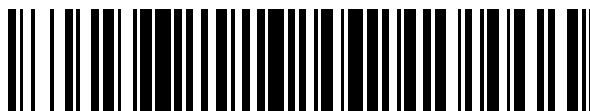


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 490 193**

51 Int. Cl.:

G01N 33/569 (2006.01)

C07K 14/44 (2006.01)

C07K 16/20 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **03.07.2009 E 09772549 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **07.05.2014 EP 2304441**

54 Título: **Procedimiento para el cribado de proteínas segregadas conservadas**

30 Prioridad:

04.07.2008 EP 08290657

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
03.09.2014

73 Titular/es:

**INSTITUT DE RECHERCHE POUR LE
DÉVELOPPEMENT (IRD) (100.0%)
44, Boulevard de Dunkerque CS 90009
13572 Marseille Cédex 02, FR**

72 Inventor/es:

**CORRALES, ROSA MILAGROS;
MATHIEU-DAUDE, FRANÇOISE y
SERENO, DENIS**

74 Agente/Representante:

CURELL AGUILÁ, Mireia

ES 2 490 193 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

Procedimiento para el cribado de proteínas segregadas conservadas.

5 La presente invención se refiere a procedimientos de diagnóstico *in vitro* y a utilidades de kits de diagnóstico para la detección de la presencia o ausencia de polipéptidos anticuerpos indicativos de la enfermedad de Chagas, como se define en las reivindicaciones adjuntas.

10 Los Tripanosomatidae comprenden un gran grupo de protozoos parásitos, algunos de los cuales causan enfermedades importantes en los seres humanos. Los tres organismos modelo que se han estudiado más ampliamente son *Trypanosoma brucei*, agente causante de la enfermedad del sueño africana, *T. cruzi*, responsable de la enfermedad de Chagas en América del Sur y *Leishmania*, que produce la leishmaniasis en Asia, América del Sur y los países mediterráneos. Quinientos millones de personas, principalmente en las zonas tropicales y subtropicales del mundo, están en situación de riesgo de contraer estas enfermedades. Se estima que más de 20 millones de personas están infectadas, lo que produce enormes sufrimientos y más de 100000 muertes al año.

15 La enfermedad de Chagas es una de las enfermedades parasitarias más importantes y afecta a 15 millones de personas en América Central y del Sur. La incidencia mundial anual de nuevos casos se estima en alrededor de 50000-200000.

20 El diagnóstico de la infección por *T. cruzi* es difícil porque los síntomas de la infección suelen estar ausentes o no son específicos, y porque los propios parásitos están por lo general por debajo del nivel de detección en los sujetos infectados (Tarleton *et al.*, 2007). Por lo tanto, el diagnóstico depende generalmente de la medición de anticuerpos específicos para *T. cruzi* producidos en respuesta a la infección.

25 Pruebas serológicas convencionales, tales como el ensayo de hemaglutinación indirecta, el ensayo de inmunofluorescencia indirecta y el ensayo por inmunoadsorción con enzima ligada (ELISA), se utilizan ampliamente en los países donde la infección es endémica. La mayoría se basan en la utilización de la totalidad o fracciones antigénicas semipurificadas de epimastigotes de *T. cruzi* cultivados en cultivo axénico. Un problema persistente en los ensayos convencionales es la aparición de resultados no concluyentes y falsos positivos. Por lo tanto, no existe consenso en el que la preparación de antígeno del parásito sea la mejor para la detección de anticuerpos contra *T. cruzi*. La Organización Mundial de la Salud y otros grupos de expertos recomiendan utilizar al menos dos pruebas en paralelo para confirmar la infección por *T. cruzi*. Debido a la falta de un verdadero patrón oro para el diagnóstico serológico de la infección por *T. cruzi*, el desarrollo de nuevas herramientas de diagnóstico sigue siendo un desafío para la enfermedad de Chagas.

30 Se han publicado métodos ELISA de alta sensibilidad y alta especificidad utilizando péptidos recombinantes o sintéticos como antígenos. En el documento US nº 5.916.572, los compuestos y procedimientos para detectar y proteger contra la infección por *T. cruzi* en personas y suministros de sangre implican polipéptidos que comprenden un epítipo de un antígeno de *T. cruzi*. La inclusión de antígenos recombinantes y péptidos sintéticos para el diagnóstico serológico de la infección por *T. cruzi* ha supuesto una ventaja desde el punto de vista de aumento de la especificidad. No obstante, cada uno de los antígenos recombinantes presentan menor sensibilidad en comparación con la prueba convencional utilizando extractos de parásitos enteros. El uso de cócteles de antígenos recombinantes, mezclas de péptidos sintéticos o antígenos de múltiples epítopos ha demostrado aumentar la sensibilidad.

35 En general se supone que los factores segregados/excretados en *T. cruzi* son muy inmunógenos. De hecho, las formas tripomastigote liberan varios antígenos en el sobrenadante de cultivos de células infectadas. Esta mezcla compleja de antígenos, denominada TESA (antígenos excretados-secretados de tripomastigotes), es muy inmunógena y se ha utilizado para el diagnóstico tanto de la enfermedad de Chagas aguda como crónica. Cabe destacar que los componentes de la mezcla TESA son actualmente desconocidos.

40 Para completar su ciclo vital, estos parásitos tienen que adaptarse y desarrollarse en un insecto vector (una mosca tsé-tsé, un hemíptero triatómico, o un tábano, respectivamente), y en un anfitrión vertebrado. Estos organismos unicelulares han desarrollado varias estrategias para modificar su entorno, modular respuestas inmunitarias para el anfitrión, o interferir con la actividad antimicrobiana del anfitrión. Materiales segregados por el parásito desempeñan funciones clave en estos procesos. Las proteasas segregadas que pertenecen a la familia de cisteína- o metalo-
45 proteasas se cree generalmente que están involucradas en la manipulación de las respuestas inmunitarias del anfitrión en insectos y vertebrados anfitriones. El análisis bioquímico de la gp63 extracelular de *Leishmania* ha puesto de manifiesto dos formas de la proteína, una liberada de la superficie de la célula y otra que aparentemente se segrega directamente. La forma segregada proporciona protección para *Leishmania* contra péptidos antimicrobianos procedentes de insectos. Los parásitos también pueden segregar enzimas que intervienen en los procesos nutritivos. *Leishmania*, al igual que otros tripanosomátidos, son auxótrofos de purinas, y por consiguiente son totalmente dependientes de la recuperación de estos nutrientes esenciales de sus anfitriones. Para satisfacer sus requisitos esenciales de purina, *Leishmania* segrega una nucleasa que pueden funcionar externamente del parásito para hidrolizar y acceder a ácidos nucleicos procedentes del anfitrión. Los materiales segregados también

pueden estar directamente involucrados en la invasión de células diana. Tc-TOX, una proteína formadora de poros de *T. cruzi*, permite al parásito escapar del endosoma y llegar al citoplasma, su entorno celular natural. Las pruebas experimentales sugieren que *Leishmania* también posee una proteína formadora de poros que contribuye a su liberación de anfitriones macrófagos.

5 En conjunto, estos resultados demuestran que los materiales segregados están involucrados en los procesos que ayudan al parásito a sobrevivir en un entorno más favorable para su propio desarrollo. Sin embargo, todos los factores en estos procesos no están actualmente identificados con claridad.

10 En los eucariotas, las proteínas solubles segregadas suelen contener péptidos señal con terminal N que los dirigen al aparato de desplazamiento del retículo endoplásmico (RE). Tras el transporte vesicular desde el RE a través del aparato de Golgi a la superficie celular, proteínas de la luz de la cavidad celular se liberan en el espacio extracelular por fusión de vesículas secretoras del aparato de Golgi con la membrana plasmática.

15 En los tripanosomátidos, se supone que las moléculas destinadas a la superficie celular y la secreción siguen una ruta eucariota típica viajando desde el RE al aparato de Golgi, a continuación, a la superficie celular a través de una membrana del reservorio flagelar llamada bolsa flagelar. No obstante, un método proteómico reciente aplicado al secretoma de *Leishmania* sugirió que este parásito utiliza predominantemente secreción no clásica de las vías respiratorias para exportar directamente las proteínas, como por ejemplo la liberación de microvesículas (Silverman J.M., Chan S.K., Robinson D.P., Dwyer D.M., Nandan D., Foster L.J., Reiner N.E.: Proteomic analysis of the secretome of *Leishmania donovani*. *Genome Biol.* 2008, 9 (2):R35).

