Ala Leu Met Ser Ser Val Leu Asp Phe Pro
 160 165 170 175

 Lys Ser Pro Tyr Cys Gln Gln His Asn Ile Gly Lys Leu Cys Asp Phe
 180 185 190

 Ser Gln Ala Met Pro Ser Arg Leu Ala Ile Asn Asp Asp Gly Asn Lys
 195 200 205

 Val Ala Leu Glu Gly Ala Val Gly Leu Ala Ser Thr Leu Ala Glu Ile
 210 215 220

 Phe Leu Leu Glu His Ala Gln Gly Met Pro Lys Val Ala Trp Gly Asn
 225 230 235

 Ile His Thr Glu Gln Gln Trp Asn Ser Leu Leu Lys Leu His Asn Ala
 240 245 250 255

 Gln Phe Asp Leu Met Ser Arg Thr Pro Tyr Ile Ala Lys His Asn Gly
 260 265 270

 Thr Pro Leu Leu Gln Thr Ile Ala His Ala Leu Gly Ser Asn Ile Thr
 275 280 285

 Ser Arg Pro Leu Pro Asp Ile Ser Pro Asp Asn Lys Ile Leu Phe Ile
 290 295 300

 Ala Gly His Asp Thr Asn Ile Ala Asn Ile Ser Gly Met Leu Gly Met
 305 310 315

 Thr Trp Thr Leu Pro Gly Gln Pro Asp Asn Thr Pro Pro Gly Gly Ala
 320 325 330 335

 Leu Val Phe Glu Arg Trp Val Asp Asn Ala Gly Lys Pro Tyr Val Ser
 340 345 350

 Val Asn Met Val Tyr Gln Thr Leu Ala Gln Leu His Asp Gln Ala Pro
 355 360 365

 Leu Thr Leu Gln His Pro Ala Gly Ser Val Arg Leu Asn Ile Pro Gly
 370 375 380

 Cys Ser Asp Gln Thr Pro Asp Gly Tyr Cys Pro Leu Ser Thr Phe Ser
 385 390 395

 Arg Leu Val Ser His Ser Val Glu Pro Ala Cys Gln Leu Pro
 400 405 410

<210> 11

<211> 81

5 <212> ADN

<213> Bacillus licheniformis

<220>

<221> CDS

ES 2 456 960 T3

<222> (1)..(81)

<223> Péptido señal Savinasa

<400> 11

atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att 48
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile
1 5 10 15

tct gtt gct ttt agt tca tcg atc gca tcg gct 81
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala
5 20 25

<210> 12

<211> 27

<212> PRT

<213> Bacillus licheniformis

10

<400> 12

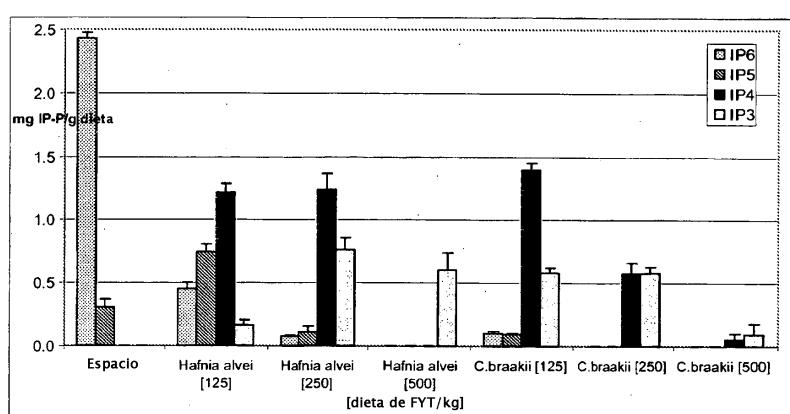
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile 15
1 5 10

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala
20 25

15

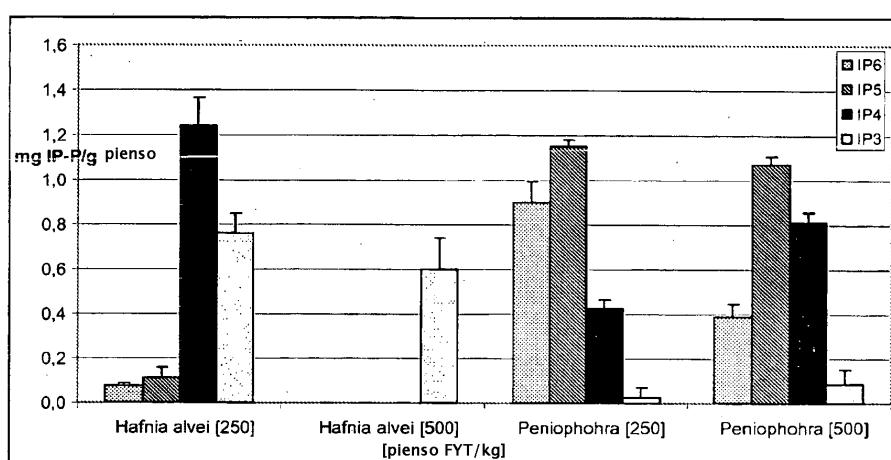
REIVINDICACIONES

1. Un polipéptido aislado que tiene actividad de fitasa, seleccionado del grupo que consiste en:
5 un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos un 85% identidad con los aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO: 10 sobre la longitud de aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO:10, donde la termoestabilidad relativa al polipéptido de aminoácidos 1 a 413 de la SEQ ID NO:10 es, o bien inafectada, o bien mejorada.
10 2. Un polinucleótido aislado que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido según la reivindicación 1.
15 3. Un constructo de ácidos nucleicos que comprende el polinucleótido según la reivindicación 2 operativamente enlazado a una o más secuencias de control que dirigen la producción del polipéptido en un huésped de expresión.
20 4. Un vector de expresión recombinante que comprende el constructo de ácidos nucleicos según la reivindicación 3.
5. Una célula huésped recombinante que comprende el constructo de ácidos nucleicos según la reivindicación 3.
25 6. Una planta transgénica, parte de planta o célula vegetal, que comprende el constructo de ácidos nucleicos según la reivindicación 3.
7. Un aditivo de pienso que comprende
25 (a) al menos un polipéptido según la reivindicación 1; y
(b) al menos una vitamina liposoluble, al menos una vitamina hidrosoluble, al menos un oligoelemento o combinaciones de los mismos.
30 8. Aditivo de pienso según la reivindicación 7, que además comprende al menos una amilasa, al menos una fitasa adicional, al menos una xilanasa, al menos una galactanasa, al menos una alfa-galactosidasa, al menos una proteasa, al menos una fosfolipasa y/o al menos una beta-glucanasa.
35 9. Una composición de pienso para animales con un contenido bruto de proteína de 50 a 800 g/kg y que comprende al menos un polipéptido según la reivindicación 1.
10. Un método para la producción del polipéptido según la reivindicación 1, comprendiendo el método (a) cultivar una célula, que en su forma de tipo salvaje es capaz de producir el polipéptido o una célula huésped recombinante según la reivindicación 5, bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (b) recuperar el polipéptido.
40 11. Un método para la producción de un producto de fermentación, que comprende (a) fermentar un carbohidrato que contiene material en presencia de una fitasa según la reivindicación 1 usando un microorganismo fermentativo y (b) producir el producto de fermentación o el coproducto de fermentación del material fermentado que contiene carbohidratos, por el que el producto de fermentación es preferiblemente etanol, cerveza, vino o granos secos de destilería (GSD).
45 12. Uso de al menos un polipéptido según la reivindicación 1 en pienso para animales o en la preparación de una composición para uso en piensos para animales.

Figura 1

Fósforo residual unido a inositol-fosfato (mg IP-P/g pienso) después de incubación in vitro.

Comparación entre fitasa *Hafnia alvei* y fitasas *Citrobacter braakii* dosificada desde 125-500 FYT/kg de pienso

Figura 2

Fósforo residual unido a inositol-fosfato (mg IP-P/g de pienso) después de incubación in vitro.
Comparación entre fitasa *Hafnia alvei* y fitasas *Peniophohra Lycii* dosificadas desde 250 FYT/kg
de pienso y 500 FYT/kg de pienso

Figura 3**Apéndice**

ATOM	1	N	ALA	4	20.713	17.796	42.010	1.00	12.63	PROT
ATOM	2	CA	ALA	4	21.283	17.698	40.629	1.00	11.99	PROT
ATOM	3	C	ALA	4	22.578	17.097	40.593	1.00	11.33	PROT
ATOM	4	O	ALA	4	23.356	17.160	41.535	1.00	11.74	PROT
ATOM	5	CB	ALA	4	21.526	19.352	40.251	1.00	12.20	PROT
ATOM	11	N	PRO	5	22.811	16.324	39.516	1.00	10.64	PROT
ATOM	12	CA	PRO	5	23.304	15.337	39.557	1.00	9.73	PROT
ATOM	13	C	PRO	5	25.274	15.935	39.877	1.00	8.97	PROT
ATOM	14	O	PRO	5	25.933	17.103	39.568	1.00	8.47	PROT
ATOM	15	CB	PRO	5	23.883	14.724	38.150	1.00	9.76	PROT
ATOM	16	CG	PRO	5	22.514	14.991	37.638	1.00	9.88	PROT
ATOM	17	CD	PRO	5	22.102	16.305	38.224	1.00	10.41	PROT
ATOM	25	N	ALA	6	26.125	15.130	40.516	1.00	8.17	PROT
ATOM	26	CA	ALA	6	27.464	15.547	40.907	1.00	7.56	PROT
ATOM	27	C	ALA	6	28.258	16.013	39.692	1.00	7.10	PROT
ATOM	28	O	ALA	6	28.357	15.305	38.687	1.00	6.94	PROT
ATOM	29	CB	ALA	6	28.195	14.414	41.635	1.00	7.58	PROT
ATOM	35	N	GLY	7	28.788	17.227	39.784	1.00	6.31	PROT
ATOM	36	CA	GLY	7	29.573	17.803	38.702	1.00	5.32	PROT
ATOM	37	C	GLY	7	28.790	18.675	37.748	1.00	4.11	PROT
ATOM	38	O	GLY	7	29.382	19.381	36.938	1.00	4.06	PROT
ATOM	42	N	PHE	8	27.455	18.623	37.835	1.00	3.50	PROT
ATOM	43	CA	PHE	8	26.572	19.411	36.970	1.00	2.73	PROT
ATOM	44	C	PHE	8	26.594	20.681	37.404	1.00	2.50	PROT
ATOM	45	O	PHE	8	26.553	21.169	38.532	1.00	2.36	PROT
ATOM	46	CB	PHE	8	25.134	18.885	37.036	1.00	2.60	PROT
ATOM	47	CG	PHE	8	24.777	17.897	35.952	1.00	3.44	PROT
ATOM	48	CD1	PHE	8	25.501	16.720	35.792	1.00	4.43	PROT
ATOM	49	CD2	PHE	8	23.681	18.135	35.119	1.00	3.41	PROT
ATOM	50	CE1	PHE	8	25.156	15.792	34.794	1.00	5.73	PROT
ATOM	51	CE2	PHE	8	23.329	17.221	34.119	1.00	4.46	PROT
ATOM	52	CZ	PHE	8	24.068	16.052	33.859	1.00	5.76	PROT
ATOM	52	N	GLN	9	26.678	21.789	36.436	1.00	2.00	PROT
ATOM	63	CA	GLN	9	26.683	23.217	36.709	1.00	2.46	PROT
ATOM	64	C	GLN	9	25.696	23.932	35.795	1.00	2.00	PROT
ATOM	65	O	GLN	9	25.719	23.744	34.581	1.00	2.00	PROT
ATOM	66	CB	GLN	9	26.083	23.796	36.504	1.00	2.78	PROT
ATOM	67	CG	GLN	9	26.175	25.286	36.808	1.00	6.29	PROT
ATOM	68	CD	GLN	9	27.709	25.623	38.220	1.00	9.39	PROT
ATOM	69	OE1	GLN	9	26.198	25.063	39.198	1.00	12.04	PROT
ATOM	70	NE2	GLN	9	26.766	26.556	38.325	1.00	10.93	PROT
ATOM	79	N	LEU	10	24.831	24.738	36.400	1.00	2.00	PROT
ATOM	80	CA	LEU	10	23.885	25.557	35.665	1.00	2.37	PROT
ATOM	81	C	LEU	10	24.649	26.702	35.027	1.00	2.28	PROT
ATOM	82	O	LEU	10	25.310	27.463	35.717	1.00	2.01	PROT
ATOM	83	CB	LEU	10	22.802	26.092	36.605	1.00	2.26	PROT
ATOM	84	CG	LEU	10	21.740	26.995	35.965	1.00	2.58	PROT
ATOM	85	CD1	LEU	10	20.980	26.242	34.680	1.00	3.29	PROT
ATOM	86	CD2	LEU	10	20.784	27.505	37.034	1.00	2.73	PROT
ATOM	98	N	GLU	11	24.574	26.808	33.704	1.00	2.72	PROT
ATOM	99	CA	GLU	11	25.355	27.805	32.984	1.00	3.42	PROT
ATOM	100	C	GLU	11	24.485	28.985	32.570	1.00	3.46	PROT
ATOM	101	O	GLU	11	24.933	30.127	32.589	1.00	3.40	PROT
ATOM	102	CB	GLU	11	26.033	27.195	31.754	1.00	2.69	PROT
ATOM	103	CG	GLU	11	27.260	26.342	32.091	1.00	4.83	PROT
ATOM	104	CD	GLU	11	26.231	26.218	30.935	1.00	5.70	PROT
ATOM	105	OE1	GLU	11	27.872	26.620	29.809	1.00	5.87	PROT
ATOM	106	OE2	GLU	11	29.362	25.725	31.152	1.00	6.52	PROT
ATOM	113	N	LYS	12	23.252	28.691	32.174	1.00	4.39	PROT
ATOM	114	CA	LYS	12	22.299	29.734	31.805	1.00	5.12	PROT
ATOM	115	C	LYS	12	20.843	29.299	31.738	1.00	4.51	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	116	O	LYS	12	20.546	28.114	31.665	1.00	3.26	PROT
ATOM	117	CB	LYS	12	22.741	30.493	30.553	1.00	6.06	PROT
ATOM	118	CG	LYS	12	22.624	29.545	29.343	1.00	0.00	PROT
ATOM	119	CD	LYS	12	23.272	30.219	28.049	1.00	0.00	PROT
ATOM	120	CE	LYS	12	24.744	30.506	28.031	1.00	0.00	PROT
ATOM	121	NZ	LYS	12	25.124	31.368	26.880	1.00	0.00	PROT
ATOM	135	N	VAL	13	19.344	30.277	31.807	1.00	3.72	PROT
ATOM	136	CA	VAL	13	18.508	30.017	31.824	1.00	3.81	PROT
ATOM	137	C	VAL	13	17.752	30.933	30.863	1.00	3.54	PROT
ATOM	138	O	VAL	13	16.056	32.151	30.769	1.00	3.40	PROT
ATOM	139	CB	VAL	13	17.926	30.203	33.253	1.00	4.18	PROT
ATOM	140	CG1	VAL	13	16.420	30.153	33.230	1.00	5.07	PROT
ATOM	141	CG2	VAL	13	18.472	29.147	34.209	1.00	3.49	PROT
ATOM	151	N	VAL	14	16.795	30.356	30.159	1.00	3.51	PROT
ATOM	152	CA	VAL	14	15.846	31.114	29.340	1.00	3.57	PROT
ATOM	153	C	VAL	14	14.448	30.857	29.893	1.00	2.30	PROT
ATOM	154	O	VAL	14	13.988	29.706	29.999	1.00	2.68	PROT
ATOM	155	CB	VAL	14	15.926	30.756	27.634	1.00	3.65	PROT
ATOM	156	CG1	VAL	14	15.019	31.687	26.988	1.00	4.98	PROT
ATOM	157	CG2	VAL	14	17.352	30.826	27.342	1.00	4.20	PROT
ATOM	167	N	ILE	15	13.789	31.945	30.266	1.00	2.11	PROT
ATOM	168	CA	ILE	15	12.480	31.891	30.869	1.00	2.32	PROT
ATOM	169	C	ILE	15	11.488	32.452	29.887	1.00	2.00	PROT
ATOM	170	O	ILE	15	11.596	33.652	29.520	1.00	2.00	PROT
ATOM	171	CB	ILE	15	12.447	32.687	32.197	1.00	2.00	PROT
ATOM	172	CG1	ILE	15	13.548	32.176	33.128	1.00	2.94	PROT
ATOM	173	CG2	ILE	15	11.058	32.605	32.656	1.00	2.63	PROT
ATOM	174	CD	ILE	15	13.825	33.060	34.295	1.00	3.09	PROT
ATOM	186	N	LEU	16	10.548	31.653	29.450	1.00	2.00	PROT
ATOM	187	CA	LEU	16	9.433	32.102	28.629	1.00	2.00	PROT
ATOM	188	C	LEU	16	8.204	32.170	29.504	1.00	2.00	PROT
ATOM	189	O	LEU	16	7.586	31.159	29.915	1.00	2.00	PROT
ATOM	190	CB	LEU	16	9.193	31.161	27.450	1.00	2.00	PROT
ATOM	191	CG	LEU	16	8.039	31.558	26.505	1.00	2.70	PROT
ATOM	192	CD1	LEU	16	8.204	32.958	25.898	1.00	2.00	PROT
ATOM	193	CD2	LEU	16	7.873	30.500	25.429	1.00	2.02	PROT
ATOM	205	N	SER	17	7.551	33.389	29.887	1.00	2.02	PROT
ATOM	206	CA	SER	17	6.940	33.601	30.897	1.00	2.08	PROT
ATOM	207	C	SER	17	5.592	34.235	30.330	1.00	2.37	PROT
ATOM	208	O	SER	17	5.688	35.118	29.476	1.00	3.14	PROT
ATOM	209	CB	SER	17	7.402	34.520	31.987	1.00	2.00	PROT
ATOM	210	OG	SER	17	6.447	34.740	33.005	1.00	2.66	PROT
ATOM	215	N	ARG	18	4.431	33.799	30.818	1.00	2.00	PROT
ATOM	216	CA	ARG	18	3.214	34.553	30.569	1.00	2.00	PROT
ATOM	217	C	ARG	18	3.221	35.825	31.419	1.00	2.00	PROT
ATOM	218	O	ARG	18	3.763	35.857	32.542	1.00	2.00	PROT
ATOM	219	CB	ARG	18	1.965	33.728	30.870	1.00	2.00	PROT
ATOM	220	CG	ARG	18	0.660	34.426	30.517	1.00	2.00	PROT
ATOM	221	CD	ARG	18	-0.511	33.466	30.647	1.00	2.00	PROT
ATOM	222	NE	ARG	18	-1.741	34.129	30.234	1.00	3.19	PROT
ATOM	223	CZ	ARG	18	-2.925	33.925	30.789	1.00	4.18	PROT
ATOM	224	NH1	ARG	18	-3.063	33.065	31.783	1.00	3.35	PROT
ATOM	225	NH2	ARG	18	-3.274	34.599	30.344	1.00	7.02	PROT
ATOM	239	N	HSD	19	2.620	36.870	30.857	1.00	2.00	PROT
ATOM	240	CA	HSD	19	2.293	38.099	31.594	1.00	2.00	PROT
ATOM	241	C	HSD	19	1.500	37.790	32.857	1.00	2.00	PROT
ATOM	242	O	HSD	19	0.937	36.681	32.983	1.00	2.00	PROT
ATOM	243	CB	HSD	19	1.503	39.067	30.692	1.00	2.00	PROT
ATOM	244	CG	HSD	19	0.192	36.524	30.208	1.00	2.00	PROT
ATOM	245	CD2	HSD	19	-0.036	36.193	28.883	1.00	2.84	PROT
ATOM	246	ND1	HSD	19	-0.966	38.269	30.860	1.00	2.00	PROT
ATOM	247	NE2	HSD	19	-1.266	37.730	28.751	1.00	2.00	PROT
ATOM	248	CE1	HSD	19	-1.348	37.750	29.939	1.00	2.04	PROT
ATOM	256	N	GLY	20	1.428	36.750	33.766	1.00	2.00	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	257	CA	GLY	20	0.713	36.591	35.034	1.00	2.00	PROT
ATOM	258	C	GLY	20	-0.785	38.760	34.891	1.00	2.00	PROT
ATOM	259	O	GLY	20	-1.294	38.887	33.780	1.00	2.26	PROT
ATOM	263	N	VAL	21	-1.483	38.756	36.013	1.00	2.50	PROT
ATOM	264	CA	VAL	21	-2.045	36.897	36.064	1.00	3.01	PROT
ATOM	265	C	VAL	21	-3.369	40.196	35.402	1.00	3.16	PROT
ATOM	266	O	VAL	21	-2.797	41.267	35.654	1.00	3.58	PROT
ATOM	267	CB	VAL	21	-3.487	38.858	37.516	1.00	2.78	PROT
ATOM	268	CG1	VAL	21	-5.003	39.106	37.548	1.00	3.47	PROT
ATOM	269	CG2	VAL	21	-3.174	37.527	36.169	1.00	2.20	PROT
ATOM	279	N	ARG	22	-4.583	40.088	34.564	1.00	3.11	PROT
ATOM	280	CA	ARG	22	-4.814	41.201	33.746	1.00	4.21	PROT
ATOM	281	C	ARG	22	-6.333	41.241	33.667	1.00	3.73	PROT
ATOM	282	O	ARG	22	-6.991	40.232	33.831	1.00	3.14	PROT
ATOM	283	CB	ARG	22	-4.241	41.021	32.546	1.00	4.06	PROT
ATOM	284	CG	ARG	22	-4.698	39.735	31.718	1.00	6.73	PROT
ATOM	285	CD	ARG	22	-5.092	38.346	30.288	1.00	10.71	PROT
ATOM	286	NE	ARG	22	-4.715	38.779	29.526	1.00	16.61	PROT
ATOM	287	CZ	ARG	22	-5.500	37.751	29.239	1.00	17.99	PROT
ATOM	288	NH1	ARG	22	-6.774	37.726	29.628	1.00	19.11	PROT
ATOM	289	NH2	ARG	22	-4.991	36.748	28.531	1.00	19.82	PROT
ATOM	303	N	ALA	23	-6.873	42.417	33.353	1.00	4.55	PROT
ATOM	304	CA	ALA	23	-8.294	42.565	33.096	1.00	4.90	PROT
ATOM	305	C	ALA	23	-8.667	41.833	31.798	1.00	5.65	PROT
ATOM	306	O	ALA	23	-7.813	41.618	30.937	1.00	5.74	PROT
ATOM	307	CB	ALA	23	-8.675	44.068	33.046	1.00	4.90	PROT
ATOM	313	N	PRO	24	-9.327	41.394	31.668	1.00	6.59	PROT
ATOM	314	CA	PRO	24	-10.337	40.763	30.410	1.00	7.05	PROT
ATOM	315	C	PRO	24	-9.879	41.613	29.206	1.00	6.04	PROT
ATOM	316	O	PRO	24	-9.369	42.343	29.232	1.00	7.72	PROT
ATOM	317	CB	PRO	24	-11.859	40.796	30.510	1.00	7.08	PROT
ATOM	318	CG	PRO	24	-12.114	40.624	31.943	1.00	6.76	PROT
ATOM	319	CD	PRO	24	-11.032	41.418	32.642	1.00	6.35	PROT
ATOM	327	N	THR	25	-9.366	40.938	28.180	1.00	8.78	PROT
ATOM	328	CA	THR	25	-8.315	41.612	26.954	1.00	9.99	PROT
ATOM	329	C	THR	25	-10.104	42.297	26.257	1.00	10.25	PROT
ATOM	330	O	THR	25	-9.995	43.452	25.774	1.00	10.55	PROT
ATOM	331	CB	THR	25	-8.210	40.600	26.011	1.00	10.17	PROT
ATOM	332	OG1	THR	25	-7.092	40.008	26.700	1.00	12.82	PROT
ATOM	333	CG2	THR	25	-7.698	41.267	24.748	1.00	12.25	PROT
ATOM	340	N	LYS	26	-11.240	41.609	26.235	1.00	9.88	PROT
ATOM	341	CA	LYS	26	-12.457	42.142	25.633	1.00	10.27	PROT
ATOM	342	C	LYS	26	-13.667	41.729	26.452	1.00	9.40	PROT
ATOM	343	O	LYS	26	-13.638	40.722	27.164	1.00	8.76	PROT
ATOM	344	CB	LYS	26	-12.602	41.672	24.175	1.00	10.05	PROT
ATOM	345	CG	LYS	26	-12.540	40.155	23.939	1.00	12.65	PROT
ATOM	346	CD	LYS	26	-12.847	39.707	22.554	1.00	12.17	PROT
ATOM	347	CE	LYS	26	-12.136	40.561	21.511	1.00	15.65	PROT
ATOM	348	NZ	LYS	26	-12.445	40.105	20.119	1.00	18.10	PROT
ATOM	362	N	MET	27	-14.721	42.531	26.355	1.00	8.63	PROT
ATOM	363	CA	MET	27	-15.988	42.217	26.971	1.00	8.61	PROT
ATOM	364	C	MET	27	-17.044	42.491	25.899	1.00	7.95	PROT
ATOM	365	O	MET	27	-17.493	43.628	25.720	1.00	8.61	PROT
ATOM	366	CB	MET	27	-16.190	43.048	28.251	1.00	9.07	PROT
ATOM	367	CG	MET	27	-17.470	42.757	29.049	1.00	10.49	PROT
ATOM	368	SD	MET	27	-17.795	41.019	29.436	1.00	13.25	PROT
ATOM	369	CE	MET	27	-16.353	40.540	30.368	1.00	9.60	PROT
ATOM	379	N	THR	28	-17.391	41.430	25.171	1.00	6.47	PROT
ATOM	380	CA	THR	28	-18.244	41.501	23.991	1.00	5.05	PROT
ATOM	381	C	THR	28	-19.699	41.482	24.396	1.00	4.62	PROT
ATOM	382	O	THR	28	-20.027	41.144	25.544	1.00	3.85	PROT
ATOM	383	CB	THR	28	-18.001	40.298	23.044	1.00	5.05	PROT
ATOM	384	OG1	THR	28	-18.538	39.106	23.633	1.00	2.00	PROT
ATOM	385	CG2	THR	28	-16.532	40.103	22.782	1.00	4.26	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	392	N	GLN	29	-20.576	41.823	23.449	1.00	4.28	PROT
ATOM	393	CA	GLN	29	-22.004	41.757	23.599	1.00	3.34	PROT
ATOM	394	C	GLN	29	-22.452	40.343	24.044	1.00	3.99	PROT
ATOM	395	O	GLN	29	-23.220	40.153	24.938	1.00	4.23	PROT
ATOM	396	CB	GLN	29	-22.827	42.323	22.526	1.00	4.43	PROT
ATOM	397	CG	GLN	29	-24.285	42.587	22.906	1.00	4.28	PROT
ATOM	398	CD	GLN	29	-24.421	43.540	24.033	1.00	5.06	PROT
ATOM	399	OE1	GLN	29	-23.813	44.608	24.094	1.00	5.80	PROT
ATOM	400	NE2	GLN	29	-25.211	43.152	25.084	1.00	6.12	PROT
ATOM	403	N	THR	30	-21.955	39.357	23.293	1.00	4.21	PROT
ATOM	410	CA	THR	30	-22.272	37.950	23.575	1.00	4.98	PROT
ATOM	411	C	THR	30	-21.914	37.579	25.023	1.00	4.96	PROT
ATOM	412	O	THR	30	-22.752	37.042	25.753	1.00	4.22	PROT
ATOM	413	CB	THR	30	-21.598	36.277	22.556	1.00	5.04	PROT
ATOM	414	CG1	THR	30	-22.127	37.214	21.244	1.00	7.16	PROT
ATOM	415	CG2	THR	30	-21.867	35.506	22.924	1.00	6.76	PROT
ATOM	422	N	MET	31	-20.655	37.893	25.434	1.00	5.01	PROT
ATOM	423	CA	MET	31	-20.223	37.644	26.806	1.00	5.86	PROT
ATOM	424	C	MET	31	-21.156	38.242	27.861	1.00	5.88	PROT
ATOM	425	O	MET	31	-21.374	37.649	28.918	1.00	5.89	PROT
ATOM	426	CB	MET	31	-18.802	38.175	27.003	1.00	5.35	PROT
ATOM	427	CG	MET	31	-17.722	37.353	26.301	1.00	5.61	PROT
ATOM	428	SD	MET	31	-16.176	38.271	26.202	1.00	8.17	PROT
ATOM	429	CE	MET	31	-15.303	37.355	24.959	1.00	7.03	PROT
ATOM	439	N	ARG	32	-21.709	39.413	27.567	1.00	6.15	PROT
ATOM	440	CA	ARG	32	-22.697	40.037	28.448	1.00	6.96	PROT
ATOM	441	C	ARG	32	-24.050	39.335	28.371	1.00	6.30	PROT
ATOM	442	O	ARG	32	-24.731	39.182	29.587	1.00	7.23	PROT
ATOM	443	CB	ARG	32	-22.850	41.531	28.134	1.00	6.82	PROT
ATOM	444	CG	ARG	32	-21.569	42.327	28.343	1.00	8.87	PROT
ATOM	445	CD	ARG	32	-21.859	43.739	28.824	1.00	13.26	PROT
ATOM	446	NE	ARG	32	-20.766	44.223	29.664	1.00	16.64	PROT
ATOM	447	CZ	ARG	32	-20.662	43.990	30.971	1.00	17.47	PROT
ATOM	448	NH1	ARG	32	-21.595	43.288	31.621	1.00	18.77	PROT
ATOM	449	NH2	ARG	32	-19.620	44.462	31.650	1.00	18.21	PROT
ATOM	453	N	ASP	33	-24.421	38.905	27.169	1.00	6.38	PROT
ATOM	464	CA	ASP	33	-25.746	38.347	26.876	1.00	5.81	PROT
ATOM	465	C	ASP	33	-25.369	36.949	27.479	1.00	5.40	PROT
ATOM	466	O	ASP	33	-27.126	36.612	27.826	1.00	5.43	PROT
ATOM	467	CB	ASP	33	-26.011	38.342	25.347	1.00	6.20	PROT
ATOM	468	CG	ASP	33	-26.242	39.753	24.765	1.00	7.59	PROT
ATOM	469	OD1	ASP	33	-26.339	40.733	25.534	1.00	7.92	PROT
ATOM	470	OD2	ASP	33	-26.318	39.884	23.519	1.00	8.53	PROT
ATOM	475	N	VAL	34	-24.927	36.154	27.626	1.00	4.41	PROT
ATOM	476	CA	VAL	34	-25.036	34.753	28.078	1.00	3.47	PROT
ATOM	477	C	VAL	34	-25.260	34.594	29.595	1.00	3.40	PROT
ATOM	478	O	VAL	34	-25.376	33.479	30.114	1.00	3.09	PROT
ATOM	479	CB	VAL	34	-25.822	33.908	27.624	1.00	3.48	PROT
ATOM	480	CG1	VAL	34	-23.711	33.915	26.100	1.00	3.25	PROT
ATOM	491	CG2	VAL	34	-22.522	34.596	26.279	1.00	3.10	PROT
ATOM	491	N	THR	35	-25.324	35.716	30.301	1.00	2.98	PROT
ATOM	492	CA	THR	35	-25.647	35.697	31.725	1.00	2.95	PROT
ATOM	493	C	THR	35	-26.552	36.865	32.107	1.00	3.14	PROT
ATOM	494	O	THR	35	-26.367	37.970	31.575	1.00	2.76	PROT
ATOM	495	CB	THR	35	-24.369	35.642	32.619	1.00	3.13	PROT
ATOM	496	CG1	THR	35	-24.735	35.672	34.009	1.00	2.29	PROT
ATOM	497	CG2	THR	35	-23.399	36.807	32.311	1.00	2.00	PROT
ATOM	504	N	PRO	36	-27.535	36.615	33.007	1.00	3.31	PROT
ATOM	505	CA	PRO	36	-28.334	37.697	33.587	1.00	3.59	PROT
ATOM	506	C	PRO	36	-27.536	38.431	34.631	1.00	4.01	PROT
ATOM	507	O	PRO	36	-27.977	39.566	35.064	1.00	4.34	PROT
ATOM	508	CB	PRO	36	-29.482	36.954	34.271	1.00	3.57	PROT
ATOM	509	CG	PRO	36	-28.889	35.951	34.661	1.00	3.53	PROT
ATOM	510	CD	PRO	36	-27.949	35.300	33.535	1.00	2.96	PROT
ATOM	518	N	HSD	37	-26.382	37.954	35.026	1.00	4.16	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	519	CA	HSD	37	-25.505	38.598	36.006	1.00	4.65	PROT
ATOM	520	C	HSD	37	-24.622	39.659	35.350	1.00	4.84	PROT
ATOM	521	O	HSD	37	-24.291	39.562	34.170	1.00	4.87	PROT
ATOM	522	CB	HSD	37	-24.634	37.559	36.715	1.00	4.50	PROT
ATOM	523	CG	HSD	37	-25.398	36.599	37.276	1.00	6.76	PROT
ATOM	524	CD2	HSD	37	-25.232	35.108	36.820	1.00	7.57	PROT
ATOM	525	ND1	HSD	37	-26.350	36.334	36.257	1.00	7.61	PROT
ATOM	526	NE2	HSD	37	-26.021	34.297	37.502	1.00	7.73	PROT
ATOM	527	CB1	HSD	37	-26.699	35.014	38.380	1.00	8.20	PROT
ATOM	535	N	GLN	38	-24.256	40.670	36.128	1.00	4.87	PROT
ATOM	536	CA	GLN	38	-23.381	41.734	35.668	1.00	4.88	PROT
ATOM	537	C	GLN	38	-21.916	41.356	35.891	1.00	4.20	PROT
ATOM	538	O	GLN	38	-21.520	40.034	36.988	1.00	4.84	PROT
ATOM	539	CB	GLN	38	-23.711	43.042	36.379	1.00	5.46	PROT
ATOM	540	CG	GLN	38	-25.285	45.369	36.615	1.00	7.42	PROT
ATOM	541	CD	GLN	38	-26.017	42.762	37.806	1.00	10.27	PROT
ATOM	542	OE1	GLN	38	-25.592	41.745	38.384	1.00	11.02	PROT
ATOM	543	NE2	GLN	38	-27.142	43.387	38.178	1.00	8.29	PROT
ATOM	552	N	TRP	39	-21.123	41.484	34.832	1.00	4.56	PROT
ATOM	553	CA	TRP	39	-19.672	41.321	34.934	1.00	4.63	PROT
ATOM	554	C	TRP	39	-19.038	42.413	35.787	1.00	4.54	PROT
ATOM	555	O	TRP	39	-19.312	43.588	35.579	1.00	4.25	PROT
ATOM	556	CB	TRP	39	-19.032	41.288	33.551	1.00	4.76	PROT
ATOM	557	CG	TRP	39	-19.382	40.048	32.801	1.00	4.40	PROT
ATOM	558	CD1	TRP	39	-20.381	39.893	31.883	1.00	5.28	PROT
ATOM	559	CD2	TRP	39	-13.739	38.773	32.805	1.00	5.11	PROT
ATOM	560	NE1	TRP	39	-20.400	38.612	31.407	1.00	5.73	PROT
ATOM	561	CE2	TRP	39	-19.399	37.903	32.016	1.00	4.96	PROT
ATOM	562	CE3	TRP	39	-17.653	36.294	33.659	1.00	5.42	PROT
ATOM	563	CZ2	TRP	39	-19.019	36.567	31.863	1.00	5.75	PROT
ATOM	564	CZ3	TRP	39	-17.283	36.366	33.503	1.00	4.53	PROT
ATOM	565	CH2	TRP	39	-17.959	36.120	32.611	1.00	5.11	PROT
ATOM	576	N	PRO	40	-18.161	42.023	36.731	1.00	4.95	PROT
ATOM	577	CA	PRO	40	-17.560	42.985	37.660	1.00	5.49	PROT
ATOM	578	C	PRO	40	-16.574	43.922	36.956	1.00	5.93	PROT
ATOM	579	O	PRO	40	-15.676	43.501	36.026	1.00	5.78	PROT
ATOM	580	CB	PRO	40	-16.836	42.092	38.674	1.00	5.53	PROT
ATOM	581	CG	PRO	40	-16.555	40.826	37.950	1.00	6.07	PROT
ATOM	582	CD	PRO	40	-17.685	40.646	36.966	1.00	4.85	PROT
ATOM	590	N	GLU	41	-16.528	45.157	37.370	1.00	6.05	PROT
ATOM	591	CA	GLU	41	-15.529	46.093	36.811	1.00	7.01	PROT
ATOM	592	C	GLU	41	-14.141	45.863	37.381	1.00	5.93	PROT
ATOM	593	O	GLU	41	-13.960	45.625	38.569	1.00	6.33	PROT
ATOM	594	CB	GLU	41	-15.929	47.570	36.920	1.00	7.71	PROT
ATOM	595	CG	GLU	41	-16.406	48.192	35.585	1.00	11.21	PROT
ATOM	596	CD	GLU	41	-15.298	48.375	34.521	1.00	16.08	PROT
ATOM	597	OE1	GLU	41	-14.093	48.142	34.802	1.00	18.62	PROT
ATOM	598	OE2	GLU	41	-15.640	46.774	33.384	1.00	16.73	PROT
ATOM	605	N	TRP	42	-13.155	45.926	36.503	1.00	5.39	PROT
ATOM	606	CA	TRP	42	-11.772	45.799	36.315	1.00	4.35	PROT
ATOM	607	C	TRP	42	-11.177	47.175	37.202	1.00	4.25	PROT
ATOM	608	O	TRP	42	-11.600	46.156	36.613	1.00	3.94	PROT
ATOM	609	CB	TRP	42	-10.965	45.046	35.839	1.00	3.64	PROT
ATOM	610	CG	TRP	42	-11.207	43.564	35.894	1.00	3.85	PROT
ATOM	611	CD1	TRP	42	-12.371	42.686	35.604	1.00	3.07	PROT
ATOM	612	CD2	TRP	42	-10.253	42.569	36.276	1.00	2.05	PROT
ATOM	613	NE1	TRP	42	-12.133	41.540	35.779	1.00	2.00	PROT
ATOM	614	CE2	TRP	42	-10.900	41.316	36.198	1.00	2.03	PROT
ATOM	615	CE3	TRP	42	-8.907	42.615	36.574	1.00	2.96	PROT
ATOM	616	CZ2	TRP	42	-10.246	40.108	36.508	1.00	2.75	PROT
ATOM	617	CZ3	TRP	42	-8.264	41.430	36.982	1.00	3.10	PROT
ATOM	618	CH2	TRP	42	-8.935	40.188	36.895	1.00	3.42	PROT
ATOM	629	N	PRO	43	-10.198	47.240	38.122	1.00	4.47	PROT
ATOM	630	CA	PRO	43	-9.509	48.435	38.464	1.00	4.28	PROT
ATOM	631	C	PRO	43	-8.587	49.066	37.363	1.00	4.85	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	632	O	PRO	43	-7.955	50.105	37.583	1.00	4.70	PROT
ATOM	633	CB	PRO	43	-8.669	48.095	39.707	1.00	4.40	PROT
ATOM	634	CG	PRO	43	-8.466	46.619	39.565	1.00	4.95	PROT
ATOM	635	CD	PRO	43	-9.697	46.090	38.306	1.00	3.52	PROT
ATOM	643	N	VAL	44	-8.490	48.415	36.197	1.00	5.39	PROT
ATOM	644	CA	VAL	44	-7.643	48.925	35.100	1.00	5.89	PROT
ATOM	645	C	VAL	44	-8.353	48.848	35.746	1.00	6.09	PROT
ATOM	646	O	VAL	44	-8.456	48.318	33.643	1.00	5.41	PROT
ATOM	647	CB	VAL	44	-6.259	48.194	34.987	1.00	6.61	PROT
ATOM	648	CG1	VAL	44	-5.442	46.711	34.656	1.00	6.04	PROT
ATOM	649	CG2	VAL	44	-5.401	48.401	36.260	1.00	6.72	PROT
ATOM	659	N	LYS	45	-7.691	49.372	32.722	1.00	5.96	PROT
ATOM	660	CA	LYS	45	-8.127	49.257	31.355	1.00	6.89	PROT
ATOM	661	C	LYS	45	-8.202	47.779	30.916	1.00	6.26	PROT
ATOM	662	O	LYS	45	-7.363	48.964	31.356	1.00	5.53	PROT
ATOM	663	CB	LYS	45	-7.112	50.003	30.462	1.00	7.49	PROT
ATOM	664	CG	LYS	45	-7.153	49.653	28.981	1.00	10.33	PROT
ATOM	665	CD	LYS	45	-8.228	50.429	28.255	1.00	15.76	PROT
ATOM	666	CE	LYS	45	-7.670	51.725	27.682	1.00	14.41	PROT
ATOM	667	NZ	LYS	45	-6.643	51.519	26.610	1.00	16.40	PROT
ATOM	681	N	LEU	46	-9.167	47.415	30.069	1.00	5.86	PROT
ATOM	682	CA	LEU	46	-9.227	46.057	29.508	1.00	6.20	PROT
ATOM	683	C	LEU	46	-7.867	45.636	28.913	1.00	5.80	PROT
ATOM	684	O	LEU	46	-7.253	46.393	28.187	1.00	5.93	PROT
ATOM	685	CB	LEU	46	-10.326	45.954	28.429	1.00	6.49	PROT
ATOM	686	CG	LEU	46	-11.801	46.115	28.807	1.00	7.72	PROT
ATOM	687	CD1	LEU	46	-12.637	46.121	27.542	1.00	12.17	PROT
ATOM	688	CD2	LEU	46	-12.280	45.022	29.759	1.00	9.52	PROT
ATOM	700	N	GLY	47	-7.387	44.453	29.279	1.00	5.97	PROT
ATOM	701	CA	GLY	47	-6.110	43.951	28.772	1.00	6.58	PROT
ATOM	702	C	GLY	47	-4.850	44.379	29.508	1.00	6.04	PROT
ATOM	703	O	GLY	47	-3.751	43.885	29.233	1.00	5.46	PROT
ATOM	707	N	TYR	48	-4.998	45.527	30.429	1.00	5.50	PROT
ATOM	708	CA	TYR	48	-3.864	45.799	31.238	1.00	4.86	PROT
ATOM	709	C	TYR	48	-3.594	44.874	32.405	1.00	4.19	PROT
ATOM	710	O	TYR	48	-4.528	44.289	32.980	1.00	3.87	PROT
ATOM	711	CB	TYR	48	-4.159	47.197	31.803	1.00	5.44	PROT
ATOM	712	CG	TYR	48	-3.805	43.353	30.889	1.00	6.31	PROT
ATOM	713	CD1	TYR	48	-3.553	48.220	29.507	1.00	6.51	PROT
ATOM	714	CD2	TYR	48	-3.483	49.612	31.419	1.00	6.97	PROT
ATOM	715	CE1	TYR	48	-3.555	49.280	28.667	1.00	7.62	PROT
ATOM	716	CE2	TYR	48	-3.196	50.688	30.587	1.00	7.42	PROT
ATOM	717	CZ	TYR	48	-3.232	50.505	29.211	1.00	7.57	PROT
ATOM	718	OH	TYR	48	-2.955	51.550	28.376	1.00	7.06	PROT
ATOM	727	N	ILE	49	-2.322	44.757	32.772	1.00	3.12	PROT
ATOM	728	CA	ILE	49	-1.942	44.106	34.024	1.00	2.56	PROT
ATOM	729	C	ILE	49	-2.464	44.959	35.199	1.00	2.39	PROT
ATOM	730	O	ILE	49	-2.527	46.198	35.127	1.00	2.00	PROT
ATOM	731	CB	ILE	49	-0.377	43.803	34.094	1.00	3.10	PROT
ATOM	732	CG1	ILE	49	-0.027	42.828	35.224	1.00	2.27	PROT
ATOM	733	CG2	ILE	49	0.447	45.082	34.192	1.00	3.29	PROT
ATOM	734	CD	ILE	49	1.423	42.284	35.162	1.00	2.61	PROT
ATOM	746	N	THR	50	-2.892	44.295	36.262	1.00	2.00	PROT
ATOM	747	CA	THR	50	-3.295	45.020	37.473	1.00	2.00	PROT
ATOM	748	C	THR	50	-2.071	45.240	38.332	1.00	2.00	PROT
ATOM	749	O	THR	50	-1.090	44.533	38.251	1.00	2.00	PROT
ATOM	750	CB	THR	50	-4.368	44.248	38.233	1.00	2.00	PROT
ATOM	751	OG1	THR	50	-3.824	42.998	38.652	1.00	3.05	PROT
ATOM	752	CG2	THR	50	-5.579	43.993	37.323	1.00	2.00	PROT
ATOM	759	N	PRO	51	-2.110	46.243	39.282	1.00	2.00	PROT
ATOM	760	CA	PRO	51	-1.003	46.327	40.259	1.00	2.00	PROT
ATOM	761	C	PRO	51	-0.765	45.009	41.041	1.00	2.00	PROT
ATOM	762	O	PRO	51	0.386	44.663	41.347	1.00	2.00	PROT
ATOM	763	CB	PRO	51	-1.443	47.452	41.210	1.00	2.38	PROT
ATOM	764	CG	PRO	51	-2.434	48.297	40.402	1.00	2.06	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	765	CD	PRO	51	-3.081	47.347	39.414	1.00	2.26	PROT
ATOM	773	N	ARG	52	-1.859	44.298	41.371	1.00	2.00	PROT
ATOM	774	CA	ARG	52	-1.741	42.979	42.019	1.00	2.00	PROT
ATOM	775	C	ARG	52	-1.050	41.346	41.114	1.00	2.00	PROT
ATOM	776	O	ARG	52	-0.248	41.153	41.600	1.00	2.00	PROT
ATOM	777	CB	ARG	52	-3.124	42.469	42.437	1.00	2.00	PROT
ATOM	778	CG	ARG	52	-3.172	41.047	42.893	1.00	2.00	PROT
ATOM	779	CD	ARG	52	-4.337	40.796	43.732	1.00	5.06	PROT
ATOM	780	NE	ARG	52	-4.517	39.381	44.081	1.00	5.77	PROT
ATOM	781	CZ	ARG	52	-5.064	38.936	45.206	1.00	7.20	PROT
ATOM	782	NH1	ARG	52	-5.526	39.789	46.116	1.00	6.06	PROT
ATOM	783	NH2	ARG	52	-5.142	37.636	45.436	1.00	4.67	PROT
ATOM	797	N	GLY	53	-1.385	41.969	39.820	1.00	2.00	PROT
ATOM	798	CA	GLY	53	-0.705	41.181	38.781	1.00	2.00	PROT
ATOM	799	C	GLY	53	0.793	41.440	38.790	1.00	2.00	PROT
ATOM	800	O	GLY	53	1.584	40.507	38.746	1.00	2.00	PROT
ATOM	804	N	GLU	54	1.169	42.716	38.875	1.00	2.00	PROT
ATOM	805	CA	GLU	54	2.581	43.101	38.960	1.00	2.00	PROT
ATOM	806	C	GLU	54	3.253	42.571	40.252	1.00	2.00	PROT
ATOM	807	O	GLU	54	4.335	41.982	40.170	1.00	2.00	PROT
ATOM	808	CB	GLU	54	2.719	44.617	38.861	1.00	2.00	PROT
ATOM	809	CG	GLU	54	2.353	45.194	37.503	1.00	2.40	PROT
ATOM	810	CD	GLU	54	2.408	46.712	37.500	1.00	6.68	PROT
ATOM	811	OE1	GLU	54	1.503	47.353	38.065	1.00	7.39	PROT
ATOM	812	OE2	GLU	54	3.358	47.266	36.924	1.00	11.95	PROT
ATOM	819	N	HSD	55	2.607	42.764	41.376	1.00	2.00	PROT
ATOM	820	CA	HSD	55	3.110	42.239	42.645	1.00	2.00	PROT
ATOM	821	C	HSD	55	3.314	40.733	42.577	1.00	2.00	PROT
ATOM	822	O	HSD	55	4.327	40.214	43.035	1.00	2.00	PROT
ATOM	823	CB	HSD	55	2.166	42.566	43.815	1.00	2.00	PROT
ATOM	824	CG	HSD	55	2.642	42.027	45.128	1.00	2.00	PROT
ATOM	825	ND1	HSD	55	3.335	42.421	45.697	1.00	2.22	PROT
ATOM	826	CD2	HSD	55	2.107	41.109	45.972	1.00	2.00	PROT
ATOM	827	CE1	HSD	55	4.012	41.772	46.836	1.00	5.06	PROT
ATOM	828	NE2	HSD	55	2.980	40.966	47.024	1.00	4.14	PROT
ATOM	836	N	LEU	56	2.332	40.044	42.014	1.00	2.00	PROT
ATOM	837	CA	LEU	56	2.410	38.588	41.366	1.00	2.00	PROT
ATOM	838	C	LEU	56	3.604	38.145	41.027	1.00	2.00	PROT
ATOM	839	O	LEU	56	4.266	37.152	41.361	1.00	2.00	PROT
ATOM	840	CB	LEU	56	1.100	38.042	41.291	1.00	2.12	PROT
ATOM	841	CG	LEU	56	-0.031	38.012	42.328	1.00	2.16	PROT
ATOM	842	CD1	LEU	56	-1.373	37.761	41.657	1.00	2.32	PROT
ATOM	843	CD2	LEU	56	0.246	36.250	43.384	1.00	4.12	PROT
ATOM	855	N	ILE	57	3.850	38.853	39.924	1.00	2.00	PROT
ATOM	856	CA	ILE	57	5.031	38.643	39.076	1.00	2.00	PROT
ATOM	857	C	ILE	57	6.327	38.892	39.851	1.00	2.00	PROT
ATOM	858	O	ILE	57	7.291	38.124	39.745	1.00	2.00	PROT
ATOM	859	CB	ILE	57	5.018	39.526	37.783	1.00	2.00	PROT
ATOM	860	CG1	ILE	57	3.691	39.099	36.825	1.00	2.00	PROT
ATOM	861	CG2	ILE	57	6.343	39.378	36.979	1.00	2.30	PROT
ATOM	862	CD	ILE	57	3.863	37.606	36.469	1.00	2.00	PROT
ATOM	874	N	SER	58	6.350	39.962	40.639	1.00	2.00	PROT
ATOM	875	CA	SER	58	7.586	40.272	41.375	1.00	2.17	PROT
ATOM	876	C	SER	58	7.859	39.209	42.456	1.00	2.00	PROT
ATOM	877	O	SER	58	9.017	38.903	42.753	1.00	2.34	PROT
ATOM	878	CB	SER	58	7.568	41.694	41.950	1.00	2.12	PROT
ATOM	879	CG	SER	58	6.913	41.731	43.178	1.00	7.89	PROT
ATOM	884	N	LEU	59	6.800	38.625	43.012	1.00	2.00	PROT
ATOM	885	CA	LEU	59	6.953	37.478	43.923	1.00	2.00	PROT
ATOM	886	C	LEU	59	7.615	36.283	43.229	1.00	2.00	PROT
ATOM	887	O	LEU	59	8.485	35.642	43.809	1.00	2.00	PROT
ATOM	888	CB	LEU	59	5.617	37.078	44.559	1.00	2.00	PROT
ATOM	889	CG	LEU	59	4.969	38.048	45.563	1.00	2.14	PROT
ATOM	890	CD1	LEU	59	3.621	37.504	45.959	1.00	2.00	PROT
ATOM	891	CD2	LEU	59	5.830	38.326	46.795	1.00	4.95	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	903	N	MET	60	7.215	36.016	41.982	1.00	2.00	PROT
ATOM	904	CA	MET	60	7.217	36.048	41.126	1.00	2.00	PROT
ATOM	905	C	MET	60	9.379	35.412	40.882	1.00	2.00	PROT
ATOM	906	O	MET	60	10.241	34.546	40.971	1.00	2.00	PROT
ATOM	907	CB	MET	60	7.224	34.858	39.766	1.00	2.29	PROT
ATOM	908	CG	MET	60	6.035	33.908	39.732	1.00	5.39	PROT
ATOM	909	SD	MET	60	6.233	32.152	40.171	1.00	9.67	PROT
ATOM	910	CE	MET	60	7.383	31.814	40.061	1.00	3.93	PROT
ATOM	920	N	GLY	61	9.656	36.682	40.573	1.00	2.00	PROT
ATOM	921	CA	GLY	61	11.042	37.153	40.404	1.00	2.00	PROT
ATOM	922	C	GLY	61	11.933	36.885	41.618	1.00	2.00	PROT
ATOM	923	O	GLY	61	13.102	36.514	41.481	1.00	2.00	PROT
ATOM	927	N	GLY	62	11.363	37.070	42.804	1.00	2.00	PROT
ATOM	928	CA	GLY	62	12.035	36.776	44.079	1.00	2.00	PROT
ATOM	929	C	GLY	62	12.343	35.297	44.225	1.00	2.00	PROT
ATOM	930	O	GLY	62	13.398	34.926	44.757	1.00	2.00	PROT
ATOM	934	N	PHE	63	11.433	34.453	43.732	1.00	2.16	PROT
ATOM	935	CA	PHE	63	11.655	33.014	43.740	1.00	2.22	PROT
ATOM	936	C	PHE	63	12.798	32.645	42.805	1.00	2.90	PROT
ATOM	937	O	PHE	63	13.683	31.877	43.190	1.00	2.46	PROT
ATOM	938	CB	PHE	63	10.380	32.211	43.420	1.00	2.34	PROT
ATOM	939	CG	PHE	63	10.628	30.726	43.333	1.00	3.29	PROT
ATOM	940	CD1	PHE	63	10.946	29.997	44.481	1.00	3.52	PROT
ATOM	941	CD2	PHE	63	10.621	30.077	42.112	1.00	4.03	PROT
ATOM	942	CE1	PHE	63	11.216	28.623	44.402	1.00	4.11	PROT
ATOM	943	CE2	PHE	63	10.380	28.709	42.058	1.00	5.69	PROT
ATOM	944	CZ	PHE	63	11.185	27.992	43.165	1.00	3.33	PROT
ATOM	954	N	TYR	64	12.772	33.196	41.582	1.00	3.92	PROT
ATOM	955	CA	TYR	64	13.362	33.040	40.618	1.00	4.54	PROT
ATOM	956	C	TYR	64	15.215	33.458	41.211	1.00	4.67	PROT
ATOM	957	O	TYR	64	16.191	32.715	41.112	1.00	4.47	PROT
ATOM	958	CB	TYR	64	13.571	33.809	39.322	1.00	5.31	PROT
ATOM	959	CG	TYR	64	12.500	33.169	38.454	1.00	6.16	PROT
ATOM	960	CD1	TYR	64	12.586	31.829	38.090	1.00	4.38	PROT
ATOM	961	CD2	TYR	64	11.420	33.911	37.984	1.00	6.59	PROT
ATOM	962	CE1	TYR	64	11.620	31.226	37.298	1.00	8.27	PROT
ATOM	963	CE2	TYR	64	10.440	33.318	37.175	1.00	6.92	PROT
ATOM	964	CZ	TYR	64	10.554	31.974	36.845	1.00	7.72	PROT
ATOM	965	OH	TYR	64	9.621	31.359	36.052	1.00	10.78	PROT
ATOM	974	N	ARG	65	15.248	34.624	41.843	1.00	4.87	PROT
ATOM	975	CA	ARG	65	16.456	35.143	42.517	1.00	5.61	PROT
ATOM	976	C	ARG	65	17.062	34.119	43.486	1.00	4.96	PROT
ATOM	977	O	ARG	65	18.225	33.752	43.349	1.00	5.21	PROT
ATOM	978	CB	ARG	65	16.160	36.480	43.219	1.00	6.01	PROT
ATOM	979	CG	ARG	65	17.154	36.839	44.348	1.00	6.81	PROT
ATOM	980	CD	ARG	65	16.951	36.249	44.686	1.00	7.76	PROT
ATOM	981	NE	ARG	65	17.598	39.186	43.975	1.00	14.22	PROT
ATOM	982	CZ	ARG	65	18.891	39.499	43.998	1.00	13.94	PROT
ATOM	983	NH1	ARG	65	19.697	38.986	44.915	1.00	17.72	PROT
ATOM	984	NH2	ARG	65	19.375	40.325	43.032	1.00	12.46	PROT
ATOM	998	N	GLU	66	16.272	33.638	44.440	1.00	4.36	PROT
ATOM	999	CA	GLU	66	16.756	32.632	45.390	1.00	4.71	PROT
ATOM	1000	C	GLU	66	17.236	31.352	44.726	1.00	4.38	PROT
ATOM	1001	O	GLU	66	18.277	30.811	45.099	1.00	3.86	PROT
ATOM	1002	CB	GLU	66	15.686	32.282	46.404	1.00	4.46	PROT
ATOM	1003	CG	GLU	66	15.453	33.333	47.420	1.00	6.83	PROT
ATOM	1004	CD	GLU	66	14.617	32.826	48.566	1.00	9.94	PROT
ATOM	1005	OE1	GLU	66	14.635	31.610	46.685	1.00	9.67	PROT
ATOM	1006	OE2	GLU	66	13.908	33.659	49.161	1.00	11.68	PROT
ATOM	1013	N	ARG	67	16.463	30.675	43.753	1.00	4.19	PROT
ATOM	1014	CA	ARG	67	16.790	29.654	43.037	1.00	5.20	PROT
ATOM	1015	C	ARG	67	16.107	29.795	42.273	1.00	4.98	PROT
ATOM	1016	O	ARG	67	16.955	28.901	42.327	1.00	5.04	PROT
ATOM	1017	CB	ARG	67	15.647	29.268	42.093	1.00	5.58	PROT
ATOM	1018	CG	ARG	67	15.784	27.907	41.470	1.00	9.20	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	1019	CD	ARG	67	15.408	26.797	42.444	1.00	14.02	PROT
ATOM	1020	NE	ARG	67	15.480	25.189	41.807	1.00	18.33	PROT
ATOM	1021	CZ	ARG	67	16.416	24.571	42.050	1.00	19.85	PROT
ATOM	1022	NH1	ARG	67	16.380	23.417	41.404	1.00	21.89	PROT
ATOM	1023	NH2	ARG	67	17.384	24.799	42.930	1.00	21.56	PROT
ATOM	1037	N	PHE	68	16.234	30.920	41.584	1.00	4.63	PROT
ATOM	1038	CA	PHE	68	19.488	31.127	40.767	1.00	5.23	PROT
ATOM	1039	C	PHE	68	20.733	31.441	41.601	1.00	5.51	PROT
ATOM	1040	O	PHE	68	21.846	31.146	41.170	1.00	5.25	PROT
ATOM	1041	CB	PHE	68	19.254	32.190	39.681	1.00	5.29	PROT
ATOM	1042	CG	PHE	68	18.177	31.796	38.687	1.00	6.33	PROT
ATOM	1043	CD1	PHE	68	17.934	30.468	38.325	1.00	6.76	PROT
ATOM	1044	CD2	PHE	68	17.359	32.762	38.122	1.00	8.13	PROT
ATOM	1045	CE1	PHE	68	16.988	30.105	37.419	1.00	6.41	PROT
ATOM	1046	CE2	PHE	68	16.367	32.410	37.200	1.00	7.26	PROT
ATOM	1047	CZ	PHE	68	16.175	31.084	36.863	1.00	6.28	PROT
ATOM	1057	N	GLN	69	20.534	32.029	42.786	1.00	5.99	PROT
ATOM	1058	CA	GLN	69	21.608	32.186	43.781	1.00	7.65	PROT
ATOM	1059	C	GLN	69	22.065	30.830	44.522	1.00	7.80	PROT
ATOM	1060	O	GLN	69	23.263	30.588	44.460	1.00	7.84	PROT
ATOM	1061	CB	GLN	69	21.176	33.102	44.938	1.00	7.41	PROT
ATOM	1062	CG	GLN	69	21.119	34.611	44.609	1.00	8.87	PROT
ATOM	1063	CD	GLN	69	20.607	35.452	45.780	1.00	8.31	PROT
ATOM	1064	CE1	GLN	69	20.995	36.601	45.943	1.00	13.38	PROT
ATOM	1065	NE2	GLN	69	19.747	34.870	46.604	1.00	12.25	PROT
ATOM	1074	N	GLN	70	21.108	29.962	44.663	1.00	8.00	PROT
ATOM	1075	CA	GLN	70	21.395	28.595	45.135	1.00	8.76	PROT
ATOM	1076	C	GLN	70	22.240	27.755	44.157	1.00	8.73	PROT
ATOM	1077	O	GLN	70	23.143	27.015	44.567	1.00	8.76	PROT
ATOM	1078	CB	GLN	70	20.083	27.867	45.442	1.00	8.31	PROT
ATOM	1079	CG	GLN	70	20.252	26.470	46.050	1.00	9.36	PROT
ATOM	1080	CD	GLN	70	18.930	25.746	46.237	1.00	9.94	PROT
ATOM	1081	CE1	GLN	70	18.091	25.711	45.341	1.00	10.88	PROT
ATOM	1082	NE2	GLN	70	18.747	25.156	47.411	1.00	12.48	PROT
ATOM	1091	N	GLN	71	21.942	27.882	42.867	1.00	8.75	PROT
ATOM	1092	CA	GLN	71	22.617	27.111	41.821	1.00	9.45	PROT
ATOM	1093	C	GLN	71	23.888	27.808	41.281	1.00	9.61	PROT
ATOM	1094	O	GLN	71	24.543	27.307	40.369	1.00	9.03	PROT
ATOM	1095	CB	GLN	71	21.624	26.789	40.703	1.00	9.50	PROT
ATOM	1096	CG	GLN	71	20.393	26.046	41.214	1.00	10.91	PROT
ATOM	1097	CD	GLN	71	19.300	25.887	40.181	1.00	11.49	PROT
ATOM	1098	CE1	GLN	71	18.757	26.871	39.666	1.00	12.06	PROT
ATOM	1099	NE2	GLN	71	18.947	24.636	39.888	1.00	13.08	PROT
ATOM	1108	N	GLY	72	24.209	28.968	41.850	1.00	10.16	PROT
ATOM	1109	CA	GLY	72	25.478	29.663	41.591	1.00	11.22	PROT
ATOM	1110	C	GLY	72	25.479	30.584	40.393	1.00	11.79	PROT
ATOM	1111	O	GLY	72	26.537	31.079	39.979	1.00	11.92	PROT
ATOM	1115	N	LEU	73	24.291	30.823	38.843	1.00	11.69	PROT
ATOM	1116	CA	LEU	73	24.142	31.570	38.601	1.00	11.35	PROT
ATOM	1117	C	LEU	73	24.007	33.078	38.826	1.00	11.82	PROT
ATOM	1118	O	LEU	73	24.479	33.880	38.004	1.00	11.93	PROT
ATOM	1119	CB	LEU	73	22.953	31.015	37.804	1.00	11.17	PROT
ATOM	1120	CG	LEU	73	22.759	31.445	36.357	1.00	11.20	PROT
ATOM	1121	CD1	LEU	73	23.915	30.953	35.483	1.00	10.42	PROT
ATOM	1122	CD2	LEU	73	21.415	30.947	35.834	1.00	10.49	PROT
ATOM	1134	N	LEU	74	23.357	33.456	39.924	1.00	11.68	PROT
ATOM	1135	CA	LEU	74	23.375	34.831	40.410	1.00	12.06	PROT
ATOM	1136	C	LEU	74	24.196	34.251	41.685	1.00	12.50	PROT
ATOM	1137	O	LEU	74	24.223	34.028	42.498	1.00	11.85	PROT
ATOM	1138	CB	LEU	74	21.966	35.362	40.663	1.00	11.96	PROT
ATOM	1139	CG	LEU	74	21.078	35.821	39.522	1.00	13.15	PROT
ATOM	1140	CD1	LEU	74	19.703	36.195	40.049	1.00	13.13	PROT
ATOM	1141	CD2	LEU	74	21.673	36.999	39.763	1.00	14.79	PROT
ATOM	1153	N	PRO	75	24.840	36.113	41.871	1.00	13.04	PROT
ATOM	1154	CA	PRO	75	25.643	36.436	43.041	1.00	13.61	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	1155 C	PRO	75	24.799	36.557	44.303	1.00	14.26	PROT
ATOM	1156 O	PRO	75	25.639	36.990	44.255	1.00	14.74	PROT
ATOM	1157 CB	PRO	75	26.084	37.930	42.829	1.00	17.17	PROT
ATOM	1158 CG	PRO	75	25.303	38.476	41.656	1.00	17.10	PROT
ATOM	1159 CD	PRO	75	25.013	37.256	40.851	1.00	16.76	PROT
ATOM	1167 N	LYS	76	25.381	36.143	45.422	1.00	14.55	PROT
ATOM	1168 CA	LYS	76	24.781	36.359	46.728	1.00	14.97	PROT
ATOM	1169 C	LYS	76	25.095	37.804	47.140	1.00	15.01	PROT
ATOM	1170 O	LYS	76	24.208	38.573	47.523	1.00	15.08	PROT
ATOM	1171 CB	LYS	76	25.369	35.379	47.751	1.00	15.25	PROT
ATOM	1172 CG	LYS	76	25.579	33.934	47.254	1.00	15.58	PROT
ATOM	1173 CD	LYS	76	24.320	33.027	47.535	1.00	15.07	PROT
ATOM	1174 CE	LYS	76	24.809	31.563	47.710	1.00	15.35	PROT
ATOM	1175 NZ	LYS	76	25.497	30.954	46.513	1.00	16.66	PROT
ATOM	1189 N	ASP	77	25.014	38.165	47.360	1.00	37.09	PROT
ATOM	1190 CA	ASP	77	24.863	39.549	47.761	1.00	37.81	PROT
ATOM	1191 C	ASP	77	25.035	40.380	46.498	1.00	37.73	PROT
ATOM	1192 O	ASP	77	25.566	39.825	45.494	1.00	37.70	PROT
ATOM	1193 CB	ASP	77	25.957	39.911	46.795	1.00	38.34	PROT
ATOM	1194 CG	ASP	77	25.568	41.130	49.632	1.00	39.50	PROT
ATOM	1195 OD1	ASP	77	24.509	41.750	49.403	1.00	41.02	PROT
ATOM	1196 OD2	ASP	77	26.389	41.488	50.524	1.00	41.62	PROT
ATOM	1201 N	ASN	78	24.553	41.613	46.558	1.00	37.41	PROT
ATOM	1202 CA	ASN	78	24.753	42.569	45.439	1.00	37.22	PROT
ATOM	1203 C	ASN	78	23.856	42.352	44.228	1.00	36.77	PROT
ATOM	1204 O	ASN	78	23.461	41.224	43.909	1.00	36.34	PROT
ATOM	1205 CB	ASN	78	26.223	42.612	44.987	1.00	37.57	PROT
ATOM	1206 CG	ASN	78	27.163	43.081	46.061	1.00	37.74	PROT
ATOM	1207 OD1	ASN	78	27.389	42.377	47.067	1.00	38.55	PROT
ATOM	1208 ND2	ASN	78	27.730	44.271	45.903	1.00	37.98	PROT
ATOM	1215 N	CYS	79	23.397	43.243	43.914	1.00	16.19	PROT
ATOM	1216 CA	CYS	79	22.932	43.532	42.605	1.00	16.26	PROT
ATOM	1217 C	CYS	79	23.597	42.791	41.510	1.00	16.22	PROT
ATOM	1218 O	CYS	79	24.836	42.753	41.526	1.00	16.10	PROT
ATOM	1219 CB	CYS	79	22.825	45.043	42.332	1.00	16.20	PROT
ATOM	1220 SG	CYS	79	21.462	45.965	43.104	1.00	17.58	PROT
ATOM	1225 N	PRO	80	22.835	42.200	40.548	1.00	16.04	PROT
ATOM	1226 CA	PRO	80	23.566	41.462	39.506	1.00	15.97	PROT
ATOM	1227 C	PRO	80	24.155	42.393	38.455	1.00	15.86	PROT
ATOM	1228 O	PRO	80	23.637	43.493	38.239	1.00	15.75	PROT
ATOM	1229 CB	PRO	80	22.472	40.599	36.877	1.00	15.93	PROT
ATOM	1230 CG	PRO	80	21.191	41.279	39.190	1.00	16.39	PROT
ATOM	1231 CD	PRO	80	21.401	42.197	40.358	1.00	15.83	PROT
ATOM	1239 N	THR	81	25.243	41.938	37.839	1.00	15.11	PROT
ATOM	1240 CA	THR	81	25.784	42.515	36.613	1.00	14.98	PROT
ATOM	1241 C	THR	81	24.648	42.736	35.604	1.00	14.03	PROT
ATOM	1242 O	THR	81	23.856	41.828	35.355	1.00	14.74	PROT
ATOM	1243 CB	THR	81	26.637	41.573	36.056	1.00	14.99	PROT
ATOM	1244 OG1	THR	81	26.173	42.023	36.521	1.00	16.45	PROT
ATOM	1245 CG2	THR	81	26.926	41.521	34.561	1.00	15.70	PROT
ATOM	1252 N	PRO	82	24.527	43.960	35.057	1.00	13.16	PROT
ATOM	1253 CA	PRO	82	23.515	44.236	34.026	1.00	12.07	PROT
ATOM	1254 C	PRO	82	25.626	43.344	32.792	1.00	11.01	PROT
ATOM	1255 O	PRO	82	22.628	43.098	32.114	1.00	10.90	PROT
ATOM	1256 CB	PRO	82	23.793	45.694	33.648	1.00	12.12	PROT
ATOM	1257 CG	PRO	82	24.421	46.277	34.890	1.00	13.06	PROT
ATOM	1258 CD	PRO	82	25.298	45.169	35.398	1.00	13.38	PROT
ATOM	1266 N	ASP	83	24.632	42.862	32.493	1.00	9.26	PROT
ATOM	1267 CA	ASP	83	25.009	41.969	31.354	1.00	8.37	PROT
ATOM	1268 C	ASP	83	24.413	40.588	31.665	1.00	7.22	PROT
ATOM	1269 O	ASP	83	23.980	39.870	30.765	1.00	7.05	PROT
ATOM	1270 CB	ASP	83	26.466	41.867	30.978	1.00	8.54	PROT
ATOM	1271 CG	ASP	83	27.001	43.100	30.241	1.00	10.63	PROT
ATOM	1272 OD1	ASP	83	26.186	43.945	29.808	1.00	12.62	PROT
ATOM	1273 OD2	ASP	83	28.234	43.224	30.096	1.00	12.07	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 13 cont.