20 Los análisis comparativos han puesto de manifiesto que los genomas de los parásitos tripanosomátidos que causan la enfermedad en los seres humanos, *Leishmania major*, *Trypanosoma cruzi* y *Trypanosoma brucei* están muy conservados. Además, aproximadamente el 50% de las proteínas previstas en el genoma se anotaron como "proteínas hipotéticas, incluso si para muchos de ellos existe alguna prueba de que existe la expresión de la proteína (El-Sayed N.M., Myler P.J., Blandin G., Berriman M., Crabtree J., Aggarwal G., Caler E., Renauld H., Worthey E.A., Hertz-Fowler C. *et al.*: Comparative genomics of tripanosomátido parasitic protozoa. *Science* 2005, **309**(5733):404-409; Atwood J.A., 3^o, Weatherly D.B., Minning T.A., Bundy B., Cavola C., Opperdoes F.R., Orlando R., Tarleton R.L.: The *Trypanosoma cruzi* proteome. *Science* 2005, **309** (5733):473-476; Jones A., Faldas A., Foucher A., Hunt E., Tait A., Wastling J.M., Turner C.M.: Visualisation and analysis of proteomic data from the procyclic form of *Trypanosoma brucei*. *Proteomics* 2006, 6(1):259-267). Entre todas las "proteínas hipotéticas" identificadas por El-Sayed *et al.*, una secuencia de 408 aminoácidos previstos se presentó en la base de datos pública UniProt con la referencia Q4DKL3, dándose a conocer dicha secuencia como SEC. ID. nº 86 en la presente solicitud. La evolución en la lucha contra las infecciones producidas por estos patógenos requiere una mejor comprensión de la biología de estos parásitos a fin de diseñar estrategias para el nuevo tratamiento. En general se supone que los factores excretados/segregados desempeñan funciones cruciales en la biología o la virulencia de parásitos tripanosomátidos y por lo tanto podrían representar dianas para vacunas o diseño racional de fármacos. En tripanosomátidos el proceso de secreción no se entiende completamente y diversas vías puede contribuir a la formación del "proteoma extracelular". La identificación de los materiales segregados aumentaría los esfuerzos hacia la comprensión de los mecanismos de secreción de proteínas de estos parásitos de importancia médica.

45 La disponibilidad de tres secuencias del genoma tripanosomátido proporciona datos valiosos para la explotación de proteínas utilizando herramientas bioinformáticas, especialmente para la localización o la predicción de funciones para hipotéticas proteínas. Dado que un número significativo de genes codificadores de proteínas tripanosomátidas se anotan como hipotéticos, se necesitan estudios adicionales para determinar su función.

50 Se desarrollaron varios procedimientos dirigidos a la caracterización de dicho material extracelular. Incluso si se recoge sobrenadante de un cultivo es relativamente fácil de realizar, la identificación de los diferentes factores puede ser difícil debido a la abundancia relativamente baja de los constituyentes. Además, el cultivo *in vitro* de periodos de mamíferos para los tripanosomátidos es imposible o laboriosa. Además, incluso si los parásitos se cultivan en medios sin células y sin suero, el sobrenadante del cultivo puede estar contaminado con materiales que no son principalmente "segregados" por el parásito. Estos materiales pueden desprenderse de la superficie del parásito o pueden proceder de organismos muertos. Así, para evitar este tipo de inconvenientes lo mejor es limitar el tiempo de incubación del parásito en un medio sin suero a unas pocas horas. Además también ha sido realizado la caracterización mediante el cribado de bibliotecas de ADNc con sueros generados contra los sobrenadantes del medio de cultivo. Sin embargo, la utilización de estas proteínas del procedimiento con una abundancia baja o que son poco inmunógenas es probable que se pierda. Recientemente, el secretoma de promastigotes de *L. donovani* se analizó utilizando un método proteómico cuantitativo basado en la metodología SILAC (Silverman *et al.*, *Genome Biology* (2008), **9**, R35). Aunque los autores identificaron un total de 358 proteínas segregadas en un medio de promastigotes acondicionado, la metodología SILAC fue incapaz de detectar las proteínas que es bien conocido que se segregan, por ejemplo, quitinasa y SACp (fosfatasa ácida segregada). Esto puede explicarse por las proporciones relativas (proteína extracelular en comparación con la asociada a células) utilizadas por el método SILAC para identificar proteínas extracelulares. Por ejemplo, esta metodología está limitada en su capacidad para detectar proteínas para las que se segrega la gran mayoría (extracelular) y casi no queda nada dentro de la célula. En consecuencia, no se puede calcular ninguna relación fiable. La metodología desarrollada en el documento WO

2006/108720 es totalmente diferente de la de la presente exposición. Se basa en las propiedades de inmunogenicidad de materiales liberados en los sobrenadantes de cultivo por las formas promastigote de *L. major*, y un cribado de la biblioteca de ADNc. Mediante el uso de este procedimiento se pueden identificar sólo las proteínas inmunógenas liberadas por el parásito en el sobrenadante del cultivo. Un subconjunto de estas proteínas es potencialmente segregado por la vía secretora clásica, basado en las predicciones del péptido señal en la secuencia de polipéptido. Otro subconjunto podría exportarse por otras rutas, ya que no llevan un péptido señal predicho. Otra diferencia con la presente exposición es la identificación dependiente de la fase: su punto de partida es los materiales liberados por los promastigotes en fase estacionaria, mientras que la presente exposición es independiente de la fase, ya que el punto de partida es genómico (las secuencias pueden expresarse por cualquier fase del ciclo vital de parásitos) y parásitos transgénicos se utilizan para la sobreexpresión de las proteínas diana. Van Ooij *et al.* (Ploss Pathogens, 2008, 4(6), 1-15) utilizan un análisis bioinformático para la predicción del péptido señal, pero específico para la especie *Plasmodium*, y su validación funcional sólo se realiza en *Plasmodium*. Esta metodología destinada a detectar y estudiar la función de las proteínas segregadas que llevan motivo de retención en el RE y el motivo PEXEL (Elemento de exportación del *Plasmodium*), no descritos en los tripanosomátidos.

En vista de esto, los inventores diseñaron un nuevo método experimental basado en el cribado bioinformático del genoma para identificar nuevas proteínas conservadas entre los protozoos parásitos, en particular las conservadas entre los tres principales patógenos tripanosomátidos y que se segregan por la vía clásica. Dicha metodología posee dos ventajas principales. En primer lugar, la detección de proteínas segregadas no se limita a una fase de parásito específica, ya que el método se basa en la utilización de los parásitos de *Leishmania* transgénicos para detectar proteínas extracelulares. En segundo lugar, permite la detección de pequeñas cantidades de proteínas extracelulares que de otra manera no pueden detectarse por otras metodologías, tales como, espectrometría de masas cuantitativa.

En consecuencia, la invención utiliza un polipéptido segregado conservado aislado o purificado, que consiste en la SEC. ID. nº 86.

La invención propone un procedimiento de diagnóstico *in vitro* para la detección de la presencia o ausencia de anticuerpos indicativos de la enfermedad de Chagas que se unen a un polipéptido segregado conservado aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86 para formar un inmunocomplejo, que comprende las etapas siguientes:

- a. poner en contacto dicho polipéptido con una muestra biológica durante un tiempo y en condiciones suficientes para formar un inmunocomplejo; y
- b. detectar la presencia o ausencia del inmunocomplejo formado en a).

La invención también propone un procedimiento de diagnóstico *in vitro* para la detección de la presencia o ausencia de polipéptidos indicadores de la enfermedad de Chagas que se unen a un anticuerpo obtenido por inmunización de un animal con un polipéptido segregado, conservado aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86 a formar un inmunocomplejo, que comprende las etapas siguientes:

- a. poner en contacto dicho anticuerpo con una muestra biológica durante un tiempo y en condiciones suficientes para formar un inmunocomplejo; y
- b. detectar la presencia o ausencia del inmunocomplejo formado en a).

Según la invención, dicho polipéptido que consiste en la SEC. ID. nº 86 se ha identificado por un procedimiento para identificar polipéptidos conservados a partir de especies parasitarias de protozoos que son segregados por la vía secretora dependiente del retículo endoplásmico/aparato de Golgi, comprendiendo dicho procedimiento las siguientes etapas:

- a. analizar un supuesto polipéptido conservado a partir de especies parasitarias de protozoos para determinar si dicho polipéptido tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- b. buscar un ortólogo, en miembros de la familia relacionados, de dicho polipéptido, teniendo dicho ortólogo un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- c. analizar dicho ortólogo para determinar si dicho ortólogo tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- d. seleccionar el polipéptido conservado y su correspondiente ortólogo que tiene un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- e. clonar los genes que codifican el polipéptido seleccionado en la etapa d) mediante un vector de expresión,

- f. transfectar células replicativas de protozoos parásitos,
- g. cultivar *in vitro* dichas células en condiciones de pH y temperatura que se encuentran naturalmente en un anfitrión infectado por una cepa parasitaria protozoaria,
- h. analizar la presencia de polipéptidos segregados en las células parasitarias, protozoarias y proliferantes e
- i. identificar dichos polipéptidos segregados mediante un procedimiento de identificación de proteínas.

Según la exposición, "proteínas conservadas" se definen por la presencia de genes ortólogos en los miembros de la familia. Por ejemplo, para los tres tripanosomátidos, *Leishmania*, *Trypanosoma cruzi* y *Trypanosoma brucei*, (tri Tryp) los genes ortólogos se definen por "Jaccard COG Clustering". La ortología entre los organismos 'tri Tryp' se predice utilizando un procedimiento conocido como agrupación COG de Jaccard. En resumen, esto implica en primer lugar las proteínas en cada conjunto de datos del organismo que se agrupan en grupos utilizando búsquedas BLASTP recíprocas, con una puntuación de corte asignada. Los representantes de cada grupo para cada organismo se seleccionan a continuación y se realizan de nuevo búsquedas BLASTP recíprocas de tres maneras en estos conjuntos de datos. Un grupo ortólogos agrupado (COG) es un grupo de proteínas que contiene las mejores blancos recíprocos entre los genomas. (Aslett M. *et al.*, *Int. J. Parasitol.* 2005 35:481-93).

Según la exposición "miembros de la familia" se define como organismos que pertenecen a los mismos géneros.

Según la exposición, "parásitos protozoarios" generalmente se refiere a cualesquier organismo protozoario que sean eucariotas, unicelulares, parásitos y se caracterizan por al menos una fase de desarrollo dentro de su anfitrión vertebrado. Parásitos utilizados en los procedimientos de la exposición incluyen, pero no se limitan a, parásitos de protozoarios que son miembros de los géneros *Toxoplasma*, *Neospora*, *Eimeria*, *Theileria*, *Sarcocystis*, *Cryptosporidium* y la familia de los Tripanosomátidos (*Trypanosoma* y *Leishmania*).

En una forma de realización ventajosa de la exposición, el supuesto polipéptido conservado se ha identificado cribando una base de datos de información.

Más específicamente, la presente exposición se refiere a un procedimiento para la identificación de polipéptidos segregados conservados de parásitos tripanosomátidos.

En una forma de realización ventajosa dichos parásitos tripanosomátidos se seleccionan del grupo que comprende *Leishmania major*, *Leishmania infantum*, *Leishmania tropica*, *Leishmania braziliensis*, *Leishmania donovani*, *Leishmania amazonensis*, *Leishmania chagasi*, *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei*, *Trypanosoma vivax*, *Trypanosoma congolense*, *Trypanosoma brucei rhodesiense* y *Trypanosoma brucei gambiense*.

Otros objetivos de la exposición se refieren al polipéptido que consiste en la SEC. ID. nº 86 que ha sido identificado por un procedimiento para identificar polipéptidos conservados de parásitos tripanosomátidos que son segregados por la ruta secretora dependiente del retículo endoplásmico/aparato de Golgi, comprendiendo dicho procedimiento las siguientes etapas:

- a. analizar un supuesto polipéptido conservado de un parásito tripanosomátido para determinar si dicho polipéptido tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- b. buscar un ortólogo, en miembros de la familia relacionados, de dicho polipéptido identificado con un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- c. analizar dicho ortólogo para determinar si dicho ortólogo tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- d. seleccionar el polipéptido conservado y su correspondiente ortólogo que tiene un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
- e. clonar los genes que codifican el polipéptido seleccionado en la etapa d) mediante un vector de expresión,
- f. transfectar células replicativas de tripanosomátido en la fase de promastigotes,
- g. cultivar *in vitro* dichas células en condiciones de pH y temperatura que se encuentran en la naturaleza en una célula anfitriona infectada por una cepa de tripanosomátido,
- h. recoger células replicativas transfectadas obtenidas en la etapa g),
- i. incubar dichas células en un medio exento de suero durante un periodo de 1 a 10 horas, preferentemente

durante un periodo de 5 a 6 horas, a una temperatura comprendida entre 25-27°C,

j. analizar la presencia de polipéptidos segregados por dichas células y

5 k. identificar dichos polipéptidos segregados mediante un procedimiento de identificación de proteínas.

Otro objetivo adicional de la invención es un procedimiento para detectar la presencia o ausencia de estimulación linfocítica en un paciente que se sospecha que padece la enfermedad de Chagas, que comprende las etapas siguientes:

10 a. poner en contacto los linfocitos T contenidos en una muestra obtenida de dicho paciente con un polipéptido conservado segregado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86; y

15 b. detectar la presencia o ausencia de una respuesta proliferativa de dichos linfocitos T a dicho polipéptido.

Más específicamente, la presente exposición se refiere a un procedimiento para identificar polipéptidos conservados en el que el supuesto polipéptido conservado se identifica mediante el cribado de un genoma seleccionado entre el genoma accesible de *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei*, *Trypanosoma vivax*, *Leishmania major*, *Leishmania braziliensis*, en particular, mediante el cribado de *Trypanosoma cruzi* integrado, recursos de genoma TcruziDB.

20 Aún en otra forma de realización, las células de tripanosomátido replicativas utilizados en la etapa f) son promastigotes de *Leishmania infantum*.

25 Aún en otra forma de realización, los cebadores utilizados en la etapa e) se seleccionan del grupo que comprende las SEC. ID. nº 124-165.

El polinucleótido aislado que comprende una secuencia que codifica el polipéptido segregado que consiste de SEC. ID. nº 86 comprende una secuencia de nucleótidos sustancialmente idéntica a la secuencia SEC. ID. nº 85.

30 Según la invención, los términos "aislado o purificado" significa alterado "por la mano del hombre" a partir de su estado natural, es decir, si ocurre en la naturaleza, se ha cambiado o retirado de su entorno original, o ambos. Por ejemplo, un polinucleótido o una proteína/péptido presente de forma natural en un organismo vivo no está ni "aislado", ni purificado, el mismo polinucleótido separado de los materiales coexistentes de su estado natural, obtenido por clonación, ampliación y/o síntesis química está "aislado" como se emplea el término en el presente documento. Por otra parte, un polinucleótido o una proteína/péptido que se introduce en un organismo por transformación, manipulación genética o mediante cualquier otro procedimiento recombinante está "aislado", incluso si está presente todavía en dicho organismo.