ATOM	1278	N	ALA	84	24.370	40.253	32.953	1.00	6.02	PROT
ATOM	1279	CA	ALA	84	23.876	36.953	33.440	1.00	4.89	PROT
ATOM	1280	C	ALA	84	22.375	36.717	33.258	1.00	3.61	PROT
ATOM	1281	O	ALA	84	21.956	37.583	33.065	1.00	3.69	PROT
ATOM	1282	CB	ALA	84	24.267	36.775	34.910	1.00	4.25	PROT
ATOM	1288	N	VAL	85	21.561	39.766	33.347	1.00	3.41	PROT
ATOM	1289	CA	VAL	85	20.110	39.604	33.194	1.00	2.71	PROT
ATOM	1290	C	VAL	85	19.608	40.423	32.012	1.00	2.79	PROT
ATOM	1291	O	VAL	85	19.955	41.598	31.878	1.00	2.49	PROT
ATOM	1292	CB	VAL	85	19.336	40.014	34.489	1.00	3.07	PROT
ATOM	1293	CG1	VAL	85	17.851	39.679	34.358	1.00	2.00	PROT
ATOM	1294	CG2	VAL	85	19.945	39.524	35.722	1.00	3.73	PROT
ATOM	1304	N	TYR	86	18.774	39.812	31.171	1.00	2.33	PROT
ATOM	1305	CA	TYR	86	18.164	40.529	30.052	1.00	2.23	PROT
ATOM	1306	C	TYR	86	16.683	40.203	29.904	1.00	2.27	PROT
ATOM	1307	O	TYR	86	16.284	39.028	29.918	1.00	2.01	PROT
ATOM	1308	CB	TYR	86	18.955	40.205	28.765	1.00	2.41	PROT
ATOM	1309	CG	TYR	86	18.526	40.952	27.511	1.00	2.00	PROT
ATOM	1310	CD1	TYR	86	19.306	42.001	27.026	1.00	2.14	PROT
ATOM	1311	CD2	TYR	86	17.325	40.585	26.784	1.00	2.00	PROT
ATOM	1312	CE1	TYR	86	16.961	42.675	25.871	1.00	2.91	PROT
ATOM	1313	CE2	TYR	86	17.917	41.271	25.612	1.00	2.00	PROT
ATOM	1314	CZ	TYR	86	17.819	42.301	25.161	1.00	3.15	PROT
ATOM	1315	OH	TYR	86	17.505	42.982	24.012	1.00	2.57	PROT
ATOM	1324	N	VAL	87	15.859	41.240	29.763	1.00	2.00	PROT
ATOM	1325	CA	VAL	87	14.422	41.021	29.549	1.00	2.00	PROT
ATOM	1326	C	VAL	87	14.020	41.529	28.183	1.00	2.00	PROT
ATOM	1327	O	VAL	87	14.320	42.677	27.822	1.00	2.00	PROT
ATOM	1328	CB	VAL	87	13.552	41.734	30.617	1.00	2.00	PROT
ATOM	1329	CG1	VAL	87	12.060	41.591	30.302	1.00	2.00	PROT
ATOM	1330	CG2	VAL	87	13.889	41.243	32.021	1.00	2.00	PROT
ATOM	1340	N	TRP	88	13.382	40.852	27.413	1.00	2.00	PROT
ATOM	1341	CA	TRP	88	12.676	41.029	26.201	1.00	2.00	PROT
ATOM	1342	C	TRP	88	11.173	40.796	26.415	1.00	2.00	PROT
ATOM	1343	O	TRP	88	10.729	39.683	26.716	1.00	2.00	PROT
ATOM	1344	CB	TRP	88	13.196	40.275	24.971	1.00	2.00	PROT
ATOM	1345	CG	TRP	88	12.630	40.507	23.672	1.00	2.09	PROT
ATOM	1346	CD1	TRP	88	11.587	40.278	22.959	1.00	2.63	PROT
ATOM	1347	CD2	TRP	88	13.066	41.966	22.948	1.00	2.00	PROT
ATOM	1348	NE1	TRP	88	11.347	41.039	21.836	1.00	2.61	PROT
ATOM	1349	CE2	TRP	88	12.232	42.087	21.810	1.00	2.00	PROT
ATOM	1350	CE3	TRP	88	14.074	42.325	23.155	1.00	2.00	PROT
ATOM	1351	CZ2	TRP	88	12.391	43.111	20.866	1.00	2.62	PROT
ATOM	1352	CZ3	TRP	88	14.221	43.951	22.242	1.00	2.08	PROT
ATOM	1353	CH2	TRP	88	13.391	44.036	21.032	1.00	3.02	PROT
ATOM	1364	N	ALA	89	10.405	41.871	26.281	1.00	2.00	PROT
ATOM	1365	CA	ALA	89	8.974	41.845	26.500	1.00	2.00	PROT
ATOM	1366	C	ALA	89	8.268	42.148	25.197	1.00	2.00	PROT
ATOM	1367	O	ALA	89	8.772	42.958	24.375	1.00	2.00	PROT
ATOM	1368	CB	ALA	89	8.608	42.895	27.536	1.00	2.00	PROT
ATOM	1374	N	ASP	90	7.096	41.540	25.014	1.00	2.00	PROT
ATOM	1375	CA	ASP	90	6.230	41.890	25.905	1.00	2.00	PROT
ATOM	1376	C	ASP	90	5.762	43.321	24.123	1.00	2.00	PROT
ATOM	1377	O	ASP	90	5.960	43.903	25.201	1.00	2.00	PROT
ATOM	1378	CB	ASP	90	5.038	40.939	23.806	1.00	2.02	PROT
ATOM	1379	CG	ASP	90	4.386	40.927	22.419	1.00	3.26	PROT
ATOM	1380	OD1	ASP	90	4.904	41.530	21.427	1.00	2.00	PROT
ATOM	1381	OD2	ASP	90	3.366	40.234	22.305	1.00	4.44	PROT
ATOM	1386	N	VAL	91	5.145	43.864	23.069	1.00	2.00	PROT
ATOM	1387	CA	VAL	91	4.839	45.312	23.044	1.00	2.00	PROT
ATOM	1388	C	VAL	91	3.708	45.743	23.953	1.00	2.00	PROT
ATOM	1389	O	VAL	91	3.607	46.935	24.307	1.00	2.00	PROT
ATOM	1390	CB	VAL	91	4.491	45.759	21.610	1.00	2.00	PROT
ATOM	1391	CG1	VAL	91	5.703	45.511	20.703	1.00	2.00	PROT
ATOM	1392	CG2	VAL	91	3.283	44.986	21.063	1.00	2.00	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	1402	N	ASP	92	2.855	44.784	24.380	1.00	2.00	PROT
ATOM	1403	CA	ASP	92	1.653	45.051	25.160	1.00	2.44	PROT
ATOM	1404	C	ASP	92	2.053	45.637	26.509	1.00	2.47	PROT
ATOM	1405	O	ASP	92	3.036	45.290	27.053	1.00	2.00	PROT
ATOM	1406	CB	ASP	92	0.830	43.773	25.409	1.00	2.85	PROT
ATOM	1407	CG	ASP	92	0.335	43.110	24.117	1.00	6.94	PROT
ATOM	1408	OD1	ASP	92	-0.731	43.495	23.587	1.00	7.72	PROT
ATOM	1409	OD2	ASP	92	1.003	42.172	23.644	1.00	11.14	PROT
ATOM	1414	N	GLN	93	1.177	46.489	27.064	1.00	2.72	PROT
ATOM	1415	CA	GLN	93	1.454	46.936	28.408	1.00	3.30	PROT
ATOM	1416	C	GLN	93	1.531	45.856	29.444	1.00	3.26	PROT
ATOM	1417	O	GLN	93	2.402	45.897	30.302	1.00	2.71	PROT
ATOM	1418	CB	GLN	93	0.587	46.198	28.820	1.00	5.15	PROT
ATOM	1419	CG	GLN	93	-0.668	48.007	29.653	1.00	5.19	PROT
ATOM	1420	CD	GLN	93	-0.479	47.599	31.121	1.00	4.49	PROT
ATOM	1421	OE1	GLN	93	-0.305	46.451	32.046	1.00	7.38	PROT
ATOM	1422	NE2	GLN	93	-0.602	46.529	31.346	1.00	2.00	PROT
ATOM	1431	N	ARG	94	0.674	44.633	29.320	1.00	2.89	PROT
ATOM	1432	CA	ARG	94	0.690	43.663	30.240	1.00	2.30	PROT
ATOM	1433	C	ARG	94	2.030	42.923	30.263	1.00	2.13	PROT
ATOM	1434	O	ARG	94	2.490	42.522	31.326	1.00	2.00	PROT
ATOM	1435	CB	ARG	94	-0.498	42.730	30.016	1.00	2.00	PROT
ATOM	1436	CG	ARG	94	-0.562	42.006	28.641	1.00	2.96	PROT
ATOM	1437	CD	ARG	94	-1.826	41.138	28.482	1.00	4.83	PROT
ATOM	1438	NE	ARG	94	-2.869	41.869	27.755	1.00	13.78	PROT
ATOM	1439	CZ	ARG	94	-3.314	41.810	26.528	1.00	13.85	PROT
ATOM	1440	NH1	ARG	94	-2.369	40.583	25.807	1.00	13.84	PROT
ATOM	1441	NH2	ARG	94	-4.249	42.395	26.022	1.00	17.68	PROT
ATOM	1455	N	THR	95	2.634	42.734	29.095	1.00	2.00	PROT
ATOM	1456	CA	THR	95	3.957	42.087	28.969	1.00	2.00	PROT
ATOM	1457	C	THR	95	5.125	42.993	29.397	1.00	2.00	PROT
ATOM	1458	O	THR	95	6.019	42.544	30.118	1.00	2.00	PROT
ATOM	1459	CB	THR	95	4.190	41.458	27.584	1.00	2.00	PROT
ATOM	1460	CG1	THR	95	3.868	42.402	26.560	1.00	2.00	PROT
ATOM	1461	CG2	THR	95	3.302	40.241	27.407	1.00	2.00	PROT
ATOM	1468	N	ARG	96	5.134	44.256	26.961	1.00	2.00	PROT
ATOM	1469	CA	ARG	96	6.208	45.173	29.375	1.00	2.00	PROT
ATOM	1470	C	ARG	96	6.265	45.331	30.900	1.00	2.00	PROT
ATOM	1471	O	ARG	96	7.342	45.239	31.498	1.00	2.00	PROT
ATOM	1472	CB	ARG	96	6.073	46.550	28.702	1.00	2.00	PROT
ATOM	1473	CG	ARG	96	6.334	46.523	27.195	1.00	2.00	PROT
ATOM	1474	CD	ARG	96	6.262	47.911	26.602	1.00	3.41	PROT
ATOM	1475	NE	ARG	96	4.387	46.358	26.357	1.00	2.27	PROT
ATOM	1476	CZ	ARG	96	4.236	43.273	27.044	1.00	3.34	PROT
ATOM	1477	NH1	ARG	96	4.789	49.871	28.093	1.00	2.00	PROT
ATOM	1478	NH2	ARG	96	3.011	49.609	26.691	1.00	4.75	PROT
ATOM	1492	N	LYS	97	5.097	45.561	31.510	1.00	2.00	PROT
ATOM	1493	CA	LYS	97	4.970	45.685	32.964	1.00	2.15	PROT
ATOM	1494	C	LYS	97	5.325	44.388	33.688	1.00	2.00	PROT
ATOM	1495	O	LYS	97	5.894	44.425	34.779	1.00	2.00	PROT
ATOM	1496	CB	LYS	97	3.566	46.151	33.373	1.00	2.09	PROT
ATOM	1497	CG	LYS	97	3.225	47.581	32.958	1.00	4.19	PROT
ATOM	1498	CD	LYS	97	3.935	46.612	33.816	1.00	9.00	PROT
ATOM	1499	CE	LYS	97	3.721	50.013	33.260	1.00	11.26	PROT
ATOM	1500	NZ	LYS	97	3.956	51.008	34.350	1.00	16.81	PROT
ATOM	1514	N	THR	98	5.047	43.251	33.058	1.00	2.00	PROT
ATOM	1515	CA	THR	98	5.477	41.952	33.602	1.00	2.10	PROT
ATOM	1516	C	THR	98	7.011	41.687	33.667	1.00	2.00	PROT
ATOM	1517	O	THR	98	7.574	41.520	34.691	1.00	2.00	PROT
ATOM	1518	CB	THR	98	4.894	40.779	32.802	1.00	2.41	PROT
ATOM	1519	CG1	THR	98	3.466	40.757	32.953	1.00	2.10	PROT
ATOM	1520	CG2	THR	98	5.180	39.437	33.283	1.00	4.45	PROT
ATOM	1527	N	GLY	99	7.669	42.258	32.571	1.00	2.00	PROT
ATOM	1528	CA	GLY	99	9.132	42.372	32.532	1.00	2.00	PROT
ATOM	1529	C	GLY	99	9.665	43.275	33.639	1.00	2.00	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	1530	O	GLY	99	10.609	42.306	34.353	1.00	2.00	PROT
ATOM	1534	N	GLU	100	9.051	44.449	33.784	1.00	2.00	PROT
ATOM	1535	CA	GLU	100	9.460	45.396	34.826	1.00	2.05	PROT
ATOM	1536	C	GLU	100	9.293	44.767	36.213	1.00	2.00	PROT
ATOM	1537	O	GLU	100	10.219	44.802	37.024	1.00	2.00	PROT
ATOM	1538	CB	GLU	100	8.719	46.721	34.703	1.00	2.00	PROT
ATOM	1539	CG	GLU	100	9.125	47.507	33.444	1.00	3.36	PROT
ATOM	1540	CD	GLU	100	8.469	49.865	33.343	1.00	6.20	PROT
ATOM	1541	OE1	GLU	100	8.580	49.652	34.303	1.00	10.98	PROT
ATOM	1542	OE2	GLU	100	7.953	49.169	32.307	1.00	13.47	PROT
ATOM	1549	N	ALA	101	8.126	44.172	36.459	1.00	2.00	PROT
ATOM	1550	CA	ALA	101	7.860	43.432	37.745	1.00	2.00	PROT
ATOM	1551	C	ALA	101	8.811	42.304	36.036	1.00	2.00	PROT
ATOM	1552	O	ALA	101	9.177	42.053	39.194	1.00	2.00	PROT
ATOM	1553	CB	ALA	101	6.412	43.053	37.817	1.00	2.00	PROT
ATOM	1559	N	FHE	102	9.205	41.557	37.004	1.00	2.00	PROT
ATOM	1560	CA	FHE	102	10.183	40.453	37.165	1.00	2.00	PROT
ATOM	1561	C	FHE	102	11.506	41.008	37.708	1.00	2.00	PROT
ATOM	1562	O	FHE	102	12.078	40.461	36.651	1.00	2.00	PROT
ATOM	1563	CB	FHE	102	10.413	39.688	35.845	1.00	2.00	PROT
ATOM	1564	CG	FHE	102	11.708	38.691	35.801	1.00	2.00	PROT
ATOM	1565	CD1	FHE	102	11.805	37.658	36.417	1.00	2.31	PROT
ATOM	1566	CD2	FHE	102	12.813	39.379	35.108	1.00	2.00	PROT
ATOM	1567	CE1	FHE	102	12.922	36.895	36.380	1.00	2.00	PROT
ATOM	1568	CE2	FHE	102	14.001	38.658	35.062	1.00	2.98	PROT
ATOM	1569	CZ	FHE	102	14.090	37.405	35.677	1.00	2.00	PROT
ATOM	1579	N	LEU	103	11.959	42.112	37.119	1.00	2.00	PROT
ATOM	1580	CA	LEU	103	13.195	42.755	37.548	1.00	2.00	PROT
ATOM	1581	C	LEU	103	13.104	43.264	38.992	1.00	2.00	PROT
ATOM	1582	O	LEU	103	14.070	43.171	39.735	1.00	2.00	PROT
ATOM	1583	CB	LEU	103	13.820	43.855	36.559	1.00	2.00	PROT
ATOM	1584	CG	LEU	103	14.007	43.457	35.125	1.00	2.00	PROT
ATOM	1585	CD1	LEU	103	14.503	44.594	34.349	1.00	2.53	PROT
ATOM	1586	CD2	LEU	103	15.084	42.375	35.133	1.00	2.00	PROT
ATOM	1598	N	ALA	104	11.326	43.759	39.378	1.00	2.00	PROT
ATOM	1599	CA	ALA	104	11.571	44.317	40.709	1.00	2.00	PROT
ATOM	1600	C	ALA	104	11.822	43.270	41.789	1.00	2.00	PROT
ATOM	1601	O	ALA	104	12.226	43.575	42.930	1.00	2.00	PROT
ATOM	1602	CB	ALA	104	10.262	44.906	40.760	1.00	3.11	PROT
ATOM	1608	N	GLY	105	11.474	42.039	41.425	1.00	2.00	PROT
ATOM	1609	CA	GLY	105	11.554	40.915	42.325	1.00	2.35	PROT
ATOM	1610	C	GLY	105	12.895	40.164	42.272	1.00	2.19	PROT
ATOM	1611	O	GLY	105	13.355	39.725	43.304	1.00	2.00	PROT
ATOM	1615	N	LEU	106	13.426	40.001	41.070	1.00	2.74	PROT
ATOM	1616	CA	LEU	106	14.717	39.336	40.686	1.00	3.45	PROT
ATOM	1617	C	LEU	106	15.358	40.160	41.457	1.00	4.64	PROT
ATOM	1618	O	LEU	106	16.349	39.608	41.946	1.00	4.33	PROT
ATOM	1619	CB	LEU	106	14.997	39.092	39.396	1.00	3.80	PROT
ATOM	1620	CG	LEU	106	16.232	38.341	39.031	1.00	3.13	PROT
ATOM	1621	CD1	LEU	106	16.014	36.839	38.949	1.00	3.36	PROT
ATOM	1622	CD2	LEU	106	16.808	38.858	37.714	1.00	3.16	PROT
ATOM	1634	N	ALA	107	15.722	41.478	41.384	1.00	5.01	PROT
ATOM	1635	CA	ALA	107	16.307	42.366	41.747	1.00	6.45	PROT
ATOM	1636	C	ALA	107	16.269	43.689	42.271	1.00	6.90	PROT
ATOM	1637	O	ALA	107	16.396	44.715	41.605	1.00	6.73	PROT
ATOM	1638	CB	ALA	107	17.720	42.583	40.543	1.00	6.01	PROT
ATOM	1644	N	PRO	108	15.689	43.677	43.485	1.00	8.39	PROT
ATOM	1645	CA	PRO	108	15.052	44.672	44.037	1.00	9.44	PROT
ATOM	1646	C	PRO	108	16.064	45.979	44.282	1.00	10.34	PROT
ATOM	1647	O	PRO	108	17.180	45.706	44.720	1.00	10.41	PROT
ATOM	1648	CB	PRO	108	14.474	44.385	45.370	1.00	9.24	PROT
ATOM	1649	CG	PRO	108	14.475	42.901	45.280	1.00	9.66	PROT
ATOM	1650	CD	PRO	108	15.630	42.551	44.430	1.00	8.13	PROT
ATOM	1658	N	GLN	109	15.671	47.215	43.982	1.00	11.29	PROT
ATOM	1659	CA	GLN	109	16.546	48.387	44.132	1.00	12.67	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	1660	C	GLN	109	17.826	48.298	43.267	1.00	12.75	PROT
ATOM	1661	O	GLN	109	18.837	48.922	43.619	1.00	13.13	PROT
ATOM	1662	CB	GLN	109	16.904	48.643	45.612	1.00	13.03	PROT
ATOM	1663	CG	GLN	109	15.785	48.393	46.633	1.00	15.35	PROT
ATOM	1664	CD	GLN	109	14.513	49.181	46.357	1.00	18.56	PROT
ATOM	1665	OE1	GLN	109	14.529	50.223	45.689	1.00	19.89	PROT
ATOM	1666	NE2	GLN	109	13.400	48.689	46.887	1.00	19.67	PROT
ATOM	1675	N	CYS	110	17.787	47.499	42.219	1.00	12.66	PROT
ATOM	1676	CA	CYS	110	18.857	47.466	41.238	1.00	12.25	PROT
ATOM	1677	C	CYS	110	18.376	48.198	39.993	1.00	11.96	PROT
ATOM	1678	O	CYS	110	17.204	48.084	38.605	1.00	11.75	PROT
ATOM	1679	CB	CYS	110	19.238	46.024	40.920	1.00	12.49	PROT
ATOM	1680	SG	CYS	110	19.778	45.068	42.410	1.00	13.69	PROT
ATOM	1685	N	ASP	111	19.278	48.957	39.381	1.00	11.33	PROT
ATOM	1686	CA	ASP	111	18.908	49.879	38.305	1.00	11.30	PROT
ATOM	1687	C	ASP	111	18.925	49.204	36.941	1.00	10.16	PROT
ATOM	1688	O	ASP	111	19.773	49.490	36.087	1.00	10.47	PROT
ATOM	1689	CB	ASP	111	19.822	51.102	36.317	1.00	12.10	PROT
ATOM	1690	CG	ASP	111	19.128	52.360	37.836	1.00	13.34	PROT
ATOM	1691	OD1	ASP	111	17.909	52.325	37.553	1.00	14.20	PROT
ATOM	1692	OD2	ASP	111	19.817	53.396	37.743	1.00	17.24	PROT
ATOM	1697	N	LEU	112	17.973	48.235	36.756	1.00	8.69	PROT
ATOM	1698	CA	LEU	112	17.854	47.508	35.546	1.00	6.78	PROT
ATOM	1699	C	LEU	112	16.579	47.909	34.798	1.00	5.58	PROT
ATOM	1700	O	LEU	112	15.632	48.421	35.394	1.00	5.83	PROT
ATOM	1701	CB	LEU	112	17.844	46.004	35.880	1.00	7.06	PROT
ATOM	1702	CG	LEU	112	19.012	45.458	36.725	1.00	7.52	PROT
ATOM	1703	CD1	LEU	112	20.331	45.536	35.970	1.00	5.79	PROT
ATOM	1704	CD2	LEU	112	16.757	44.036	37.212	1.00	6.06	PROT
ATOM	1716	N	ALA	113	16.579	47.672	35.496	1.00	5.65	PROT
ATOM	1717	CA	ALA	113	15.482	48.053	32.511	1.00	2.78	PROT
ATOM	1718	C	ALA	113	15.235	46.956	31.601	1.00	2.00	PROT
ATOM	1719	O	ALA	113	16.164	46.211	31.254	1.00	2.00	PROT
ATOM	1720	CB	ALA	113	15.807	49.371	31.894	1.00	2.36	PROT
ATOM	1726	N	ILE	114	13.993	46.878	31.120	1.00	2.00	PROT
ATOM	1727	CA	ILE	114	13.588	45.913	30.101	1.00	2.00	PROT
ATOM	1728	C	ILE	114	13.959	46.388	28.685	1.00	2.00	PROT
ATOM	1729	O	ILE	114	14.256	47.561	28.466	1.00	2.00	PROT
ATOM	1730	CB	ILE	114	12.059	45.592	30.175	1.00	2.00	PROT
ATOM	1731	CG1	ILE	114	11.203	46.783	29.701	1.00	2.00	PROT
ATOM	1732	CG2	ILE	114	11.676	45.154	31.607	1.00	2.00	PROT
ATOM	1733	CD	ILE	114	9.700	46.471	29.500	1.00	2.00	PROT
ATOM	1745	N	HSD	115	13.252	45.445	27.748	1.00	2.00	PROT
ATOM	1746	CA	HSD	115	14.074	45.727	26.333	1.00	2.00	PROT
ATOM	1747	C	HSD	115	12.756	45.349	25.659	1.00	2.00	PROT
ATOM	1748	O	HSD	115	12.042	44.448	26.126	1.00	2.00	PROT
ATOM	1749	CB	HSD	115	15.239	44.938	25.734	1.00	2.00	PROT
ATOM	1750	CG	HSD	115	16.579	45.398	26.216	1.00	2.00	PROT
ATOM	1751	ND1	HSD	115	17.142	44.954	27.390	1.00	2.04	PROT
ATOM	1752	CD2	HSD	115	17.449	46.293	25.689	1.00	2.00	PROT
ATOM	1753	CE1	HSD	115	18.312	45.540	27.565	1.00	2.00	PROT
ATOM	1754	NE2	HSD	115	18.526	46.349	26.546	1.00	2.21	PROT
ATOM	1762	N	HSD	116	12.425	46.047	24.577	1.00	2.00	PROT
ATOM	1763	CA	HSD	116	11.242	45.700	23.774	1.00	2.00	PROT
ATOM	1764	C	HSD	116	11.350	46.370	22.402	1.00	2.00	PROT
ATOM	1765	O	HSD	116	12.150	47.270	22.221	1.00	2.00	PROT
ATOM	1766	CB	HSD	116	9.911	46.038	24.503	1.00	2.00	PROT
ATOM	1767	CG	HSD	116	9.625	47.507	24.633	1.00	2.00	PROT
ATOM	1768	CD2	HSD	116	9.723	48.182	25.834	1.00	2.12	PROT
ATOM	1769	ND1	HSD	116	9.231	48.425	23.719	1.00	2.00	PROT
ATOM	1770	NE2	HSD	116	9.410	49.453	25.650	1.00	2.00	PROT
ATOM	1771	CE1	HSD	116	9.109	49.628	24.375	1.00	3.14	PROT
ATOM	1779	N	GLN	117	10.545	45.903	21.446	1.00	2.00	PROT
ATOM	1780	CA	GLN	117	10.493	46.478	20.108	1.00	2.44	PROT
ATOM	1781	C	GLN	117	10.193	47.973	20.207	1.00	2.94	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	1782	O	GLN	117	9.301	48.385	20.350	1.00	2.56	PROT
ATOM	1783	CB	GLN	117	9.426	45.769	19.273	1.00	2.08	PROT
ATOM	1784	CG	GLN	117	9.236	46.301	17.870	1.00	3.58	PROT
ATOM	1785	CD	GLN	117	9.102	45.360	17.021	1.00	3.37	PROT
ATOM	1786	OE1	GLN	117	8.895	44.558	16.536	1.00	2.00	PROT
ATOM	1787	NE2	GLN	117	7.123	45.759	16.818	1.00	3.63	PROT
ATOM	1788	N	GLN	118	10.965	48.767	19.465	1.00	2.94	PROT
ATOM	1789	CA	GLN	118	10.832	50.231	19.471	1.00	4.36	PROT
ATOM	1790	C	GLN	118	9.416	50.735	19.236	1.00	4.23	PROT
ATOM	1791	O	GLN	118	8.923	51.585	19.932	1.00	4.27	PROT
ATOM	1800	CB	GLN	118	11.789	50.862	18.446	1.00	4.57	PROT
ATOM	1801	CG	GLN	118	13.234	51.016	18.915	1.00	7.90	PROT
ATOM	1802	CD	GLN	118	13.453	52.158	19.930	1.00	10.01	PROT
ATOM	1803	OE1	GLN	118	12.523	52.627	20.590	1.00	11.52	PROT
ATOM	1804	NE2	GLN	118	14.636	52.566	20.080	1.00	12.05	PROT
ATOM	1813	N	ASN	119	8.772	50.211	18.196	1.00	4.34	PROT
ATOM	1814	CA	ASN	119	7.373	50.532	17.873	1.00	3.91	PROT
ATOM	1815	C	ASN	119	6.407	49.544	18.509	1.00	3.28	PROT
ATOM	1816	O	ASN	119	6.314	48.391	18.077	1.00	2.33	PROT
ATOM	1817	CB	ASN	119	7.179	50.528	16.351	1.00	4.16	PROT
ATOM	1818	CG	ASN	119	5.887	51.197	15.910	1.00	5.24	PROT
ATOM	1819	OD1	ASN	119	4.809	50.875	16.391	1.00	7.69	PROT
ATOM	1820	ND2	ASN	119	5.294	52.111	14.960	1.00	6.10	PROT
ATOM	1827	N	THR	120	5.676	50.004	19.519	1.00	3.07	PROT
ATOM	1828	CA	THR	120	4.753	49.153	20.265	1.00	4.57	PROT
ATOM	1829	C	THR	120	3.377	49.154	19.810	1.00	5.02	PROT
ATOM	1830	O	THR	120	2.465	48.483	20.063	1.00	5.27	PROT
ATOM	1831	CB	THR	120	4.681	49.567	21.763	1.00	4.46	PROT
ATOM	1832	CG1	THR	120	4.106	50.875	21.674	1.00	3.87	PROT
ATOM	1833	CG2	THR	120	6.076	49.605	22.365	1.00	4.19	PROT
ATOM	1840	N	GLN	121	3.236	49.859	18.512	1.00	6.52	PROT
ATOM	1841	CA	GLN	121	1.939	49.972	17.849	1.00	7.59	PROT
ATOM	1842	C	GLN	121	1.880	48.936	16.726	1.00	7.88	PROT
ATOM	1843	O	GLN	121	0.851	48.841	16.015	1.00	9.07	PROT
ATOM	1844	CB	GLN	121	1.576	51.391	17.346	1.00	6.37	PROT
ATOM	1845	CG	GLN	121	1.793	52.482	18.423	1.00	9.82	PROT
ATOM	1846	CD	GLN	121	0.733	52.391	18.517	1.00	12.79	PROT
ATOM	1847	OE1	GLN	121	-0.348	51.841	19.511	1.00	14.41	PROT
ATOM	1848	NE2	GLN	121	1.047	52.935	20.687	1.00	12.67	PROT
ATOM	1857	N	GLN	122	2.939	48.167	16.576	1.00	7.18	PROT
ATOM	1858	CA	GLN	122	3.034	47.097	15.584	1.00	6.63	PROT
ATOM	1859	C	GLN	122	3.405	45.795	16.284	1.00	5.51	PROT
ATOM	1860	O	GLN	122	4.132	45.809	17.275	1.00	4.57	PROT
ATOM	1861	CB	GLN	122	4.033	47.423	14.530	1.00	6.79	PROT
ATOM	1862	CG	GLN	122	3.795	48.651	13.691	1.00	9.49	PROT
ATOM	1863	CD	GLN	122	4.278	48.506	12.277	1.00	12.32	PROT
ATOM	1864	OE1	GLN	122	4.437	47.391	11.776	1.00	14.95	PROT
ATOM	1865	NE2	GLN	122	4.502	49.636	11.605	1.00	13.56	PROT
ATOM	1874	N	ALA	123	2.901	44.674	15.769	1.00	4.39	PROT
ATOM	1875	CA	ALA	123	3.224	45.366	16.327	1.00	5.92	PROT
ATOM	1876	C	ALA	123	4.740	43.145	16.352	1.00	3.61	PROT
ATOM	1877	O	ALA	123	5.454	43.612	15.467	1.00	2.39	PROT
ATOM	1878	CB	ALA	123	2.537	42.258	15.526	1.00	4.62	PROT
ATOM	1884	N	ASP	124	5.228	42.477	17.593	1.00	3.00	PROT
ATOM	1885	CA	ASP	124	6.519	42.021	17.434	1.00	2.70	PROT
ATOM	1886	C	ASP	124	6.651	40.631	16.794	1.00	2.31	PROT
ATOM	1887	O	ASP	124	6.051	39.707	17.332	1.00	2.50	PROT
ATOM	1888	CB	ASP	124	7.107	41.954	18.901	1.00	3.22	PROT
ATOM	1889	CG	ASP	124	8.564	41.497	19.026	1.00	2.93	PROT
ATOM	1890	OD1	ASP	124	9.121	40.927	18.068	1.00	3.56	PROT
ATOM	1891	OD2	ASP	124	9.162	41.732	20.087	1.00	3.75	PROT
ATOM	1896	N	PRO	125	7.374	40.464	15.661	1.00	2.33	PROT
ATOM	1897	CA	PRO	125	7.386	39.193	14.934	1.00	2.64	PROT
ATOM	1898	C	PRO	125	7.921	38.001	15.738	1.00	2.17	PROT
ATOM	1899	O	PRO	125	7.657	36.859	15.389	1.00	2.28	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	1900	CB	PRO	125	8.310	39.473	13.732	1.00	2.31	PROT
ATOM	1901	CG	PRO	125	9.151	40.526	14.144	1.00	3.16	PROT
ATOM	1902	CD	PRO	125	8.249	41.459	15.023	1.00	2.63	PROT
ATOM	1910	N	LEU	126	8.683	38.265	16.787	1.00	2.21	PROT
ATOM	1911	CA	LEU	126	9.104	37.200	17.718	1.00	2.06	PROT
ATOM	1912	C	LEU	126	7.920	36.432	18.387	1.00	2.03	PROT
ATOM	1913	O	LEU	126	7.925	35.268	18.552	1.00	2.00	PROT
ATOM	1914	CB	LEU	126	10.038	37.770	18.794	1.00	2.27	PROT
ATOM	1915	CG	LEU	126	10.662	36.746	19.750	1.00	2.85	PROT
ATOM	1916	CD1	LEU	126	11.671	35.870	19.025	1.00	4.52	PROT
ATOM	1917	CD2	LEU	126	11.314	37.451	20.321	1.00	2.00	PROT
ATOM	1929	N	PHE	127	6.900	37.264	16.760	1.00	2.00	PROT
ATOM	1930	CA	PHE	127	5.759	36.729	19.501	1.00	2.00	PROT
ATOM	1931	C	PHE	127	4.574	36.382	18.613	1.00	2.00	PROT
ATOM	1932	O	PHE	127	3.789	35.471	18.930	1.00	2.00	PROT
ATOM	1933	CB	PHE	127	5.296	37.743	20.543	1.00	2.00	PROT
ATOM	1934	CG	PHE	127	6.302	38.010	21.811	1.00	2.00	PROT
ATOM	1935	CD1	PHE	127	6.416	37.165	22.703	1.00	2.00	PROT
ATOM	1936	CD2	PHE	127	7.156	39.131	21.528	1.00	2.00	PROT
ATOM	1937	CE1	PHE	127	7.347	37.422	23.711	1.00	2.00	PROT
ATOM	1938	CE2	PHE	127	8.062	39.394	22.514	1.00	2.00	PROT
ATOM	1939	CZ	PHE	127	8.159	38.547	23.615	1.00	2.00	PROT
ATOM	1949	N	HSD	128	4.425	37.145	17.535	1.00	2.00	PROT
ATOM	1950	CA	HSD	128	3.300	37.005	16.619	1.00	2.00	PROT
ATOM	1951	C	HSD	128	3.784	37.146	15.166	1.00	2.00	PROT
ATOM	1952	O	HSD	128	3.434	38.130	14.501	1.00	2.69	PROT
ATOM	1953	CB	HSD	128	2.211	38.039	16.951	1.00	2.11	PROT
ATOM	1954	CG	HSD	128	1.713	37.969	18.362	1.00	3.31	PROT
ATOM	1955	ND1	HSD	128	2.150	38.622	19.354	1.00	5.46	PROT
ATOM	1956	CD2	HSD	128	0.811	37.144	18.347	1.00	4.58	PROT
ATOM	1957	CE1	HSD	128	1.531	38.530	20.487	1.00	3.86	PROT
ATOM	1958	NE2	HSD	128	0.717	37.515	20.265	1.00	5.27	PROT
ATOM	1966	N	PRO	129	4.529	36.155	14.661	1.00	2.00	PROT
ATOM	1967	CA	PRO	129	5.059	36.245	13.286	1.00	2.01	PROT
ATOM	1968	C	PRO	129	3.984	36.299	12.185	1.00	2.75	PROT
ATOM	1969	O	PRO	129	4.206	36.930	11.143	1.00	2.09	PROT
ATOM	1970	CB	PRO	129	5.925	34.991	15.139	1.00	2.40	PROT
ATOM	1971	CG	PRO	129	5.546	34.077	14.243	1.00	2.00	PROT
ATOM	1972	CD	PRO	129	4.969	34.923	15.347	1.00	2.00	PROT
ATOM	1980	N	VAL	130	2.845	35.647	12.427	1.00	3.60	PROT
ATOM	1981	CA	VAL	130	1.705	35.628	11.503	1.00	5.10	PROT
ATOM	1982	C	VAL	130	1.063	37.015	11.337	1.00	5.72	PROT
ATOM	1983	O	VAL	130	0.845	37.477	10.202	1.00	6.14	PROT
ATOM	1984	CB	VAL	130	0.636	34.575	11.950	1.00	4.93	PROT
ATOM	1985	CG1	VAL	130	-0.599	34.634	11.068	1.00	5.21	PROT
ATOM	1986	CG2	VAL	130	1.227	33.166	11.954	1.00	5.30	PROT
ATOM	1996	N	LYS	131	0.759	37.654	12.465	1.00	6.57	PROT
ATOM	1997	CA	LYS	131	0.211	39.013	12.512	1.00	7.61	PROT
ATOM	1998	C	LYS	131	1.186	40.012	11.887	1.00	7.65	PROT
ATOM	1999	O	LYS	131	0.798	40.825	11.037	1.00	7.82	PROT
ATOM	2000	CB	LYS	131	-0.130	39.391	13.965	1.00	7.17	PROT
ATOM	2001	CG	LYS	131	-0.973	40.667	14.132	1.00	6.64	PROT
ATOM	2002	CD	LYS	131	-2.306	40.720	13.426	1.00	13.01	PROT
ATOM	2003	CE	LYS	131	-2.930	42.115	13.438	1.00	13.65	PROT
ATOM	2004	NZ	LYS	131	-4.359	42.080	12.995	1.00	16.73	PROT
ATOM	2018	N	ALA	132	2.452	39.912	12.275	1.00	7.95	PROT
ATOM	2019	CA	ALA	132	3.525	40.770	11.735	1.00	8.15	PROT
ATOM	2020	C	ALA	132	3.842	40.533	10.252	1.00	6.44	PROT
ATOM	2021	O	ALA	132	4.630	41.273	9.357	1.00	6.27	PROT
ATOM	2022	CB	ALA	132	4.768	40.656	12.574	1.00	7.91	PROT
ATOM	2026	N	GLY	133	3.233	39.501	9.666	1.00	6.62	PROT
ATOM	2029	CA	GLY	133	3.329	39.246	8.231	1.00	8.97	PROT
ATOM	2030	C	GLY	133	4.598	38.549	7.763	1.00	9.39	PROT
ATOM	2031	O	GLY	133	5.050	38.748	6.654	1.00	9.35	PROT
ATOM	2035	N	ILE	134	5.180	37.738	6.660	1.00	9.31	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	2036	CA	ILE	134	6.363	36.979	8.309	1.00	9.69	PROT
ATOM	2037	C	ILE	134	6.026	35.742	7.472	1.00	9.68	PROT
ATOM	2038	O	ILE	134	6.738	35.382	6.532	1.00	9.47	PROT
ATOM	2039	CB	ILE	134	7.207	36.616	9.576	1.00	10.04	PROT
ATOM	2040	CG1	ILE	134	7.346	37.888	10.159	1.00	10.17	PROT
ATOM	2041	CG2	ILE	134	8.280	35.563	9.283	1.00	10.44	PROT
ATOM	2042	CD	ILE	134	8.764	37.645	11.282	1.00	11.79	PROT
ATOM	2054	N	CYS	135	4.317	35.102	7.833	1.00	9.94	PROT
ATOM	2055	CA	CYS	135	4.417	35.938	7.110	1.00	10.07	PROT
ATOM	2056	C	CYS	135	2.909	35.848	7.291	1.00	9.95	PROT
ATOM	2057	O	CYS	135	2.326	34.526	8.155	1.00	9.01	PROT
ATOM	2058	CB	CYS	135	5.106	32.651	7.591	1.00	10.48	PROT
ATOM	2059	SG	CYS	135	4.902	32.251	9.378	1.00	11.84	PROT
ATOM	2064	N	SER	136	2.275	33.015	6.474	1.00	9.55	PROT
ATOM	2065	CA	SER	136	0.631	32.842	6.546	1.00	9.94	PROT
ATOM	2066	C	SER	136	0.457	31.367	6.544	1.00	9.52	PROT
ATOM	2067	O	SER	136	1.240	30.551	6.111	1.00	8.84	PROT
ATOM	2068	CB	SER	136	0.153	33.563	5.383	1.00	9.92	PROT
ATOM	2059	CG	SER	136	-1.148	33.971	5.756	1.00	12.83	PROT
ATOM	2074	N	MET	137	-0.731	31.055	7.053	1.00	9.86	PROT
ATOM	2075	CA	MET	137	-1.216	29.677	7.059	1.00	9.99	PROT
ATOM	2076	C	MET	137	-2.259	29.465	5.971	1.00	9.79	PROT
ATOM	2077	O	MET	137	-2.913	30.409	5.508	1.00	9.77	PROT
ATOM	2078	CB	MET	137	-1.790	29.295	8.421	1.00	9.87	PROT
ATOM	2079	CG	MET	137	-0.760	29.233	9.549	1.00	10.04	PROT
ATOM	2080	SD	MET	137	-1.523	28.727	11.094	1.00	10.76	PROT
ATOM	2081	CE	MET	137	-2.509	30.239	11.618	1.00	11.00	PROT
ATOM	2081	N	ASP	138	-2.405	28.215	5.558	1.00	9.73	PROT
ATOM	2082	CA	ASP	138	-3.364	27.877	4.519	1.00	9.45	PROT
ATOM	2083	C	ASP	138	-4.627	27.343	5.177	1.00	9.32	PROT
ATOM	2084	O	ASP	138	-4.572	26.367	5.920	1.00	8.95	PROT
ATOM	2095	CE	ASP	138	-2.774	26.845	3.574	1.00	9.57	PROT
ATOM	2096	CG	ASP	138	-3.754	26.407	2.524	1.00	9.74	PROT
ATOM	2097	OD1	ASP	138	-4.155	27.253	1.689	1.00	9.34	PROT
ATOM	2098	OD2	ASP	138	-4.131	25.220	2.555	1.00	9.76	PROT
ATOM	2103	N	LYS	139	-5.758	27.969	4.897	1.00	9.53	PROT
ATOM	2104	CA	LYS	139	-7.031	27.680	5.560	1.00	9.57	PROT
ATOM	2105	C	LYS	139	-7.378	26.190	5.552	1.00	9.23	PROT
ATOM	2106	O	LYS	139	-7.841	25.656	6.555	1.00	9.35	PROT
ATOM	2107	CB	LYS	139	-8.176	28.470	4.930	1.00	10.02	PROT
ATOM	2108	CG	LYS	139	-8.031	29.984	4.937	1.00	10.44	PROT
ATOM	2109	CD	LYS	139	-8.628	30.640	3.855	1.00	13.87	PROT
ATOM	2110	CE	LYS	139	-10.352	30.663	4.108	1.00	14.28	PROT
ATOM	2111	NZ	LYS	139	-11.024	31.459	3.053	1.00	14.34	PROT
ATOM	2125	N	SER	140	-7.152	25.552	4.420	1.00	8.74	PROT
ATOM	2126	CA	SER	140	-7.443	24.110	4.274	1.00	8.37	PROT
ATOM	2127	C	SER	140	-6.565	23.263	5.200	1.00	7.52	PROT
ATOM	2128	O	SER	140	-7.049	22.338	5.849	1.00	7.42	PROT
ATOM	2129	CB	SER	140	-7.255	23.676	2.822	1.00	8.29	PROT
ATOM	2130	CG	SER	140	-7.896	22.441	2.575	1.00	10.38	PROT
ATOM	2135	N	GLN	141	-5.276	23.589	5.247	1.00	6.55	PROT
ATOM	2136	CA	GLN	141	-4.333	22.890	6.111	1.00	6.00	PROT
ATOM	2137	C	GLN	141	-4.607	23.122	7.589	1.00	5.09	PROT
ATOM	2138	O	GLN	141	-4.299	22.254	8.413	1.00	4.98	PROT
ATOM	2139	CB	GLN	141	-2.893	23.273	5.786	1.00	6.20	PROT
ATOM	2140	CG	GLN	141	-2.382	22.657	4.501	1.00	7.20	PROT
ATOM	2141	CD	GLN	141	-1.135	21.824	4.724	1.00	9.60	PROT
ATOM	2142	OE1	GLN	141	-0.128	22.316	5.227	1.00	10.33	PROT
ATOM	2143	NE2	GLN	141	-1.198	20.551	4.344	1.00	10.76	PROT
ATOM	2152	N	VAL	142	-5.161	24.292	7.921	1.00	4.17	PROT
ATOM	2153	CA	VAL	142	-5.501	24.617	9.311	1.00	3.52	PROT
ATOM	2154	C	VAL	142	-6.674	23.758	9.764	1.00	3.88	PROT
ATOM	2155	O	VAL	142	-6.616	23.159	10.843	1.00	3.43	PROT
ATOM	2156	CB	VAL	142	-5.835	26.131	9.541	1.00	3.49	PROT
ATOM	2157	CG1	VAL	142	-6.237	26.383	11.012	1.00	2.00	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	2158	CG2	VAL	142	-4.644	27.017	9.212	1.00	2.63	PROT
ATOM	2169	N	HSD	143	-7.723	23.690	8.934	1.00	4.22	PROT
ATOM	2169	CA	HSD	143	-6.906	22.894	9.247	1.00	5.30	PROT
ATOM	2170	C	HSD	143	-6.529	21.439	9.481	1.00	5.28	PROT
ATOM	2171	O	HSD	143	-6.915	20.857	10.484	1.00	5.56	PROT
ATOM	2172	CB	HSD	143	-9.375	22.386	8.153	1.00	6.01	PROT
ATOM	2173	CG	HSD	143	-10.923	24.154	9.316	1.00	8.21	PROT
ATOM	2174	CD2	HSD	143	-11.335	24.136	8.255	1.00	10.34	PROT
ATOM	2175	ND1	HSD	143	-11.031	25.303	7.641	1.00	9.85	PROT
ATOM	2176	NE2	HSD	143	-12.613	25.267	9.156	1.00	10.38	PROT
ATOM	2177	CE1	HSD	143	-12.084	25.993	8.191	1.00	10.32	PROT
ATOM	2185	N	ALA	144	-7.774	20.659	8.546	1.00	5.66	PROT
ATOM	2186	CA	ALA	144	-7.294	19.486	8.675	1.00	5.46	PROT
ATOM	2187	C	ALA	144	-6.507	19.236	9.978	1.00	5.51	PROT
ATOM	2188	O	ALA	144	-6.716	18.222	10.653	1.00	5.68	PROT
ATOM	2189	CB	ALA	144	-6.456	19.103	7.460	1.00	5.37	PROT
ATOM	2195	N	ALA	145	-5.606	20.152	10.327	1.00	5.35	PROT
ATOM	2196	CA	ALA	145	-4.727	19.951	11.491	1.00	5.18	PROT
ATOM	2197	C	ALA	145	-5.471	20.069	12.827	1.00	5.04	PROT
ATOM	2198	O	ALA	145	-5.232	19.286	13.755	1.00	4.55	PROT
ATOM	2199	CB	ALA	145	-3.563	20.905	11.438	1.00	5.49	PROT
ATOM	2205	N	VAL	146	-6.372	21.042	12.905	1.00	5.08	PROT
ATOM	2206	CA	VAL	146	-7.250	21.216	14.062	1.00	5.19	PROT
ATOM	2207	C	VAL	146	-8.150	19.963	14.279	1.00	5.61	PROT
ATOM	2208	O	VAL	146	-8.196	19.438	15.394	1.00	5.70	PROT
ATOM	2209	CB	VAL	146	-6.075	22.524	13.954	1.00	4.89	PROT
ATOM	2210	CG1	VAL	146	-9.059	22.624	15.075	1.00	5.89	PROT
ATOM	2211	CG2	VAL	146	-7.140	23.742	14.011	1.00	4.56	PROT
ATOM	2221	N	GLU	147	-6.767	19.473	13.213	1.00	5.93	PROT
ATOM	2222	CA	GLU	147	-9.554	18.236	13.283	1.00	6.70	PROT
ATOM	2223	C	GLU	147	-8.709	17.058	13.780	1.00	6.58	PROT
ATOM	2224	O	GLU	147	-9.144	16.273	14.635	1.00	6.65	PROT
ATOM	2225	CB	GLU	147	-10.196	17.898	11.923	1.00	6.31	PROT
ATOM	2226	CG	GLU	147	-10.381	16.576	11.915	1.00	7.34	PROT
ATOM	2227	CD	GLU	147	-11.758	16.311	10.625	1.00	7.06	PROT
ATOM	2228	OE1	GLU	147	-12.017	17.258	9.851	1.00	8.18	PROT
ATOM	2229	OE2	GLU	147	-12.122	15.139	10.382	1.00	8.64	PROT
ATOM	2236	N	LYS	148	-7.493	16.954	13.240	1.00	6.53	PROT
ATOM	2237	CA	LYS	148	-6.522	15.955	13.636	1.00	6.46	PROT
ATOM	2238	C	LYS	148	-6.164	16.002	15.130	1.00	6.29	PROT
ATOM	2239	O	LYS	148	-6.136	14.971	15.816	1.00	5.63	PROT
ATOM	2240	CB	LYS	148	-5.282	16.029	12.740	1.00	6.86	PROT
ATOM	2241	CG	LYS	148	-3.993	15.484	13.326	1.00	7.83	PROT
ATOM	2242	CD	LYS	148	-2.928	15.360	12.246	1.00	10.37	PROT
ATOM	2243	CE	LYS	148	-1.695	14.872	12.565	1.00	15.37	PROT
ATOM	2244	NZ	LYS	148	-1.339	14.689	13.999	1.00	16.10	PROT
ATOM	2256	N	GLN	149	-5.898	17.215	15.616	1.00	5.59	PROT
ATOM	2259	CA	GLN	149	-5.627	17.470	17.035	1.00	6.00	PROT
ATOM	2260	C	GLN	149	-6.613	17.139	17.943	1.00	6.22	PROT
ATOM	2261	O	GLN	149	-6.622	16.660	19.065	1.00	7.19	PROT
ATOM	2262	CB	GLN	149	-5.205	18.929	17.257	1.00	5.56	PROT
ATOM	2263	CG	GLN	149	-4.564	19.221	18.652	1.00	4.72	PROT
ATOM	2264	CD	GLN	149	-3.099	18.813	18.745	1.00	4.43	PROT
ATOM	2265	OE1	GLN	149	-2.509	18.331	17.773	1.00	4.32	PROT
ATOM	2266	NE2	GLN	149	-2.493	19.015	19.922	1.00	4.62	PROT
ATOM	2275	N	ALA	150	-6.024	17.443	17.480	1.00	6.27	PROT
ATOM	2276	CA	ALA	150	-9.243	17.157	18.245	1.00	6.03	PROT
ATOM	2277	C	ALA	150	-9.560	15.668	16.228	1.00	6.29	PROT
ATOM	2278	O	ALA	150	-10.169	15.153	19.164	1.00	6.24	PROT
ATOM	2279	CB	ALA	150	-10.421	17.254	17.694	1.00	6.22	PROT
ATOM	2285	N	GLY	151	-9.143	14.990	17.157	1.00	5.81	PROT
ATOM	2286	CA	GLY	151	-2.402	13.559	16.975	1.00	6.64	PROT
ATOM	2287	C	GLY	151	-10.811	13.275	16.492	1.00	6.92	PROT
ATOM	2288	O	GLY	151	-11.247	12.126	16.475	1.00	6.89	PROT
ATOM	2292	N	THR	152	-11.521	14.332	16.103	1.00	7.29	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	2293	CA	THR	152	-12.925	14.251	15.703	1.00	8.38	PROT
ATOM	2294	C	THR	152	-13.325	15.562	15.010	1.00	8.07	PROT
ATOM	2295	O	THR	152	-12.725	16.603	15.280	1.00	8.24	PROT
ATOM	2296	CB	THR	152	-13.849	15.913	16.943	1.00	8.33	PROT
ATOM	2297	OG1	THR	152	-15.230	14.076	16.595	1.00	9.67	PROT
ATOM	2298	CG2	THR	152	-13.533	14.793	18.126	1.00	9.36	PROT
ATOM	2305	N	PRO	153	-14.313	15.519	14.090	1.00	8.15	PROT
ATOM	2306	CA	PRO	153	-14.776	16.766	13.475	1.00	8.02	PROT
ATOM	2307	C	PRO	153	-15.041	17.868	14.503	1.00	7.32	PROT
ATOM	2308	O	PRO	153	-15.646	17.615	15.544	1.00	7.36	PROT
ATOM	2309	CB	PRO	153	-16.080	16.346	12.789	1.00	7.99	PROT
ATOM	2310	CG	PRO	153	-15.826	14.933	12.403	1.00	8.33	PROT
ATOM	2311	CD	PRO	153	-15.040	14.353	13.546	1.00	7.92	PROT
ATOM	2319	N	ILE	154	-14.577	19.081	14.209	1.00	8.44	PROT
ATOM	2320	CA	ILE	154	-14.710	20.206	15.140	1.00	8.44	PROT
ATOM	2321	C	ILE	154	-16.167	20.581	15.384	1.00	8.05	PROT
ATOM	2322	O	ILE	154	-16.520	21.096	16.474	1.00	8.68	PROT
ATOM	2323	CB	ILE	154	-13.871	21.431	14.690	1.00	8.93	PROT
ATOM	2324	CG1	ILE	154	-12.375	21.103	14.799	1.00	9.95	PROT
ATOM	2325	CG2	ILE	154	-14.182	22.682	15.538	1.00	9.37	PROT
ATOM	2326	CD	ILE	154	-11.565	20.914	16.235	1.00	11.85	PROT
ATOM	2336	N	GLU	155	-17.016	20.376	14.383	1.00	7.69	PROT
ATOM	2339	CA	GLU	155	-18.447	20.647	14.512	1.00	7.36	PROT
ATOM	2340	C	GLU	155	-19.136	19.743	15.546	1.00	6.57	PROT
ATOM	2341	O	GLU	155	-20.213	20.071	16.050	1.00	6.19	PROT
ATOM	2342	CB	GLU	155	-19.143	20.595	13.144	1.00	7.37	PROT
ATOM	2343	CG	GLU	155	-18.531	19.606	12.143	1.00	10.89	PROT
ATOM	2344	CD	GLU	155	-17.523	20.179	11.397	1.00	15.73	PROT
ATOM	2345	OE1	GLU	155	-16.259	19.502	11.353	1.00	13.73	PROT
ATOM	2346	OE2	GLU	155	-17.425	21.306	10.656	1.00	16.15	PROT
ATOM	2353	N	THR	156	-16.486	18.631	15.876	1.00	5.93	PROT
ATOM	2354	CA	THR	156	-18.962	17.703	16.907	1.00	5.89	PROT
ATOM	2355	C	THR	156	-18.312	17.964	18.295	1.00	5.13	PROT
ATOM	2356	O	THR	156	-18.543	17.220	19.247	1.00	5.25	PROT
ATOM	2357	CB	THR	156	-18.718	16.225	16.475	1.00	5.87	PROT
ATOM	2358	OG1	THR	156	-18.913	16.074	15.056	1.00	7.17	PROT
ATOM	2359	CG2	THR	156	-19.578	15.278	17.194	1.00	7.44	PROT
ATOM	2366	N	LEU	157	-17.534	19.038	18.415	1.00	4.31	PROT
ATOM	2367	CA	LEU	157	-16.666	19.253	19.600	1.00	3.66	PROT
ATOM	2368	C	LEU	157	-17.397	19.304	20.947	1.00	3.43	PROT
ATOM	2369	O	LEU	157	-16.905	18.753	21.937	1.00	3.45	PROT
ATOM	2370	CB	LEU	157	-15.821	20.530	19.438	1.00	3.36	PROT
ATOM	2371	CG	LEU	157	-14.329	20.603	19.803	1.00	3.43	PROT
ATOM	2372	CD1	LEU	157	-13.963	21.977	20.359	1.00	2.00	PROT
ATOM	2373	CD2	LEU	157	-13.861	19.490	20.727	1.00	3.10	PROT
ATOM	2385	N	ASN	158	-18.542	19.960	20.982	1.00	3.12	PROT
ATOM	2386	CA	ASN	158	-19.342	20.151	22.202	1.00	3.97	PROT
ATOM	2387	C	ASN	158	-19.700	18.829	22.902	1.00	4.30	PROT
ATOM	2388	O	ASN	158	-19.862	18.788	24.118	1.00	4.18	PROT
ATOM	2389	CB	ASN	158	-20.639	20.908	21.395	1.00	3.81	PROT
ATOM	2390	CG	ASN	158	-20.408	22.370	21.535	1.00	3.63	PROT
ATOM	2391	OD1	ASN	158	-19.279	22.799	21.332	1.00	3.58	PROT
ATOM	2392	ND2	ASN	158	-21.494	23.136	21.443	1.00	4.72	PROT
ATOM	2399	N	GLN	159	-19.822	17.768	22.114	1.00	5.33	PROT
ATOM	2400	CA	GLN	159	-20.170	16.433	22.602	1.00	6.24	PROT
ATOM	2401	C	GLN	159	-19.059	15.755	23.419	1.00	6.65	PROT
ATOM	2402	O	GLN	159	-19.314	14.800	24.158	1.00	6.81	PROT
ATOM	2403	CB	GLN	159	-20.591	15.559	21.416	1.00	6.56	PROT
ATOM	2404	CG	GLN	159	-22.096	15.515	21.139	1.00	6.56	PROT
ATOM	2405	CD	GLN	159	-22.746	16.876	20.937	1.00	11.86	PROT
ATOM	2406	OE1	GLN	159	-22.254	17.717	20.183	1.00	13.25	PROT
ATOM	2407	NE2	GLN	159	-23.880	17.090	21.602	1.00	13.29	PROT
ATOM	2416	N	ARG	160	-17.830	16.242	23.273	1.00	7.14	PROT
ATOM	2417	CA	ARG	160	-16.711	15.818	24.111	1.00	8.01	PROT
ATOM	2418	C	ARG	160	-16.764	16.465	25.502	1.00	7.66	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	2419	O	ARG	160	-16.123	15.379	26.441	1.00	7.37	PROT
ATOM	2420	CB	ARG	160	-15.573	16.181	23.453	1.00	8.27	PROT
ATOM	2421	CG	ARG	160	-15.246	15.827	21.365	1.00	11.38	PROT
ATOM	2422	CD	ARG	160	-14.541	14.504	21.769	1.00	14.63	PROT
ATOM	2423	NE	ARG	160	-15.476	13.385	21.709	1.00	17.77	PROT
ATOM	2424	CZ	ARG	160	-15.148	12.123	21.967	1.00	19.18	PROT
ATOM	2425	NH1	ARG	160	-13.304	11.808	22.316	1.00	20.06	PROT
ATOM	2426	NH2	ARG	160	-16.059	11.172	21.681	1.00	19.75	PROT
ATOM	2440	N	TYR	161	-17.532	17.551	25.631	1.00	7.10	PROT
ATOM	2441	CA	TYR	161	-17.459	18.408	26.825	1.00	6.58	PROT
ATOM	2442	C	TYR	161	-18.798	18.724	27.467	1.00	6.14	PROT
ATOM	2443	O	TYR	161	-18.976	19.798	28.051	1.00	5.91	PROT
ATOM	2444	CB	TYR	161	-16.721	19.705	26.490	1.00	6.67	PROT
ATOM	2445	CG	TYR	161	-15.309	19.448	26.072	1.00	6.84	PROT
ATOM	2446	CD1	TYR	161	-14.338	19.091	27.014	1.00	5.26	PROT
ATOM	2447	CD2	TYR	161	-14.943	19.512	24.727	1.00	5.67	PROT
ATOM	2448	CE1	TYR	161	-13.041	18.827	26.625	1.00	6.48	PROT
ATOM	2449	CE2	TYR	161	-13.652	19.255	24.333	1.00	7.24	PROT
ATOM	2450	CZ	TYR	161	-12.701	18.317	25.220	1.00	7.32	PROT
ATOM	2451	OH	TYR	161	-11.419	18.655	24.897	1.00	7.83	PROT
ATOM	2460	N	GLN	162	-19.722	17.773	27.387	1.00	5.65	PROT
ATOM	2461	CA	GLN	162	-21.103	17.930	27.825	1.00	5.64	PROT
ATOM	2462	C	GLN	162	-21.255	18.398	29.292	1.00	5.22	PROT
ATOM	2463	O	GLN	162	-21.957	19.565	29.590	1.00	4.79	PROT
ATOM	2464	CB	GLN	162	-21.957	16.746	27.494	1.00	6.07	PROT
ATOM	2465	CG	GLN	162	-22.276	16.623	26.002	1.00	7.29	PROT
ATOM	2466	CD	GLN	162	-23.093	17.604	25.469	1.00	9.89	PROT
ATOM	2467	CE1	GLN	162	-22.590	18.657	24.754	1.00	12.00	PROT
ATOM	2468	NE2	GLN	162	-24.355	17.868	25.897	1.00	10.47	PROT
ATOM	2477	N	ALA	163	-20.592	17.585	30.198	1.00	4.95	PROT
ATOM	2478	CA	ALA	163	-20.605	18.042	31.625	1.00	5.07	PROT
ATOM	2479	C	ALA	163	-19.369	19.422	31.924	1.00	4.94	PROT
ATOM	2480	O	ALA	163	-20.490	20.188	32.736	1.00	5.08	PROT
ATOM	2481	CB	ALA	163	-19.229	16.969	32.438	1.00	5.22	PROT
ATOM	2487	N	SER	164	-18.838	19.713	31.287	1.00	4.33	PROT
ATOM	2488	CA	SER	164	-18.154	21.010	31.434	1.00	3.93	PROT
ATOM	2488	C	SER	164	-18.395	22.178	30.925	1.00	3.60	PROT
ATOM	2490	O	SER	164	-18.942	23.293	31.471	1.00	3.72	PROT
ATOM	2491	CB	SER	164	-16.821	20.969	30.694	1.00	5.77	PROT
ATOM	2492	OG	SER	164	-15.851	20.224	31.389	1.00	5.27	PROT
ATOM	2497	N	LEU	165	-19.716	21.953	29.849	1.00	5.10	PROT
ATOM	2498	CA	LEU	165	-20.547	22.371	29.264	1.00	2.60	PROT
ATOM	2499	C	LEU	165	-21.775	23.160	30.129	1.00	2.63	PROT
ATOM	2500	O	LEU	165	-22.204	24.290	30.356	1.00	2.36	PROT
ATOM	2501	CB	LEU	165	-20.925	22.620	27.829	1.00	2.45	PROT
ATOM	2502	CG	LEU	165	-19.306	22.757	26.795	1.00	2.00	PROT
ATOM	2503	CD1	LEU	165	-20.337	22.399	25.426	1.00	2.00	PROT
ATOM	2504	CD2	LEU	165	-19.223	24.196	26.773	1.00	2.00	PROT
ATOM	2516	N	ALA	166	-22.312	22.046	30.630	1.00	2.33	PROT
ATOM	2517	CA	ALA	166	-23.439	22.076	31.557	1.00	2.66	PROT
ATOM	2518	C	ALA	166	-23.106	22.901	32.796	1.00	2.61	PROT
ATOM	2519	O	ALA	166	-23.896	23.766	33.191	1.00	2.92	PROT
ATOM	2520	CB	ALA	166	-23.869	20.664	31.951	1.00	2.37	PROT
ATOM	2526	N	LEU	167	-21.939	22.658	33.391	1.00	2.61	PROT
ATOM	2527	CA	LEU	167	-21.466	23.387	34.554	1.00	2.48	PROT
ATOM	2528	C	LEU	167	-21.286	24.885	34.247	1.00	2.24	PROT
ATOM	2529	O	LEU	167	-21.597	25.723	35.037	1.00	2.00	PROT
ATOM	2530	CB	LEU	167	-20.176	22.777	35.140	1.00	2.38	PROT
ATOM	2531	CG	LEU	167	-19.553	23.473	36.358	1.00	2.00	PROT
ATOM	2532	CD1	LEU	167	-20.461	23.405	37.608	1.00	2.51	PROT
ATOM	2533	CD2	LEU	167	-18.171	22.919	36.668	1.00	2.62	PROT
ATOM	2545	N	MET	168	-20.682	25.211	33.107	1.00	3.01	PROT
ATOM	2546	CA	MET	168	-20.564	26.619	32.676	1.00	3.63	PROT
ATOM	2547	C	MET	168	-21.944	27.232	32.546	1.00	3.83	PROT
ATOM	2548	O	MET	168	-22.129	28.438	32.944	1.00	3.71	PROT