40 Según la invención, el término "polinucleótido(s)" se refiere generalmente a cualquier polirribonucleótido o poli-desoxirribonucleótido, que puede ser ARN o ADN no modificado o ARN o ADN modificado. Esta definición incluye, sin limitación, ADN mono- y bi-catenario, ADN que es una mezcla de regiones mono y bicatenarias o regiones mono-, bi- y tri-catenarias, ARN mono- y bi-catenario y el ARN que es una mezcla de regiones mono y bicatenarias, moléculas híbridas que comprenden ADN y ARN que puede ser monocatenario o, más normalmente, regiones bicatenarias o tricatenarias, o una mezcla de regiones mono y bicatenarias. Además, "polinucleótido" tal como se utiliza en la presente memoria se refiere a regiones tricatenarias que comprenden ARN o ADN o tanto ARN como ADN. Las cadenas en dichas regiones pueden ser de la misma molécula o de diferentes moléculas. Las regiones pueden incluir todas de una o más de las moléculas, pero más normalmente involucran sólo una región de algunas de las moléculas. Una de las moléculas de una región de triple hélice a menudo es un oligonucleótido. Como se emplea en la presente memoria, el término "polinucleótido(s)" incluye también los ADN o los ARN descritos anteriormente que contienen una o más bases modificadas. Por lo tanto, los ADN o ARN con estructuras modificadas para la estabilidad o por otras razones son "polinucleótido(s)", como pretende ese término en la presente memoria. Por otra parte, los ADN o ARN que comprenden bases poco frecuentes, tales como inosina, o bases modificadas, tales como las bases tritiladas, por nombrar sólo dos ejemplos, son polinucleótidos como se emplea el término en la presente memoria, se apreciará que se ha hecho una gran variedad de modificaciones al ADN y ARN que sirven para muchos fines útiles conocidos por los expertos en la técnica. "Polinucleótido(s)" abarca polinucleótidos cortos o fragmentos a menudo denominados oligonucleótido(s). El término "polinucleótido(s)", como se emplea en la presente memoria por lo tanto abarca dichas formas químicas, enzimática o metabólicamente modificadas de polinucleótidos, así como las formas químicas de ADN y ARN características de virus y células, inclusive, por ejemplo, células simples y complejas que presentan la misma función biológica que el polipéptido codificado por las SEC. ID. nº 86, nº 88, nº 90, nº 92, nº 94, nº 96, nº 98, nº 100, nº 102, nº 104, nº 106, nº 108, nº 110 y nº 173. El término "polinucleótido(s)" también abarca los nucleótidos cortos o fragmentos, a menudo denominados "oligonucleótidos", que debido a la mutagénesis no son 100% idénticos pero no obstante codifican la misma secuencia de aminoácidos o secuencias con gran similitud.

65 Una composición inmunógena que genera una respuesta inmunitaria contra una enfermedad de Chagas, comprende un polinucleótido correspondiente a la SEC. ID. nº 85 o un polipéptido correspondiente a la SEC. ID. nº 86 y un

vehículo aceptable.

Gracias al procedimiento de la exposición es posible seleccionar una proteína conservada de *Trypanosoma cruzi* y utilizar dicha proteína o su correspondiente nucleótido para tratar la enfermedad de Chagas, es decir, el procedimiento según la exposición que permite tratar dicha enfermedad.

Ventajosamente, la composición inmunógena conduce a una respuesta inmunitaria que genera una respuesta celular y/o humoral, preferentemente una respuesta celular.

Una composición de la vacuna que genera una respuesta de protección contra una enfermedad de Chagas, comprende un polinucleótido correspondiente a la SEC. ID. nº 85 o un polipéptido correspondiente a la SEC. ID. nº 86 y un vehículo aceptable.

Un anticuerpo puede obtenerse por la inmunización de un animal con un polipéptido que consiste en la SEC. ID. nº 86.

Los anticuerpos pueden prepararse por una variedad de procedimientos que utilizan los polipéptidos descritos anteriormente. Por ejemplo, el polipéptido, o fragmentos antigénicos del mismo, se pueden administrar a un animal con el fin de provocar la producción de anticuerpos policlonales. Alternativamente, los anticuerpos utilizados descritos en la presente memoria pueden ser anticuerpos monoclonales, que se preparan utilizando tecnología de hibridomas. Como se ha mencionado anteriormente, la presente exposición se refiere preferentemente a anticuerpos que se unen específicamente a polipéptidos excretados/segregados por tripanosomátidos o a fragmentos de los mismos como se definió anteriormente. En particular, la exposición presenta anticuerpos "neutralizantes". Por anticuerpos "neutralizantes" se entiende anticuerpos que interfieren con cualquiera de las actividades biológicas de cualquiera de los polipéptidos excretados/segregados por tripanosomátidos. Cualquier ensayo convencional conocido para un experto en la técnica puede emplearse para evaluar potencialmente anticuerpos neutralizantes. Una vez producidos, los anticuerpos monoclonales y policlonales se analizan preferentemente por transferencia Western, análisis de inmunoprecipitación o cualquier otro procedimiento adecuado para reconocimiento de los polipéptidos específicos excretado/segregados por tripanosomátidos.

Con respecto a los anticuerpos, la expresión "se une específicamente a" se refiere a anticuerpos que se unen con una afinidad relativamente elevada a uno o más epítomos de una proteína de interés, pero que no reconocen sustancialmente y se unen a otras moléculas distintas de la(s) de interés. Como se emplea en la presente memoria, la expresión "afinidad relativamente alta" significa una afinidad de unión entre el anticuerpo y la proteína de interés de por lo menos 10^6 M^{-1} , y preferentemente de por lo menos aproximadamente 10^7 M^{-1} y aún más preferentemente 10^8 M^{-1} a 10^{10} M^{-1} . La determinación de dicha afinidad se lleva a cabo preferentemente en condiciones de inmunoanálisis de unión competitiva convencional que es de conocimiento común para un experto en la técnica. Como se emplea en la presente memoria, "anticuerpo" y "anticuerpos" incluyen todas las posibilidades mencionadas en lo sucesivo: anticuerpos o fragmentos de los mismos obtenidos por purificación, tratamiento proteolítico o por ingeniería genética, montajes artificiales que comprenden anticuerpos o fragmentos de los mismos y montajes artificiales diseñados para imitar la unión de anticuerpos o fragmentos de los mismos. Estos incluyen anticuerpos completos, fragmentos F(ab)'_2 , fragmentos Fab, fragmentos Fv, fragmentos scFv, otros fragmentos, péptidos de RDC y miméticos. Estos pueden ser obtenidos y preparados fácilmente por los expertos en la técnica. Por ejemplo, se puede utilizar digestión enzimática para obtener fragmentos F(ab)'_2 y Fab sometiendo una molécula de IgG a escisión con pepsina o papaína respectivamente. Los anticuerpos recombinantes también están comprendidos por la presente exposición.

Preferentemente, el anticuerpo es una inmunoglobulina humana o animal, tal como IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgM, IgA, IgE o IgD que lleva regiones variables (híbridas) de rata o de ratón o RDC (humanizadas o "animalizadas"). Además, el anticuerpo también se puede conjugar con cualquier vehículo adecuado conocido para un experto en la técnica para proporcionar, por ejemplo, un suministro específico y retención prolongada del anticuerpo, ya sea en un área local específica o para una aplicación general.

La expresión "anticuerpo humanizado" se refiere a un anticuerpo proveniente de un anticuerpo no humano, normalmente murino, que conserva o conserva sustancialmente las propiedades de unión a antígeno del anticuerpo original pero que es menos inmunógeno en los seres humanos. Esto puede conseguirse por varios procedimientos, como por ejemplo (a) injertar sólo las RDC no humanas en el marco humano y regiones constantes con o sin retención de los residuos del marco críticos, o (b) trasplantar los dominios variables no humanos completos, pero "camuflándoles" con una sección similar a la humana mediante la sustitución de los residuos superficiales. Dichos procedimientos son bien conocidos para un experto en la técnica.

Como se mencionó anteriormente, el anticuerpo es inmunológicamente específico para el polipéptido de la presente exposición y derivados inmunológicos del mismo. Como se emplea en la presente memoria, la expresión "derivado inmunológico" se refiere a un polipéptido que posee una actividad inmunológica que es sustancialmente similar a la actividad inmunológica de todo el polipéptido, y dicha actividad inmunológica se refiere a la capacidad de estimular la producción de anticuerpos inmunológicamente específicos para los polipéptidos o derivados de los mismos

segregados por tripanosomátidos. La expresión "derivado inmunológico" abarca por lo tanto "fragmentos", "segmentos", "variantes" o "análogos" de un polipéptido.

5 En otra forma de realización, se proporciona la utilización de un kit de diagnóstico para la detección de la presencia o ausencia de anticuerpos indicativos de la enfermedad de Chagas. Según ello dicho kit comprende:

- a. un polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86;
- 10 b. un reactivo para detectar el inmunocomplejo polipéptido-anticuerpo; opcionalmente una muestra biológica de referencia que carece de anticuerpos que se unen inmunológicamente con dicho péptido; y
- c. opcionalmente una muestra comparativa que comprende anticuerpos que pueden unirse específicamente a dicho péptido;

15 en la que dicho polipéptido, reactivo, muestra biológica de referencia y muestra comparativa están presentes en una cantidad suficiente para llevar a cabo dicha detección.

La invención proporciona además la utilización de un kit de diagnóstico para la detección de la presencia o ausencia de polipéptidos indicadores de una o más enfermedades seleccionadas de entre leishmaniasis, enfermedad de Chagas y la enfermedad del sueño, que comprende:

- a. un anticuerpo obtenido por inmunización de un animal con un polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86;
- 25 b. un reactivo para detectar el inmunocomplejo polipéptido-anticuerpo; y
- c. opcionalmente una muestra biológica de referencia que carece de polipéptidos que se unen inmunológicamente a dicho anticuerpo; y
- 30 d. opcionalmente una muestra comparativa que comprende polipéptidos que pueden unirse específicamente a dicho anticuerpo;

en la que dicho anticuerpo, reactivo, muestra biológica de referencia y muestra comparativa están presentes en una cantidad suficiente para llevar a cabo dicha detección.

35 La presente invención se entenderá más fácilmente haciendo referencia a los siguientes ejemplos 1 a 2 y a las figuras 1 a 9.

40 La figura 1 ilustra los genes de *T. cruzi* seleccionados por análisis mediante simulación informática. Las 13 proteínas tienen la mayor probabilidad de la presencia del péptido señal y se seleccionaron para la confirmación funcional de secreción auténtica. El gen beta-tubulina de *T. cruzi* (GeneID Tc001047053506563) se añadió a la muestra de los inventores como una potencial referencia negativa para proteínas.

45 La probabilidad del péptido señal SPP fue predicha por SignalP 3.0; la probabilidad máxima de punto de corte CSP fue predicha por SignalP.

50 La figura 2 ilustra el diseño del cebador de las 13 supuestas proteínas segregadas de *T. cruzi* conservadas en tripanosomátidos y *T. cruzi*. La tubulina se toma como referencia negativa. F: Cebador directo con inclusión del codón de iniciación; Rint: cebador inverso interno para RT-PCR; R: cebador inverso utilizado para la ampliación del ORF completo. En la columna "Secuencias de cebadores" las enzimas de restricción utilizadas para la clonación en el vector pTEX están en cursiva y la secuencia His-Tag está en negrita. Columna "PM" corresponde al peso molecular esperado de las proteínas. En la primera columna, última línea Tc00.1047053506563.40 corresponde al gen de beta-tubulina.

55 La figura 3 ilustra la identificación de genes ortólogos de *L. infantum* y de cebadores utilizados para la clonación. F: Cebador directo con inclusión del codón de iniciación; R: cebador inverso utilizado para la ampliación del ORF completo. En la columna "Secuencias de cebadores" las enzimas de restricción utilizadas para la clonación en el vector pTEX están en cursiva y la secuencia con etiqueta His está en negrita. Columna "PM" corresponde al peso molecular esperado de las proteínas.

60 La figura 4 ilustra el análisis de la expresión de proteínas potencialmente segregadas durante el ciclo vital de *T. cruzi*. Análisis por RT-PCR del ARN completo de epimastigotes (E), tripomastigotes (T) y amastigotes (A) de *T. cruzi* (clon proveniente de la cepa Y), respectivamente, utilizando ADNc obtenidos por cebadores de PCR específicos de genes enumerados en la figura 2. La identificación de los genes y las longitudes esperadas de ADNc se enumeran en orden en la figura 2. B: Blanco. M: marcador molecular: Smart Ladder SF.

65

La figura 5 ilustra los análisis por PCR en promastigotes transfectados en episomas de *L. infantum* (A) La ampliación del fragmento del gen NEO en *L. infantum* episomalmente transfectadas promastigotes. (B) Ampliación de genes completos transfectados en promastigotes de *L. infantum*. Los cebadores específicos de PCR directo e inverso y las longitudes de genes se enumeran en orden en la figura 2. WT: Parásitos naturales. M: Marcador molecular: Smart Ladder SL.

La figura 6 ilustra la expresión de proteínas en promastigotes transfectados en episomas de *L. infantum* durante la fase exponencial de desarrollo (A) Análisis de transferencia Western de proteínas etiquetadas con His detectadas en lisado de células enteras. Cantidades iguales de proteína completa (35 µg) se resolvieron por electroforesis en geles de gradiente 4-12% (Invitrogen), se transfirieron y se revelaron con anticuerpo anti-HisTag seguido de ECL (Amersham). La identificación de genes y el peso molecular teórico de las proteínas detectadas se enumeran en orden en la figura 2. (B) Identificación de proteínas segregadas en el lisado de células completas (Lys) y en el sobrenadante de cultivo concentrado exento de células (CCFS) obtenido a partir de promastigotes incubados durante 6 horas en un medio sin suero. Obsérvese la ausencia de β-tubulina en el sobrenadante concentrado de la línea 8. Se utilizaron promastigotes (naturales) no transfectados de *L. infantum* como referencia negativa. Patrones de masa molecular de proteínas en kDa se muestran a la izquierda de cada panel.

La figura 7 ilustra la expresión homóloga de proteínas segregadas en promastigotes transfectados de *L. infantum* en episomas según el ejemplo. Se transfectaron promastigotes de *L. infantum* con genes: LinJ19.0410 y LinJ36.5780 correspondientes a las proteínas segregadas Tc00.1047053505789.10 (SEC. ID. nº 93) y Tc00.1047053506155.99 (SEC. ID. nº 103), respectivamente. El lisado de células completas (Lys) y el sobrenadante de cultivo concentrado sin células (CCFS) se obtuvieron como en la figura 6. Se detectaron proteínas etiquetadas sólo en parásitos recombinantes transfectados con LinJ19.0410 (58 kDa) (Líneas 1 y 2) y LinJ36.5780 (28 kDa) (Líneas 3 y 4). Se utilizaron promastigotes no transfectados de *L. infantum* (naturales) como referencias negativas (Líneas 5 y 6). A la izquierda se muestran patrones de masa molecular de proteínas en kDa. El lisado de células completas (Lys), el sobrenadante del cultivo concentrado sin células (CCFS) y el procedimiento de electroforesis fueron como se menciona en la figura 6. Promastigotes de *L. infantum* no transfectados (naturales) se utilizaron como referencias negativas (Líneas 5 y 6). A la izquierda se muestran patrones de masa molecular de proteínas en kDa.

La figura 8 ilustra la purificación de la proteína recombinante rTc00.1047053509999.10 (SEC. ID. nº 85). Carril 1: lisado bacteriano depurado; carril 2: flujo a través; carriles 3-5: lavados; carriles 6-8: eluidos a pH 5,9; carriles 9-11: eluidos a pH 4,5. PM: Marcadores moleculares (BenchMark Protein Ladder, Invitrogen). Las proteínas se resolvieron por electroforesis en un gel de gradiente 4-12% y se visualizaron por tinción de Coomassie. La proteína purificada apareció en los eluidos de pH 4,5 como una banda de 45 kDa correspondiente al peso molecular teórico de la proteína recombinante.

La figura 9 representa la transferencia Western de la proteína recombinante rTc00.1047053509999.10 (SEC. ID. nº 85) con sueros de individuos no chagásicos (carril 1) y los sueros de pacientes chagásicos (carriles 2-13).

Ejemplo 1: Identificación de proteínas segregadas conservadas en tripanosomátidos

1.1. Procedimientos

1.1.1. Análisis de secuencias por simulación informática

La publicación V 5.0 del genoma de *T. cruzi* se extrajo de los recursos del genoma de *T. cruzi* integrado TcruziDB (<http://tcruzidb.org/tcruzidb/>). Las secuencias de proteínas que no llevan un aminoácido metionina inicial se eliminaron manualmente. También se descartaron las proteínas que pertenecen a grandes familias de moléculas de superficie, que incluyen trans-sialidasas, mucinas, gp63s y proteínas de superficie relacionadas con la mucina. Por último los ORF que codifican proteínas que llevan un peso molecular (PM) superior a 90 kDa también se eliminaron. El programa informático SignalP 3.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>) se utilizó para predecir la presencia de un péptido señal de secreción y un punto de corte en secuencias de aminoácidos. En las secuencias de proteínas con una probabilidad de péptido señal de secreción superior a 0,8 asociada a una probabilidad de punto de corte superior a 0,7 se analizó la presencia de ortólogos en las bases de datos de parásitos *Trypanosoma brucei* y *Leishmania major* relacionados.