ES 2 456 960 T3

Figure 3 cont.

ATOM	2549	CB	MET	168	-19.743	26.745	31.373	1.00	3.75	PROT
ATOM	2550	CG	MET	168	-19.644	26.174	30.811	1.00	4.17	PROT
ATOM	2551	SD	MET	168	-18.816	29.329	31.932	1.00	3.11	PROT
ATOM	2552	CE	MET	168	-17.096	28.868	31.742	1.00	4.61	PROT
ATOM	2562	N	SER	169	-22.910	26.543	32.011	1.00	4.54	PROT
ATOM	2563	CA	SER	169	-24.292	27.042	31.904	1.00	5.24	PROT
ATOM	2564	C	SER	169	-24.936	27.396	33.262	1.00	5.82	PROT
ATOM	2565	O	SER	169	-25.612	28.423	33.589	1.00	6.44	PROT
ATOM	2566	CB	SER	169	-25.168	26.060	31.133	1.00	5.03	PROT
ATOM	2567	OG	SER	169	-26.466	26.587	30.959	1.00	5.10	PROT
ATOM	2572	N	SER	170	-24.718	26.575	34.281	1.00	5.91	PROT
ATOM	2573	CA	SER	170	-25.290	26.880	35.593	1.00	6.38	PROT
ATOM	2574	C	SER	170	-24.539	28.012	36.315	1.00	5.95	PROT
ATOM	2575	O	SER	170	-25.172	28.857	36.944	1.00	5.72	PROT
ATOM	2576	CB	SER	170	-25.458	25.625	36.466	1.00	6.14	PROT
ATOM	2577	OG	SER	170	-24.233	24.956	36.660	1.00	6.41	PROT
ATOM	2582	N	VAL	171	-23.210	28.039	36.191	1.00	6.01	PROT
ATOM	2583	CA	VAL	171	-22.382	23.133	36.725	1.00	5.64	PROT
ATOM	2584	C	VAL	171	-22.877	30.467	36.186	1.00	5.62	PROT
ATOM	2585	O	VAL	171	-23.000	31.458	36.936	1.00	5.35	PROT
ATOM	2586	CB	VAL	171	-20.865	28.922	36.381	1.00	5.79	PROT
ATOM	2587	CG1	VAL	171	-20.043	30.193	36.611	1.00	5.78	PROT
ATOM	2588	CG2	VAL	171	-20.286	27.763	37.176	1.00	5.14	PROT
ATOM	2598	-N	LEU	172	-23.180	30.522	34.887	1.00	5.18	PROT
ATOM	2599	CA	LEU	172	-23.710	31.704	34.212	1.00	5.27	PROT
ATOM	2600	C	LEU	172	-25.189	31.987	34.449	1.00	5.48	PROT
ATOM	2601	O	LEU	172	-25.627	33.110	34.219	1.00	5.62	PROT
ATOM	2602	CB	LEU	172	-23.521	31.582	32.693	1.00	5.01	PROT
ATOM	2603	CG	LEU	172	-22.105	31.635	32.103	1.00	5.33	PROT
ATOM	2604	CD1	LEU	172	-22.159	31.213	30.537	1.00	5.43	PROT
ATOM	2605	CD2	LEU	172	-21.481	33.006	32.269	1.00	5.50	PROT
ATOM	2617	N	ASP	173	-25.951	30.973	34.856	1.00	5.59	PROT
ATOM	2618	CA	ASP	173	-27.433	30.977	34.778	1.00	5.99	PROT
ATOM	2619	C	ASP	173	-27.895	31.308	33.352	1.00	5.66	PROT
ATOM	2620	O	ASP	173	-28.846	32.065	33.140	1.00	5.09	PROT
ATOM	2621	CB	ASP	173	-28.071	31.919	35.804	1.00	6.51	PROT
ATOM	2622	CG	ASP	173	-29.256	31.296	36.522	1.00	6.87	PROT
ATOM	2623	OD1	ASP	173	-30.077	30.601	35.878	1.00	9.09	PROT
ATOM	2624	OD2	ASP	173	-29.361	31.496	37.753	1.00	11.68	PROT
ATOM	2629	N	PHE	174	-27.201	30.721	32.380	1.00	5.67	PROT
ATOM	2630	CA	PHE	174	-27.473	30.922	30.952	1.00	6.15	PROT
ATOM	2631	C	PHE	174	-26.950	30.796	30.516	1.00	6.35	PROT
ATOM	2632	O	PHE	174	-29.393	31.549	29.638	1.00	6.68	PROT
ATOM	2633	CB	PHE	174	-26.561	30.002	30.126	1.00	5.77	PROT
ATOM	2634	CG	PHE	174	-26.866	29.994	28.656	1.00	5.76	PROT
ATOM	2635	CD1	PHE	174	-26.400	31.006	27.826	1.00	5.71	PROT
ATOM	2636	CD2	PHE	174	-27.621	28.963	28.099	1.00	5.78	PROT
ATOM	2637	CE1	PHE	174	-26.684	30.996	26.463	1.00	5.35	PROT
ATOM	2638	CE2	PHE	174	-27.913	28.949	26.733	1.00	6.26	PROT
ATOM	2639	CZ	PHE	174	-27.442	29.964	25.918	1.00	5.74	PROT
ATOM	2649	N	PRO	175	-29.712	29.846	31.104	1.00	6.82	PROT
ATOM	2650	CA	PRO	175	-31.141	29.704	30.769	1.00	7.25	PROT
ATOM	2651	C	PRO	175	-32.011	30.944	31.008	1.00	7.70	PROT
ATOM	2652	O	PRO	175	-33.022	31.122	30.323	1.00	7.59	PROT
ATOM	2653	CB	PRO	175	-31.592	28.584	31.708	1.00	6.97	PROT
ATOM	2654	CG	PRO	175	-30.378	27.788	31.922	1.00	6.58	PROT
ATOM	2655	CD	PRO	175	-29.312	28.812	32.078	1.00	6.49	PROT
ATOM	2663	N	LYS	176	-31.620	31.778	31.967	1.00	6.14	PROT
ATOM	2664	CA	LYS	176	-32.378	32.975	32.328	1.00	6.62	PROT
ATOM	2665	C	LYS	176	-31.738	34.247	31.768	1.00	6.84	PROT
ATOM	2666	O	LYS	176	-32.118	35.359	32.137	1.00	6.74	PROT
ATOM	2667	CB	LYS	176	-32.496	33.065	33.853	1.00	9.04	PROT
ATOM	2668	CG	LYS	176	-33.399	31.986	34.468	1.00	9.70	PROT
ATOM	2669	CD	LYS	176	-33.030	31.722	35.919	1.00	10.80	PROT
ATOM	2670	CE	LYS	176	-33.976	30.742	36.585	1.00	12.05	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	2671	NZ	LYS	176	-35.322	31.314	36.696	1.00	12.42	PROT
ATOM	2685	N	SER	177	-30.772	34.067	30.874	1.00	8.39	PROT
ATOM	2686	CA	SER	177	-30.008	35.171	30.303	1.00	9.24	PROT
ATOM	2687	C	SER	177	-30.753	35.810	29.133	1.00	9.25	PROT
ATOM	2688	O	SER	177	-51.610	35.163	28.535	1.00	9.85	PROT
ATOM	2689	CB	SER	177	-28.651	34.660	29.813	1.00	8.59	PROT
ATOM	2690	OG	SER	177	-28.611	33.734	28.704	1.00	9.36	PROT
ATOM	2695	N	PRO	178	-30.452	37.092	28.851	1.00	9.58	PROT
ATOM	2696	CA	PRO	178	-30.905	37.764	27.610	1.00	9.76	PROT
ATOM	2697	C	PRO	178	-30.762	36.908	26.342	1.00	10.11	PROT
ATOM	2698	O	PRO	178	-31.660	36.326	25.487	1.00	9.94	PROT
ATOM	2699	CB	PRO	178	-29.399	36.891	27.544	1.00	9.85	PROT
ATOM	2700	CG	PRO	178	-29.756	33.327	28.978	1.00	9.78	PROT
ATOM	2701	CD	PRO	178	-29.684	38.009	29.698	1.00	9.59	PROT
ATOM	2709	N	TYR	179	-29.662	36.153	26.232	1.00	10.33	PROT
ATOM	2710	CA	TYR	179	-29.456	35.195	25.139	1.00	10.76	PROT
ATOM	2711	C	TYR	179	-30.584	34.154	25.110	1.00	10.92	PROT
ATOM	2712	O	TYR	179	-31.061	33.706	26.156	1.00	10.56	PROT
ATOM	2713	CB	TYR	179	-29.106	34.495	25.259	1.00	11.42	PROT
ATOM	2714	CG	TYR	179	-27.595	33.893	23.866	1.00	11.90	PROT
ATOM	2715	CD1	TYR	179	-26.733	34.610	23.136	1.00	12.65	PROT
ATOM	2716	CD2	TYR	179	-27.975	32.605	23.568	1.00	12.33	PROT
ATOM	2717	CE1	TYR	179	-26.266	34.065	21.948	1.00	13.68	PROT
ATOM	2718	CE2	TYR	179	-27.514	32.052	22.387	1.00	12.05	PROT
ATOM	2719	CZ	TYR	179	-26.666	32.786	21.580	1.00	13.14	PROT
ATOM	2720	OH	TYR	179	-26.205	32.236	20.410	1.00	13.39	PROT
ATOM	2729	N	CYS	180	-31.106	33.670	26.393	1.00	0.00	PROT
ATOM	2730	CA	CYS	180	-32.625	32.710	26.247	1.00	0.00	PROT
ATOM	2731	C	CYS	180	-33.851	33.571	25.960	1.00	0.00	PROT
ATOM	2732	O	CYS	180	-34.664	33.246	25.099	1.00	0.00	PROT
ATOM	2733	CB	CYS	180	-32.981	31.550	27.199	1.00	0.00	PROT
ATOM	2734	SG	CYS	180	-34.225	30.414	26.438	1.00	0.00	PROT
ATOM	2739	N	GLN	181	-34.012	34.723	26.636	1.00	0.00	PROT
ATOM	2740	CA	GLN	181	-35.190	35.564	26.459	1.00	0.00	PROT
ATOM	2741	C	GLN	181	-35.549	36.159	25.053	1.00	0.00	PROT
ATOM	2742	O	GLN	181	-36.492	36.400	24.594	1.00	0.00	PROT
ATOM	2743	CB	GLN	181	-35.244	36.676	27.541	1.00	0.00	PROT
ATOM	2744	CG	GLN	181	-35.447	36.125	28.377	1.00	0.00	PROT
ATOM	2745	CD	GLN	181	-36.842	35.513	29.159	1.00	0.00	PROT
ATOM	2746	CE1	GLN	181	-37.855	36.033	28.699	1.00	0.00	PROT
ATOM	2747	NE2	GLN	181	-36.916	34.371	29.881	1.00	0.00	PROT
ATOM	2756	N	GLN	182	-34.250	36.376	24.309	1.00	0.00	PROT
ATOM	2757	CA	GLN	182	-34.302	36.781	22.911	1.00	0.00	PROT
ATOM	2758	C	GLN	182	-34.071	35.622	21.937	1.00	0.00	PROT
ATOM	2759	O	GLN	182	-33.681	35.826	20.790	1.00	0.00	PROT
ATOM	2760	CB	GLN	182	-33.240	37.879	22.632	1.00	0.00	PROT
ATOM	2761	CG	GLN	182	-33.339	39.118	23.557	1.00	0.00	PROT
ATOM	2762	CD	GLN	182	-34.727	39.756	23.493	1.00	0.00	PROT
ATOM	2763	CE1	GLN	182	-35.166	40.266	22.465	1.00	0.00	PROT
ATOM	2764	NE2	GLN	182	-35.460	39.731	24.630	1.00	0.00	PROT
ATOM	2773	N	HSD	183	-34.301	34.360	22.345	1.00	2.18	PROT
ATOM	2774	CA	HSD	183	-33.937	33.212	21.530	1.00	2.18	PROT
ATOM	2775	C	HSD	183	-35.131	32.628	20.785	1.00	2.18	PROT
ATOM	2776	O	HSD	183	-35.956	31.918	21.355	1.00	2.18	PROT
ATOM	2777	CB	HSD	183	-33.272	32.129	22.414	1.00	2.18	PROT
ATOM	2778	CG	HSD	183	-32.290	31.235	21.708	1.00	2.18	PROT
ATOM	2779	ND1	HSD	183	-32.503	30.632	20.489	1.00	2.18	PROT
ATOM	2780	CD2	HSD	183	-31.045	30.848	22.096	1.00	2.18	PROT
ATOM	2781	CE1	HSD	183	-31.387	29.922	20.198	1.00	2.18	PROT
ATOM	2782	NE2	HSD	183	-30.480	30.020	21.145	1.00	2.18	PROT
ATOM	2790	N	ASN	184	-35.261	32.886	19.463	1.00	7.42	PROT
ATOM	2791	CA	ASN	184	-36.389	32.409	18.661	1.00	7.42	PROT
ATOM	2792	C	ASN	184	-36.373	30.908	18.340	1.00	7.42	PROT
ATOM	2793	O	ASN	184	-36.242	30.503	17.186	1.00	7.42	PROT
ATOM	2794	CB	ASN	184	-36.467	33.143	17.291	1.00	7.42	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	2795 CG	ASN	184	-36.424	34.656	17.432	1.00	7.42	PROT
ATOM	2796 OD1	ASN	184	-35.478	35.300	16.393	1.00	7.42	PROT
ATOM	2797 ND2	ASN	184	-37.465	35.254	16.055	1.00	7.42	PROT
ATOM	2804 N	ILE	185	-36.528	30.035	19.350	1.00	9.23	PROT
ATOM	2805 CA	ILE	185	-36.596	28.537	19.160	1.00	9.23	PROT
ATOM	2806 C	ILE	185	-37.653	28.016	19.761	1.00	9.23	PROT
ATOM	2807 O	ILE	185	-38.254	28.323	20.875	1.00	9.23	PROT
ATOM	2808 CB	ILE	185	-35.390	27.632	19.713	1.00	9.23	PROT
ATOM	2809 CG1	ILE	185	-35.056	28.206	21.181	1.00	9.23	PROT
ATOM	2810 CG2	ILE	185	-34.216	28.060	18.735	1.00	9.23	PROT
ATOM	2811 CD	ILE	185	-33.898	27.391	21.763	1.00	9.23	PROT
ATOM	2823 N	GLY	186	-36.499	27.080	19.027	1.00	2.38	PROT
ATOM	2824 CA	GLY	186	-39.502	26.184	19.593	1.00	2.38	PROT
ATOM	2825 C	GLY	186	-33.841	24.905	20.058	1.00	2.38	PROT
ATOM	2826 O	GLY	186	-39.069	23.840	19.462	1.00	2.38	PROT
ATOM	2830 N	LYS	187	-37.958	25.004	21.043	1.00	0.00	PROT
ATOM	2831 CA	LYS	187	-37.135	23.937	21.652	1.00	0.00	PROT
ATOM	2832 C	LYS	187	-36.669	24.470	23.032	1.00	0.00	PROT
ATOM	2833 O	LYS	187	-37.276	25.581	23.360	1.00	0.00	PROT
ATOM	2834 CB	LYS	187	-35.833	23.619	20.932	1.00	0.00	PROT
ATOM	2835 CG	LYS	187	-35.926	23.091	19.487	1.00	0.00	PROT
ATOM	2836 CD	LYS	187	-36.552	21.686	19.415	1.00	0.00	PROT
ATOM	2837 CE	LYS	187	-37.039	21.248	18.031	1.00	0.00	PROT
ATOM	2838 NZ	LYS	187	-38.067	22.193	17.540	1.00	0.00	PROT
ATOM	2852 N	LEU	188	-36.128	23.720	23.869	1.00	0.00	PROT
ATOM	2853 CA	LEU	188	-35.630	24.256	25.120	1.00	0.00	PROT
ATOM	2854 C	LEU	188	-34.268	24.863	24.865	1.00	0.00	PROT
ATOM	2855 O	LEU	188	-33.491	24.376	24.064	1.00	0.00	PROT
ATOM	2856 CB	LEU	188	-35.478	23.145	26.195	1.00	0.00	PROT
ATOM	2857 CG	LEU	188	-36.794	22.443	26.593	1.00	0.00	PROT
ATOM	2858 CD1	LEU	188	-36.497	21.236	27.492	1.00	0.00	PROT
ATOM	2859 CD2	LEU	188	-37.766	23.393	27.308	1.00	0.00	PROT
ATOM	2871 N	CYS	189	-35.926	26.000	25.539	1.00	0.00	PROT
ATOM	2872 CA	CYS	189	-32.590	26.577	25.448	1.00	0.00	PROT
ATOM	2873 C	CYS	189	-31.562	25.706	26.148	1.00	0.00	PROT
ATOM	2874 O	CYS	189	-31.818	25.168	27.214	1.00	0.00	PROT
ATOM	2875 CB	CYS	189	-32.487	27.396	26.074	1.00	0.00	PROT
ATOM	2876 SG	CYS	189	-33.232	29.308	25.066	1.00	0.00	PROT
ATOM	2881 N	ASP	190	-30.386	25.569	25.528	1.00	12.56	PROT
ATOM	2882 CA	ASP	190	-29.248	24.757	25.939	1.00	12.21	PROT
ATOM	2883 C	ASP	190	-27.959	25.403	25.428	1.00	11.72	PROT
ATOM	2884 O	ASP	190	-27.870	25.765	24.253	1.00	11.77	PROT
ATOM	2885 CB	ASP	190	-29.403	23.330	25.393	1.00	12.34	PROT
ATOM	2886 CG	ASP	190	-28.337	22.380	25.912	1.00	12.95	PROT
ATOM	2887 OD1	ASP	190	-27.404	22.063	25.146	1.00	13.60	PROT
ATOM	2888 OD2	ASP	190	-28.431	21.355	27.081	1.00	11.81	PROT
ATOM	2893 N	PHE	191	-26.982	25.555	26.322	1.00	11.05	PROT
ATOM	2894 CA	PHE	191	-25.706	26.215	26.015	1.00	10.27	PROT
ATOM	2895 C	PHE	191	-24.959	25.548	24.861	1.00	9.72	PROT
ATOM	2896 O	PHE	191	-24.542	26.228	25.924	1.00	9.18	PROT
ATOM	2897 CB	PHE	191	-24.829	26.289	27.274	1.00	10.13	PROT
ATOM	2898 CG	PHE	191	-23.640	27.213	27.157	1.00	10.27	PROT
ATOM	2899 CD1	PHE	191	-23.804	28.597	27.154	1.00	10.30	PROT
ATOM	2900 CD2	PHE	191	-22.348	26.696	27.096	1.00	10.43	PROT
ATOM	2901 CE1	PHE	191	-22.702	29.449	27.075	1.00	10.91	PROT
ATOM	2902 CE2	PHE	191	-21.235	27.540	27.014	1.00	11.48	PROT
ATOM	2903 CZ	PHE	191	-21.412	28.921	26.998	1.00	9.94	PROT
ATOM	2913 N	SER	192	-24.815	24.223	24.950	1.00	9.46	PROT
ATOM	2914 CA	SER	192	-24.131	23.436	23.893	1.00	9.21	PROT
ATOM	2915 C	SER	192	-24.880	23.444	22.563	1.00	9.27	PROT
ATOM	2916 O	SER	192	-24.275	23.529	21.495	1.00	9.24	PROT
ATOM	2917 CB	SER	192	-23.934	21.989	24.354	1.00	9.47	PROT
ATOM	2918 OG	SER	192	-23.378	21.186	23.321	1.00	8.08	PROT
ATOM	2923 N	GLN	193	-26.202	23.360	22.653	1.00	9.49	PROT
ATOM	2924 CA	GLN	193	-27.092	23.303	21.502	1.00	9.52	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	2925	C	GLN	193	-27.195	24.654	20.785	1.00	9.04	PROT
ATOM	2926	O	GLN	193	-27.181	24.703	19.558	1.00	9.14	PROT
ATOM	2927	CB	GLN	193	-28.457	22.825	21.382	1.00	9.57	PROT
ATOM	2928	CG	GLN	193	-29.647	23.182	21.128	1.00	10.55	PROT
ATOM	2929	CD	GLN	193	-30.935	22.613	21.694	1.00	11.20	PROT
ATOM	2930	OE1	GLN	193	-32.005	23.209	21.550	1.00	14.63	PROT
ATOM	2931	NE2	GLN	193	-30.840	21.452	22.344	1.00	12.34	PROT
ATOM	2940	N	ALA	194	-27.301	25.735	21.559	1.00	8.50	PROT
ATOM	2941	CA	ALA	194	-27.391	27.074	20.936	1.00	7.80	PROT
ATOM	2942	C	ALA	194	-26.127	27.433	20.227	1.00	7.21	PROT
ATOM	2943	O	ALA	194	-26.137	28.146	19.226	1.00	6.73	PROT
ATOM	2944	CB	ALA	194	-27.675	28.108	22.079	1.00	7.72	PROT
ATOM	2950	N	MET	195	-24.979	26.924	20.684	1.00	6.67	PROT
ATOM	2951	CA	MET	195	-23.696	27.304	20.096	1.00	6.66	PROT
ATOM	2952	C	MET	195	-22.779	26.143	19.711	1.00	5.61	PROT
ATOM	2953	O	MET	195	-21.802	25.870	20.409	1.00	5.29	PROT
ATOM	2954	CB	MET	195	-22.341	28.262	21.023	1.00	6.66	PROT
ATOM	2955	CG	MET	195	-23.713	29.499	21.397	1.00	7.00	PROT
ATOM	2956	SD	MET	195	-22.762	30.422	22.586	1.00	6.48	PROT
ATOM	2957	CE	MET	195	-23.355	30.565	23.909	1.00	9.43	PROT
ATOM	2967	N	PRO	196	-23.057	25.497	18.570	1.00	5.22	PROT
ATOM	2968	CA	PRO	196	-22.198	24.431	18.075	1.00	5.06	PROT
ATOM	2969	C	PRO	196	-20.785	24.943	17.807	1.00	4.80	PROT
ATOM	2970	O	PRO	196	-20.610	26.107	17.436	1.00	4.49	PROT
ATOM	2971	CB	PRO	196	-22.867	24.036	16.755	1.00	5.23	PROT
ATOM	2972	CG	PRO	196	-23.679	25.220	16.367	1.00	4.79	PROT
ATOM	2973	CD	PRO	196	-24.184	25.751	17.651	1.00	4.86	PROT
ATOM	2981	N	SER	197	-19.791	24.084	18.008	1.00	4.86	PROT
ATOM	2982	CA	SER	197	-18.403	24.426	17.703	1.00	4.96	PROT
ATOM	2983	C	SER	197	-18.147	24.561	16.195	1.00	5.23	PROT
ATOM	2984	O	SER	197	-18.730	23.836	15.384	1.00	5.02	PROT
ATOM	2985	CB	SER	197	-17.459	23.402	18.334	1.00	4.94	PROT
ATOM	2986	OG	SER	197	-17.338	23.580	19.736	1.00	4.42	PROT
ATOM	2991	N	ARG	198	-17.277	25.497	15.822	1.00	5.56	PROT
ATOM	2992	CA	ARG	198	-16.926	25.721	14.419	1.00	6.03	PROT
ATOM	2993	C	ARG	198	-15.565	26.417	14.523	1.00	6.32	PROT
ATOM	2994	O	ARG	198	-15.270	27.320	15.108	1.00	5.70	PROT
ATOM	2995	CB	ARG	198	-16.018	26.577	13.746	1.00	6.15	PROT
ATOM	2996	CG	ARG	198	-17.843	26.836	12.268	1.00	6.81	PROT
ATOM	2997	CD	ARG	198	-18.993	27.686	11.678	1.00	6.37	PROT
ATOM	2998	NE	ARG	198	-19.098	29.020	12.283	1.00	8.21	PROT
ATOM	2999	CZ	ARG	198	-18.392	30.085	11.908	1.00	7.33	PROT
ATOM	3000	NH1	ARG	198	-17.495	30.006	10.939	1.00	5.92	PROT
ATOM	3001	NH2	ARG	198	-16.577	31.242	12.518	1.00	9.37	PROT
ATOM	3015	N	LEU	199	-14.745	26.006	13.358	1.00	6.60	PROT
ATOM	3016	CA	LEU	199	-13.488	26.703	13.093	1.00	7.26	PROT
ATOM	3017	C	LEU	199	-13.694	27.820	12.057	1.00	7.72	PROT
ATOM	3018	O	LEU	199	-14.038	27.562	10.909	1.00	6.94	PROT
ATOM	3019	CB	LEU	199	-12.389	25.732	12.625	1.00	7.16	PROT
ATOM	3020	CG	LEU	199	-10.979	26.318	12.433	1.00	7.44	PROT
ATOM	3021	CD1	LEU	199	-10.368	26.730	13.750	1.00	9.05	PROT
ATOM	3022	CD2	LEU	199	-10.060	25.336	11.741	1.00	7.76	PROT
ATOM	3034	N	ALA	200	-13.489	29.057	12.509	1.00	6.41	PROT
ATOM	3035	CA	ALA	200	-13.617	30.228	11.644	1.00	9.34	PROT
ATOM	3036	C	ALA	200	-12.233	30.747	11.284	1.00	10.27	PROT
ATOM	3037	O	ALA	200	-11.423	31.026	12.164	1.00	9.65	PROT
ATOM	3038	CB	ALA	200	-14.434	31.309	12.335	1.00	8.51	PROT
ATOM	3044	N	ILE	201	-11.960	30.846	9.968	1.00	11.92	PROT
ATOM	3045	CA	ILE	201	-10.691	31.366	9.496	1.00	13.65	PROT
ATOM	3046	C	ILE	201	-10.920	32.530	8.531	1.00	14.75	PROT
ATOM	3047	O	ILE	201	-11.827	32.486	7.701	1.00	14.63	PROT
ATOM	3048	CB	ILE	201	-9.821	30.272	8.800	1.00	13.79	PROT
ATOM	3049	CG1	ILE	201	-9.842	28.981	9.596	1.00	14.01	PROT
ATOM	3050	CG2	ILE	201	-8.376	30.760	8.612	1.00	13.88	PROT
ATOM	3051	CD	ILE	201	-9.146	27.812	8.907	1.00	13.98	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3063	N	ASN	202	-10.091	33.560	8.647	1.00	16.40	PROT
ATOM	3064	CA	ASN	202	-10.227	34.757	7.853	1.00	17.93	PROT
ATOM	3065	C	ASN	202	-9.639	34.620	6.441	1.00	18.75	PROT
ATOM	3066	O	ASN	202	-8.990	33.623	6.108	1.00	18.41	PROT
ATOM	3067	CE	ASN	202	-9.545	35.942	8.518	1.00	18.43	PROT
ATOM	3068	CG	ASN	202	-8.028	35.913	8.363	1.00	19.42	PROT
ATOM	3069	OD1	ASN	202	-7.406	34.843	8.396	1.00	20.35	PROT
ATOM	3070	ND2	ASN	202	-7.432	37.054	6.132	1.00	20.23	PROT
ATOM	3077	N	ASP	203	-9.912	35.643	5.646	1.00	19.86	PROT
ATOM	3078	CA	ASP	203	-9.135	36.025	4.483	1.00	20.78	PROT
ATOM	3079	C	ASP	203	-7.971	36.858	5.052	1.00	21.20	PROT
ATOM	3080	O	ASP	203	-8.213	37.884	5.702	1.00	21.59	PROT
ATOM	3081	CE	ASP	203	-10.030	36.873	3.573	1.00	20.96	PROT
ATOM	3082	CG	ASP	203	-9.536	36.934	2.145	1.00	21.50	PROT
ATOM	3083	OD1	ASP	203	-10.159	36.293	1.271	1.00	22.64	PROT
ATOM	3084	OD2	ASP	203	-6.531	37.628	1.893	1.00	22.04	PROT
ATOM	3089	N	ASP	204	-6.710	36.454	4.652	1.00	21.50	PROT
ATOM	3090	CA	ASP	204	-6.286	35.587	3.931	1.00	21.87	PROT
ATOM	3091	C	ASP	204	-6.635	33.943	4.357	1.00	21.70	PROT
ATOM	3092	O	ASP	204	-7.484	33.329	3.710	1.00	21.69	PROT
ATOM	3093	CB	ASP	204	-4.792	35.536	3.577	1.00	22.16	PROT
ATOM	3094	CG	ASP	204	-4.454	36.883	2.924	1.00	22.96	PROT
ATOM	3095	OD1	ASP	204	-5.323	37.795	2.343	1.00	23.28	PROT
ATOM	3096	OD2	ASP	204	-3.338	37.027	2.393	1.00	22.93	PROT
ATOM	3101	N	GLY	205	-5.979	33.383	5.385	1.00	21.41	PROT
ATOM	3102	CA	GLY	205	-4.795	33.983	6.006	1.00	21.25	PROT
ATOM	3103	C	GLY	205	-4.485	33.847	7.458	1.00	21.01	PROT
ATOM	3104	O	GLY	205	-4.042	32.793	7.961	1.00	21.30	PROT
ATOM	3108	N	ASN	206	-4.713	34.935	8.219	1.00	20.47	PROT
ATOM	3109	CA	ASN	206	-3.939	35.243	9.416	1.00	19.96	PROT
ATOM	3110	C	ASN	206	-4.702	35.241	10.745	1.00	19.07	PROT
ATOM	3111	O	ASN	206	-4.105	35.433	11.802	1.00	19.05	PROT
ATOM	3112	CB	ASN	206	-3.227	36.594	9.217	1.00	20.29	PROT
ATOM	3113	CG	ASN	206	-2.562	36.763	7.306	1.00	21.25	PROT
ATOM	3114	OD1	ASN	206	-2.171	35.807	7.197	1.00	22.03	PROT
ATOM	3115	ND2	ASN	206	-2.728	37.389	7.281	1.00	21.50	PROT
ATOM	3122	N	LYS	207	-6.015	35.024	10.683	1.00	17.84	PROT
ATOM	3123	CA	LYS	207	-6.864	35.012	11.871	1.00	16.59	PROT
ATOM	3124	C	LYS	207	-7.659	33.715	11.949	1.00	15.36	PROT
ATOM	3125	O	LYS	207	-8.433	33.397	11.044	1.00	15.17	PROT
ATOM	3126	CB	LYS	207	-7.818	36.213	11.881	1.00	16.63	PROT
ATOM	3127	CG	LYS	207	-7.128	37.577	11.930	1.00	17.64	PROT
ATOM	3128	CD	LYS	207	-7.743	38.570	10.343	1.00	17.75	PROT
ATOM	3129	CE	LYS	207	-9.220	38.877	11.223	1.00	18.73	PROT
ATOM	3130	NZ	LYS	207	-9.747	39.911	10.276	1.00	18.65	PROT
ATOM	3144	N	VAL	208	-7.458	32.979	13.040	1.00	13.76	PROT
ATOM	3145	CA	VAL	208	-8.121	31.693	13.285	1.00	12.10	PROT
ATOM	3146	C	VAL	208	-8.801	31.730	14.662	1.00	11.30	PROT
ATOM	3147	O	VAL	208	-8.235	32.257	15.633	1.00	11.34	PROT
ATOM	3148	CB	VAL	208	-7.096	30.524	13.202	1.00	12.32	PROT
ATOM	3149	CG1	VAL	208	-7.716	29.204	13.626	1.00	11.62	PROT
ATOM	3150	CG2	VAL	208	-6.522	30.409	11.792	1.00	11.10	PROT
ATOM	3160	N	ALA	209	-10.022	31.202	14.750	1.00	9.53	PROT
ATOM	3161	CA	ALA	209	-10.725	31.152	16.034	1.00	8.69	PROT
ATOM	3162	C	ALA	209	-11.713	29.999	16.168	1.00	7.69	PROT
ATOM	3163	O	ALA	209	-12.354	29.600	15.202	1.00	7.52	PROT
ATOM	3164	CB	ALA	209	-11.419	32.481	16.324	1.00	8.81	PROT
ATOM	3170	N	LEU	210	-11.820	29.485	17.388	1.00	6.93	PROT
ATOM	3171	CA	LEU	210	-12.615	28.482	17.744	1.00	6.00	PROT
ATOM	3172	C	LEU	210	-14.104	29.162	18.176	1.00	5.69	PROT
ATOM	3173	O	LEU	210	-14.180	29.698	19.281	1.00	5.74	PROT
ATOM	3174	CB	LEU	210	-12.268	27.589	18.880	1.00	5.94	PROT
ATOM	3175	CG	LEU	210	-13.147	26.392	19.291	1.00	5.64	PROT
ATOM	3176	CD1	LEU	210	-13.227	25.363	18.175	1.00	3.02	PROT
ATOM	3177	CD2	LEU	210	-12.621	25.734	20.573	1.00	4.91	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3189	N	GLU	211	-15.105	29.155	17.302	1.00	5.20	PROT
ATOM	3190	CA	GLU	211	-16.412	29.735	17.615	1.00	4.60	PROT
ATOM	3191	C	GLU	211	-17.308	28.667	18.255	1.00	4.10	PROT
ATOM	3192	O	GLU	211	-17.154	27.498	17.387	1.00	3.35	PROT
ATOM	3193	CB	GLU	211	-17.035	30.274	16.351	1.00	4.35	PROT
ATOM	3194	CG	GLU	211	-16.283	31.280	15.535	1.00	4.26	PROT
ATOM	3195	CD	GLU	211	-16.023	32.603	16.224	1.00	6.19	PROT
ATOM	3196	OE1	GLU	211	-16.816	33.045	17.090	1.00	5.53	PROT
ATOM	3197	OE2	GLU	211	-14.993	33.224	15.882	1.00	8.01	PROT
ATOM	3204	N	GLY	212	-18.235	29.139	19.094	1.00	3.96	PROT
ATOM	3205	CA	GLY	212	-19.238	28.261	19.710	1.00	4.12	PROT
ATOM	3206	C	GLY	212	-19.046	29.106	21.212	1.00	3.33	PROT
ATOM	3207	O	GLY	212	-18.259	28.823	21.815	1.00	3.55	PROT
ATOM	3211	N	ALA	213	-19.758	27.138	21.795	1.00	3.67	PROT
ATOM	3212	CA	ALA	213	-19.830	26.940	23.245	1.00	3.61	PROT
ATOM	3213	C	ALA	213	-18.479	26.715	23.924	1.00	3.45	PROT
ATOM	3214	O	ALA	213	-18.224	27.277	24.377	1.00	3.73	PROT
ATOM	3215	CB	ALA	213	-20.789	25.798	23.577	1.00	3.67	PROT
ATOM	3221	N	VAL	214	-17.623	25.897	23.316	1.00	3.68	PROT
ATOM	3222	CA	VAL	214	-16.315	25.577	23.900	1.00	3.04	PROT
ATOM	3223	C	VAL	214	-15.366	26.773	23.630	1.00	3.14	PROT
ATOM	3224	O	VAL	214	-14.745	27.113	24.835	1.00	2.01	PROT
ATOM	3225	CB	VAL	214	-15.688	24.232	23.311	1.00	3.26	PROT
ATOM	3226	CG1	VAL	214	-14.237	24.121	23.770	1.00	2.07	PROT
ATOM	3227	CG2	VAL	214	-16.504	23.058	23.728	1.00	2.17	PROT
ATOM	3237	N	GLY	215	-15.273	27.417	22.663	1.00	2.68	PROT
ATOM	3238	CA	GLY	215	-14.533	28.686	22.543	1.00	2.77	PROT
ATOM	3239	C	GLY	215	-14.948	29.774	23.520	1.00	2.71	PROT
ATOM	3240	O	GLY	215	-14.120	30.280	24.310	1.00	3.18	PROT
ATOM	3244	N	LEU	216	-16.227	30.124	23.507	1.00	2.08	PROT
ATOM	3245	CA	LEU	216	-16.761	31.074	24.492	1.00	2.00	PROT
ATOM	3246	C	LEU	216	-16.479	30.690	25.960	1.00	2.00	PROT
ATOM	3247	O	LEU	216	-15.990	31.527	26.714	1.00	2.00	PROT
ATOM	3248	CB	LEU	216	-18.260	31.332	24.263	1.00	2.00	PROT
ATOM	3249	CG	LEU	216	-19.011	32.124	25.341	1.00	2.00	PROT
ATOM	3250	CD1	LEU	216	-18.481	33.536	25.449	1.00	2.00	PROT
ATOM	3251	CD2	LEU	216	-20.517	32.128	25.066	1.00	2.00	PROT
ATOM	3263	N	ALA	217	-16.774	29.444	26.344	1.00	2.00	PROT
ATOM	3264	CA	ALA	217	-16.570	26.970	27.722	1.00	2.00	PROT
ATOM	3265	C	ALA	217	-15.097	28.975	26.112	1.00	2.00	PROT
ATOM	3266	O	ALA	217	-14.762	29.300	29.241	1.00	2.00	PROT
ATOM	3267	CB	ALA	217	-17.205	27.575	27.956	1.00	2.00	PROT
ATOM	3273	N	SER	218	-14.213	28.648	27.175	1.00	2.00	PROT
ATOM	3274	CA	SER	218	-12.770	26.803	27.400	1.00	2.24	PROT
ATOM	3275	C	SER	218	-12.389	30.221	27.835	1.00	2.21	PROT
ATOM	3276	O	SER	218	-11.598	30.413	28.765	1.00	2.00	PROT
ATOM	3277	CB	SER	218	-11.978	28.424	26.148	1.00	2.00	PROT
ATOM	3278	OG	SER	218	-10.671	28.990	26.205	1.00	4.20	PROT
ATOM	3283	N	THR	219	-12.961	31.214	27.171	1.00	2.27	PROT
ATOM	3284	CA	THR	219	-12.631	32.616	27.512	1.00	2.60	PROT
ATOM	3285	C	THR	219	-13.228	32.946	28.896	1.00	2.43	PROT
ATOM	3286	O	THR	219	-12.505	33.479	29.746	1.00	2.00	PROT
ATOM	3287	CB	THR	219	-13.230	33.594	26.434	1.00	3.51	PROT
ATOM	3288	OG1	THR	219	-12.593	33.302	25.191	1.00	3.71	PROT
ATOM	3289	CG2	THR	219	-12.917	35.049	26.803	1.00	4.31	PROT
ATOM	3296	N	LEU	220	-14.497	32.610	29.125	1.00	2.00	PROT
ATOM	3297	CA	LEU	220	-15.148	32.685	30.421	1.00	2.00	PROT
ATOM	3298	C	LEU	220	-14.500	32.178	31.609	1.00	2.00	PROT
ATOM	3299	O	LEU	220	-14.370	32.765	32.686	1.00	2.00	PROT
ATOM	3300	CB	LEU	220	-16.643	32.552	30.356	1.00	2.00	PROT
ATOM	3301	CG	LEU	220	-17.466	33.197	29.228	1.00	2.00	PROT
ATOM	3302	CD1	LEU	220	-16.944	32.806	29.350	1.00	3.45	PROT
ATOM	3303	CD2	LEU	220	-17.293	34.714	29.118	1.00	2.74	PROT
ATOM	3315	N	ALA	221	-14.114	30.917	31.418	1.00	2.00	PROT
ATOM	3316	CA	ALA	221	-13.398	30.152	32.440	1.00	2.27	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3317	C	ALA	221	-12.060	30.795	32.844	1.00	2.17	PROT
ATOM	3318	O	ALA	221	-11.761	30.856	34.032	1.00	2.00	PROT
ATOM	3319	CB	ALA	221	-13.157	28.723	31.371	1.00	2.20	PROT
ATOM	3325	N	GLU	222	-11.303	31.230	31.853	1.00	2.13	PROT
ATOM	3326	CA	GLU	222	-10.080	32.012	32.093	1.00	2.98	PROT
ATOM	3327	C	GLU	222	-10.388	33.321	32.847	1.00	2.60	PROT
ATOM	3328	O	GLU	222	-9.652	33.719	33.752	1.00	2.00	PROT
ATOM	3329	CB	GLU	222	-9.340	32.272	30.776	1.00	3.21	PROT
ATOM	3330	CG	GLU	222	-8.064	33.120	30.876	1.00	6.23	PROT
ATOM	3331	CD	GLU	222	-6.966	32.461	31.693	1.00	8.38	PROT