1.1.2 Cepas y cultivos de parásitos

El clon TcY7 (o Y d17) de *T. cruzi* proveniente de la cepa Y (Allaoui A., Francois C., Zemzoumi K., Guilvard E., Ouaiissi A.: Intracellular growth and metacyclogenesis defects in *Trypanosoma cruzi* carrying a targeted deletion of a Tc52 protein-encoding allele. *Mol. Microbiol.*, **32** (6):1273-1286; Garzon E., Borges M.C., Cordeiro-da-Silva A., Nacife V., Meirelles M. de N., Guilvard E., Bosseno M.F., Guevara A.G., Breniere S.F., Ouaiissi A.: *Trypanosoma cruzi* carrying a targeted deletion of a Tc52 protein-encoding allele elicits attenuated Chagas' disease in mice. *Immunol. Lett.* 2003, **89**(1):67-80) se utilizó en todo este estudio. Se cultivaron epimastigotes en medio de triptosa con infusión de hígado (LIT) enriquecido con 10% de FCS a 28°C en condiciones normales como describe Camargó EP (Growth And Differentiation In *Trypanosoma Cruzi*. I. Origin Of Metacyclic Trypanosomes In Liquid Media. *Rev Inst*

Med Trop Sao Paulo 1964, **12**:93-100) y se recogen durante la fase de crecimiento logarítmico. Los tripomastigotes metacíclicos, obtenidos en la diferenciación de epimastigotes en fase estacionaria tardía, se utilizaron para iniciar la infección de fibroblastos de ratón (L929). Se produjeron y se recogieron tripomastigotes y amastigotes según describieron anteriormente los inventores (Mathieu-Daude F., Bosseno M.F., Garzon E., Lelievre J., Sereno D., Ouaisi A., Breniere S.F.: Sequence diversity and differential expression of Tc52 immuno-regulatory protein in Trypanosoma cruzi: potential implications in the biological variability of strains. *Parasitol Res.* 2007, **101**(5):1355-1363). Los sedimentos para la purificación de ARN se procesaron inmediatamente en tampón de lisis. El clon de promastigote natural (WT) de *L. infantum* (MHOM/MA/67/ITMAP-263) se mantuvo a 26°C mediante subpases semanales en medio SDM 79 enriquecido con FCS al 10% inactivado térmicamente, 100 U/ml de penicilina y 100 µg/ml de estreptomycin según Brun R., Schonenberger (Cultivation and in vitro cloning or procyclic culture forms of Trypanosoma brucei in a semi-defined medium. Short communication. *Acta Trop.* 1979, **36**(3):289-292).

1.1.3. Transcripción inversa y ampliaciones por PCR

Se extrajo ARN completo de epimastigotes, amastigotes y tripomastigotes con el kit RNeasy (Qiagen, Hilden, Alemania) según las instrucciones del fabricante, y se trató con DNasa I (kit sin ADN Ambion Inc., Austin, Tejas). La transcripción inversa se realizó para 1 µg de ARN completo utilizando hexámeros aleatorios y transcriptasa inversa Superscript II (Invitrogen, Carlsbad, CA) según las instrucciones de los fabricantes. El ADNc (4 µl de diluciones 1/10) de cada etapa se amplió por PCR en un volumen de reacción de 20 µl con 10 µl de mezcla maestra 1X (Promega, Madison, Wisconsin), genes cebadores directos e inversos internos específicos para el gen 0,5 M (enumerados en la figura 2) utilizando las siguientes condiciones de ciclación: 94°C durante 3 min. seguido de 30 ciclos de 94°C durante 30 s., 55°C a 58°C (según el par de cebadores) durante 30 s, 72°C durante 45 s y una elongación final a 72°C durante 5 min. Los amplicones se sometieron a electroforesis en geles de agarosa al 2% teñidos con bromuro de etidio.

1.1.4. La clonación y secuenciación

Los genes codificadores seleccionados por análisis mediante simulación informática se clonaron en el vector de expresión pTeX, que lleva el gen de resistencia a la neomicina (NEO). Los ORF completos se ampliaron a partir de ADN genómico con cebadores inverso y directo específicos incluyendo diferentes enzimas de restricción y una etiqueta 6-histidina en la región terminal C (véanse las figuras 2 y 3). Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en 20 µl utilizando 0,5 µM de cada cebador, dNTP 0,2 mM, 0,4 U de Phusion high-fidelity polimerasa (Finnzymes, Espoo, Finlandia) y las siguientes condiciones de ciclación: 98°C durante 30 s seguido por 25 ciclos de 98°C durante 10 s, 64°C a 68°C durante 15 s, 72°C durante 25 a 60 s (según el tamaño de gen), y un alargamiento a 72°C durante 5 min. Se insertaron fragmentos digeridos y purificados en el vector pTeX desfosforilado digerido con las enzimas de restricción correspondientes. Las secuencias clonadas se confirmaron por digestión de restricción y secuenciación. Se realizaron preparados a gran escala de los diferentes montajes utilizando el kit plasmid midi (Promega).

1.1.5. Procedimientos de transfección

Se sometieron a electroporación promastigotes del clon de *Leishmania infantum* como se describe en otra parte (Sereno D., Roy G., Lemesre J.L., Papadopoulou B., Ouellette M.: DNA transformation of Leishmania infantum axenic amastigotes and their use in drug screening. *Antimicrob. Agents Chemother.* 2001, **45**(4):1168-1173). En resumen, los promastigotes se lavaron dos veces con solución salina de tampón HEPES-NaCl (EPES 21 mM, KCl 5 mM, NaH₂PO₄ 0,7 mM, NaCl 137 mM), se volvieron a poner en suspensión a razón de 10⁸ células/ml en tampón de electroporación HEPES-NaCl (pH 7,2) enriquecido con glucosa 6 mM y se enfrió en hielo durante 10 min. Las células (10⁸) se combinaron con 15 µg de vector, se dejaron en hielo durante otros 10 min. y se sometieron a electroporación utilizando un aparato Easyject Plus (Eurogentec, Lieja, Bélgica) fijado a 450 V y 450 µF, para un impulso. Las células se dejaron en hielo durante otros 10 min y se transfirieron a 4 ml de medio de cultivo. El antibiótico G-418 (20 g/ml) se añadió 24 h después, y se subcultivaron parásitos a una dilución de 1/10 en 5 ml de SDM en presencia de 20 µg/ml de G418. Se observaron células resistentes a los medicamentos 15-20 días después. Los parásitos se cultivaron en presencia de concentraciones gradualmente crecientes de G418 y se mantuvieron rutinariamente en SDM que contiene 150 µg/ml de G418.

1.1.6. Ampliaciones por PCR en parásitos transfectados

Se llevaron a cabo ampliaciones por PCR para comprobar la presencia del gen NEO y el gen correspondiente en los parásitos transfectados. Un fragmento de 800 pb correspondiente al gen NEO se amplió con cebadores directo e inverso específicos (SEC. ID. nº 170 5'-ATGATTGAACAAGATGGATTGCACGCAGG3' y SEC. ID. nº 171 5'-TCAGAAGAACTCGTCAAGAA 3'). Se ampliaron ORF completos de los genes específicos con los cebadores enumerados en la figura 2. Las reacciones por PCR se llevaron a cabo en un volumen de reacción de 20 µl utilizando 10 µl de mezcla Master Mix 1X (Promega, Madison, Wisconsin), NEO 0,5 M y cebadores directo e inverso para genes utilizando las siguientes condiciones de ciclación: 94°C durante 3 min seguido por 30 ciclos de 94°C durante 30 s, 55°C a 58°C (según el par de cebadores) durante 30 s, 72°C durante 45 s a 2 min (según el tamaño de gen) y una elongación final a 72°C durante 5 min.