ATOM	3332	OE1	GLU	222	-7.086	31.262	32.049	1.00	9.61	PROT
ATOM	3333	OE2	GLU	222	-5.982	33.165	32.006	1.00	10.00	PROT
ATOM	3340	N	ILE	223	-11.486	33.988	32.432	1.00	2.63	PROT
ATOM	3341	CA	ILE	223	-11.864	35.218	35.196	1.00	2.62	PROT
ATOM	3342	C	ILE	223	-12.137	34.930	34.687	1.00	2.26	PROT
ATOM	3343	O	ILE	223	-11.897	35.681	35.563	1.00	2.00	PROT
ATOM	3344	CB	ILE	223	-13.050	35.968	32.512	1.00	2.92	PROT
ATOM	3345	CG1	ILE	223	-12.628	36.483	31.118	1.00	2.45	PROT
ATOM	3346	CG2	ILE	223	-15.514	37.115	33.392	1.00	2.75	PROT
ATOM	3347	CD	ILE	223	-13.751	37.189	30.289	1.00	3.70	PROT
ATOM	3359	N	PHE	224	-12.838	33.836	34.374	1.00	2.54	PROT
ATOM	3360	CA	PHE	224	-13.080	35.440	36.373	1.00	2.24	PROT
ATOM	3361	C	PHE	224	-11.772	33.194	37.121	1.00	2.01	PROT
ATOM	3362	O	PHE	224	-11.586	33.693	38.226	1.00	2.00	PROT
ATOM	3363	CB	PHE	224	-13.958	32.184	36.463	1.00	2.01	PROT
ATOM	3364	CG	PHE	224	-15.309	32.330	35.820	1.00	2.00	PROT
ATOM	3365	CD1	PHE	224	-15.939	33.555	35.841	1.00	3.21	PROT
ATOM	3366	CD2	PHE	224	-15.923	31.233	35.224	1.00	2.00	PROT
ATOM	3367	CE1	PHE	224	-17.248	35.691	35.255	1.00	2.00	PROT
ATOM	3368	CE2	PHE	224	-17.103	31.353	34.643	1.00	2.00	PROT
ATOM	3369	CZ	PHE	224	-17.846	32.595	34.652	1.00	2.00	PROT
ATOM	3379	N	LEU	225	-10.866	32.425	36.522	1.00	2.00	PROT
ATOM	3380	CA	LEU	225	-9.564	32.178	37.155	1.00	2.44	PROT
ATOM	3381	C	LEU	225	-8.305	33.476	37.447	1.00	2.00	PROT
ATOM	3382	O	LEU	225	-8.200	35.612	38.513	1.00	2.01	PROT
ATOM	3383	CB	LEU	225	-8.723	31.211	36.318	1.00	3.03	PROT
ATOM	3384	CG	LEU	225	-7.435	30.746	36.995	1.00	4.44	PROT
ATOM	3385	CD1	LEU	225	-7.255	29.246	36.823	1.00	6.20	PROT
ATOM	3386	CD2	LEU	225	-6.248	31.526	36.427	1.00	6.69	PROT
ATOM	3398	N	LEU	226	-8.866	34.428	36.517	1.00	2.00	PROT
ATOM	3399	CA	LEU	226	-8.243	35.744	36.689	1.00	2.19	PROT
ATOM	3400	C	LEU	226	-8.901	36.563	37.799	1.00	2.16	PROT
ATOM	3401	O	LEU	226	-8.182	37.262	38.554	1.00	2.00	PROT
ATOM	3402	CB	LEU	226	-8.181	36.525	35.356	1.00	2.81	PROT
ATOM	3403	CG	LEU	226	-7.214	35.953	34.314	1.00	4.36	PROT
ATOM	3404	CD1	LEU	226	-7.327	36.609	32.916	1.00	5.59	PROT
ATOM	3405	CD2	LEU	226	-5.787	35.960	34.834	1.00	4.87	PROT
ATOM	3417	N	GLU	227	-10.240	36.542	37.881	1.00	2.00	PROT
ATOM	3418	CA	GLU	227	-10.997	37.156	38.996	1.00	2.26	PROT
ATOM	3419	C	GLU	227	-10.506	36.620	40.344	1.00	2.00	PROT
ATOM	3420	O	GLU	227	-10.355	37.374	41.307	1.00	2.00	PROT
ATOM	3421	CB	GLU	227	-12.502	36.888	38.881	1.00	2.48	PROT
ATOM	3422	CG	GLU	227	-13.241	37.635	37.750	1.00	3.00	PROT
ATOM	3423	CD	GLU	227	-14.688	37.182	37.552	1.00	3.47	PROT
ATOM	3424	OE1	GLU	227	-15.197	36.302	38.295	1.00	6.37	PROT
ATOM	3425	OE2	GLU	227	-15.345	37.723	36.639	1.00	5.01	PROT
ATOM	3432	N	HSD	228	-10.279	35.310	40.404	1.00	2.00	PROT
ATOM	3433	CA	HSD	228	-9.819	34.667	41.636	1.00	2.00	PROT
ATOM	3434	C	HSD	228	-8.358	35.016	41.918	1.00	2.00	PROT
ATOM	3435	O	HSD	228	-7.983	35.299	43.058	1.00	2.22	PROT
ATOM	3436	CB	HSD	228	-10.048	33.148	41.587	1.00	2.00	PROT
ATOM	3437	CG	HSD	228	-9.896	32.476	42.914	1.00	2.42	PROT
ATOM	3438	ND1	HSD	228	-8.758	31.787	43.270	1.00	5.23	PROT
ATOM	3439	CD2	HSD	228	-10.727	32.400	43.977	1.00	3.56	PROT
ATOM	3440	CE1	HSD	228	-8.896	31.310	44.491	1.00	2.61	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3441	NE2	HSD	226	-10.076	31.682	44.951	1.00	3.92	PROT
ATOM	3449	N	ALA	229	-7.537	35.050	40.874	1.00	2.00	PROT
ATOM	3450	CA	ALA	229	-6.130	35.425	41.010	1.00	2.00	PROT
ATOM	3451	C	ALA	229	-5.984	36.898	41.406	1.00	2.00	PROT
ATOM	3452	O	ALA	229	-5.009	37.272	42.068	1.00	2.04	PROT
ATOM	3453	CB	ALA	229	-5.386	35.120	39.713	1.00	2.00	PROT
ATOM	3459	N	GLN	230	-6.955	37.720	41.001	1.00	2.00	PROT
ATOM	3460	CA	GLN	230	-7.006	39.136	41.330	1.00	2.75	PROT
ATOM	3461	C	GLN	230	-7.536	39.348	42.749	1.00	3.94	PROT
ATOM	3462	O	GLN	230	-7.429	40.458	43.237	1.00	4.74	PROT
ATOM	3463	CB	GLN	230	-7.916	39.870	40.332	1.00	2.31	PROT
ATOM	3464	CG	GLN	230	-8.108	41.386	40.559	1.00	2.00	PROT
ATOM	3465	CD	GLN	230	-6.810	42.168	40.458	1.00	2.00	PROT
ATOM	3466	OE1	GLN	230	-5.813	41.669	39.256	1.00	2.00	PROT
ATOM	3467	NE2	GLN	230	-6.815	43.401	40.967	1.00	2.00	PROT
ATOM	3476	N	GLY	231	-8.134	38.306	43.312	1.00	4.89	PROT
ATOM	3477	CA	GLY	231	-6.737	38.364	44.626	1.00	7.20	PROT
ATOM	3478	C	GLY	231	-9.927	39.306	44.639	1.00	9.03	PROT
ATOM	3479	O	GLY	231	-10.097	40.079	45.582	1.00	9.60	PROT
ATOM	3483	N	MET	232	-10.731	39.253	43.577	1.00	10.20	PROT
ATOM	3484	CA	MET	232	-11.959	40.047	43.471	1.00	11.96	PROT
ATOM	3485	C	MET	232	-12.962	39.581	44.512	1.00	11.63	PROT
ATOM	3486	O	MET	232	-12.988	38.390	44.838	1.00	11.93	PROT
ATOM	3487	CB	MET	232	-12.618	39.882	42.106	1.00	11.55	PROT
ATOM	3488	CG	MET	232	-11.757	40.152	40.921	1.00	12.75	PROT
ATOM	3489	SD	MET	232	-12.629	41.223	39.789	1.00	16.78	PROT
ATOM	3490	CE	MET	232	-11.894	42.772	40.269	1.00	10.26	PROT
ATOM	3500	N	PRO	233	-13.829	40.501	44.990	1.00	11.66	PROT
ATOM	3501	CA	PRO	233	-14.789	40.142	46.057	1.00	11.76	PROT
ATOM	3502	C	PRO	233	-15.754	39.050	45.575	1.00	11.56	PROT
ATOM	3503	O	PRO	233	-16.091	38.161	46.352	1.00	12.02	PROT
ATOM	3504	CE	PRO	233	-15.530	41.460	46.325	1.00	11.48	PROT
ATOM	3505	CG	PRO	233	-15.265	42.330	45.170	1.00	11.93	PROT
ATOM	3506	CD	PRO	233	-13.983	41.902	44.550	1.00	11.61	PROT
ATOM	3514	N	LYS	234	-16.170	39.103	43.313	1.00	11.27	PROT
ATOM	3515	CA	LYS	234	-17.050	38.080	43.772	1.00	10.91	PROT
ATOM	3516	C	LYS	234	-16.482	37.446	42.514	1.00	10.37	PROT
ATOM	3517	Q	LYS	234	-16.269	38.127	41.505	1.00	9.97	PROT
ATOM	3518	CB	LYS	234	-18.449	38.645	43.510	1.00	11.04	PROT
ATOM	3519	CG	LYS	234	-19.347	38.645	44.722	1.00	12.37	PROT
ATOM	3520	CD	LYS	234	-19.906	36.372	44.987	1.00	25.75	PROT
ATOM	3521	CB	LYS	234	-19.135	35.110	45.534	1.00	25.07	PROT
ATOM	3522	NZ	LYS	234	-17.572	34.857	45.362	1.00	21.97	PROT
ATOM	3536	N	VAL	235	-16.246	36.134	42.535	1.00	9.38	PROT
ATOM	3537	CA	VAL	235	-15.716	35.342	41.486	1.00	8.21	PROT
ATOM	3538	C	VAL	235	-16.816	34.497	40.899	1.00	7.50	PROT
ATOM	3539	O	VAL	235	-17.465	33.694	41.609	1.00	7.42	PROT
ATOM	3540	CB	VAL	235	-14.551	34.408	41.939	1.00	8.69	PROT
ATOM	3541	CG1	VAL	235	-13.375	35.217	42.485	1.00	8.22	PROT
ATOM	3542	CG2	VAL	235	-14.086	33.498	40.794	1.00	7.04	PROT
ATOM	3552	N	ALA	236	-17.124	34.685	39.607	1.00	6.92	PROT
ATOM	3553	CA	ALA	236	-16.181	33.936	38.922	1.00	6.04	PROT
ATOM	3554	C	ALA	236	-19.496	34.023	39.708	1.00	5.79	PROT
ATOM	3555	O	ALA	236	-20.252	33.044	39.791	1.00	4.79	PROT
ATOM	3556	CB	ALA	236	-17.772	32.488	38.737	1.00	6.17	PROT
ATOM	3562	N	TRP	237	-19.732	35.199	40.298	1.00	5.43	PROT
ATOM	3563	CA	TRP	237	-20.937	35.516	41.077	1.00	5.65	PROT
ATOM	3564	C	TRP	237	-21.211	34.542	42.234	1.00	5.73	PROT
ATOM	3565	O	TRP	237	-22.372	34.272	42.569	1.00	5.65	PROT
ATOM	3566	CB	TRP	237	-22.157	35.674	40.163	1.00	5.62	PROT
ATOM	3567	CG	TRP	237	-21.662	36.503	38.966	1.00	6.72	PROT
ATOM	3568	CD1	TRP	237	-21.827	37.865	38.894	1.00	6.98	PROT
ATOM	3569	CD2	TRP	237	-21.492	36.020	37.679	1.00	6.01	PROT
ATOM	3570	NB1	TRP	237	-21.478	38.260	37.652	1.00	7.13	PROT
ATOM	3571	CE2	TRP	237	-21.265	37.147	36.661	1.00	6.16	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3572	CE3	TRP	237	-21.344	34.743	37.128	1.00	6.02	PROT
ATOM	3573	CZ2	TRP	237	-20.888	37.036	35.523	1.00	6.55	PROT
ATOM	3574	CZ3	TRP	237	-20.963	34.632	35.800	1.00	6.46	PROT
ATOM	3575	CH2	TRP	237	-20.741	35.771	35.013	1.00	6.77	PROT
ATOM	3586	N	GLY	238	-20.132	34.025	42.824	1.00	5.45	PROT
ATOM	3587	CA	GLY	238	-20.202	33.083	43.937	1.00	5.24	PROT
ATOM	3588	C	GLY	238	-20.454	31.628	43.569	1.00	5.65	PROT
ATOM	3589	O	GLY	238	-20.635	30.802	44.457	1.00	5.14	PROT
ATOM	3593	N	ASN	239	-20.406	31.300	42.274	1.00	5.32	PROT
ATOM	3594	CA	ASN	239	-20.307	30.004	41.781	1.00	5.87	PROT
ATOM	3595	C	ASN	239	-19.907	28.671	41.576	1.00	5.69	PROT
ATOM	3596	O	ASN	239	-20.310	27.760	41.224	1.00	5.93	PROT
ATOM	3597	CB	ASN	239	-21.740	30.185	40.505	1.00	5.58	PROT
ATOM	3598	CG	ASN	239	-23.035	30.930	40.758	1.00	5.11	PROT
ATOM	3599	CD1	ASN	239	-23.612	30.638	41.657	1.00	5.78	PROT
ATOM	3600	ND2	ASN	239	-23.502	31.667	39.758	1.00	5.62	PROT
ATOM	3607	N	ILE	240	-16.621	29.148	41.781	1.00	6.14	PROT
ATOM	3608	CA	ILE	240	-17.501	28.102	41.786	1.00	6.09	PROT
ATOM	3609	C	ILE	240	-17.274	27.779	43.246	1.00	5.58	PROT
ATOM	3610	O	ILE	240	-16.827	26.640	44.007	1.00	7.29	PROT
ATOM	3611	CB	ILE	240	-16.305	28.489	41.011	1.00	5.88	PROT
ATOM	3612	CG1	ILE	240	-16.632	29.054	39.622	1.00	5.79	PROT
ATOM	3613	CG2	ILE	240	-15.399	27.274	40.685	1.00	5.36	PROT
ATOM	3614	CD	ILE	240	-15.421	29.613	38.881	1.00	5.45	PROT
ATOM	3626	N	HSD	241	-17.519	26.535	43.653	1.00	7.26	PROT
ATOM	3627	CA	HSD	241	-17.331	26.132	45.025	1.00	7.62	PROT
ATOM	3628	C	HSD	241	-16.229	25.180	45.269	1.00	7.39	PROT
ATOM	3629	O	HSD	241	-15.580	25.249	46.311	1.00	7.30	PROT
ATOM	3630	CB	HSD	241	-16.696	25.503	45.515	1.00	6.36	PROT
ATOM	3631	CG	HSD	241	-19.873	26.430	45.460	1.00	9.94	PROT
ATOM	3632	ND1	HSD	241	-20.845	26.347	44.486	1.00	11.72	PROT
ATOM	3653	CD2	HSD	241	-20.226	27.465	46.288	1.00	11.00	PROT
ATOM	3654	CE1	HSD	241	-21.752	27.287	44.891	1.00	11.28	PROT
ATOM	3655	NE2	HSD	241	-21.394	27.983	45.755	1.00	12.05	PROT
ATOM	3643	N	THR	242	-15.974	24.291	44.314	1.00	6.92	PROT
ATOM	3644	CA	THR	242	-15.036	23.191	44.536	1.00	7.02	PROT
ATOM	3645	C	THR	242	-13.886	23.156	43.542	1.00	5.93	PROT
ATOM	3646	O	THR	242	-13.983	23.695	42.445	1.00	7.23	PROT
ATOM	3647	CB	THR	242	-15.742	21.809	44.527	1.00	6.55	PROT
ATOM	3648	OG1	THR	242	-16.076	21.444	43.184	1.00	5.56	PROT
ATOM	3649	CG2	THR	242	-16.995	21.820	45.392	1.00	7.30	PROT
ATOM	3656	N	GLU	243	-12.300	22.503	43.344	1.00	7.08	PROT
ATOM	3657	CA	GLU	243	-11.630	22.226	43.053	1.00	6.85	PROT
ATOM	3658	C	GLU	243	-12.163	21.463	41.821	1.00	6.38	PROT
ATOM	3659	O	GLU	243	-11.759	21.761	40.692	1.00	5.51	PROT
ATOM	3660	CB	GLU	243	-10.615	21.420	43.790	1.00	7.39	PROT
ATOM	3661	CG	GLU	243	-9.663	20.676	42.867	1.00	6.63	PROT
ATOM	3662	CD	GLU	243	-8.704	19.809	43.653	1.00	9.49	PROT
ATOM	3663	OE1	GLU	243	-8.930	18.588	43.691	1.00	7.97	PROT
ATOM	3664	OE2	GLU	243	-7.741	20.362	44.199	1.00	11.16	PROT
ATOM	3671	N	GLN	244	-13.041	20.485	42.042	1.00	5.14	PROT
ATOM	3672	CA	GLN	244	-13.617	19.717	40.945	1.00	4.68	PROT
ATOM	3673	C	GLN	244	-14.289	20.612	39.881	1.00	3.99	PROT
ATOM	3674	O	GLN	244	-14.139	20.367	38.676	1.00	3.31	PROT
ATOM	3675	CB	GLN	244	-14.503	18.674	41.474	1.00	4.41	PROT
ATOM	3676	CG	GLN	244	-15.122	17.733	40.401	1.00	4.63	PROT
ATOM	3677	CD	GLN	244	-15.468	16.262	40.731	1.00	10.22	PROT
ATOM	3678	OE1	GLN	244	-16.575	16.076	40.539	1.00	13.93	PROT
ATOM	3679	NE2	GLN	244	-14.580	15.348	41.318	1.00	14.14	PROT
ATOM	3688	N	GLN	245	-15.005	21.642	40.339	1.00	3.48	PROT
ATOM	3689	CA	GLN	245	-15.657	22.921	39.457	1.00	3.56	PROT
ATOM	3690	C	GLN	245	-14.659	23.525	38.753	1.00	3.07	PROT
ATOM	3691	O	GLN	245	-14.855	23.872	37.589	1.00	2.89	PROT
ATOM	3692	CB	GLN	245	-16.657	23.494	40.231	1.00	3.63	PROT
ATOM	3693	CG	GLN	245	-17.995	22.813	40.438	1.00	5.02	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3694	CD	GLN	245	-18.810	23.415	41.566	1.00	6.61	PROT
ATOM	3695	OE1	GLN	245	-18.345	24.271	42.513	1.00	7.00	PROT
ATOM	3696	NE2	GLN	245	-20.043	22.353	41.634	1.00	8.44	PROT
ATOM	3705	N	TRP	246	-13.593	23.311	39.454	1.00	2.79	PROT
ATOM	3706	CA	TRP	246	-12.538	24.684	38.822	1.00	2.54	PROT
ATOM	3707	C	TRP	246	-11.933	23.691	37.670	1.00	2.35	PROT
ATOM	3708	O	TRP	246	-11.725	24.435	36.560	1.00	2.00	PROT
ATOM	3709	CB	TRP	246	-11.442	25.057	39.808	1.00	2.58	PROT
ATOM	3710	CG	TRP	246	-11.695	26.339	40.537	1.00	3.39	PROT
ATOM	3711	CD1	TRP	246	-11.934	26.476	41.869	1.00	2.69	PROT
ATOM	3712	CD2	TRP	246	-11.712	27.665	39.982	1.00	3.44	PROT
ATOM	3713	NE1	TRP	246	-12.107	27.803	42.132	1.00	6.09	PROT
ATOM	3714	CE2	TRP	246	-11.981	28.553	41.039	1.00	2.93	PROT
ATOM	3715	CE3	TRP	246	-11.548	28.182	38.684	1.00	2.71	PROT
ATOM	3716	CZ2	TRP	246	-12.077	29.946	40.851	1.00	5.81	PROT
ATOM	3717	CZ3	TRP	246	-11.654	29.557	38.493	1.00	2.47	PROT
ATOM	3718	CH2	TRP	246	-11.913	30.423	39.569	1.00	2.84	PROT
ATOM	3729	N	ASN	247	-11.662	22.608	37.919	1.00	2.00	PROT
ATOM	3730	CA	ASN	247	-10.992	21.769	36.939	1.00	2.50	PROT
ATOM	3731	C	ASN	247	-11.835	21.575	35.705	1.00	2.01	PROT
ATOM	3732	O	ASN	247	-11.417	21.678	34.580	1.00	2.60	PROT
ATOM	3733	CB	ASN	247	-10.610	20.409	37.549	1.00	2.50	PROT
ATOM	3734	CG	ASN	247	-9.361	20.473	38.426	1.00	3.92	PROT
ATOM	3735	OD1	ASN	247	-8.663	21.464	38.463	1.00	7.36	PROT
ATOM	3736	ND2	ASN	247	-9.073	19.376	39.107	1.00	5.56	PROT
ATOM	3743	N	SER	248	-13.168	21.522	35.945	1.00	2.00	PROT
ATOM	3744	CA	SER	248	-14.171	21.135	34.884	1.00	2.06	PROT
ATOM	3745	C	SER	248	-14.284	22.357	33.948	1.00	2.10	PROT
ATOM	3746	O	SER	248	-14.343	22.199	32.722	1.00	2.30	PROT
ATOM	3747	CB	SER	248	-15.531	20.749	35.506	1.00	2.00	PROT
ATOM	3748	CG	SER	248	-16.535	20.480	34.533	1.00	2.40	PROT
ATOM	3753	N	LEU	249	-14.305	23.562	34.526	1.00	2.00	PROT
ATOM	3754	CA	LEU	249	-14.346	24.807	35.744	1.00	2.00	PROT
ATOM	3755	C	LEU	249	-15.064	25.020	32.953	1.00	2.00	PROT
ATOM	3756	O	LEU	249	-13.111	25.269	31.748	1.00	2.00	PROT
ATOM	3757	CB	LEU	249	-14.632	26.027	34.636	1.00	2.00	PROT
ATOM	3758	CG	LEU	249	-16.036	26.035	35.252	1.00	2.37	PROT
ATOM	3759	CD1	LEU	249	-16.193	27.198	36.223	1.00	3.63	PROT
ATOM	3760	CD2	LEU	249	-17.132	26.089	34.168	1.00	2.00	PROT
ATOM	3772	N	LEU	250	-11.920	24.892	33.620	1.00	2.00	PROT
ATOM	3773	CA	LEU	250	-10.636	25.116	32.948	1.00	2.51	PROT
ATOM	3774	C	LEU	250	-10.289	24.056	31.914	1.00	2.05	PROT
ATOM	3775	O	LEU	250	-9.466	24.302	31.051	1.00	2.35	PROT
ATOM	3776	CB	LEU	250	-9.491	25.289	33.948	1.00	2.33	PROT
ATOM	3777	CG	LEU	250	-9.173	26.716	34.416	1.00	3.60	PROT
ATOM	3778	CD1	LEU	250	-10.329	27.303	35.221	1.00	4.29	PROT
ATOM	3779	CD2	LEU	250	-8.798	27.642	33.220	1.00	3.17	PROT
ATOM	3791	N	LYS	251	-10.907	22.879	32.012	1.00	2.55	PROT
ATOM	3792	CA	LYS	251	-10.734	21.842	31.000	1.00	3.10	PROT
ATOM	3793	C	LYS	251	-11.104	22.384	29.606	1.00	2.88	PROT
ATOM	3794	O	LYS	251	-10.428	22.094	28.615	1.00	2.97	PROT
ATOM	3795	CB	LYS	251	-11.572	20.603	31.356	1.00	3.79	PROT
ATOM	3796	CG	LYS	251	-11.673	19.566	30.242	1.00	5.55	PROT
ATOM	3797	CD	LYS	251	-11.927	18.159	30.794	1.00	8.54	PROT
ATOM	3798	CE	LYS	251	-13.399	17.823	30.804	1.00	10.50	PROT
ATOM	3799	NZ	LYS	251	-13.602	16.364	31.026	1.00	11.77	PROT
ATOM	3813	N	LEU	252	-12.156	23.193	29.550	1.00	2.97	PROT
ATOM	3814	CA	LEU	252	-12.601	23.835	28.305	1.00	2.99	PROT
ATOM	3815	C	LEU	252	-11.526	24.770	27.746	1.00	2.76	PROT
ATOM	3816	O	LEU	252	-11.266	24.788	26.541	1.00	2.86	PROT
ATOM	3817	CB	LEU	252	-13.902	24.604	28.547	1.00	3.15	PROT
ATOM	3818	CG	LEU	252	-15.136	23.760	28.905	1.00	4.13	PROT
ATOM	3819	CD1	LEU	252	-16.194	24.614	29.604	1.00	4.74	PROT
ATOM	3820	CD2	LEU	252	-15.729	23.040	27.684	1.00	4.65	PROT
ATOM	3832	N	HSD	253	-10.894	25.523	28.644	1.00	2.58	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3833	CA	HSD	253	-9.837	26.446	28.295	1.00	2.90	PROT
ATOM	3834	C	HSD	253	-8.571	25.751	27.804	1.00	2.67	PROT
ATOM	3835	O	HSD	253	-7.232	26.162	26.795	1.00	3.21	PROT
ATOM	3836	CB	HSD	253	-9.535	27.358	29.486	1.00	2.97	PROT
ATOM	3837	CG	HSD	253	-8.384	28.284	29.275	1.00	4.58	PROT
ATOM	3838	ND1	HSD	253	-8.516	29.510	28.658	1.00	4.97	PROT
ATOM	3839	CD2	HSD	253	-7.068	28.197	29.650	1.00	5.22	PROT
ATOM	3840	CE1	HSD	253	-7.353	30.131	28.661	1.00	4.54	PROT
ATOM	3841	NE2	HSD	253	-6.467	29.352	29.253	1.00	5.30	PROT
ATOM	3849	N	ASN	254	-8.119	24.728	28.526	1.00	2.59	PROT
ATOM	3850	CA	ASN	254	-6.945	23.951	28.085	1.00	2.44	PROT
ATOM	3851	C	ASN	254	-7.183	23.231	26.753	1.00	2.45	PROT
ATOM	3852	O	ASN	254	-6.258	23.092	25.957	1.00	2.24	PROT
ATOM	3853	CB	ASN	254	-6.494	22.938	29.147	1.00	2.25	PROT
ATOM	3854	CG	ASN	254	-6.059	23.595	30.451	1.00	2.51	PROT
ATOM	3855	OD1	ASN	254	-5.449	24.666	30.468	1.00	2.78	PROT
ATOM	3856	ND2	ASN	254	-6.381	22.950	31.545	1.00	2.76	PROT
ATOM	3863	N	ALA	255	-8.424	22.795	26.515	1.00	2.46	PROT
ATOM	3864	CA	ALA	255	-8.804	22.186	25.241	1.00	2.81	PROT
ATOM	3865	C	ALA	255	-8.711	23.154	24.094	1.00	2.85	PROT
ATOM	3866	O	ALA	255	-8.199	22.827	23.022	1.00	2.52	PROT
ATOM	3867	CB	ALA	255	-10.226	21.598	25.513	1.00	2.00	PROT
ATOM	3873	N	GLN	256	-9.244	24.348	24.325	1.00	3.13	PROT
ATOM	3874	CA	GLN	256	-9.235	25.401	23.319	1.00	3.86	PROT
ATOM	3875	C	GLN	256	-7.810	25.750	22.926	1.00	3.34	PROT
ATOM	3876	O	GLN	256	-7.515	25.312	21.745	1.00	3.84	PROT
ATOM	3877	CB	GLN	256	-9.393	26.632	23.306	1.00	3.76	PROT
ATOM	3878	CG	GLN	256	-10.183	27.719	22.733	1.00	6.52	PROT
ATOM	3879	CD	GLN	256	-9.205	28.876	22.876	1.00	11.10	PROT
ATOM	3880	OE1	GLN	256	-8.494	29.220	21.932	1.00	14.66	PROT
ATOM	3881	NE2	GLN	256	-9.173	23.468	24.056	1.00	12.60	PROT
ATOM	3890	N	PHE	257	-6.935	25.845	23.930	1.00	3.08	PROT
ATOM	3891	CA	PHE	257	-5.518	26.064	23.721	1.00	2.83	PROT
ATOM	3892	C	PHE	257	-4.771	24.963	23.008	1.00	2.45	PROT
ATOM	3893	O	PHE	257	-3.906	25.230	22.174	1.00	2.54	PROT
ATOM	3894	CB	PHE	257	-4.855	26.494	25.039	1.00	2.41	PROT
ATOM	3895	CG	PHE	257	-4.897	27.976	25.237	1.00	3.23	PROT
ATOM	3896	CD1	PHE	257	-3.770	28.738	25.008	1.00	4.55	PROT
ATOM	3897	CD2	PHE	257	-6.107	28.616	25.515	1.00	3.03	PROT
ATOM	3898	CE1	PHE	257	-3.817	30.124	25.133	1.00	5.36	PROT
ATOM	3899	CE2	PHE	257	-6.167	30.009	25.620	1.00	4.80	PROT
ATOM	3900	CZ	PHE	257	-5.014	30.752	25.439	1.00	4.29	PROT
ATOM	3910	N	ASP	258	-5.121	23.730	23.311	1.00	2.85	PROT
ATOM	3911	CA	ASP	258	-4.570	22.589	22.579	1.00	4.03	PROT
ATOM	3912	C	ASP	258	-4.880	22.692	21.075	1.00	3.31	PROT
ATOM	3913	O	ASP	258	-3.986	22.584	20.226	1.00	3.35	PROT
ATOM	3914	CB	ASP	258	-5.115	21.274	23.150	1.00	4.59	PROT
ATOM	3915	CG	ASP	258	-4.447	20.053	22.553	1.00	6.92	PROT
ATOM	3916	OD1	ASP	258	-3.209	20.056	22.409	1.00	9.90	PROT
ATOM	3917	OD2	ASP	258	-5.162	19.078	22.225	1.00	11.03	PROT
ATOM	3922	N	LEU	259	-6.148	22.924	20.758	1.00	2.92	PROT
ATOM	3923	CA	LEU	259	-6.580	23.011	19.367	1.00	3.06	PROT
ATOM	3924	C	LEU	259	-6.055	24.234	18.626	1.00	2.87	PROT
ATOM	3925	O	LEU	259	-5.609	24.119	17.474	1.00	3.56	PROT
ATOM	3926	CB	LEU	259	-8.112	22.937	19.257	1.00	3.04	PROT
ATOM	3927	CG	LEU	259	-8.817	21.754	19.914	1.00	3.29	PROT
ATOM	3928	CD1	LEU	259	-10.326	21.901	19.742	1.00	3.33	PROT
ATOM	3929	CD2	LEU	259	-8.321	20.431	19.354	1.00	4.84	PROT
ATOM	3941	N	MET	260	-6.103	25.395	19.269	1.00	2.39	PROT
ATOM	3942	CA	MET	260	-5.763	26.644	18.596	1.00	2.81	PROT
ATOM	3943	C	MET	260	-4.295	27.024	18.631	1.00	2.51	PROT
ATOM	3944	O	MET	260	-3.841	27.749	17.753	1.00	2.00	PROT
ATOM	3945	CB	MET	260	-6.606	27.814	19.116	1.00	3.54	PROT
ATOM	3946	CG	MET	260	-8.101	27.734	18.825	1.00	6.15	PROT
ATOM	3947	SD	MET	260	-8.492	27.539	17.081	1.00	12.80	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	3948 CB	MET	260	-8.804	25.805	17.030	1.00	6.34	PROT
ATOM	3952 N	SER	261	-3.564	26.561	19.643	1.00	2.88	PROT
ATOM	3952 CA	SER	261	-2.160	26.253	19.822	1.00	3.70	PROT
ATOM	3960 C	SER	261	-1.143	25.795	19.846	1.00	3.54	PROT
ATOM	3961 O	SER	261	0.011	25.855	19.461	1.00	4.13	PROT
ATOM	3962 CB	SER	261	-1.332	27.624	21.077	1.00	3.66	PROT
ATOM	3963 OG	SER	261	-2.516	29.155	20.896	1.00	5.70	PROT
ATOM	3968 N	ARG	262	-1.557	24.620	20.314	1.00	3.67	PROT
ATOM	3969 CA	ARG	262	-0.639	23.452	20.327	1.00	3.24	PROT
ATOM	3970 C	ARG	262	-0.604	22.854	19.023	1.00	3.73	PROT
ATOM	3971 O	ARG	262	0.438	22.107	18.667	1.00	4.26	PROT
ATOM	3972 CB	ARG	262	-0.888	22.543	21.524	1.00	4.18	PROT
ATOM	3973 CG	ARG	262	-0.745	23.236	22.898	1.00	4.84	PROT
ATOM	3974 CD	ARG	262	-0.232	22.260	23.997	1.00	10.03	PROT
ATOM	3975 NE	ARG	262	-0.792	20.943	23.708	1.00	14.21	PROT
ATOM	3976 CZ	ARG	262	-0.066	19.859	23.412	1.00	14.65	PROT
ATOM	3977 NH1	ARG	262	1.267	19.870	23.435	1.00	14.69	PROT
ATOM	3978 NH2	ARG	262	-0.711	18.769	23.119	1.00	11.65	PROT
ATOM	3992 N	THR	263	-1.734	22.583	16.319	1.00	3.54	PROT
ATOM	3993 CA	THR	263	-1.814	21.914	17.000	1.00	3.69	PROT
ATOM	3994 C	THR	263	-0.519	22.219	16.229	1.00	4.03	PROT
ATOM	3995 O	THR	263	-0.251	23.385	15.955	1.00	4.64	PROT
ATOM	3996 CB	THR	263	-3.055	22.424	16.222	1.00	3.39	PROT
ATOM	3997 OG1	THR	263	-4.248	22.049	16.921	1.00	2.35	PROT
ATOM	3998 CG2	THR	263	-3.114	21.874	14.797	1.00	3.17	PROT
ATOM	4005 N	PRO	264	0.309	21.186	15.917	1.00	4.63	PROT
ATOM	4006 CA	PRO	264	1.659	21.420	15.365	1.00	4.72	PROT
ATOM	4007 C	PRO	264	1.752	22.345	14.132	1.00	4.77	PROT
ATOM	4008 O	PRO	264	2.674	23.162	14.070	1.00	3.58	PROT
ATOM	4009 CB	PRO	264	2.159	20.007	15.042	1.00	5.65	PROT
ATOM	4010 CG	PRO	264	1.422	19.133	16.011	1.00	5.68	PROT
ATOM	4011 CD	PRO	264	0.057	19.746	16.113	1.00	5.12	PROT
ATOM	4019 N	TYR	265	0.844	22.199	13.175	1.00	3.82	PROT
ATOM	4020 CA	TYR	265	0.781	23.105	12.023	1.00	4.05	PROT
ATOM	4021 C	TYR	265	0.718	24.599	12.414	1.00	3.79	PROT
ATOM	4022 O	TYR	265	1.449	25.427	11.355	1.00	3.58	PROT
ATOM	4023 CB	TYR	265	-0.400	22.738	11.118	1.00	4.47	PROT
ATOM	4024 CG	TYR	265	-0.499	23.596	9.662	1.00	5.56	PROT
ATOM	4025 CD1	TYR	265	0.337	23.371	8.795	1.00	5.47	PROT
ATOM	4026 CD2	TYR	265	-1.414	24.651	9.809	1.00	6.44	PROT
ATOM	4027 CE1	TYR	265	0.262	24.163	7.661	1.00	7.13	PROT
ATOM	4028 CE2	TYR	265	-1.434	25.456	8.671	1.00	5.49	PROT
ATOM	4029 CZ	TYR	265	-0.648	25.201	7.604	1.00	6.04	PROT
ATOM	4030 OH	TYR	265	-0.711	25.971	6.457	1.00	6.52	PROT
ATOM	4039 N	ILE	266	-0.162	24.925	13.358	1.00	2.90	PROT
ATOM	4040 CA	ILE	266	-0.530	26.292	13.654	1.00	5.30	PROT
ATOM	4041 C	ILE	266	0.845	26.698	14.751	1.00	2.97	PROT
ATOM	4042 O	ILE	266	1.326	27.328	14.680	1.00	2.90	PROT
ATOM	4043 CB	ILE	266	-1.665	26.455	14.640	1.00	3.05	PROT
ATOM	4044 CG1	ILE	266	-2.862	26.215	13.715	1.00	3.33	PROT
ATOM	4045 CG2	ILE	266	-1.742	27.830	15.357	1.00	3.59	PROT
ATOM	4046 CD	ILE	266	-4.173	25.893	14.426	1.00	3.45	PROT
ATOM	4058 N	ALA	267	1.306	25.756	15.568	1.00	2.97	PROT
ATOM	4059 CA	ALA	267	2.349	26.012	16.559	1.00	3.39	PROT
ATOM	4060 C	ALA	267	3.663	26.407	15.888	1.00	2.90	PROT
ATOM	4061 O	ALA	267	4.327	27.528	16.326	1.00	2.80	PROT
ATOM	4062 CB	ALA	267	2.532	24.794	17.476	1.00	2.96	PROT
ATOM	4066 N	LYS	268	4.019	25.736	14.803	1.00	2.85	PROT
ATOM	4068 CN	LYS	268	5.275	26.063	14.107	1.00	2.85	PROT
ATOM	4070 C	LYS	268	5.215	27.404	13.358	1.00	2.70	PROT
ATOM	4071 O	LYS	268	5.228	28.096	13.238	1.00	2.43	PROT
ATOM	4072 CB	LYS	268	5.715	24.921	13.176	1.00	3.42	PROT
ATOM	4073 CG	LYS	268	4.764	24.650	12.027	1.00	3.26	PROT
ATOM	4074 CD	LYS	268	5.248	23.549	11.110	1.00	3.56	PROT
ATOM	4075 CE	LYS	268	4.415	23.511	9.852	1.00	4.15	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4076	NZ	LYS	268	4.621	22.242	9.118	1.00	6.03	PROT
ATOM	4090	N	HSD	269	4.034	27.763	12.857	1.00	2.47	PROT
ATOM	4091	CA	HSD	269	3.842	29.035	12.143	1.00	2.69	PROT
ATOM	4092	C	HSD	269	3.918	30.241	15.084	1.00	2.81	PROT
ATOM	4093	O	HSD	269	4.331	31.330	12.586	1.00	3.29	PROT
ATOM	4094	CB	HSD	269	2.505	29.040	11.407	1.00	2.64	PROT
ATOM	4095	CG	HSD	269	2.556	28.327	10.032	1.00	3.35	PROT
ATOM	4096	ND1	HSD	269	2.302	26.981	9.973	1.00	4.72	PROT
ATOM	4097	CD2	HSD	269	2.838	28.763	8.845	1.00	4.80	PROT
ATOM	4098	CE1	HSD	269	2.429	26.620	8.708	1.00	3.86	PROT
ATOM	4099	NE2	HSD	269	2.751	27.688	8.003	1.00	4.94	PROT
ATOM	4107	N	ASN	270	3.516	30.017	14.323	1.00	2.44	PROT
ATOM	4108	CA	ASN	270	3.454	31.044	15.348	1.00	3.16	PROT
ATOM	4109	C	ASN	270	4.653	30.998	16.310	1.00	2.45	PROT
ATOM	4110	O	ASN	270	5.032	32.025	16.879	1.00	2.07	PROT
ATOM	4111	CB	ASN	270	2.151	30.593	16.130	1.00	3.29	PROT
ATOM	4112	CG	ASN	270	0.274	31.496	15.405	1.00	7.11	PROT
ATOM	4113	OD1	ASN	270	0.936	32.704	15.166	1.00	11.82	PROT
ATOM	4114	ND2	ASN	270	0.012	30.658	15.029	1.00	9.68	PROT
ATOM	4121	N	GLY	271	5.202	29.809	16.492	1.00	2.29	PROT
ATOM	4122	CA	GLY	271	6.252	29.650	17.496	1.00	2.63	PROT
ATOM	4123	C	GLY	271	7.681	29.495	17.002	1.00	2.72	PROT
ATOM	4124	O	GLY	271	8.595	29.448	17.811	1.00	3.41	PROT