1.1.7. Producción de sobrenadantes de cultivo exentos de células

Para analizar la presencia de las proteínas segregadas en el sobrenadante, se recogieron del cultivo por centrifugación 1×10^9 promastigotes de *L. infantum* en fase logarítmica, se lavaron dos veces en tampón HEPES-NaCl, se volvieron a poner en suspensión en 40 ml de HEPES-NaCl (pH 7,2), glucosa 11 mM, 200 µg/ml de G-418 y se incubaron durante 6 h a 27°C. A continuación, se evaluó la viabilidad del parásito como se describió anteriormente (Vergnes B., Sereno D., Madjidian-Sereno N., Lemesre J.L., Ouaiissi A.: Cytoplasmic SIR2 homologue overexpression promotes survival of Leishmania parasites by preventing programmed cell death. *Gene* 2002, **296**(1-2):139-150) y se recogieron por centrifugación a $2100 \times g$ durante 10 min a 4°C. El sedimento de parásito se almacenó a -80°C para posterior análisis por SDS-PAGE y el sobrenadante se filtró a través de un filtro de membrana de PVDF de 0,45 µm de baja retención (Millipore, Boston, Massachusetts). Tras la adición de la mezcla de inhibidor de proteasa (Sigma-Aldrich) el filtrado se concentró hasta 80 veces utilizando un dispositivo de filtro Ultra-centrífuga de Amicon, según las instrucciones de los fabricantes (Amicon Bioseparations, MilliporeCorp.). El sobrenadante del cultivo sin células concentrado se congeló y se almacenó a -80°C.

1.1.8. Producción de lisados de parásitos

Los sedimentos celulares de promastigotes de *L. infantum* naturales y transfectados con episomas se volvieron a poner en suspensión en tampón RIPA (Tris-HCl 25 mM pH 7,6, NaCl 150 mM, NP-40 al 1%, desoxicolato de sodio al 1% y SDS al 0,1%), se incubaron en hielo durante 30 min y se sometieron a ultrasonidos tres veces durante 20 s. La fase soluble se recuperó por centrifugación a 10000 g durante 30 min (4°C) y la concentración de proteínas se determinó utilizando un ensayo de proteínas de Bradford (Bio-Rad Laboratories, Hercules, California).

1.1.9. Electroforesis en gel y análisis de transferencia Western

Las proteínas procedentes de lisados de parásitos (35 µg) o de sobrenadantes sin células concentrados 80 veces (2 µg) se separaron en un gel NuPAGE Bis-Tris (4-12%) en tampón de operación de MOPS-SDS (Invitrogen) en condiciones reductoras (DTT 50 mM) y se transfirió a una membrana de PVDF (Hybond-P, Amersham). La membrana se aclaró dos veces en TBS y se incubó durante 1 h en el tampón de bloqueo conjugado con anti-His HRP (Qiagen). A continuación, la membrana se incubó en anticuerpo conjugado con anti-His HRP 1/3000 (Qiagen) durante 1 h y se lavó siete veces durante 5 minutos en tampón TBS-T (TBS-0,5% de Tween 20). Se detectaron señales por emisión de quimioluminiscencia empleando el sistema de detección de transferencia Western ECL Plus y ECL Hyperfilms (GE Healthcare, Reino Unido).

1.2. Resultados

1.2.1. Selección bioinformática de proteínas segregadas en tripanosomátidos

El cribado preliminar del banco de genes de *T. cruzi* se realizó de descartar: (i) secuencias incompletas, (ii) genes constitutivos y secuencias que pertenecen a grandes familias de genes, como las transalidasas, mucinas, proteínas de superficie asociadas a la mucina (MASP), (iii) proteínas codificadoras de secuencias con un peso molecular superior a 90 kDa, para facilitar la posterior clonación de genes. En las secuencias codificadoras restantes se examinó tanto la presencia del péptido señal como un punto de corte de la peptidasa del péptido señal de secreción (SPP). Sólo 216 secuencias tenían una probabilidad de 0,8 y 0,7 de llevar tanto el péptido señal de secreción como el punto de corte de peptidasa, respectivamente. Entre ellos, 91 (42%) se anotaron como "hipotéticas proteínas, conservadas" en el banco de datos. El criterio final para las proteínas seleccionadas susceptibles de ser segregadas por la ruta eucariótica clásica fue la presencia del péptido señal y la zona de peptidasa señal en miembros ortólogos de los parásitos relacionados; *Leishmania major*, *L. infantum* y *T. brucei*. Entre las 91 secuencias, sólo 45 presentaban miembros ortólogos con los criterios de péptido señal. Se seleccionaron las 13 proteínas que tienen la mayor probabilidad de la presencia del péptido señal (figura 1) para la confirmación funcional de secreción auténtica. El gen beta-tubulina de *T. cruzi* (GeneID Tc00.1047053506563 - SEC. ID. nº 83) se añadió a la muestra como una posible referencia negativa para la secreción de proteínas.

1.2.2. Análisis de la expresión de proteínas potencialmente segregadas durante el ciclo de vida de *T. cruzi*

La expresión de los 13 genes codificadores diferentes se analizó a lo largo del ciclo vital de desarrollo de *T. cruzi*. El gen beta-tubulina de *T. cruzi* (GeneID Tc00.1047053506563 - SEC. ID. nº 83), constitutivamente expresado en las tres etapas de *T. cruzi* se utilizó como referencia positiva. La expresión de cada gen estaba apoyada por la ampliación por RT-PCR positiva en las formas infecciosas de tripomastigote y amastigote. No obstante dos genes (Gene ID Tc00.1047053511901.30 (SEC. ID. nº 17) y Tc00.1047053509999.10 (SEC. ID. nº 85)) resultaron negativas para la ampliación del ADNc en la forma epimastigote no infecciosa, lo que sugiere una posible expresión específica para la etapa de estos genes (figura 4).

1.2.3. Procedimiento experimental para la detección de proteínas segregadas

Se montó una prueba de funcionamiento para confirmar la presencia de proteínas seleccionadas en el medio