ATOM	4128	N	THR	272	7.886	29.414	15.689	1.00	2.65	PROT
ATOM	4129	CA	THR	272	9.251	29.259	15.132	1.00	2.53	PROT
ATOM	4130	C	THR	272	10.297	30.309	15.591	1.00	2.84	PROT
ATOM	4131	O	THR	272	11.384	29.917	16.034	1.00	2.14	PROT
ATOM	4132	CB	THR	272	9.249	29.055	13.590	1.00	2.64	PROT
ATOM	4133	OG1	THR	272	8.799	27.726	13.293	1.00	2.00	PROT
ATOM	4134	CG2	THR	272	10.645	29.253	12.985	1.00	2.16	PROT
ATOM	4141	N	PRO	273	9.383	31.651	15.472	1.00	3.18	PROT
ATOM	4142	CA	PRO	273	10.323	32.658	15.991	1.00	3.00	PROT
ATOM	4143	C	PRO	273	11.329	32.458	17.462	1.00	2.64	PROT
ATOM	4144	O	PRO	273	12.507	32.575	17.798	1.00	2.00	PROT
ATOM	4145	CB	PRO	273	10.169	33.962	15.802	1.00	3.45	PROT
ATOM	4146	CG	PRO	273	9.256	33.682	14.650	1.00	3.72	PROT
ATOM	4147	CD	PRO	273	8.820	32.263	14.828	1.00	2.86	PROT
ATOM	4155	N	LEU	274	10.357	32.181	18.328	1.00	2.00	PROT
ATOM	4156	CA	LEU	274	10.648	31.979	19.741	1.00	2.18	PROT
ATOM	4157	C	LEU	274	11.519	30.756	20.008	1.00	2.00	PROT
ATOM	4158	O	LEU	274	12.508	30.854	20.743	1.00	2.00	PROT
ATOM	4159	CB	LEU	274	9.358	31.929	20.577	1.00	2.00	PROT
ATOM	4160	CG	LEU	274	8.883	33.271	21.139	1.00	4.76	PROT
ATOM	4161	CD1	LEU	274	9.874	33.724	22.199	1.00	3.36	PROT
ATOM	4162	CD2	LEU	274	7.508	33.114	21.742	1.00	6.75	PROT
ATOM	4174	N	LEU	275	11.167	29.627	19.389	1.00	2.00	PROT
ATOM	4175	CA	LEU	275	11.944	28.385	19.522	1.00	2.41	PROT
ATOM	4176	C	LEU	275	13.389	28.541	19.063	1.00	2.73	PROT
ATOM	4177	O	LEU	275	14.313	28.171	19.780	1.00	2.88	PROT
ATOM	4178	CB	LEU	275	11.278	27.193	18.813	1.00	2.00	PROT
ATOM	4179	CG	LEU	275	11.895	25.814	19.118	1.00	2.08	PROT
ATOM	4180	CD1	LEU	275	11.847	25.446	20.605	1.00	2.23	PROT
ATOM	4181	CD2	LEU	275	11.316	24.665	18.251	1.00	2.25	PROT
ATOM	4193	N	GLN	276	13.564	29.102	17.868	1.00	3.17	PROT
ATOM	4194	CA	GLN	276	14.880	29.446	17.356	1.00	3.37	PROT
ATOM	4195	C	GLN	276	15.669	30.367	18.308	1.00	2.83	PROT
ATOM	4196	O	GLN	276	16.851	30.145	18.549	1.00	2.23	PROT
ATOM	4197	CB	GLN	276	14.752	30.018	15.935	1.00	3.63	PROT
ATOM	4198	CG	GLN	276	14.378	28.934	14.893	1.00	5.11	PROT
ATOM	4199	CD	GLN	276	14.282	29.439	13.459	1.00	4.81	PROT
ATOM	4200	OE1	GLN	276	14.054	30.624	15.213	1.00	5.03	PROT
ATOM	4201	NE2	GLN	276	14.433	28.519	12.498	1.00	5.08	PROT
ATOM	4210	N	THR	277	15.001	31.365	18.886	1.00	3.09	PROT
ATOM	4211	CA	THR	277	15.631	32.260	19.863	1.00	2.65	PROT
ATOM	4212	C	THR	277	16.013	31.550	21.175	1.00	2.25	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4213	O	THR	277	17.114	31.744	21.707	1.00	2.00	PROT
ATOM	4214	CB	THR	277	14.730	33.470	20.152	1.00	3.05	PROT
ATOM	4215	CG1	THR	277	14.626	34.265	18.968	1.00	4.86	PROT
ATOM	4216	CG2	THR	277	15.294	34.323	21.300	1.00	3.24	PROT
ATOM	4223	N	ILE	278	15.099	30.744	21.700	1.00	2.00	PROT
ATOM	4224	CA	ILE	278	15.405	29.926	22.870	1.00	2.16	PROT
ATOM	4225	C	ILE	278	16.604	28.996	22.591	1.00	2.00	PROT
ATOM	4226	O	ILE	278	17.609	29.043	23.309	1.00	2.00	PROT
ATOM	4227	CB	ILE	278	14.156	29.181	23.390	1.00	2.52	PROT
ATOM	4228	CG1	ILE	278	15.157	30.209	23.944	1.00	2.00	PROT
ATOM	4229	CG2	ILE	278	14.526	28.187	24.479	1.00	2.43	PROT
ATOM	4230	CD	ILE	278	11.727	29.663	24.176	1.00	3.75	PROT
ATOM	4242	N	ALA	279	16.502	28.202	21.522	1.00	2.00	PROT
ATOM	4243	CA	ALA	279	17.573	27.295	21.106	1.00	2.00	PROT
ATOM	4244	C	ALA	279	16.950	26.001	21.117	1.00	2.00	PROT
ATOM	4245	O	ALA	279	19.692	27.511	21.709	1.00	2.00	PROT
ATOM	4246	CB	ALA	279	17.288	26.716	19.716	1.00	2.00	PROT
ATOM	4252	N	HSD	280	16.985	29.164	20.480	1.00	2.25	PROT
ATOM	4253	CA	HSD	280	20.245	29.374	20.276	1.00	2.27	PROT
ATOM	4254	C	HSD	280	20.811	30.381	21.605	1.00	2.65	PROT
ATOM	4255	O	HSD	280	22.013	30.268	21.833	1.00	2.02	PROT
ATOM	4256	CB	HSD	280	20.075	31.031	19.289	1.00	2.01	PROT
ATOM	4257	CG	HSD	280	21.357	31.735	18.962	1.00	2.59	PROT
ATOM	4258	ND1	HSD	280	21.757	32.686	19.606	1.00	2.93	PROT
ATOM	4259	CD2	HSD	280	22.342	31.437	18.083	1.00	3.63	PROT
ATOM	4260	CE1	HSD	280	22.324	33.275	19.128	1.00	4.17	PROT
ATOM	4261	NE2	HSD	280	23.301	32.414	18.200	1.00	2.85	PROT
ATOM	4259	N	ALA	281	19.950	30.920	22.478	1.00	2.95	PROT
ATOM	4270	CA	ALA	281	20.386	31.358	23.816	1.00	3.63	PROT
ATOM	4271	C	ALA	281	20.361	30.195	24.639	1.00	4.19	PROT
ATOM	4272	O	ALA	281	21.894	30.380	25.454	1.00	4.36	PROT
ATOM	4273	CB	ALA	281	19.230	32.050	24.571	1.00	3.83	PROT
ATOM	4279	N	LEU	282	20.433	28.989	24.416	1.00	5.06	PROT
ATOM	4280	CA	LEU	282	20.901	27.788	25.118	1.00	5.36	PROT
ATOM	4281	C	LEU	282	22.222	27.246	24.557	1.00	6.17	PROT
ATOM	4282	O	LEU	282	22.523	26.347	25.148	1.00	5.73	PROT
ATOM	4283	CB	LEU	282	19.822	26.691	25.152	1.00	4.36	PROT
ATOM	4284	CG	LEU	282	18.503	26.930	25.837	1.00	3.91	PROT
ATOM	4285	CD1	LEU	282	17.408	26.015	25.496	1.00	3.34	PROT
ATOM	4286	CD2	LEU	282	18.709	27.002	27.423	1.00	2.18	PROT
ATOM	4298	N	GLY	283	22.652	27.764	23.411	1.00	7.22	PROT
ATOM	4299	CA	GLY	283	23.359	27.422	22.622	1.00	6.72	PROT
ATOM	4300	C	GLY	283	23.892	26.605	21.538	1.00	9.89	PROT
ATOM	4301	O	GLY	283	24.321	26.129	21.082	1.00	9.62	PROT
ATOM	4305	N	SER	284	22.703	26.454	20.953	1.00	11.20	PROT
ATOM	4306	CA	SER	284	22.541	25.737	19.690	1.00	12.67	PROT
ATOM	4307	C	SER	284	23.257	26.426	18.528	1.00	13.73	PROT
ATOM	4308	O	SER	284	23.248	27.657	18.426	1.00	13.58	PROT
ATOM	4309	CB	SER	284	21.059	25.569	19.357	1.00	12.83	PROT
ATOM	4310	CG	SER	284	20.422	24.728	20.304	1.00	13.58	PROT
ATOM	4315	N	ASN	285	23.851	25.625	17.644	1.00	14.88	PROT
ATOM	4316	CA	ASN	285	24.564	26.133	16.462	1.00	16.45	PROT
ATOM	4317	C	ASN	285	23.593	26.578	15.364	1.00	17.15	PROT
ATOM	4318	O	ASN	285	23.823	26.368	14.169	1.00	17.28	PROT
ATOM	4319	CB	ASN	285	25.549	25.080	15.934	1.00	16.75	PROT
ATOM	4320	CG	ASN	285	26.471	25.523	14.847	1.00	17.57	PROT
ATOM	4321	OD1	ASN	285	26.633	25.003	13.790	1.00	20.17	PROT
ATOM	4322	ND2	ASN	285	27.076	25.782	15.099	1.00	18.07	PROT
ATOM	4329	N	ILE	286	22.499	27.186	15.802	1.00	17.97	PROT
ATOM	4330	CA	ILE	286	21.437	27.676	14.942	1.00	19.06	PROT
ATOM	4331	C	ILE	286	21.742	29.138	14.578	1.00	19.26	PROT
ATOM	4332	O	ILE	286	22.673	29.737	15.129	1.00	19.67	PROT
ATOM	4333	CB	ILE	286	20.076	27.529	15.638	1.00	19.19	PROT
ATOM	4334	CG1	ILE	286	16.926	27.256	14.714	1.00	20.03	PROT
ATOM	4335	CG2	ILE	286	19.820	28.715	16.628	1.00	19.40	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4336	CD	ILE	286	17.630	26.813	15.403	1.00	19.77	PROT
ATOM	4348	N	THR	287	20.995	29.692	13.524	1.00	19.35	PROT
ATOM	4349	CA	THR	287	21.047	31.123	13.329	1.00	19.22	PROT
ATOM	4350	C	THR	287	19.746	31.752	13.838	1.00	18.84	PROT
ATOM	4351	O	THR	287	18.862	31.212	13.616	1.00	19.08	PROT
ATOM	4352	CB	THR	287	21.240	31.394	11.810	1.00	19.37	PROT
ATOM	4353	CG1	THR	287	22.487	30.837	11.375	1.00	20.03	PROT
ATOM	4354	CG2	THR	287	21.235	32.694	11.505	1.00	19.77	PROT
ATOM	4361	N	SER	288	19.862	32.871	14.550	1.00	18.17	PROT
ATOM	4362	CA	SER	288	18.680	33.597	15.016	1.00	17.36	PROT
ATOM	4363	C	SER	288	18.910	35.096	15.127	1.00	16.63	PROT
ATOM	4364	O	SER	288	19.949	35.540	15.623	1.00	16.86	PROT
ATOM	4365	CB	SER	288	18.190	33.059	16.364	1.00	17.31	PROT
ATOM	4366	OG	SER	288	16.940	33.645	16.693	1.00	17.47	PROT
ATOM	4371	N	ARG	289	17.916	35.664	14.668	1.00	15.58	PROT
ATOM	4372	CA	ARG	289	17.969	37.319	14.761	1.00	14.97	PROT
ATOM	4373	C	ARG	289	18.319	37.790	16.171	1.00	14.04	PROT
ATOM	4374	O	ARG	289	17.614	37.459	17.134	1.00	13.54	PROT
ATOM	4375	CB	ARG	289	16.660	37.945	14.282	1.00	15.14	PROT
ATOM	4376	CG	ARG	289	16.754	39.458	14.097	1.00	17.07	PROT
ATOM	4377	CD	ARG	289	16.049	39.907	12.837	1.00	16.64	PROT
ATOM	4378	NE	ARG	289	14.655	40.279	13.072	1.00	19.63	PROT
ATOM	4379	CZ	ARG	289	13.718	40.287	12.127	1.00	20.16	PROT
ATOM	4380	NH1	ARG	289	14.014	39.924	10.896	1.00	19.78	PROT
ATOM	4381	NH2	ARG	289	12.477	40.647	12.421	1.00	19.88	PROT
ATOM	4395	N	PRO	290	19.423	38.550	16.291	1.00	12.91	PROT
ATOM	4396	CA	PRO	290	19.926	39.014	17.593	1.00	12.51	PROT
ATOM	4397	C	PRO	290	18.932	39.900	18.338	1.00	11.14	PROT
ATOM	4398	O	PRO	290	18.254	40.727	17.739	1.00	11.04	PROT
ATOM	4399	CB	PRO	290	21.181	39.816	17.208	1.00	12.08	PROT
ATOM	4400	CG	PRO	290	21.573	39.315	15.635	1.00	12.40	PROT
ATOM	4401	CD	PRO	290	20.272	39.015	15.172	1.00	13.25	PROT
ATOM	4409	N	LEU	291	18.820	39.693	19.644	1.00	10.51	PROT
ATOM	4410	CA	LEU	291	18.121	40.543	20.498	1.00	9.58	PROT
ATOM	4411	C	LEU	291	19.108	41.784	20.579	1.00	9.24	PROT
ATOM	4412	O	LEU	291	20.236	41.524	20.916	1.00	8.85	PROT
ATOM	4413	CB	LEU	291	17.760	40.016	21.847	1.00	9.67	PROT
ATOM	4414	CG	LEU	291	16.668	38.937	21.819	1.00	9.62	PROT
ATOM	4415	CD1	LEU	291	15.330	39.536	21.423	1.00	9.63	PROT
ATOM	4416	CD2	LEU	291	16.576	38.239	23.165	1.00	9.61	PROT
ATOM	4426	N	PRO	292	18.650	43.042	20.536	1.00	8.92	PROT
ATOM	4429	CA	PRO	292	19.614	44.143	20.551	1.00	9.07	PROT
ATOM	4430	C	PRO	292	20.261	44.282	21.919	1.00	9.08	PROT
ATOM	4431	O	PRO	292	19.574	44.194	22.937	1.00	8.65	PROT
ATOM	4432	CB	PRO	292	18.748	45.375	20.247	1.00	9.48	PROT
ATOM	4433	CG	PRO	292	17.371	44.990	20.716	1.00	9.59	PROT
ATOM	4434	CD	PRO	292	17.265	43.518	20.377	1.00	8.83	PROT
ATOM	4442	N	ASP	293	21.577	44.471	21.942	1.00	9.25	PROT
ATOM	4443	CA	ASP	293	22.268	44.887	23.157	1.00	9.55	PROT
ATOM	4444	C	ASP	293	22.326	43.814	24.241	1.00	9.31	PROT
ATOM	4445	O	ASP	293	22.404	44.142	25.433	1.00	9.87	PROT
ATOM	4446	CB	ASP	293	21.581	46.138	23.724	1.00	10.30	PROT
ATOM	4447	CG	ASP	293	22.559	47.147	24.229	1.00	12.60	PROT
ATOM	4448	OD1	ASP	293	22.768	48.150	23.509	1.00	16.51	PROT
ATOM	4449	OD2	ASP	293	23.116	46.930	25.324	1.00	13.71	PROT
ATOM	4454	N	ILE	294	22.253	42.549	23.834	1.00	7.89	PROT
ATOM	4455	CA	ILE	294	22.397	41.426	24.752	1.00	7.00	PROT
ATOM	4456	C	ILE	294	23.683	41.046	24.651	1.00	7.00	PROT
ATOM	4457	O	ILE	294	24.620	41.100	23.855	1.00	7.24	PROT
ATOM	4458	CB	ILE	294	21.473	40.217	24.373	1.00	6.93	PROT
ATOM	4459	CG1	ILE	294	21.364	39.222	25.542	1.00	5.67	PROT
ATOM	4460	CG2	ILE	294	21.923	39.541	23.043	1.00	6.07	PROT
ATOM	4461	CD	ILE	294	20.236	38.197	25.417	1.00	6.23	PROT
ATOM	4473	N	SER	295	24.330	40.736	26.062	1.00	6.66	PROT
ATOM	4474	CA	SER	295	25.726	40.403	26.309	1.00	7.30	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4475	C	SER	295	25.961	38.930	26.006	1.00	7.52	PROT
ATOM	4476	O	SER	295	25.103	38.107	26.307	1.00	6.34	PROT
ATOM	4477	CB	SER	295	26.078	40.699	27.767	1.00	7.35	PROT
ATOM	4478	CG	SER	295	27.393	40.273	28.071	1.00	7.94	PROT
ATOM	4483	N	PRO	296	27.116	38.567	25.395	1.00	6.12	PROT
ATOM	4484	CA	PRO	296	27.460	37.159	25.286	1.00	6.36	PROT
ATOM	4485	C	PRO	296	27.507	36.486	26.651	1.00	6.43	PROT
ATOM	4486	O	PRO	296	27.472	35.263	26.753	1.00	6.10	PROT
ATOM	4487	CB	PRO	296	26.732	37.147	24.512	1.00	6.72	PROT
ATOM	4488	CG	PRO	296	29.289	38.545	24.523	1.00	6.24	PROT
ATOM	4489	CD	PRO	296	28.106	38.449	24.710	1.00	6.34	PROT
ATOM	4497	N	ASP	297	27.853	37.284	27.686	1.00	6.51	PROT
ATOM	4498	CA	ASP	297	27.345	36.795	29.062	1.00	6.73	PROT
ATOM	4499	C	ASP	297	26.585	36.738	29.781	1.00	6.19	PROT
ATOM	4500	O	ASP	297	26.539	36.603	31.002	1.00	6.75	PROT
ATOM	4501	CB	ASP	297	28.332	37.653	29.869	1.00	9.14	PROT
ATOM	4502	CG	ASP	297	30.382	37.489	29.339	1.00	10.18	PROT
ATOM	4503	OD1	ASP	297	30.736	36.412	28.878	1.00	12.04	PROT
ATOM	4504	OD2	ASP	297	31.173	38.445	29.559	1.00	12.86	PROT
ATOM	4505	N	ASN	298	25.488	36.834	29.027	1.00	7.52	PROT
ATOM	4510	CA	ASN	298	24.145	36.730	29.611	1.00	7.12	PROT
ATOM	4511	C	ASN	298	23.685	35.373	30.256	1.00	7.01	PROT
ATOM	4512	O	ASN	298	24.176	34.313	29.664	1.00	7.09	PROT
ATOM	4513	CB	ASN	298	23.055	37.040	28.580	1.00	6.85	PROT
ATOM	4514	CG	ASN	298	21.672	37.156	29.206	1.00	6.67	PROT
ATOM	4515	OD1	ASN	298	21.378	38.114	29.924	1.00	5.83	PROT
ATOM	4516	ND2	ASN	298	20.831	36.161	28.966	1.00	4.59	PROT
ATOM	4523	N	LYS	299	23.319	35.415	31.456	1.00	6.21	PROT
ATOM	4524	CA	LYS	299	23.036	34.216	32.232	1.00	6.05	PROT
ATOM	4525	C	LYS	299	21.547	33.920	32.360	1.00	4.84	PROT
ATOM	4526	O	LYS	299	21.143	32.747	32.471	1.00	4.83	PROT
ATOM	4527	CE	LYS	299	23.569	34.319	33.605	1.00	6.57	PROT
ATOM	4528	CG	LYS	299	25.174	34.024	33.567	1.00	6.71	PROT
ATOM	4529	CD	LYS	299	25.897	34.510	34.806	1.00	12.22	PROT
ATOM	4530	CE	LYS	299	27.410	34.431	34.568	1.00	13.87	PROT
ATOM	4531	NZ	LYS	299	27.913	33.118	34.226	1.00	15.49	PROT
ATOM	4545	N	ILE	300	20.745	34.982	32.344	1.00	3.36	PROT
ATOM	4546	CA	ILE	300	19.298	34.938	32.517	1.00	2.90	PROT
ATOM	4547	C	ILE	300	18.609	35.727	31.435	1.00	2.00	PROT
ATOM	4548	O	ILE	300	18.752	36.953	31.576	1.00	2.00	PROT
ATOM	4549	CB	ILE	300	18.643	35.410	33.915	1.00	3.14	PROT
ATOM	4550	CG1	ILE	300	19.515	34.625	35.041	1.00	3.01	PROT
ATOM	4551	CG2	ILE	300	17.302	35.314	34.070	1.00	3.93	PROT
ATOM	4552	CD	ILE	300	19.359	35.289	36.405	1.00	3.25	PROT
ATOM	4564	N	LEU	301	17.878	35.046	30.567	1.00	2.00	PROT
ATOM	4565	CA	LEU	301	17.060	35.712	29.574	1.00	2.00	PROT
ATOM	4566	C	LEU	301	15.595	35.484	29.918	1.00	2.00	PROT
ATOM	4567	O	LEU	301	15.104	34.346	29.897	1.00	2.47	PROT
ATOM	4568	CB	LEU	301	17.364	35.187	28.164	1.00	2.00	PROT
ATOM	4569	CG	LEU	301	16.419	35.594	27.022	1.00	2.00	PROT
ATOM	4570	CD1	LEU	301	16.352	37.118	26.832	1.00	2.00	PROT
ATOM	4571	CD2	LEU	301	16.886	34.942	25.714	1.00	2.00	PROT
ATOM	4583	N	PHE	302	14.896	36.573	30.196	1.00	2.00	PROT
ATOM	4584	CA	PHE	302	13.492	36.510	30.554	1.00	2.00	PROT
ATOM	4585	C	PHE	302	12.693	37.095	29.385	1.00	2.00	PROT
ATOM	4586	O	PHE	302	12.940	38.232	28.943	1.00	2.00	PROT
ATOM	4587	CB	PHE	302	13.254	37.306	31.836	1.00	2.00	PROT
ATOM	4588	CG	PHE	302	11.838	37.255	32.377	1.00	2.00	PROT
ATOM	4589	CD1	PHE	302	11.450	36.249	33.260	1.00	2.00	PROT
ATOM	4590	CD2	PHE	302	10.904	38.238	32.031	1.00	2.00	PROT
ATOM	4591	CE1	PHE	302	10.133	36.232	33.791	1.00	2.00	PROT
ATOM	4592	CE2	PHE	302	9.602	38.223	32.546	1.00	2.02	PROT
ATOM	4593	CZ	PHE	302	9.212	37.222	33.423	1.00	2.00	PROT
ATOM	4603	N	ILE	303	11.787	36.289	28.859	1.00	2.00	PROT
ATOM	4604	CA	ILE	303	10.968	36.669	27.711	1.00	2.00	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4605	C	ILE	303	9.525	36.740	26.173	1.00	2.09	PROT
ATOM	4606	O	ILE	303	8.946	35.735	28.580	1.00	2.11	PROT
ATOM	4607	CB	ILE	303	11.127	35.680	26.520	1.00	2.00	PROT
ATOM	4608	CG1	ILE	303	12.608	35.569	26.125	1.00	2.05	PROT
ATOM	4609	CG2	ILE	303	10.279	36.164	25.355	1.00	2.00	PROT
ATOM	4610	CD	ILE	303	12.054	34.372	25.220	1.00	2.00	PROT
ATOM	4622	N	ALA	304	8.974	37.950	26.152	1.00	2.18	PROT
ATOM	4623	CA	ALA	304	7.620	38.216	28.607	1.00	2.00	PROT
ATOM	4624	C	ALA	304	6.622	38.205	27.435	1.00	2.00	PROT
ATOM	4625	O	ALA	304	6.503	39.091	26.574	1.00	2.00	PROT
ATOM	4626	CB	ALA	304	7.563	39.531	28.389	1.00	2.00	PROT
ATOM	4632	N	GLY	305	5.825	37.146	27.402	1.00	2.00	PROT
ATOM	4633	CA	GLY	305	4.677	36.939	26.534	1.00	2.00	PROT
ATOM	4634	C	GLY	305	3.564	36.441	26.895	1.00	2.00	PROT
ATOM	4635	O	GLY	305	3.122	36.901	27.946	1.00	2.00	PROT
ATOM	4639	N	HSD	306	2.962	35.486	26.190	1.00	2.01	PROT
ATOM	4640	CA	HSD	306	1.574	35.092	26.416	1.00	2.90	PROT
ATOM	4641	C	HSD	306	1.423	33.575	26.539	1.00	2.82	PROT
ATOM	4642	O	HSD	306	2.326	32.824	26.165	1.00	2.86	PROT
ATOM	4643	CB	HSD	306	0.718	35.598	25.249	1.00	2.49	PROT
ATOM	4644	CG	HSD	306	0.874	37.070	24.999	1.00	4.73	PROT
ATOM	4645	CD2	HSD	306	1.849	37.583	24.168	1.00	6.93	PROT
ATOM	4646	ND1	HSD	306	0.209	38.134	25.498	1.00	4.07	PROT
ATOM	4647	NE2	HSD	306	1.760	38.900	24.147	1.00	3.76	PROT
ATOM	4648	CE1	HSD	306	0.772	39.258	24.344	1.00	7.37	PROT
ATOM	4656	N	ASP	307	0.265	33.155	27.041	1.00	2.72	PROT
ATOM	4657	CA	ASP	307	-0.140	31.756	27.089	1.00	3.01	PROT
ATOM	4658	C	ASP	307	-0.082	31.060	25.727	1.00	2.89	PROT
ATOM	4659	O	ASP	307	0.321	29.896	25.649	1.00	2.00	PROT
ATOM	4660	CB	ASP	307	-1.525	31.583	27.749	1.00	3.25	PROT
ATOM	4661	CG	ASP	307	-2.620	32.532	27.208	1.00	5.23	PROT
ATOM	4662	OD1	ASP	307	-2.523	33.095	26.084	1.00	5.17	PROT
ATOM	4663	OD2	ASP	307	-3.545	32.655	27.929	1.00	4.48	PROT
ATOM	4668	N	THR	308	-0.470	31.787	24.670	1.00	2.32	PROT
ATOM	4669	CA	THR	308	-0.437	31.279	23.291	1.00	2.85	PROT
ATOM	4670	C	THR	308	1.009	30.906	22.687	1.00	2.42	PROT
ATOM	4671	O	THR	308	1.244	29.875	22.261	1.00	2.00	PROT
ATOM	4672	CB	THR	308	-1.025	32.302	22.273	1.00	3.37	PROT
ATOM	4673	OG1	THR	308	-0.182	33.457	22.222	1.00	5.53	PROT
ATOM	4674	CG2	THR	308	-2.449	32.770	22.670	1.00	3.89	PROT
ATOM	4681	N	ASN	309	1.965	31.764	23.241	1.00	2.00	PROT
ATOM	4682	CA	ASN	309	3.389	31.466	23.045	1.00	2.00	PROT
ATOM	4683	C	ASN	309	3.846	30.191	23.759	1.00	2.00	PROT
ATOM	4684	O	ASN	309	4.525	29.372	23.173	1.00	2.00	PROT
ATOM	4685	CB	ASN	309	4.254	32.651	23.473	1.00	2.00	PROT
ATOM	4686	CG	ASN	309	3.951	33.923	22.683	1.00	2.82	PROT
ATOM	4687	OD1	ASN	309	4.090	33.972	21.456	1.00	5.77	PROT
ATOM	4688	ND2	ASN	309	3.552	34.948	23.383	1.00	2.00	PROT
ATOM	4695	N	ILE	310	3.452	30.008	25.019	1.00	2.00	PROT
ATOM	4696	CA	ILE	310	3.858	28.802	25.753	1.00	2.00	PROT
ATOM	4697	C	ILE	310	3.242	27.551	25.114	1.00	2.00	PROT
ATOM	4698	O	ILE	310	3.902	26.538	24.973	1.00	2.00	PROT
ATOM	4699	CB	ILE	310	3.555	28.917	27.276	1.00	2.00	PROT
ATOM	4700	CG1	ILE	310	4.489	29.946	27.922	1.00	2.00	PROT
ATOM	4701	CG2	ILE	310	3.608	27.555	27.997	1.00	2.00	PROT
ATOM	4702	CD	ILE	310	4.078	30.387	29.287	1.00	4.61	PROT
ATOM	4714	N	ALA	311	1.977	27.668	24.732	1.00	2.00	PROT
ATOM	4715	CA	ALA	311	1.289	26.577	24.052	1.00	2.00	PROT
ATOM	4716	C	ALA	311	1.960	26.246	22.714	1.00	2.00	PROT
ATOM	4717	O	ALA	311	2.153	25.082	22.421	1.00	2.00	PROT
ATOM	4718	CB	ALA	311	-0.176	26.907	23.865	1.00	2.00	PROT
ATOM	4724	N	ASN	312	2.314	27.264	21.921	1.00	2.00	PROT
ATOM	4725	CA	ASN	312	3.052	27.050	20.663	1.00	2.00	PROT
ATOM	4726	C	ASN	312	4.351	26.265	20.881	1.00	2.00	PROT
ATOM	4727	O	ASN	312	4.607	25.280	20.191	1.00	2.00	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4726	CB	ASN	312	3.385	28.366	19.947	1.00	2.00	PROT
ATOM	4729	CG	ASN	312	2.162	29.153	19.482	1.00	2.00	PROT
ATOM	4730	OD1	ASN	312	1.107	28.570	19.212	1.00	4.60	PROT
ATOM	4731	ND2	ASN	312	2.509	30.436	19.378	1.00	2.13	PROT
ATOM	4736	N	ILE	313	5.168	26.715	21.835	1.00	2.00	PROT
ATOM	4739	CA	ILE	313	6.433	26.026	22.162	1.00	2.05	PROT
ATOM	4740	C	ILE	313	6.184	24.579	22.585	1.00	2.22	PROT
ATOM	4741	O	ILE	313	6.874	23.662	22.136	1.00	2.00	PROT
ATOM	4742	CB	ILE	313	7.277	26.802	23.214	1.00	2.59	PROT
ATOM	4743	CG1	ILE	313	7.717	28.170	22.671	1.00	3.03	PROT
ATOM	4744	CG2	ILE	313	8.493	25.251	23.702	1.00	2.26	PROT
ATOM	4745	CD	ILE	313	8.452	28.122	21.348	1.00	3.79	PROT
ATOM	4757	N	SER	314	5.177	24.372	23.444	1.00	3.00	PROT
ATOM	4758	CA	SER	314	4.796	23.037	23.892	1.00	3.34	PROT
ATOM	4759	C	SER	314	4.359	22.153	22.730	1.00	2.90	PROT
ATOM	4760	O	SER	314	4.749	20.976	22.670	1.00	2.00	PROT
ATOM	4761	CB	SER	314	3.693	23.108	24.952	1.00	4.25	PROT
ATOM	4762	OG	SER	314	2.461	23.528	24.397	1.00	8.68	PROT
ATOM	4767	N	GLY	315	3.544	22.677	21.831	1.00	2.41	PROT
ATOM	4768	CA	GLY	315	3.064	21.849	20.663	1.00	2.92	PROT
ATOM	4769	C	GLY	315	4.249	21.493	19.850	1.00	3.15	PROT
ATOM	4770	O	GLY	315	4.341	20.319	19.504	1.00	3.00	PROT
ATOM	4774	N	MET	316	5.162	22.426	19.576	1.00	3.27	PROT
ATOM	4775	CA	MET	316	6.350	22.175	18.792	1.00	4.05	PROT
ATOM	4776	C	MET	316	7.281	21.084	19.317	1.00	4.30	PROT
ATOM	4777	O	MET	316	7.769	20.243	18.564	1.00	4.51	PROT
ATOM	4778	CB	MET	316	7.161	23.466	18.560	1.00	3.25	PROT
ATOM	4779	CG	MET	316	6.458	24.519	17.703	1.00	4.72	PROT
ATOM	4780	SD	MET	316	7.483	25.968	17.390	1.00	5.18	PROT
ATOM	4781	CE	MET	316	6.508	25.414	16.043	1.00	5.78	PROT
ATOM	4791	N	LEU	317	7.518	21.112	20.630	1.00	4.33	PROT
ATOM	4792	CA	LEU	317	8.387	20.139	21.295	1.00	4.30	PROT
ATOM	4793	C	LEU	317	7.601	16.953	21.862	1.00	4.20	PROT
ATOM	4794	O	LEU	317	8.173	18.053	22.498	1.00	3.42	PROT
ATOM	4795	CB	LEU	317	9.181	20.825	22.413	1.00	4.11	PROT
ATOM	4796	CG	LEU	317	10.209	21.906	22.072	1.00	4.48	PROT
ATOM	4797	CD1	LEU	317	10.573	22.683	23.320	1.00	3.44	PROT
ATOM	4798	CD2	LEU	317	11.475	21.335	21.423	1.00	4.85	PROT
ATOM	4810	N	GLY	318	6.286	19.974	21.640	1.00	4.25	PROT
ATOM	4811	CA	GLY	318	5.385	17.911	22.089	1.00	5.16	PROT
ATOM	4812	C	GLY	318	5.368	17.687	23.591	1.00	5.33	PROT
ATOM	4813	O	GLY	318	5.188	16.560	24.056	1.00	5.23	PROT
ATOM	4817	N	MET	319	5.636	16.760	24.340	1.00	5.23	PROT
ATOM	4818	CA	MET	319	5.641	18.704	25.792	1.00	5.73	PROT
ATOM	4819	C	MET	319	4.233	18.908	26.303	1.00	5.67	PROT
ATOM	4820	O	MET	319	3.516	19.776	25.823	1.00	5.41	PROT
ATOM	4821	CB	MET	319	6.554	19.775	26.382	1.00	5.89	PROT
ATOM	4822	CG	MET	319	6.022	19.570	26.066	1.00	6.35	PROT
ATOM	4823	SD	MET	319	9.054	20.929	26.826	1.00	6.72	PROT
ATOM	4824	CE	MET	319	8.272	22.359	26.304	1.00	6.72	PROT
ATOM	4834	N	THR	320	3.826	18.077	27.255	1.00	5.01	PROT
ATOM	4835	CA	THR	320	2.516	18.238	27.884	1.00	5.22	PROT
ATOM	4836	C	THR	320	2.705	18.174	29.392	1.00	4.53	PROT
ATOM	4837	O	THR	320	3.755	17.739	29.870	1.00	4.49	PROT
ATOM	4838	CB	THR	320	1.502	17.178	27.410	1.00	5.50	PROT
ATOM	4839	OG1	THR	320	2.006	15.662	27.683	1.00	6.37	PROT
ATOM	4840	CG2	THR	320	1.224	17.315	25.912	1.00	6.03	PROT
ATOM	4847	N	TRP	321	1.695	18.613	30.129	1.00	3.63	PROT
ATOM	4848	CA	TRP	321	1.779	18.677	31.568	1.00	4.01	PROT
ATOM	4849	C	TRP	321	0.425	18.980	32.189	1.00	4.34	PROT
ATOM	4850	O	TRP	321	-0.502	19.424	31.513	1.00	3.61	PROT
ATOM	4851	CB	TRP	321	2.812	19.733	32.019	1.00	3.03	PROT
ATOM	4852	CG	TRP	321	2.493	21.161	31.601	1.00	3.26	PROT
ATOM	4853	CD1	TRP	321	1.600	22.007	32.196	1.00	2.00	PROT
ATOM	4854	CD2	TRP	321	3.097	21.906	30.528	1.00	2.02	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4855	NE1	TRP	321	1.592	23.217	31.555	1.00	2.00	PROT
ATOM	4856	CE2	TRP	321	2.494	23.181	30.515	1.00	2.00	PROT
ATOM	4857	CE3	TRP	321	4.058	21.605	29.548	1.00	2.00	PROT
ATOM	4858	CZ2	TRP	321	2.831	24.174	29.566	1.00	2.00	PROT
ATOM	4859	CZ3	TRP	321	4.396	22.587	28.620	1.00	2.00	PROT
ATOM	4860	CH2	TRP	321	5.788	23.861	28.651	1.00	2.83	PROT
ATOM	4871	N	THR	322	0.352	16.732	33.488	1.00	4.63	PROT
ATOM	4872	CA	THR	322	-0.745	13.169	34.340	1.00	5.92	PROT
ATOM	4873	C	THR	322	-0.032	19.783	35.567	1.00	5.32	PROT
ATOM	4874	O	THR	322	0.386	19.326	36.003	1.00	5.04	PROT
ATOM	4875	CB	THR	322	-1.726	16.000	34.706	1.00	6.24	PROT
ATOM	4876	CG1	THR	322	-2.847	16.515	35.440	1.00	7.87	PROT
ATOM	4877	CG2	THR	322	-1.053	16.913	35.526	1.00	7.29	PROT
ATOM	4884	N	LEU	323	-0.688	20.832	36.112	1.00	4.77	PROT
ATOM	4885	CA	LEU	323	-0.066	21.544	37.222	1.00	4.61	PROT
ATOM	4886	C	LEU	323	-0.847	21.309	36.504	1.00	4.74	PROT
ATOM	4887	O	LEU	323	-1.984	21.761	38.613	1.00	5.05	PROT
ATOM	4888	CB	LEU	323	0.026	23.040	36.919	1.00	3.76	PROT
ATOM	4889	CG	LEU	323	0.653	23.438	35.572	1.00	3.83	PROT
ATOM	4890	CD1	LEU	323	0.529	24.955	35.396	1.00	3.97	PROT
ATOM	4891	CD2	LEU	323	2.036	22.960	35.431	1.00	3.24	PROT
ATOM	4903	N	PRO	324	-0.257	20.559	39.461	1.00	5.15	PROT
ATOM	4904	CA	PRO	324	-0.859	20.425	40.787	1.00	5.43	PROT
ATOM	4905	C	PRO	324	-1.269	21.771	41.385	1.00	5.45	PROT
ATOM	4906	O	PRO	324	-0.454	22.705	41.466	1.00	5.97	PROT
ATOM	4907	CB	PRO	324	0.254	13.750	41.613	1.00	5.87	PROT
ATOM	4908	CG	PRO	324	0.980	18.928	40.620	1.00	5.37	PROT
ATOM	4909	CD	PRO	324	0.975	19.754	39.344	1.00	5.31	PROT
ATOM	4917	N	GLY	325	-2.545	21.682	41.738	1.00	4.92	PROT
ATOM	4918	CA	GLY	325	-3.059	23.084	42.389	1.00	5.21	PROT
ATOM	4919	C	GLY	325	-3.357	24.265	41.475	1.00	4.78	PROT
ATOM	4920	O	GLY	325	-3.784	25.304	41.953	1.00	5.22	PROT
ATOM	4924	N	GLN	326	-3.146	24.094	40.169	1.00	4.76	PROT
ATOM	4925	CA	GLN	326	-3.353	25.140	39.184	1.00	3.97	PROT
ATOM	4926	C	GLN	326	-4.033	24.571	37.960	1.00	4.48	PROT
ATOM	4927	O	GLN	326	-3.447	23.985	37.073	1.00	4.16	PROT
ATOM	4928	CB	GLN	326	-2.001	25.775	38.810	1.00	4.15	PROT
ATOM	4929	CG	GLN	326	-2.030	26.872	37.752	1.00	3.12	PROT
ATOM	4930	CD	GLN	326	-2.369	28.029	38.081	1.00	2.39	PROT
ATOM	4931	OE1	GLN	326	-2.605	28.963	38.800	1.00	3.42	PROT
ATOM	4932	NE2	GLN	326	-4.158	27.965	37.522	1.00	2.00	PROT
ATOM	4941	N	PRO	327	-5.433	24.731	37.921	1.00	4.21	PROT
ATOM	4942	CA	PRO	327	-6.269	24.234	36.839	1.00	4.49	PROT
ATOM	4943	C	PRO	327	-5.943	24.786	35.439	1.00	3.59	PROT
ATOM	4944	O	PRO	327	-6.208	24.104	34.472	1.00	3.93	PROT
ATOM	4945	CB	PRO	327	-7.683	24.643	37.267	1.00	4.40	PROT
ATOM	4946	CG	PRO	327	-7.520	25.726	38.215	1.00	5.15	PROT
ATOM	4947	CD	PRO	327	-6.247	25.423	38.943	1.00	5.18	PROT
ATOM	4955	N	ASP	328	-5.376	25.998	35.539	1.00	3.56	PROT
ATOM	4956	CA	ASP	328	-4.942	26.566	34.058	1.00	3.17	PROT
ATOM	4957	C	ASP	328	-3.544	26.032	33.763	1.00	3.26	PROT
ATOM	4958	O	ASP	328	-2.631	26.208	34.575	1.00	3.41	PROT
ATOM	4959	CB	ASP	328	-4.937	28.120	34.104	1.00	3.03	PROT
ATOM	4960	CG	ASP	328	-4.693	28.783	32.734	1.00	4.77	PROT
ATOM	4961	OD1	ASP	328	-4.506	28.081	31.724	1.00	4.72	PROT
ATOM	4962	OD2	ASP	328	-4.724	30.044	32.657	1.00	5.52	PROT
ATOM	4967	N	ASN	329	-3.398	25.351	32.625	1.00	3.26	PROT
ATOM	4968	CA	ASN	329	-2.104	24.639	32.168	1.00	4.54	PROT
ATOM	4969	C	ASN	329	-1.113	25.933	31.780	1.00	4.26	PROT
ATOM	4970	O	ASN	329	0.106	25.695	31.734	1.00	4.93	PROT
ATOM	4971	CB	ASN	329	-2.205	23.926	30.944	1.00	4.27	PROT
ATOM	4972	CG	ASN	329	-2.903	22.574	31.284	1.00	6.01	PROT
ATOM	4973	OD1	ASN	329	-3.054	22.213	32.447	1.00	6.63	PROT
ATOM	4974	ND2	ASN	329	-3.259	21.810	30.241	1.00	6.33	PROT
ATOM	4981	N	THR	330	-1.641	27.112	31.457	1.00	3.79	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	4982	CA	THR	330	-0.803	28.262	31.137	1.00	3.65	PROT
ATOM	4983	C	THR	330	-1.210	23.481	31.997	1.00	2.93	PROT
ATOM	4984	O	THR	330	-1.678	30.503	31.471	1.00	2.00	PROT
ATOM	4985	CB	THR	330	-0.887	28.655	29.626	1.00	3.63	PROT
ATOM	4986	CG1	THR	330	-2.240	28.583	29.177	1.00	3.40	PROT
ATOM	4987	CG2	THR	330	-0.018	27.722	28.773	1.00	7.14	PROT
ATOM	4988	N	PRO	331	-1.004	29.362	33.329	1.00	2.60	PROT
ATOM	4989	CA	PRO	331	-1.559	30.397	34.203	1.00	3.12	PROT
ATOM	4990	C	PRO	331	-0.751	31.699	34.116	1.00	2.86	PROT
ATOM	4991	O	PRO	331	0.369	31.655	33.558	1.00	2.71	PROT
ATOM	4992	CB	PRO	331	-1.407	29.760	35.534	1.00	2.95	PROT
ATOM	4993	CG	PRO	331	-0.153	29.989	35.483	1.00	2.89	PROT
ATOM	5000	CD	PRO	331	-0.219	28.391	34.026	1.00	3.08	PROT
ATOM	5003	N	PRO	332	-1.319	32.617	34.622	1.00	3.75	PROT
ATOM	5009	CA	PRO	332	-0.616	34.107	34.737	1.00	3.67	PROT
ATOM	5010	C	PRO	332	0.665	33.938	35.550	1.00	3.37	PROT
ATOM	5011	O	PRO	332	0.658	33.484	36.693	1.00	3.50	PROT
ATOM	5012	CB	PRO	332	-1.608	35.003	35.477	1.00	4.18	PROT
ATOM	5013	CG	PRO	332	-2.632	34.074	36.042	1.00	5.00	PROT
ATOM	5014	CD	PRO	332	-2.697	32.908	35.132	1.00	3.74	PROT
ATOM	5022	N	GLY	333	1.755	34.476	34.856	1.00	2.28	PROT
ATOM	5023	CA	GLY	333	3.076	34.313	35.520	1.00	2.91	PROT
ATOM	5024	C	GLY	333	3.683	32.921	35.423	1.00	2.99	PROT
ATOM	5025	O	GLY	333	4.791	32.721	35.206	1.00	3.97	PROT
ATOM	5029	N	GLY	334	2.960	31.965	34.837	1.00	2.83	PROT
ATOM	5030	CA	GLY	334	3.486	30.616	34.583	1.00	2.33	PROT
ATOM	5031	C	GLY	334	4.519	30.758	33.484	1.00	2.69	PROT
ATOM	5032	O	GLY	334	4.343	31.540	32.588	1.00	2.36	PROT
ATOM	5036	N	ALA	335	5.613	29.991	33.594	1.00	2.62	PROT
ATOM	5037	CA	ALA	335	6.730	30.111	32.662	1.00	3.34	PROT
ATOM	5038	C	ALA	335	7.379	28.773	32.384	1.00	3.69	PROT
ATOM	5039	O	ALA	335	7.595	27.945	33.268	1.00	4.06	PROT
ATOM	5040	CB	ALA	335	7.783	31.093	33.210	1.00	3.15	PROT
ATOM	5046	N	LEU	336	7.734	28.592	31.095	1.00	4.32	PROT
ATOM	5047	CA	LEU	336	8.668	27.550	30.657	1.00	4.62	PROT
ATOM	5048	C	LEU	336	10.112	27.992	30.343	1.00	4.82	PROT
ATOM	5049	O	LEU	336	10.581	29.035	30.427	1.00	3.97	PROT
ATOM	5050	CB	LEU	336	8.487	27.274	29.174	1.00	4.66	PROT
ATOM	5051	CG	LEU	336	7.856	26.018	28.576	1.00	6.34	PROT
ATOM	5052	CD1	LEU	336	6.997	25.205	29.544	1.00	6.16	PROT
ATOM	5053	CD2	LEU	336	7.132	26.350	27.236	1.00	5.68	PROT
ATOM	5065	N	VAL	337	10.812	27.196	31.750	1.00	3.62	PROT
ATOM	5066	CA	VAL	337	12.170	27.524	32.177	1.00	3.27	PROT
ATOM	5067	C	VAL	337	13.123	26.521	31.550	1.00	3.62	PROT
ATOM	5068	O	VAL	337	13.118	25.359	31.910	1.00	3.55	PROT
ATOM	5069	CB	VAL	337	12.286	27.585	33.734	1.00	3.42	PROT
ATOM	5070	CG1	VAL	337	13.702	27.977	34.189	1.00	2.20	PROT
ATOM	5071	CG2	VAL	337	11.302	26.559	34.295	1.00	3.28	PROT
ATOM	5081	N	PHE	338	13.893	27.003	30.572	1.00	3.31	PROT
ATOM	5082	CA	PHE	338	14.894	26.213	29.886	1.00	4.21	PROT
ATOM	5083	C	PHE	338	16.239	26.483	30.544	1.00	4.44	PROT
ATOM	5084	O	PHE	338	16.661	27.633	30.691	1.00	4.06	PROT
ATOM	5085	CB	PHE	338	14.970	26.580	28.402	1.00	3.55	PROT
ATOM	5086	CG	PHE	338	13.682	26.364	27.641	1.00	4.01	PROT
ATOM	5087	CD1	PHE	338	13.530	25.256	26.819	1.00	5.16	PROT
ATOM	5088	CD2	PHE	338	12.633	27.281	27.736	1.00	4.22	PROT
ATOM	5089	CE1	PHE	338	12.334	25.043	26.098	1.00	6.41	PROT
ATOM	5090	CE2	PHE	338	11.441	27.036	27.024	1.00	3.64	PROT
ATOM	5091	CZ	PHE	338	11.294	25.968	26.208	1.00	4.82	PROT
ATOM	5101	N	GLU	339	16.907	25.421	30.944	1.00	4.45	PROT
ATOM	5102	CA	GLU	339	18.198	25.554	31.610	1.00	5.01	PROT
ATOM	5103	C	GLU	339	19.276	24.640	30.808	1.00	4.78	PROT
ATOM	5104	O	GLU	339	19.076	23.695	30.411	1.00	4.66	PROT
ATOM	5105	CB	GLU	339	18.119	24.951	33.004	1.00	5.11	PROT
ATOM	5106	CG	GLU	339	17.179	25.691	33.935	1.00	7.82	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5107 CD	GLU	359	16.669	24.916	35.137	1.00	12.06	PROT
ATOM	5108 OE1	GLU	359	17.199	25.712	35.272	1.00	14.47	PROT
ATOM	5109 OE2	GLU	359	16.300	25.518	36.125	1.00	13.35	PROT
ATOM	5116 N	ARG	340	20.400	25.522	30.578	1.00	4.68	PROT
ATOM	5117 CA	ARG	340	21.614	24.910	30.021	1.00	5.03	PROT
ATOM	5118 C	ARG	340	22.499	24.410	31.164	1.00	4.37	PROT
ATOM	5119 O	ARG	340	22.935	25.193	32.022	1.00	3.21	PROT
ATOM	5120 CB	ARG	340	22.388	25.693	29.133	1.00	4.96	PROT
ATOM	5121 CG	ARG	340	25.591	25.300	26.531	1.00	7.01	PROT
ATOM	5122 CD	ARG	340	24.611	26.363	27.362	1.00	7.29	PROT
ATOM	5123 NE	ARG	340	25.515	25.927	26.893	1.00	12.53	PROT
ATOM	5124 CZ	ARG	340	26.725	25.398	27.081	1.00	14.36	PROT
ATOM	5125 NH1	ARG	340	27.204	25.258	28.300	1.00	17.14	PROT
ATOM	5126 NH2	ARG	340	27.465	25.026	26.048	1.00	15.00	PROT
ATOM	5140 N	TRP	341	22.737	23.096	31.174	1.00	3.97	PROT
ATOM	5141 CA	TRP	341	23.539	22.439	32.202	1.00	4.09	PROT
ATOM	5142 C	TRP	341	24.771	21.841	31.559	1.00	4.50	PROT
ATOM	5143 O	TRP	341	24.704	21.367	30.423	1.00	4.22	PROT
ATOM	5144 CE	TRP	341	22.742	21.316	32.880	1.00	4.51	PROT
ATOM	5145 CG	TRP	341	21.699	21.773	33.856	1.00	3.65	PROT
ATOM	5146 CD1	TRP	341	20.376	22.013	33.593	1.00	4.03	PROT
ATOM	5147 CD2	TRP	341	21.885	22.034	35.252	1.00	4.22	PROT
ATOM	5148 NE1	TRP	341	19.735	22.408	34.759	1.00	3.92	PROT
ATOM	5149 CE2	TRP	341	20.637	22.430	35.771	1.00	3.81	PROT
ATOM	5150 CE3	TRP	341	22.989	21.369	36.121	1.00	3.62	PROT
ATOM	5151 C22	TRP	341	20.457	22.769	37.119	1.00	4.75	PROT
ATOM	5152 CZ3	TRP	341	22.810	22.295	37.453	1.00	4.50	PROT
ATOM	5153 CH2	TRP	341	21.554	22.696	37.940	1.00	4.15	PROT
ATOM	5164 N	VAL	342	25.698	21.375	32.271	1.00	4.71	PROT
ATOM	5165 CA	VAL	342	27.070	21.063	31.887	1.00	5.12	PROT
ATOM	5166 C	VAL	342	27.494	20.129	32.396	1.00	4.93	PROT
ATOM	5167 O	VAL	342	27.492	20.463	34.177	1.00	5.09	PROT
ATOM	5168 CB	VAL	342	28.269	21.943	31.422	1.00	5.51	PROT
ATOM	5169 CG1	VAL	342	28.807	22.845	32.553	1.00	6.56	PROT
ATOM	5170 CG2	VAL	342	27.923	22.760	30.202	1.00	6.74	PROT
ATOM	5180 N	ASP	343	27.870	16.912	32.612	1.00	4.45	PROT
ATOM	5181 CA	ASP	343	28.392	17.949	33.572	1.00	4.24	PROT
ATOM	5182 C	ASP	343	29.908	18.082	33.748	1.00	4.62	PROT
ATOM	5183 O	ASP	343	30.526	18.997	33.192	1.00	4.72	PROT
ATOM	5184 CB	ASP	343	28.005	16.516	33.174	1.00	3.93	PROT
ATOM	5185 CG	ASP	343	28.683	16.036	31.889	1.00	2.84	PROT
ATOM	5186 OD1	ASP	343	29.624	16.682	31.383	1.00	2.00	PROT
ATOM	5187 OD2	ASP	343	28.265	14.974	31.385	1.00	3.69	PROT
ATOM	5192 N	ASN	344	30.458	17.157	34.540	1.00	4.90	PROT
ATOM	5193 CA	ASN	344	31.889	16.875	34.747	1.00	5.40	PROT
ATOM	5194 C	ASN	344	32.784	17.068	33.519	1.00	5.27	PROT
ATOM	5195 O	ASN	344	33.895	17.606	33.617	1.00	5.66	PROT
ATOM	5196 CB	ASN	344	32.001	15.396	35.166	1.00	5.75	PROT
ATOM	5197 CG	ASN	344	32.744	15.197	36.464	1.00	7.06	PROT
ATOM	5198 OD1	ASN	344	33.976	15.160	36.493	1.00	11.04	PROT
ATOM	5199 ND2	ASN	344	31.998	14.997	37.541	1.00	3.19	PROT
ATOM	5206 N	ALA	345	32.303	16.592	32.372	1.00	4.45	PROT
ATOM	5207 CA	ALA	345	33.108	16.535	31.151	1.00	4.03	PROT
ATOM	5208 C	ALA	345	32.771	17.660	30.178	1.00	3.98	PROT
ATOM	5209 O	ALA	345	33.197	17.636	29.016	1.00	4.09	PROT
ATOM	5210 CB	ALA	345	32.924	15.185	30.479	1.00	4.00	PROT
ATOM	5216 N	GLY	346	31.995	18.635	30.544	1.00	3.89	PROT
ATOM	5217 CA	GLY	346	31.622	19.773	29.821	1.00	3.87	PROT
ATOM	5218 C	GLY	346	30.577	19.464	28.766	1.00	4.15	PROT
ATOM	5219 O	GLY	346	30.397	20.244	27.822	1.00	4.56	PROT
ATOM	5223 N	LYS	347	29.662	16.336	28.912	1.00	5.35	PROT
ATOM	5224 CA	LYS	347	28.781	18.033	28.006	1.00	3.39	PROT
ATOM	5225 C	LYS	347	27.571	18.878	28.390	1.00	2.53	PROT
ATOM	5226 O	LYS	347	27.125	18.820	29.536	1.00	2.10	PROT
ATOM	5227 CB	LYS	347	28.430	16.541	28.007	1.00	3.15	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5228 CG	LYS	347	27.350	16.179	26.362	1.00	3.71	PROT
ATOM	5229 CD	LYS	347	27.065	14.686	26.335	1.00	4.66	PROT
ATOM	5230 CB	LYS	347	25.818	14.395	26.080	1.00	7.37	PROT
ATOM	5231 NZ	LYS	347	26.052	14.673	24.628	1.00	7.31	PROT
ATOM	5245 N	PRO	348	27.054	19.684	27.453	1.00	2.45	PROT
ATOM	5246 CA	PRO	348	25.890	20.527	27.717	1.00	2.33	PROT
ATOM	5247 C	PRO	348	24.556	19.793	27.532	1.00	2.32	PROT
ATOM	5248 O	PRO	348	24.384	19.019	26.577	1.00	2.07	PROT
ATOM	5249 CB	PRO	348	26.029	21.666	26.705	1.00	2.65	PROT
ATOM	5250 CG	PRO	348	26.777	21.056	25.545	1.00	2.31	PROT
ATOM	5251 CD	PRO	348	27.540	19.852	26.056	1.00	2.61	PROT
ATOM	5259 N	TYR	349	23.646	20.040	26.465	1.00	2.47	PROT
ATOM	5260 CA	TYR	349	22.294	19.502	26.436	1.00	2.44	PROT
ATOM	5261 C	TYR	349	21.291	20.640	26.547	1.00	2.33	PROT
ATOM	5262 O	TYR	349	21.630	21.753	26.990	1.00	2.00	PROT
ATOM	5263 CB	TYR	349	22.063	18.546	29.604	1.00	5.09	PROT
ATOM	5264 CG	TYR	349	23.063	17.426	29.735	1.00	4.05	PROT
ATOM	5265 CD1	TYR	349	22.768	16.156	29.257	1.00	4.11	PROT
ATOM	5266 CD2	TYR	349	24.293	17.629	30.357	1.00	4.33	PROT
ATOM	5267 CE1	TYR	349	23.678	15.118	29.376	1.00	5.80	PROT
ATOM	5268 CE2	TYR	349	25.212	16.596	30.482	1.00	4.72	PROT
ATOM	5269 CZ	TYR	349	24.695	15.342	29.986	1.00	5.06	PROT
ATOM	5270 OH	TYR	349	25.785	14.304	30.108	1.00	4.73	PROT
ATOM	5279 N	VAL	350	20.063	20.336	26.131	1.00	2.28	PROT
ATOM	5280 CA	VAL	350	18.900	21.185	26.329	1.00	2.90	PROT
ATOM	5281 C	VAL	350	17.926	20.446	29.261	1.00	3.29	PROT
ATOM	5282 O	VAL	350	17.605	19.233	29.146	1.00	3.46	PROT
ATOM	5283 CB	VAL	350	18.191	21.529	26.994	1.00	5.06	PROT
ATOM	5284 CG1	VAL	350	16.988	22.418	27.254	1.00	2.59	PROT
ATOM	5285 CG2	VAL	350	19.157	22.243	26.037	1.00	3.35	PROT
ATOM	5295 N	SER	351	17.392	21.208	30.195	1.00	3.62	PROT
ATOM	5296 CA	SER	351	16.367	20.751	31.102	1.00	4.47	PROT
ATOM	5297 C	SER	351	15.225	21.750	30.974	1.00	4.38	PROT
ATOM	5298 O	SER	351	15.465	22.947	30.789	1.00	4.62	PROT
ATOM	5299 CB	SER	351	16.914	20.760	32.526	1.00	4.82	PROT
ATOM	5300 CG	SER	351	16.158	19.869	33.349	1.00	7.33	PROT
ATOM	5305 N	VAL	352	13.989	21.272	31.062	1.00	4.04	PROT
ATOM	5306 CA	VAL	352	12.833	22.160	30.969	1.00	3.57	PROT
ATOM	5307 C	VAL	352	11.847	21.916	32.097	1.00	3.71	PROT
ATOM	5308 O	VAL	352	11.451	20.780	32.373	1.00	3.29	PROT
ATOM	5309 CB	VAL	352	12.084	22.035	29.624	1.00	3.51	PROT
ATOM	5310 CG1	VAL	352	11.156	23.215	29.446	1.00	2.69	PROT
ATOM	5311 CG2	VAL	352	13.058	21.942	26.462	1.00	2.63	PROT
ATOM	5321 N	ASN	353	11.471	23.006	32.751	1.00	3.66	PROT
ATOM	5322 CA	ASN	353	10.466	22.979	33.788	1.00	4.40	PROT
ATOM	5323 C	ASN	353	9.526	23.943	33.530	1.00	4.77	PROT
ATOM	5324 O	ASN	353	9.546	25.045	32.997	1.00	4.84	PROT
ATOM	5325 CB	ASN	353	11.095	23.315	35.131	1.00	4.68	PROT
ATOM	5326 CG	ASN	353	12.036	22.242	35.613	1.00	5.13	PROT
ATOM	5327 OD1	ASN	353	13.196	22.183	35.199	1.00	9.71	PROT
ATOM	5328 ND2	ASN	353	11.554	21.404	36.523	1.00	6.41	PROT
ATOM	5335 N	MET	354	8.121	23.551	33.941	1.00	4.16	PROT
ATOM	5336 CA	MET	354	7.034	24.521	34.035	1.00	4.54	PROT
ATOM	5337 C	MET	354	6.885	25.013	35.470	1.00	4.11	PROT
ATOM	5338 O	MET	354	6.540	24.262	36.374	1.00	3.99	PROT
ATOM	5339 CB	MET	354	5.717	23.973	33.484	1.00	4.79	PROT
ATOM	5340 CG	MET	354	4.601	25.003	33.467	1.00	6.37	PROT
ATOM	5341 SD	MET	354	4.799	26.307	32.235	1.00	9.36	PROT
ATOM	5342 CE	MET	354	3.162	27.060	32.366	1.00	7.20	PROT
ATOM	5352 N	VAL	355	7.160	26.295	35.657	1.00	4.58	PROT
ATOM	5353 CA	VAL	355	7.235	26.917	36.977	1.00	4.86	PROT
ATOM	5354 C	VAL	355	6.042	27.849	37.104	1.00	4.85	PROT
ATOM	5355 O	VAL	355	5.776	28.631	36.196	1.00	5.49	PROT
ATOM	5356 CB	VAL	355	6.566	27.699	37.132	1.00	5.10	PROT
ATOM	5357 CG1	VAL	355	6.686	28.303	38.516	1.00	5.69	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5358	CG2	VAL	355	9.766	26.762	36.659	1.00	6.13	PROT
ATOM	5368	N	TYR	356	5.526	27.760	38.224	1.00	4.58	PROT
ATOM	5369	CA	TYR	356	4.031	28.448	38.314	1.00	3.94	PROT
ATOM	5370	C	TYR	356	3.638	28.697	39.759	1.00	3.64	PROT
ATOM	5371	O	TYR	356	4.162	28.053	40.678	1.00	4.24	PROT
ATOM	5372	CB	TYR	356	2.052	27.586	37.619	1.00	3.46	PROT
ATOM	5373	CG	TYR	356	2.690	26.293	38.360	1.00	2.83	PROT
ATOM	5374	CD1	TYR	356	3.535	25.204	38.204	1.00	3.31	PROT
ATOM	5375	CD2	TYR	356	1.615	26.187	39.239	1.00	3.22	PROT
ATOM	5376	CE1	TYR	356	3.314	24.037	38.889	1.00	3.12	PROT
ATOM	5377	CE2	TYR	356	1.384	25.029	38.940	1.00	2.03	PROT
ATOM	5378	CZ	TYR	356	2.243	23.957	39.766	1.00	4.66	PROT
ATOM	5379	OH	TYR	356	2.056	22.797	40.458	1.00	3.09	PROT
ATOM	5388	N	GLN	357	2.751	29.645	39.954	1.00	2.58	PROT
ATOM	5389	CA	GLN	357	2.007	29.792	41.222	1.00	2.57	PROT
ATOM	5390	C	GLN	357	0.717	28.952	41.186	1.00	2.10	PROT
ATOM	5391	O	GLN	357	-0.037	29.034	40.221	1.00	2.00	PROT
ATOM	5392	CB	GLN	357	1.687	31.267	41.486	1.00	2.00	PROT
ATOM	5393	CG	GLN	357	2.910	32.094	41.953	1.00	3.39	PROT
ATOM	5394	CD	GLN	357	2.803	33.536	41.467	1.00	2.36	PROT
ATOM	5395	OE1	GLN	357	3.076	34.478	42.261	1.00	4.96	PROT
ATOM	5396	NE2	GLN	357	2.702	33.724	40.172	1.00	2.00	PROT
ATOM	5405	N	THR	358	0.478	28.168	42.234	1.00	2.00	PROT
ATOM	5406	CA	THR	358	-0.605	27.477	42.393	1.00	2.02	PROT
ATOM	5407	C	THR	358	-1.901	28.516	42.437	1.00	2.14	PROT
ATOM	5408	O	THR	358	-1.620	29.707	42.630	1.00	2.00	PROT
ATOM	5409	CB	THR	358	-0.680	26.640	43.687	1.00	2.00	PROT
ATOM	5410	CG1	THR	358	-0.745	27.498	44.827	1.00	2.00	PROT
ATOM	5411	CG2	THR	358	0.203	25.585	43.701	1.00	2.00	PROT
ATOM	5418	N	LEU	359	-3.144	28.092	42.240	1.00	2.55	PROT
ATOM	5419	CA	LEU	359	-4.249	29.050	42.275	1.00	3.53	PROT
ATOM	5420	C	LEU	359	-4.381	29.698	43.665	1.00	3.50	PROT
ATOM	5421	O	LEU	359	-4.680	30.903	43.775	1.00	3.18	PROT
ATOM	5422	CB	LEU	359	-5.558	28.415	41.773	1.00	3.39	PROT
ATOM	5423	CG	LEU	359	-6.808	29.286	41.563	1.00	3.74	PROT
ATOM	5424	CD1	LEU	359	-6.588	30.456	40.600	1.00	3.16	PROT
ATOM	5425	CD2	LEU	359	-7.391	28.401	41.128	1.00	4.92	PROT
ATOM	5437	N	ALA	360	-4.129	28.915	44.717	1.00	2.90	PROT
ATOM	5438	CA	ALA	360	-4.097	29.457	46.076	1.00	3.11	PROT
ATOM	5439	C	ALA	360	-2.933	30.430	46.300	1.00	2.80	PROT
ATOM	5440	O	ALA	360	-3.097	31.424	46.396	1.00	3.30	PROT
ATOM	5441	CB	ALA	360	-4.108	28.338	47.139	1.00	3.28	PROT
ATOM	5447	N	GLN	361	-1.770	30.172	45.703	1.00	3.23	PROT
ATOM	5448	CA	GLN	361	-0.639	31.106	45.810	1.00	3.37	PROT
ATOM	5449	C	GLN	361	-0.935	32.486	45.191	1.00	3.34	PROT
ATOM	5450	O	GLN	361	-0.459	33.509	45.677	1.00	3.39	PROT
ATOM	5451	CB	GLN	361	0.638	30.500	45.224	1.00	3.24	PROT
ATOM	5452	CG	GLN	361	1.375	29.589	46.208	1.00	3.85	PROT
ATOM	5453	CD	GLN	361	2.460	28.749	45.555	1.00	3.80	PROT
ATOM	5454	OE1	GLN	361	2.388	29.433	44.365	1.00	2.00	PROT
ATOM	5455	NE2	GLN	361	3.486	28.402	46.352	1.00	4.40	PROT
ATOM	5454	N	LEU	362	-1.729	32.495	44.127	1.00	3.01	PROT
ATOM	5455	CA	LEU	362	-2.152	33.731	45.473	1.00	3.73	PROT
ATOM	5456	C	LEU	362	-3.194	34.452	44.298	1.00	3.56	PROT
ATOM	5457	O	LEU	362	-3.110	35.661	44.484	1.00	3.77	PROT
ATOM	5466	CB	LEU	362	-2.739	33.437	42.095	1.00	3.02	PROT
ATOM	5469	CG	LEU	362	-1.781	32.931	41.045	1.00	4.31	PROT
ATOM	5470	CD1	LEU	362	-2.539	32.458	39.651	1.00	3.00	PROT
ATOM	5471	CD2	LEU	362	-0.758	34.040	40.676	1.00	5.22	PROT
ATOM	5483	N	HSD	363	-4.177	33.703	44.785	1.00	3.82	PROT
ATOM	5484	CA	HSD	363	-5.260	34.283	45.584	1.00	4.30	PROT
ATOM	5485	C	HSD	363	-4.730	34.839	46.899	1.00	4.44	PROT
ATOM	5486	O	HSD	363	-5.135	35.915	47.338	1.00	4.87	PROT
ATOM	5487	CB	HSD	363	-6.363	33.254	45.837	1.00	4.13	PROT
ATOM	5488	CG	HSD	363	-7.626	33.843	46.387	1.00	5.46	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5489	ND1	HSD	363	-6.036	33.643	47.690	1.00	7.86	PROT
ATOM	5490	CD2	HSD	363	-6.564	34.634	45.814	1.00	4.16	PROT
ATOM	5491	CB1	HSD	363	-9.178	34.275	47.890	1.00	7.35	PROT
ATOM	5492	NE2	HSD	363	-9.520	34.881	46.766	1.00	7.63	PROT
ATOM	5500	N	ASP	364	-3.799	34.109	47.505	1.00	4.67	PROT
ATOM	5501	CA	ASP	364	-3.238	34.475	48.783	1.00	4.76	PROT
ATOM	5502	C	ASP	364	-2.037	35.420	48.662	1.00	4.40	PROT
ATOM	5503	O	ASP	364	-1.551	35.926	49.667	1.00	4.17	PROT
ATOM	5504	CB	ASP	364	-2.658	33.208	49.560	1.00	5.41	PROT
ATOM	5505	CG	ASP	364	-4.054	32.257	49.837	1.00	7.09	PROT
ATOM	5506	OD1	ASP	364	-5.207	32.692	49.573	1.00	8.62	PROT
ATOM	5507	OD2	ASP	364	-3.840	31.140	50.281	1.00	9.49	PROT
ATOM	5512	N	GLN	365	-1.587	35.664	47.436	1.00	4.26	PROT
ATOM	5513	CA	GLN	365	-0.345	36.403	47.165	1.00	3.68	PROT
ATOM	5514	C	GLN	365	0.609	35.661	46.021	1.00	2.79	PROT
ATOM	5515	O	GLN	365	1.556	36.622	46.620	1.00	2.38	PROT
ATOM	5516	CB	GLN	365	-0.538	37.917	47.360	1.00	3.68	PROT
ATOM	5517	CG	GLN	365	-1.497	38.582	46.379	1.00	5.70	PROT
ATOM	5518	CD	GLN	365	-1.630	40.074	46.651	1.00	6.77	PROT
ATOM	5519	OE1	GLN	365	-2.239	40.491	47.649	1.00	10.89	PROT
ATOM	5520	NE2	GLN	365	-1.040	40.880	45.789	1.00	9.97	PROT
ATOM	5529	N	ALA	366	0.938	34.535	48.058	1.00	2.21	PROT
ATOM	5530	CA	ALA	366	1.917	33.653	48.910	1.00	2.51	PROT
ATOM	5531	C	ALA	366	3.365	34.199	48.557	1.00	2.36	PROT
ATOM	5532	O	ALA	366	3.724	34.194	47.372	1.00	2.00	PROT
ATOM	5533	CB	ALA	366	1.712	32.347	48.843	1.00	2.00	PROT
ATOM	5539	N	PRO	367	4.190	34.527	49.577	1.00	2.89	PROT
ATOM	5540	CA	PRO	367	5.641	34.702	49.378	1.00	3.01	PROT
ATOM	5541	C	PRO	367	6.263	33.411	48.830	1.00	3.62	PROT
ATOM	5542	O	PRO	367	5.872	32.308	49.231	1.00	4.09	PROT
ATOM	5543	CB	PRO	367	6.153	35.017	50.791	1.00	3.66	PROT
ATOM	5544	CG	PRO	367	4.979	35.617	51.474	1.00	3.72	PROT
ATOM	5545	CD	PRO	367	3.616	34.796	50.980	1.00	2.86	PROT
ATOM	5553	N	LEU	368	7.178	33.550	47.875	1.00	3.23	PROT
ATOM	5554	CA	LEU	368	7.784	32.406	47.219	1.00	3.42	PROT
ATOM	5555	C	LEU	368	9.275	32.358	47.529	1.00	3.81	PROT
ATOM	5556	O	LEU	368	10.034	33.263	47.143	1.00	4.15	PROT
ATOM	5557	CB	LEU	368	7.535	32.450	45.705	1.00	2.79	PROT
ATOM	5558	CG	LEU	368	6.082	32.498	45.215	1.00	2.23	PROT
ATOM	5559	CD1	LEU	368	6.096	32.595	45.892	1.00	2.00	PROT
ATOM	5560	CD2	LEU	368	5.253	31.289	45.674	1.00	2.00	PROT
ATOM	5572	N	THR	369	9.677	31.300	48.223	1.00	3.36	PROT
ATOM	5573	CA	THR	369	11.042	31.162	48.740	1.00	3.13	PROT
ATOM	5574	C	THR	369	11.492	29.717	48.552	1.00	2.93	PROT
ATOM	5575	O	THR	369	10.683	28.881	48.258	1.00	3.03	PROT
ATOM	5576	CB	THR	369	11.084	31.446	50.247	1.00	2.50	PROT
ATOM	5577	OG1	THR	369	10.268	30.486	50.919	1.00	3.94	PROT
ATOM	5578	CG2	THR	369	10.583	32.865	50.577	1.00	2.02	PROT
ATOM	5585	N	LEU	370	12.778	29.419	48.755	1.00	3.81	PROT
ATOM	5586	CA	LEU	370	15.272	28.034	48.542	1.00	4.43	PROT
ATOM	5587	C	LEU	370	12.571	27.065	49.503	1.00	4.26	PROT
ATOM	5588	O	LEU	370	12.352	25.691	49.282	1.00	4.08	PROT
ATOM	5589	CB	LEU	370	14.786	27.993	48.855	1.00	5.24	PROT
ATOM	5590	CG	LEU	370	15.593	27.988	47.614	1.00	6.30	PROT
ATOM	5591	CD1	LEU	370	17.010	28.658	47.960	1.00	6.65	PROT
ATOM	5592	CD2	LEU	370	15.075	28.601	46.351	1.00	9.02	PROT
ATOM	5604	N	GLN	371	12.203	27.571	50.775	1.00	4.01	PROT
ATOM	5605	CA	GLN	371	11.481	26.774	51.753	1.00	4.81	PROT
ATOM	5606	C	GLN	371	9.999	26.714	51.444	1.00	4.40	PROT
ATOM	5607	O	GLN	371	9.319	25.751	51.820	1.00	4.04	PROT
ATOM	5608	CB	GLN	371	11.724	27.304	53.172	1.00	5.32	PROT
ATOM	5609	CG	GLN	371	13.171	27.165	53.646	1.00	6.93	PROT
ATOM	5610	CD	GLN	371	13.546	25.747	54.110	1.00	13.11	PROT
ATOM	5611	OE1	GLN	371	13.183	24.746	53.482	1.00	16.05	PROT
ATOM	5612	NE2	GLN	371	14.291	25.667	55.208	1.00	14.54	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5621	N	HSD	372	3.498	27.737	50.753	1.00	3.76	PROT
ATOM	5622	CA	HSD	372	6.087	27.785	50.368	1.00	4.03	PROT
ATOM	5623	C	HSD	372	7.926	28.118	48.839	1.00	3.57	PROT
ATOM	5624	O	HSD	372	7.416	29.181	48.548	1.00	3.41	PROT
ATOM	5625	CB	HSD	372	7.358	28.792	51.237	1.00	3.91	PROT
ATOM	5626	CG	HSD	372	7.399	28.419	52.747	1.00	4.12	PROT
ATOM	5627	ND1	HSD	372	6.234	23.032	53.655	1.00	2.73	PROT
ATOM	5628	CD2	HSD	372	6.757	27.460	53.437	1.00	3.90	PROT
ATOM	5629	CB1	HSD	372	8.068	28.487	54.844	1.00	2.96	PROT
ATOM	5630	NE2	HSD	372	7.171	27.526	54.737	1.00	4.03	PROT
ATOM	5638	N	PRO	373	8.346	27.188	48.013	1.00	3.63	PROT
ATOM	5639	CA	PRO	373	8.495	27.508	46.590	1.00	3.77	PROT
ATOM	5640	C	PRO	373	7.228	27.606	45.754	1.00	3.68	PROT
ATOM	5641	O	PRO	373	6.155	27.148	46.159	1.00	3.95	PROT
ATOM	5642	CB	PRO	373	9.347	26.345	46.068	1.00	3.52	PROT
ATOM	5643	CG	PRO	373	9.013	25.223	46.944	1.00	4.08	PROT
ATOM	5644	CD	PRO	373	8.712	25.785	46.296	1.00	3.70	PROT
ATOM	5652	N	ALA	374	7.390	28.172	44.565	1.00	3.31	PROT
ATOM	5653	CA	ALA	374	6.406	26.044	43.516	1.00	3.58	PROT
ATOM	5654	C	ALA	374	6.358	26.580	43.084	1.00	4.02	PROT
ATOM	5655	O	ALA	374	7.326	25.821	43.266	1.00	4.05	PROT
ATOM	5656	CB	ALA	374	6.775	28.938	42.539	1.00	4.40	PROT
ATOM	5662	N	GLY	375	5.203	26.174	42.575	1.00	4.07	PROT
ATOM	5663	CA	GLY	375	5.072	24.922	41.860	1.00	4.15	PROT
ATOM	5664	C	GLY	375	6.081	24.790	40.732	1.00	4.33	PROT
ATOM	5665	O	GLY	375	6.523	25.782	40.127	1.00	2.99	PROT
ATOM	5669	N	SER	376	6.443	23.550	40.438	1.00	4.62	PROT
ATOM	5670	CA	SER	376	7.384	23.267	39.572	1.00	5.54	PROT
ATOM	5671	C	SER	376	7.186	21.843	38.873	1.00	6.07	PROT
ATOM	5672	O	SER	376	7.109	20.919	39.676	1.00	6.63	PROT
ATOM	5673	CB	SER	376	8.819	23.473	39.885	1.00	5.74	PROT
ATOM	5674	OG	SER	376	9.754	23.504	38.814	1.00	7.31	PROT
ATOM	5679	N	VAL	377	7.098	21.677	37.553	1.00	6.51	PROT
ATOM	5680	CA	VAL	377	6.932	20.362	36.912	1.00	6.56	PROT
ATOM	5681	C	VAL	377	8.084	20.143	35.232	1.00	6.45	PROT
ATOM	5682	O	VAL	377	6.270	20.926	34.989	1.00	6.91	PROT
ATOM	5683	CB	VAL	377	5.538	20.214	36.195	1.00	6.43	PROT
ATOM	5684	CG1	VAL	377	5.432	18.880	35.398	1.00	7.12	PROT
ATOM	5685	CG2	VAL	377	4.398	20.318	37.194	1.00	6.19	PROT
ATOM	5695	N	ARG	378	8.859	19.107	36.181	1.00	5.91	PROT
ATOM	5696	CA	ARG	378	9.923	18.676	35.268	1.00	6.08	PROT
ATOM	5697	C	ARG	378	9.319	18.088	33.985	1.00	5.72	PROT
ATOM	5698	O	ARG	378	8.396	17.260	34.055	1.00	5.14	PROT
ATOM	5699	CB	ARG	378	10.796	17.622	35.958	1.00	6.73	PROT
ATOM	5700	CG	ARG	378	12.109	17.390	35.267	1.00	9.58	PROT
ATOM	5701	CD	ARG	378	13.187	18.281	35.836	1.00	14.74	PROT
ATOM	5702	NE	ARG	378	14.408	16.145	35.057	1.00	17.47	PROT
ATOM	5703	CZ	ARG	378	15.622	18.010	35.578	1.00	18.90	PROT
ATOM	5704	NH1	ARG	378	15.794	17.986	36.891	1.00	21.63	PROT
ATOM	5705	NH2	ARG	378	16.664	17.886	34.776	1.00	18.67	PROT
ATOM	5719	N	LEU	379	9.655	18.491	32.622	1.00	5.29	PROT
ATOM	5720	CA	LEU	379	9.181	18.131	31.547	1.00	5.79	PROT
ATOM	5721	C	LEU	379	9.942	17.157	30.644	1.00	5.88	PROT
ATOM	5722	O	LEU	379	11.123	17.357	30.356	1.00	6.76	PROT
ATOM	5723	CB	LEU	379	8.800	19.389	30.750	1.00	5.56	PROT
ATOM	5724	CG	LEU	379	7.840	20.425	31.366	1.00	6.20	PROT
ATOM	5725	CD1	LEU	379	7.630	21.573	30.402	1.00	6.28	PROT
ATOM	5726	CD2	LEU	379	6.497	19.784	31.728	1.00	5.49	PROT
ATOM	5738	N	ASN	380	9.243	16.120	30.191	1.00	5.81	PROT
ATOM	5739	CA	ASN	380	9.754	15.207	29.167	1.00	6.00	PROT
ATOM	5740	C	ASN	380	9.602	15.835	27.791	1.00	6.11	PROT
ATOM	5741	O	ASN	380	8.587	16.467	27.494	1.00	6.05	PROT
ATOM	5742	CB	ASN	380	9.011	13.857	29.191	1.00	5.83	PROT
ATOM	5743	CG	ASN	380	9.539	12.866	28.147	1.00	5.84	PROT
ATOM	5744	OD1	ASN	380	8.851	12.518	27.174	1.00	4.68	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5745	ND2	ASN	380	10.764	12.412	28.344	1.00	5.73	PROT
ATOM	5752	N	ILE	381	10.636	15.694	26.976	1.00	5.95	PROT
ATOM	5753	CA	ILE	381	10.571	16.031	25.551	1.00	5.63	PROT
ATOM	5754	C	ILE	381	10.528	14.693	24.601	1.00	5.61	PROT
ATOM	5755	O	ILE	381	11.562	14.064	24.641	1.00	5.72	PROT
ATOM	5756	CB	ILE	381	11.734	16.915	25.147	1.00	5.28	PROT
ATOM	5757	CG1	ILE	381	11.793	16.251	25.915	1.00	5.46	PROT
ATOM	5758	CG2	ILE	381	11.828	17.159	23.527	1.00	5.84	PROT
ATOM	5759	CD	ILE	381	13.184	18.806	26.214	1.00	5.73	PROT
ATOM	5771	N	PRO	382	9.330	14.249	24.340	1.00	7.23	PROT
ATOM	5772	CA	PRO	382	9.205	12.900	23.738	1.00	7.48	PROT
ATOM	5773	C	PRO	382	10.175	12.652	22.580	1.00	7.62	PROT
ATOM	5774	O	PRO	382	10.711	11.551	22.451	1.00	7.64	PROT
ATOM	5775	CB	PRO	382	7.751	12.854	23.243	1.00	7.39	PROT
ATOM	5776	CG	PRO	382	7.037	13.871	24.093	1.00	8.31	PROT
ATOM	5777	CD	PRO	382	8.043	14.964	24.347	1.00	8.99	PROT
ATOM	5785	N	GLY	383	10.418	13.675	21.769	1.00	7.96	PROT
ATOM	5786	CA	GLY	383	11.341	13.567	20.639	1.00	8.59	PROT
ATOM	5787	C	GLY	383	12.773	13.268	21.044	1.00	8.98	PROT
ATOM	5788	O	GLY	383	13.519	12.665	20.282	1.00	9.10	PROT
ATOM	5792	N	CYS	384	13.153	13.699	22.245	1.00	9.77	PROT
ATOM	5793	CA	CYS	384	14.500	13.466	22.759	1.00	9.74	PROT
ATOM	5794	C	CYS	384	14.616	12.042	23.295	1.00	9.29	PROT
ATOM	5795	O	CYS	384	14.267	11.760	24.446	1.00	9.55	PROT
ATOM	5796	CB	CYS	384	14.865	14.492	23.527	1.00	10.14	PROT
ATOM	5797	SG	CYS	384	16.611	14.411	24.285	1.00	11.38	PROT
ATOM	5802	N	SER	385	15.101	11.153	22.454	1.00	8.38	PROT
ATOM	5803	CA	SER	385	15.206	9.721	22.730	1.00	8.15	PROT
ATOM	5804	C	SER	385	16.287	9.392	23.757	1.00	7.30	PROT
ATOM	5805	O	SER	385	16.230	8.355	24.419	1.00	6.87	PROT
ATOM	5806	CB	SER	385	15.459	8.933	21.446	1.00	7.92	PROT
ATOM	5807	OG	SER	385	14.250	8.710	20.746	1.00	10.17	PROT
ATOM	5812	N	ASP	386	17.271	10.278	23.876	1.00	6.44	PROT
ATOM	5813	CA	ASP	386	18.367	10.067	24.620	1.00	5.92	PROT
ATOM	5814	C	ASP	386	18.277	10.955	26.071	1.00	5.20	PROT
ATOM	5815	O	ASP	386	19.275	11.156	26.765	1.00	4.61	PROT
ATOM	5816	CB	ASP	386	19.731	10.180	24.115	1.00	6.01	PROT
ATOM	5817	CG	ASP	386	19.822	11.379	23.173	1.00	6.65	PROT
ATOM	5818	OD1	ASP	386	18.344	12.263	23.208	1.00	7.37	PROT
ATOM	5819	OD2	ASP	386	20.790	11.435	22.368	1.00	7.73	PROT
ATOM	5824	N	GLN	387	17.076	11.469	26.361	1.00	4.84	PROT
ATOM	5825	CA	GLN	387	16.821	12.229	27.590	1.00	4.68	PROT
ATOM	5826	C	GLN	387	16.938	11.301	28.721	1.00	4.74	PROT
ATOM	5827	O	GLN	387	16.490	10.173	28.790	1.00	4.93	PROT
ATOM	5828	CB	GLN	387	15.421	12.871	27.578	1.00	4.41	PROT
ATOM	5829	CG	GLN	387	15.208	13.954	28.659	1.00	4.24	PROT
ATOM	5830	CD	GLN	387	13.846	14.669	28.562	1.00	4.94	PROT
ATOM	5831	OE1	GLN	387	12.965	14.260	27.908	1.00	4.19	PROT
ATOM	5832	NE2	GLN	387	13.677	15.739	29.344	1.00	5.87	PROT
ATOM	5841	N	THR	388	17.728	11.763	29.795	1.00	4.48	PROT
ATOM	5842	CA	THR	388	18.066	10.947	30.955	1.00	4.71	PROT
ATOM	5843	C	THR	388	16.943	10.764	31.870	1.00	5.00	PROT
ATOM	5844	O	THR	388	15.926	11.590	31.826	1.00	4.77	PROT
ATOM	5845	CB	THR	388	19.215	11.568	31.771	1.00	4.92	PROT
ATOM	5846	CG1	THR	388	18.774	12.854	32.284	1.00	4.89	PROT
ATOM	5847	CG2	THR	388	20.441	11.796	30.898	1.00	4.53	PROT
ATOM	5854	N	PRO	389	16.810	9.678	32.682	1.00	5.07	PROT
ATOM	5855	CA	PRO	389	15.705	9.510	33.637	1.00	5.23	PROT
ATOM	5856	C	PRO	389	15.464	10.712	34.556	1.00	5.19	PROT
ATOM	5857	O	PRO	389	14.327	10.937	34.974	1.00	5.26	PROT
ATOM	5858	CB	PRO	389	16.123	8.276	34.441	1.00	5.17	PROT
ATOM	5859	CG	PRO	389	16.951	7.501	33.465	1.00	5.57	PROT
ATOM	5860	CD	PRO	389	17.740	8.536	32.741	1.00	5.08	PROT
ATOM	5868	N	ASP	390	16.511	11.436	34.845	1.00	5.01	PROT
ATOM	5869	CA	ASP	390	16.349	12.715	35.620	1.00	5.06	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5870	C	ASP	390	16.107	13.361	34.779	1.00	4.87	PROT
ATOM	5871	O	ASP	390	16.172	15.031	35.303	1.00	5.02	PROT
ATOM	5872	CB	ASP	390	17.498	12.912	36.628	1.00	5.76	PROT
ATOM	5873	CG	ASP	390	18.867	12.656	36.031	1.00	5.29	PROT
ATOM	5874	OD1	ASP	390	19.835	12.632	36.808	1.00	5.95	PROT
ATOM	5875	OD2	ASP	390	18.932	12.459	34.803	1.00	7.08	PROT
ATOM	5890	N	GLY	391	15.830	13.808	33.484	1.00	4.08	PROT
ATOM	5891	CA	GLY	391	15.252	14.876	32.554	1.00	3.89	PROT
ATOM	5892	C'	GLY	391	16.194	15.745	31.631	1.00	3.62	PROT
ATOM	5893	O	GLY	391	15.782	16.781	31.315	1.00	3.66	PROT
ATOM	5897	N	TYR	392	17.446	15.322	31.687	1.00	3.83	PROT
ATOM	5898	CA	TYR	392	16.433	16.038	30.326	1.00	4.36	PROT
ATOM	5899	C	TYR	392	16.512	15.652	29.461	1.00	4.81	PROT
ATOM	5890	O	TYR	392	16.803	14.490	29.148	1.00	3.99	PROT
ATOM	5891	CB	TYR	392	19.810	16.061	31.618	1.00	4.00	PROT
ATOM	5892	CG	TYR	392	19.783	16.650	33.013	1.00	4.79	PROT
ATOM	5893	CD1	TYR	392	19.632	15.630	34.135	1.00	5.36	PROT
ATOM	5894	CD2	TYR	392	19.804	16.038	33.208	1.00	3.59	PROT
ATOM	5895	CE1	TYR	392	19.572	16.376	35.425	1.00	5.47	PROT
ATOM	5896	CE2	TYR	392	19.739	18.585	34.478	1.00	5.43	PROT
ATOM	5897	CZ	TYR	392	19.823	17.752	35.580	1.00	4.50	PROT
ATOM	5898	OH	TYR	392	19.554	18.518	36.828	1.00	6.19	PROT
ATOM	5907	N	CYS	393	18.215	16.604	28.579	1.00	5.63	PROT
ATOM	5908	CA	CYS	393	18.265	16.413	27.140	1.00	5.86	PROT
ATOM	5909	C	CYS	393	18.594	16.941	26.582	1.00	5.26	PROT
ATOM	5910	O	CYS	393	19.858	18.141	26.678	1.00	5.55	PROT
ATOM	5911	CB	CYS	393	17.078	17.140	26.485	1.00	6.12	PROT
ATOM	5912	SG	CYS	393	17.124	17.179	24.676	1.00	9.15	PROT
ATOM	5917	N	PRO	394	20.427	16.056	25.999	1.00	4.67	PROT
ATOM	5918	CA	PRO	394	21.677	16.517	25.363	1.00	4.67	PROT
ATOM	5919	C	PRO	394	21.414	17.734	24.474	1.00	4.20	PROT
ATOM	5920	O	PRO	394	20.415	17.751	23.762	1.00	4.43	PROT
ATOM	5921	CB	PRO	394	22.128	15.507	24.561	1.00	4.74	PROT
ATOM	5922	CG	PRO	394	21.544	14.139	25.252	1.00	4.83	PROT
ATOM	5923	CD	PRO	394	20.242	14.596	25.859	1.00	4.62	PROT
ATOM	5931	N	LEU	395	22.272	16.753	24.526	1.00	3.97	PROT
ATOM	5932	CA	LEU	395	22.039	19.979	23.751	1.00	3.62	PROT
ATOM	5933	C	LEU	395	22.063	19.707	22.247	1.00	3.96	PROT
ATOM	5934	O	LEU	395	21.242	20.248	21.495	1.00	3.43	PROT
ATOM	5935	CB	LEU	395	23.037	21.092	24.118	1.00	3.07	PROT
ATOM	5936	CG	LEU	395	23.036	22.367	23.249	1.00	3.92	PROT
ATOM	5937	CD1	LEU	395	21.662	23.083	23.230	1.00	2.70	PROT
ATOM	5938	CD2	LEU	395	24.134	23.334	23.680	1.00	2.81	PROT
ATOM	5950	N	SER	396	22.939	18.859	21.820	1.00	4.70	PROT
ATOM	5951	CA	SER	396	23.127	18.506	20.409	1.00	5.32	PROT
ATOM	5952	C	SER	396	21.857	17.639	19.869	1.00	5.80	PROT
ATOM	5953	O	SER	396	21.424	18.145	18.754	1.00	6.19	PROT
ATOM	5954	CB	SER	396	24.386	17.669	20.152	1.00	5.48	PROT
ATOM	5955	OG	SER	396	24.523	16.613	21.085	1.00	5.87	PROT
ATOM	5960	N	THR	397	21.253	16.954	20.664	1.00	6.11	PROT
ATOM	5961	CA	THR	397	19.929	16.396	20.349	1.00	6.16	PROT
ATOM	5962	C	THR	397	18.835	17.457	20.370	1.00	6.05	PROT
ATOM	5963	O	THR	397	17.970	17.471	19.493	1.00	6.21	PROT
ATOM	5964	CB	THR	397	19.506	15.270	21.321	1.00	6.31	PROT
ATOM	5965	OG1	THR	397	20.538	14.267	21.405	1.00	4.48	PROT
ATOM	5966	CG2	THR	397	18.211	14.594	20.536	1.00	7.29	PROT
ATOM	5973	N	PHE	398	18.357	18.329	21.380	1.00	5.82	PROT
ATOM	5974	CA	PHE	398	17.065	19.415	21.465	1.00	5.36	PROT
ATOM	5975	C	PHE	398	17.907	20.276	20.200	1.00	5.41	PROT
ATOM	5976	O	PHE	398	16.845	20.576	19.663	1.00	5.23	PROT
ATOM	5977	CB	PHE	398	18.082	20.264	22.734	1.00	5.11	PROT
ATOM	5978	CG	PHE	398	16.976	21.270	22.981	1.00	4.66	PROT
ATOM	5979	CD1	PHE	398	15.787	20.891	23.599	1.00	3.01	PROT
ATOM	5980	CD2	PHE	398	17.143	22.599	22.623	1.00	5.20	PROT
ATOM	5981	CE1	PHE	398	14.769	21.825	23.853	1.00	4.07	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	5982	CE2	PHE	398	16.148	23.543	22.861	1.00	5.56	PROT
ATOM	5983	CZ	PHE	398	14.949	23.154	23.462	1.00	4.23	PROT
ATOM	5993	N	SER	399	19.106	20.634	19.726	1.00	5.44	PROT
ATOM	5994	CA	SER	399	19.263	21.418	18.489	1.00	6.55	PROT
ATOM	5995	C	SER	399	18.640	20.758	17.263	1.00	6.95	PROT
ATOM	5996	O	SER	399	18.081	21.440	16.491	1.00	6.93	PROT
ATOM	5997	CB	SER	399	20.769	21.646	18.176	1.00	6.34	PROT
ATOM	5998	OG	SER	399	21.512	22.043	19.308	1.00	7.08	PROT
ATOM	6003	N	ARG	400	18.751	19.433	17.186	1.00	7.76	PROT
ATOM	6004	CA	ARG	400	18.214	18.661	16.068	1.00	8.83	PROT
ATOM	6005	C	ARG	400	16.701	18.664	15.079	1.00	9.30	PROT
ATOM	6006	O	ARG	400	16.073	18.776	15.024	1.00	9.29	PROT
ATOM	6007	CB	ARG	400	18.710	17.206	16.104	1.00	8.97	PROT
ATOM	6008	CG	ARG	400	20.199	17.037	16.328	1.00	10.18	PROT
ATOM	6009	CD	ARG	400	21.027	17.679	15.220	1.00	13.32	PROT
ATOM	6010	NE	ARG	400	20.692	17.123	13.912	1.00	14.23	PROT
ATOM	6011	CZ	ARG	400	21.390	16.180	13.285	1.00	15.63	PROT
ATOM	6012	NH1	ARG	400	22.468	15.672	15.832	1.00	17.67	PROT
ATOM	6013	NH2	ARG	400	20.991	15.751	12.026	1.00	15.05	PROT
ATOM	6027	N	LEU	401	16.124	18.527	17.276	1.00	10.33	PROT
ATOM	6028	CA	LEU	401	14.673	18.522	17.441	1.00	11.29	PROT
ATOM	6029	C	LEU	401	14.067	19.845	17.021	1.00	12.10	PROT
ATOM	6030	O	LEU	401	13.060	19.874	16.304	1.00	12.54	PROT
ATOM	6031	CB	LEU	401	14.264	18.163	18.876	1.00	11.30	PROT
ATOM	6032	CG	LEU	401	13.529	16.825	13.065	1.00	12.19	PROT
ATOM	6033	CD1	LEU	401	14.360	15.644	16.565	1.00	12.72	PROT
ATOM	6034	CD2	LEU	401	12.160	16.834	16.376	1.00	11.84	PROT
ATOM	6046	N	VAL	402	14.700	20.934	17.451	1.00	12.70	PROT
ATOM	6047	CA	VAL	402	14.286	22.276	17.052	1.00	13.12	PROT
ATOM	6048	C	VAL	402	14.356	22.433	15.525	1.00	13.49	PROT
ATOM	6049	O	VAL	402	13.367	22.797	14.889	1.00	12.87	PROT
ATOM	6050	CB	VAL	402	15.133	23.351	17.774	1.00	13.15	PROT
ATOM	6051	CG1	VAL	402	14.949	24.725	17.144	1.00	12.99	PROT
ATOM	6052	CG2	VAL	402	14.795	23.371	19.264	1.00	12.46	PROT
ATOM	6062	N	SER	403	15.921	22.136	14.952	1.00	14.58	PROT
ATOM	6063	CA	SER	403	15.744	22.259	13.510	1.00	15.62	PROT
ATOM	6064	C	SER	403	14.682	21.497	12.699	1.00	16.00	PROT
ATOM	6065	O	SER	403	14.274	21.950	11.639	1.00	16.66	PROT
ATOM	6066	CB	SER	403	17.155	21.816	13.143	1.00	16.07	PROT
ATOM	6067	OG	SER	403	18.167	22.481	13.874	1.00	0.00	PROT
ATOM	6072	N	HSD	404	14.243	20.355	15.219	1.00	16.33	PROT
ATOM	6073	CA	HSD	404	13.199	19.565	12.556	1.00	16.95	PROT
ATOM	6074	C	HSD	404	11.779	20.086	12.804	1.00	16.52	PROT
ATOM	6075	O	HSD	404	10.680	19.816	12.011	1.00	16.60	PROT
ATOM	6076	CB	HSD	404	13.269	18.082	12.944	1.00	17.22	PROT
ATOM	6077	CG	HSD	404	14.525	17.393	12.447	1.00	19.47	PROT
ATOM	6078	ND1	HSD	404	15.230	16.486	15.215	1.00	21.57	PROT
ATOM	6079	CD2	HSD	404	15.176	17.469	11.261	1.00	21.25	PROT
ATOM	6080	CE1	HSD	404	16.264	16.039	12.523	1.00	22.36	PROT
ATOM	6081	NE2	HSD	404	16.256	16.620	11.336	1.00	22.83	PROT
ATOM	6089	N	SER	405	11.584	20.835	13.891	1.00	16.43	PROT
ATOM	6090	CA	SER	405	10.254	21.321	14.281	1.00	16.43	PROT
ATOM	6091	C	SER	405	9.863	22.657	13.645	1.00	16.09	PROT
ATOM	6092	O	SER	405	8.696	22.894	13.353	1.00	16.13	PROT
ATOM	6093	CB	SER	405	10.148	21.423	15.808	1.00	16.58	PROT
ATOM	6094	OG	SER	405	10.437	20.169	16.410	1.00	16.84	PROT
ATOM	6099	N	VAL	406	10.344	23.528	13.450	1.00	16.25	PROT
ATOM	6100	CA	VAL	406	10.600	24.863	12.918	1.00	16.19	PROT
ATOM	6101	C	VAL	406	10.041	24.858	11.490	1.00	16.52	PROT
ATOM	6102	O	VAL	406	10.262	23.911	10.717	1.00	15.71	PROT
ATOM	6103	CB	VAL	406	11.873	25.758	13.009	1.00	16.37	PROT
ATOM	6104	CG1	VAL	406	12.234	26.015	14.480	1.00	15.56	PROT
ATOM	6105	CG2	VAL	406	13.045	25.135	12.261	1.00	16.53	PROT
ATOM	6115	N	GLU	407	9.274	25.901	11.179	1.00	16.52	PROT
ATOM	6116	CA	GLU	407	8.867	26.200	9.816	1.00	16.87	PROT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	6117	C	GLU	407	9.639	27.246	9.246	1.00	17.18	PROT
ATOM	6118	O	GLU	407	2.886	26.380	2.738	1.00	17.41	PROT
ATOM	6119	CB	GLU	407	7.412	26.703	9.792	1.00	16.59	PROT
ATOM	6120	CG	GLU	407	6.890	27.167	8.411	1.00	16.45	PROT
ATOM	6121	CD	GLU	407	7.009	26.095	7.530	1.00	16.08	PROT
ATOM	6122	OE1	GLU	407	6.531	24.961	7.542	1.00	15.69	PROT
ATOM	6123	OE2	GLU	407	7.531	26.593	6.267	1.00	16.92	PROT
ATOM	6130	N	PRO	408	10.627	26.866	8.213	1.00	17.40	PROT
ATOM	6131	CA	PRO	408	11.593	27.764	7.568	1.00	17.31	PROT
ATOM	6132	C	PRO	408	11.019	29.086	7.050	1.00	17.08	PROT
ATOM	6133	O	PRO	408	11.893	30.112	7.124	1.00	16.93	PROT
ATOM	6134	CB	PRO	408	12.150	26.925	6.394	1.00	17.55	PROT
ATOM	6135	CG	PRO	408	11.932	25.522	6.615	1.00	17.56	PROT
ATOM	6136	CD	PRO	408	10.650	25.522	7.603	1.00	17.68	PROT
ATOM	6144	N	ALA	409	9.792	29.059	6.535	1.00	17.22	PROT
ATOM	6145	CA	ALA	409	9.153	30.265	6.022	1.00	17.67	PROT
ATOM	6146	C	ALA	409	8.624	31.282	7.124	1.00	17.35	PROT
ATOM	6147	O	ALA	409	8.595	32.456	6.834	1.00	16.07	PROT
ATOM	6148	CB	ALA	409	7.857	29.900	5.271	1.00	17.40	PROT
ATOM	6154	N	CYS	410	8.308	30.817	8.375	1.00	18.41	PROT
ATOM	6155	CA	CYS	410	8.511	31.667	9.535	1.00	18.68	PROT
ATOM	6156	C	CYS	410	9.747	32.035	10.351	1.00	18.34	PROT
ATOM	6157	O	CYS	410	9.622	32.549	11.463	1.00	19.62	PROT
ATOM	6158	CB	CYS	410	7.454	31.010	10.436	1.00	18.18	PROT
ATOM	6159	SG	CYS	410	9.961	30.531	9.586	1.00	17.28	PROT
ATOM	6164	N	GLN	411	10.929	31.774	9.798	1.00	20.10	PROT
ATOM	6165	CA	GLN	411	12.186	32.186	10.410	1.00	21.33	PROT
ATOM	6166	C	GLN	411	12.343	33.699	10.335	1.00	21.81	PROT
ATOM	6167	O	GLN	411	11.879	34.330	9.365	1.00	21.94	PROT
ATOM	6168	CB	GLN	411	13.372	31.533	9.699	1.00	21.35	PROT
ATOM	6169	CG	GLN	411	13.505	30.056	9.901	1.00	21.83	PROT
ATOM	6170	CD	GLN	411	14.706	29.462	9.168	1.00	22.12	PROT
ATOM	6171	OE1	GLN	411	14.681	29.291	7.946	1.00	25.89	PROT
ATOM	6172	NE2	GLN	411	15.769	29.161	9.915	1.00	22.55	PROT
ATOM	6161	N	LEU	412	12.985	34.269	11.351	1.00	22.23	PROT
ATOM	6162	CA	LEU	412	13.408	35.664	11.332	1.00	23.01	PROT
ATOM	6163	C	LEU	412	14.792	35.752	10.702	1.00	23.67	PROT
ATOM	6164	O	LEU	412	15.744	35.167	11.224	1.00	24.29	PROT
ATOM	6165	CB	LEU	412	13.453	36.243	12.754	1.00	22.85	PROT
ATOM	6166	CG	LEU	412	12.241	37.017	13.278	1.00	22.57	PROT
ATOM	6167	CD1	LEU	412	10.969	36.233	13.080	1.00	20.93	PROT
ATOM	6168	CD2	LEU	412	12.417	37.398	14.742	1.00	22.61	PROT
ATOM	6200	N	PRO	413	14.913	36.467	9.573	1.00	24.50	PROT
ATOM	6201	CA	PRO	413	13.866	37.110	8.773	1.00	24.96	PROT
ATOM	6202	C	PRO	413	13.308	36.203	7.670	1.00	25.53	PROT
ATOM	6203	O	PRO	413	13.784	35.041	7.563	1.00	0.00	PROT
ATOM	6204	CB	PRO	413	14.606	38.303	8.145	1.00	25.21	PROT
ATOM	6205	CG	PRO	413	16.079	38.179	8.604	1.00	24.70	PROT
ATOM	6206	CD	PRO	413	16.240	36.765	9.014	1.00	24.53	PROT
END										
ATOM	6276	OH2	TIP3	1	-3.872	26.428	28.319	1.00	5.13	XWAT
ATOM	6279	OH2	TIP3	2	19.235	31.249	47.659	1.00	7.39	XWAT
ATOM	6282	OH2	TIP3	4	-7.692	42.917	44.597	1.00	17.68	XWAT
ATOM	6295	OH2	TIP3	5	-23.906	40.436	31.657	1.00	10.85	XWAT
ATOM	6268	OH2	TIP3	6	-3.436	35.420	25.094	1.00	16.60	XWAT
ATOM	6291	OH2	TIP3	7	-4.285	20.702	37.937	1.00	13.56	XWAT
ATOM	6294	OH2	TIP3	8	6.238	18.126	39.956	1.00	34.49	XWAT
ATOM	6297	OH2	TIP3	9	-4.356	26.003	44.389	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6300	OH2	TIP3	10	17.962	53.263	34.418	1.00	22.49	XWAT
ATOM	6303	OH2	TIP3	11	-15.336	45.435	40.866	1.00	24.03	XWAT
ATOM	6306	OH2	TIP3	12	-6.579	30.229	46.903	1.00	9.21	XWAT
ATOM	6309	OH2	TIP3	13	-24.617	39.602	20.934	1.00	16.28	XWAT
ATOM	6312	OH2	TIP3	14	5.228	44.026	12.852	1.00	11.14	XWAT
ATOM	6315	OH2	TIP3	15	16.987	43.790	30.477	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6318	OH2	TIP3	16	-36.889	26.833	26.395	1.00	19.97	XWAT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	6321	OH2	TIP3	17	2.594	31.821	38.110	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6324	OH2	TIP3	18	6.773	43.753	21.839	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6327	OH2	TIP3	19	7.471	32.652	17.603	1.00	3.67	XWAT
ATOM	6330	OH2	TIP3	20	3.475	41.387	19.104	1.00	3.12	XWAT
ATOM	6333	OH2	TIP3	21	-6.051	51.464	41.465	1.00	31.31	XWAT
ATOM	6336	OH2	TIP3	22	13.604	18.554	31.108	1.00	2.85	XWAT
ATOM	6339	OH2	TIP3	23	-3.028	22.234	35.106	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6342	OH2	TIP3	24	1.275	29.082	3.627	1.00	30.13	XWAT
ATOM	6345	OH2	TIP3	25	15.270	51.503	36.584	1.00	18.00	XWAT
ATOM	6348	OH2	TIP3	26	-6.265	44.031	24.876	1.00	23.60	XWAT
ATOM	6351	OH2	TIP3	27	1.627	35.581	38.617	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6354	OH2	TIP3	28	8.932	35.977	46.472	1.00	4.06	XWAT
ATOM	6357	OH2	TIP3	29	2.500	33.693	44.957	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6360	OH2	TIP3	31	7.257	34.269	35.602	1.00	6.65	XWAT
ATOM	6363	OH2	TIP3	32	-2.565	56.534	31.192	1.00	8.52	XWAT
ATOM	6366	OH2	TIP3	33	11.674	31.203	53.645	1.00	34.76	XWAT
ATOM	6369	OH2	TIP3	34	-4.341	29.841	16.524	1.00	19.11	XWAT
ATOM	6372	OH2	TIP3	35	1.964	33.926	17.871	1.00	11.95	XWAT
ATOM	6375	OH2	TIP3	36	-2.660	18.756	29.302	1.00	22.93	XWAT
ATOM	6378	OH2	TIP3	37	12.179	11.731	26.347	1.00	14.01	XWAT
ATOM	6381	OH2	TIP3	38	-17.095	31.454	43.045	1.00	11.14	XWAT
ATOM	6384	OH2	TIP3	39	-0.485	29.218	49.383	1.00	26.91	XWAT
ATOM	6387	OH2	TIP3	41	0.388	19.234	30.657	1.00	25.38	XWAT
ATOM	6390	OH2	TIP3	42	-0.754	35.930	21.602	1.00	14.70	XWAT
ATOM	6393	OH2	TIP3	43	30.751	22.613	27.685	1.00	21.61	XWAT
ATOM	6396	OH2	TIP3	44	0.034	36.216	15.196	1.00	15.47	XWAT
ATOM	6399	OH2	TIP3	45	4.915	31.645	19.806	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6402	OH2	TIP3	46	0.519	36.968	7.747	1.00	11.79	XWAT
ATOM	6405	OH2	TIP3	47	1.766	30.262	31.734	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6408	OH2	TIP3	48	30.537	43.971	45.066	1.00	50.80	XWAT
ATOM	6411	OH2	TIP3	50	-1.358	30.272	18.762	1.00	7.06	XWAT
ATOM	6414	OH2	TIP3	51	-1.917	40.015	21.194	1.00	32.75	XWAT
ATOM	6417	OH2	TIP3	52	-17.005	17.710	30.167	1.00	10.03	XWAT
ATOM	6420	OH2	TIP3	53	22.832	45.365	39.049	1.00	27.83	XWAT
ATOM	6423	OH2	TIP3	54	-27.695	25.164	29.213	1.00	10.74	XWAT
ATOM	6426	OH2	TIP3	55	0.457	38.154	38.089	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6429	OH2	TIP3	56	27.614	44.494	33.182	1.00	16.11	XWAT
ATOM	6432	OH2	TIP3	58	22.048	39.345	42.697	1.00	20.36	XWAT
ATOM	6435	OH2	TIP3	59	4.963	26.085	48.456	1.00	17.72	XWAT
ATOM	6438	OH2	TIP3	60	-22.589	25.368	40.936	1.00	19.68	XWAT
ATOM	6441	OH2	TIP3	61	-31.306	25.064	29.720	1.00	27.75	XWAT
ATOM	6444	OH2	TIP3	62	-1.660	48.684	35.094	1.00	19.22	XWAT
ATOM	6447	OH2	TIP3	63	-4.766	42.529	17.037	1.00	30.85	XWAT
ATOM	6450	OH2	TIP3	64	-3.544	16.729	22.218	1.00	16.97	XWAT
ATOM	6453	OH2	TIP3	65	-26.106	31.745	38.820	1.00	22.55	XWAT
ATOM	6456	OH2	TIP3	67	3.952	21.585	41.813	1.00	10.93	XWAT
ATOM	6459	OH2	TIP3	68	-19.846	33.120	16.435	1.00	6.34	XWAT
ATOM	6462	OH2	TIP3	69	-8.752	40.793	21.738	1.00	38.90	XWAT
ATOM	6465	OH2	TIP3	70	-11.460	47.040	32.436	1.00	11.07	XWAT
ATOM	6468	OH2	TIP3	71	-3.054	17.405	26.050	1.00	42.00	XWAT
ATOM	6471	OH2	TIP3	72	-13.347	18.079	37.353	1.00	15.39	XWAT
ATOM	6474	OH2	TIP3	73	-4.140	30.490	29.711	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6477	OH2	TIP3	74	-18.238	44.937	33.599	1.00	20.78	XWAT
ATOM	6480	OH2	TIP3	76	27.325	13.037	33.206	1.00	9.29	XWAT
ATOM	6483	OH2	TIP3	77	-4.034	22.356	26.702	1.00	30.41	XWAT
ATOM	6486	OH2	TIP3	78	-14.602	37.028	17.414	1.00	21.94	XWAT
ATOM	6489	OH2	TIP3	80	14.572	53.851	52.173	1.00	18.48	XWAT
ATOM	6492	OH2	TIP3	81	-20.846	22.901	44.865	1.00	46.27	XWAT
ATOM	6495	OH2	TIP3	82	-19.181	39.792	35.249	1.00	6.94	XWAT
ATOM	6498	OH2	TIP3	83	3.039	52.630	13.502	1.00	24.18	XWAT
ATOM	6501	OH2	TIP3	86	-4.365	55.903	53.584	1.00	49.46	XWAT
ATOM	6504	OH2	TIP3	87	-26.511	23.171	33.162	1.00	14.13	XWAT
ATOM	6507	OH2	TIP3	88	-23.934	20.144	27.283	1.00	10.91	XWAT
ATOM	6510	OH2	TIP3	89	7.808	49.733	29.658	1.00	12.68	XWAT
ATOM	6513	OH2	TIP3	90	5.993	16.030	26.077	1.00	13.56	XWAT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	6516	OH2	TIP3	91	-34.683	29.557	29.250	1.00	18.92	XWAT
ATOM	6519	OH2	TIP3	92	14.499	50.037	39.004	1.00	17.43	XWAT
ATOM	6522	OH2	TIP3	94	27.474	20.025	41.171	1.00	22.72	XWAT
ATOM	6525	OH2	TIP3	95	-9.521	20.857	5.122	1.00	26.03	XWAT
ATOM	6528	OH2	TIP3	96	10.544	43.391	45.229	1.00	34.20	XWAT
ATOM	6531	OH2	TIP3	97	19.673	46.568	45.681	1.00	22.99	XWAT
ATOM	6534	OH2	TIP3	98	-6.934	15.771	9.570	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6537	OH2	TIP3	99	-34.305	25.894	30.628	1.00	33.79	XWAT
ATOM	6540	OH2	TIP3	102	8.909	37.371	48.431	1.00	20.01	XWAT
ATOM	6543	OH2	TIP3	103	25.420	17.781	24.053	1.00	14.21	XWAT
ATOM	6546	OH2	TIP3	104	-5.648	19.701	27.080	1.00	30.94	XWAT
ATOM	6549	OH2	TIP3	106	19.471	48.314	50.752	1.00	31.75	XWAT
ATOM	6552	OH2	TIP3	107	-15.487	31.506	46.327	1.00	34.41	XWAT
ATOM	6555	OH2	TIP3	108	-36.738	30.101	32.179	1.00	38.94	XWAT
ATOM	6558	OH2	TIP3	109	-11.179	17.086	38.913	1.00	18.15	XWAT
ATOM	6561	OH2	TIP3	110	-25.214	22.765	28.115	1.00	25.10	XWAT
ATOM	6564	OH2	TIP3	111	7.243	38.052	49.387	1.00	20.59	XWAT
ATOM	6567	OH2	TIP3	112	-10.404	16.769	7.035	1.00	45.30	XWAT
ATOM	6570	OH2	TIP3	113	-20.034	22.773	48.104	1.00	47.65	XWAT
ATOM	6573	OH2	TIP3	114	-27.218	19.793	26.995	1.00	27.43	XWAT
ATOM	6576	OH2	TIP3	115	-24.536	16.397	30.259	1.00	32.60	XWAT
ATOM	6579	OH2	TIP3	116	30.246	23.359	39.158	1.00	10.67	XWAT
ATOM	6582	OH2	TIP3	118	12.424	46.054	48.210	1.00	46.05	XWAT
ATOM	6585	OH2	TIP3	121	-1.261	47.033	25.727	1.00	14.74	XWAT
ATOM	6588	OH2	TIP3	123	-6.586	21.421	34.879	1.00	23.63	XWAT
ATOM	6591	OH2	TIP3	124	-16.531	27.349	9.704	1.00	12.22	XWAT
ATOM	6594	OH2	TIP3	126	12.221	49.090	32.006	1.00	5.05	XWAT
ATOM	6597	OH2	TIP3	127	-7.897	31.181	18.670	1.00	17.92	XWAT
ATOM	6600	OH2	TIP3	129	-13.867	28.591	44.834	1.00	15.14	XWAT
ATOM	6603	OH2	TIP3	130	-1.782	45.152	27.802	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6606	OH2	TIP3	131	-15.595	41.861	34.028	1.00	10.51	XWAT
ATOM	6609	OH2	TIP3	132	6.298	16.138	30.868	1.00	6.49	XWAT
ATOM	6612	OH2	TIP3	133	11.512	47.236	37.606	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6615	OH2	TIP3	134	19.286	46.897	32.557	1.00	12.95	XWAT
ATOM	6618	OH2	TIP3	135	0.742	51.629	31.304	1.00	11.59	XWAT
ATOM	6621	OH2	TIP3	136	-4.689	32.032	19.571	1.00	25.48	XWAT
ATOM	6624	OH2	TIP3	137	31.574	16.202	26.472	1.00	30.19	XWAT
ATOM	6627	OH2	TIP3	138	-0.787	26.277	47.192	1.00	11.50	XWAT
ATOM	6630	OH2	TIP3	140	-9.298	44.508	42.115	1.00	14.23	XWAT
ATOM	6633	OH2	TIP3	141	16.606	48.886	28.032	1.00	4.97	XWAT
ATOM	6636	OH2	TIP3	142	-10.378	18.463	22.500	1.00	13.44	XWAT
ATOM	6639	OH2	TIP3	144	2.471	39.135	49.063	1.00	4.79	XWAT
ATOM	6642	OH2	TIP3	146	-8.932	19.766	28.575	1.00	10.19	XWAT
ATOM	6645	OH2	TIP3	147	8.960	52.000	26.374	1.00	6.77	XWAT
ATOM	6648	OH2	TIP3	148	-20.203	45.043	25.034	1.00	13.56	XWAT
ATOM	6651	OH2	TIP3	149	7.339	23.005	44.668	1.00	21.49	XWAT
ATOM	6654	OH2	TIP3	150	2.056	46.463	42.157	1.00	5.56	XWAT
ATOM	6657	OH2	TIP3	151	-20.167	21.284	18.362	1.00	3.46	XWAT
ATOM	6660	OH2	TIP3	153	-5.961	33.846	27.750	1.00	23.52	XWAT
ATOM	6663	OH2	TIP3	154	-17.904	24.775	9.675	1.00	19.85	XWAT
ATOM	6666	OH2	TIP3	155	15.834	45.800	38.677	1.00	5.85	XWAT
ATOM	6669	OH2	TIP3	156	12.144	12.644	30.956	1.00	25.76	XWAT
ATOM	6672	OH2	TIP3	157	14.678	36.773	17.184	1.00	19.22	XWAT
ATOM	6675	OH2	TIP3	158	10.044	48.744	15.900	1.00	7.82	XWAT
ATOM	6678	OH2	TIP3	159	-20.447	28.488	16.163	1.00	16.20	XWAT
ATOM	6681	OH2	TIP3	160	-0.818	19.485	12.845	1.00	4.65	XWAT
ATOM	6684	OH2	TIP3	162	2.211	16.727	34.304	1.00	9.36	XWAT
ATOM	6687	OH2	TIP3	163	-13.231	19.447	11.529	1.00	14.57	XWAT
ATOM	6690	OH2	TIP3	165	5.818	44.236	44.472	1.00	8.37	XWAT
ATOM	6693	OH2	TIP3	166	-2.133	27.178	49.829	1.00	36.92	XWAT
ATOM	6696	OH2	TIP3	167	0.356	40.575	50.390	1.00	14.90	XWAT
ATOM	6699	OH2	TIP3	168	18.838	48.456	29.679	1.00	3.36	XWAT
ATOM	6702	OH2	TIP3	169	6.046	45.172	41.025	1.00	12.76	XWAT
ATOM	6705	OH2	TIP3	170	7.146	46.493	39.067	1.00	3.87	XWAT
ATOM	6708	OH2	TIP3	171	-1.185	43.464	45.752	1.00	14.81	XWAT

ES 2 456 960 T3

Figura 3 cont.

ATOM	6711	OH2	TIP3	172	-28.499	22.997	16.753	1.00	29.73	XWAT
ATOM	6714	OH2	TIP3	173	-7.665	18.904	23.197	1.00	22.44	XWAT
ATOM	6717	OH2	TIP3	175	-16.670	25.977	20.457	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6720	OH2	TIP3	176	4.855	16.351	33.003	1.00	22.26	XWAT
ATOM	6723	OH2	TIP3	178	-7.691	20.427	32.270	1.00	36.95	XWAT
ATOM	6726	OH2	TIP3	180	28.558	31.447	41.569	1.00	14.65	XWAT
ATOM	6729	OH2	TIP3	181	12.783	48.008	35.551	1.00	7.27	XWAT
ATOM	6732	OH2	TIP3	182	-4.556	20.016	33.170	1.00	11.49	XWAT
ATOM	6735	OH2	TIP3	183	-4.759	45.391	41.506	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6738	OH2	TIP3	184	-27.103	40.457	30.822	1.00	10.55	XWAT
ATOM	6741	OH2	TIP3	185	-4.549	46.166	26.507	1.00	24.95	XWAT
ATOM	6744	OH2	TIP3	186	-21.132	23.788	13.743	1.00	20.95	XWAT
ATOM	6747	OH2	TIP3	187	-5.074	44.959	44.522	1.00	13.43	XWAT
ATOM	6750	OH2	TIP3	188	-19.351	14.781	26.745	1.00	3.84	XWAT
ATOM	6753	OH2	TIP3	189	26.584	39.235	38.443	1.00	20.41	XWAT
ATOM	6756	OH2	TIP3	190	-20.198	31.629	14.171	1.00	10.67	XWAT
ATOM	6759	OH2	TIP3	191	32.938	17.064	39.436	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6762	OH2	TIP3	192	-15.539	45.937	31.794	1.00	23.45	XWAT
ATOM	6765	OH2	TIP3	193	5.674	46.420	36.745	1.00	2.00	XWAT
ATOM	6768	OH2	TIP3	194	-13.733	10.283	15.149	1.00	30.03	XWAT
ATOM	6771	OH2	TIP3	195	-14.451	45.075	24.932	1.00	12.08	XWAT
ATOM	6774	OH2	TIP3	196	13.881	30.053	51.927	1.00	5.72	XWAT
ATOM	6777	OH2	TIP3	198	7.109	31.694	36.151	1.00	11.31	XWAT
ATOM	6780	OH2	TIP3	199	-9.531	13.810	13.314	1.00	18.42	XWAT
ATOM	6783	OH2	TIP3	200	-24.406	29.511	17.439	1.00	9.70	XWAT
ATOM	6786	OH2	TIP3	201	-15.380	24.117	11.361	1.00	9.69	XWAT
ATOM	6789	OH2	TIP3	202	-16.234	47.171	27.156	1.00	14.70	XWAT
ATOM	6792	OH2	TIP3	203	19.501	44.019	30.049	1.00	5.62	XWAT
ATOM	6795	OH2	TIP3	204	-27.869	25.450	33.153	1.00	9.51	XWAT
ATOM	6798	OH2	TIP3	205	-11.449	16.320	21.174	1.00	20.73	XWAT
ATOM	6801	OH2	TIP3	206	-4.001	14.317	13.529	1.00	34.93	XWAT
ATOM	6804	OH2	TIP3	207	-11.053	14.430	23.403	1.00	30.27	XWAT
END										