extracelular mediante la detección de proteínas diana en los sobrenadantes sin células. Por lo tanto los 13 genes codificadores seleccionados de *T. cruzi* y el gen que codifica la referencia negativa beta-tubulina se ampliaron a partir de ADN genómico. Se añadió una secuencia que codifica una etiqueta 6xHis en el extremo terminal en C de cada uno de los genes codificados. Esto permitiría detectar la proteína en los extractos totales de proteínas parásitas o en sobrenadantes sin células. Los productos de PCR ampliados se clonaron en el vector lanzadera pTeX que se utiliza ampliamente para la expresión en tripanosomátidos (Kelly J.M., Ward, H.M., Miles M.A., Kendall G.: A shuttle vector which facilitates the expression of transfected genes in *Trypanosoma cruzi* and *Leishmania*. *Nucleic. Acids Res.* 1992, 20(15):3963-3969). La transformación y selección de *T. cruzi* no es tan fácil de realizar como la de *Leishmania*, debido principalmente a períodos más largos requeridos para la selección de parásitos resistentes a los medicamentos. Dado que los inventores tenían intención de desarrollar un procedimiento rápido y fiable para identificar proteínas segregadas conservadas de tripanosomátido, utilizaron *Leishmania* como organismo receptor para la validación experimental de sus proteínas seleccionadas. Por lo tanto, promastigotes de *Leishmania infantum* se transformaron con pTeX que lleva los 14 genes seleccionados de *T. cruzi* (incluyendo el gen de beta-tubulina), y se seleccionaron parásitos recombinantes con resistencia a la geneticina G418. En cada población de parásitos se comprobó la presencia tanto del gen NEO^R como del gen seleccionado cuya secreción había que analizar. Un fragmento de 800 pb específico, indicador de la presencia del gen NEO^R, se detectó en los promastigotes transfectados y no en los parásitos naturales (figura 5A). Por otra parte, la presencia de cada gen experimental en parásitos recombinantes se confirmó utilizando cebadores específicos (figura 5B). Las PCR fueron negativas en los parásitos naturales, lo que demuestra que la ampliación para cada gen es específica a pesar de que se conservan en los tripanosomátidos (datos no presentados). La expresión de estos genes se identificó utilizando un anticuerpo dirigido contra la etiqueta His transportada por las proteínas recombinantes (figura 6A). El análisis de transferencia Western demostró que; (i) los inventores fueron capaces de detectar fácil y específicamente a la proteína con etiqueta 6xHis en el extracto procedente de parásitos recombinantes, (ii) *Leishmania* recombinante expresa una cantidad relativamente alta de proteína de *T. cruzi*, y (iii) el peso molecular de la proteína marcada detectada correspondió al PM esperado (véase la figura 2). Los inventores establecieron un procedimiento para detectar proteínas recombinantes en los sobrenadantes sin células. Con el fin de limitar la contaminación potencial por las proteínas procedentes de organismos muertos, restringieron la incubación en medios sin suero a 6 horas, y comprobaron la viabilidad de las poblaciones de parásitos antes y después de este período de incubación. Los sobrenadantes sin parásitos y sin células se recogían, si la viabilidad de la población celular era superior al 98%. Los análisis de transferencia Western de los sobrenadantes sin células concentrados pusieron de manifiesto que entre las 14 proteínas sólo 3 se segregaban activamente (Tc00.1047053506155.99 (SEC. ID. nº 103), Tc00.1047053505789.10 (SEC. ID. nº 93) y Tc00.1047053509999.10 (SEC. ID. nº 85)) (figura 6B). Estas proteínas representan material genuino segregado, ya que; (i) la sobreexpresión del gen de beta-tubulina no provoca el desplazamiento de la proteína beta-tubulina en el espacio extracelular (diferencia entre Lys y CCFS en la figura 6B), y (ii) la detección de la proteína marcada en el sobrenadante sin células no está relacionada con el nivel de su expresión por *Leishmania* (baja abundancia de Tc00.1047053506155.99, (SEC. ID. nº 103) en la figura 6B). Como era de esperar, para las tres proteínas se observó una ligera diferencia de peso molecular entre la proteína etiquetada detectada en todo el extracto soluble y la detectada en el sobrenadante sin células. Esta observación podría explicarse por una pérdida del péptido señal (figura 6B). Como era de esperar, no se detectó ninguna banda en los parásitos naturales (figura 6B). Además, para verificar que la secreción no está relacionado con el sistema de expresión heterólogo, dos genes de *Leishmania* (GenID LinJ19.0410 (SEC. ID. nº 77) y LinJ36.5780 (SEC. ID. nº 107)) correspondientes al ortólogo del gen Tc00.1047053506155.99 (SEC. ID. nº 103) y del gen Tc00.1047053505789.10 (SEC. ID. nº 93), se seleccionaron para validar dicho procedimiento. Al utilizar el mismo protocolo que anteriormente, se produjeron los parásitos que expresan las proteínas marcadas con 6xHis (Véase la figura 3). Como era de esperar, se detectó la presencia de la proteína marcada en el medio extracelular sólo en los parásitos transfectados con episomas (figura 7).

En conjunto, estos resultados demuestran que el procedimiento utilizado por los inventores les permitió identificar proteínas nuevas y realmente segregadas que se conservan entre diferentes especies y están involucradas en el retículo endoplásmico/vía secretora de dependiente de Golgi.

Ejemplo 2: Propiedades inmunógenas de proteínas segregadas conservadas de *Trypanosoma cruzi* identificadas por un procedimiento genómico

2.1. Material y procedimientos

2.1.1. Cepas bacterianas y plásmidos

Se utilizó TOP10 de *Escherichia coli* (Invitrogen) para la clonación primaria, y BL21 de *E. coli* (DE3) para la expresión proteica. La secuencia codificadora para la proteína segregada Tc00.1047053509999.10 se clonó bajo el control del activador T71ac. El vector plasmídico utilizado fue pET-21b (Novagen, Madison, Wis.) que confiere resistencia a la ampicilina y que permite la expresión de la proteína diana fusionada a una cola terminal C de seis restos de histidina.

*2.1.2. Clonación de los genes de *T. cruzi* en el vector de expresión*

El gen de *T. cruzi* que codifica la proteína segregada se amplió a partir de ADN genómico (clon TcY7proveniente de la cepa Y) por PCR utilizando cebadores directos e inversos específicos (Tabla 1). El gen Tc00.1047053509999.10 (SEC. ID. nº 85) se clonó sin la secuencia de aminoácidos correspondiente al péptido señal del terminal N predicho. Se llevaron a cabo reacciones de PCR en 20 µl utilizando 0,5 µM de cada cebador, dNTP 0,2 mM, 0,4 U de Phusion high fidelity polimerase (Finnzymes, Espoo, Finlandia) y las siguientes condiciones de ciclación: 98°C durante 30 s. seguido por 25 ciclos de 98°C durante 10 s., 65°C durante 15 s., 72°C durante 45 s., y una elongación de 72°C durante 5 min. Se insertaron fragmentos digeridos y purificados en el vector pET-21b desfosforilado digerido con las enzimas de restricción correspondientes. Las secuencias clonadas se confirmaron por digestión de restricción y secuenciación. Se realizaron preparados a gran escala de las montajes utilizando el kit plasmid midi (Promega).

Tabla 1. Los cebadores utilizados para la clonación en el vector de expresión pET21b

ID de gen	Secuencias de cebadores ^a	Tamaño del producto de ampliación (pb)	PM (kDa) ^b
	F CATCGCAGC ATATGGCAGAAGAGGAGGACGTGAGG		
Tc00.1047053509999.10	R GCACTGACT CTCGAGGCCGCACCAGCGCTCCAGAA	1182	45,8

F, cebador directo y R, cebador inverso utilizados para la ampliación de la secuencia codificadora sin el péptido señal de secreción predicho.
^a Las secuencias de restricción utilizadas para la clonación en el vector pET21b se indican en cursiva.
^b Peso molecular esperado de la proteína.

2.1.3. Expresión y purificación de proteínas recombinantes de *T. cruzi*

El plásmido que lleva la proteína diana se utilizó para transformar la cepa BL21 (DE3) de *E. coli*. Se cultivaron colonias durante la noche a 37°C con agitación en un medio de autoinductor ZYP-5052 (Studier FW, 2005) que contiene 100 µg/ml de ampicilina. Se obtuvieron lisados de *E. coli* depurados a partir de sedimentos celulares (cultivos de 50 ml) resuspendidos en 5 ml de tampón que contiene NaH₂PO₄ 100 mM, Tris-Cl 10 mM y urea 8 M (pH 8,0). El sobrenadante clarificado se aplicó a una columna de agarosa Ni-NTA (Qiagen) y la proteína recombinante se eluyó en tampón de urea 8M a pH 4,5. Para evaluar la pureza de las proteínas, se analizaron las fracciones eluidas en gel de SDS-PAGE por tinción con azul de Coomassie y/o por inmunotransferencia con un anticuerpo anti-His (C-Term)-HRP como se detalla a continuación.

2.1.4. SDS-PAGE

El análisis de SDS-PAGE se realizó en un gel Bis-Tris NuPAGE (4-12%) en tampón de operación de MOPS-SDS (Invitrogen) en condiciones reductoras (DTT 50 mM). Los geles se tiñeron con azul de Coomassie o se sometió a electrotransferencia sobre membranas de PVDF (Hybond-P, Amersham) para los análisis de transferencia Western.

2.1.5. Análisis de transferencia Western

Las membranas de PVDF se enjuagaron dos veces en TBS y se utilizaron para la inmunodetección de las proteínas recombinantes con un anticuerpo anti-His (C-Term)-HRP (Invitrogen) según las instrucciones del fabricante. Las membranas utilizadas para la detección de anticuerpos anti-*T. cruzi* en sueros de pacientes se enjuagaron dos veces en TBS y se bloquearon durante la noche en TBS-Tween 0,1% (TBS-T) y 5% de leche descremada. Se cortaron a continuación tiras de papel (5 mm) y se incubaron por separado a una dilución 1:2500 de suero humano durante 2 h a temperatura ambiente. Las tiras se lavaron cinco veces (5 min) en TBS-T y se incubaron durante 1 h a temperatura ambiente con IgG antihumana conjugada con HRP (cadena pesada y ligera específica) (Nordic Immunology) diluida 20000 veces en TBS-T y 5% de leche descremada. Las tiras se lavaron como antes, y los inmunocomplejos se revelaron por emisión de quimioluminiscencia utilizando el sistema de detección de transferencia Western ECL Plus y ECL Hyperfilms (GE Healthcare, Reino Unido).

2.1.6. Sueros de los pacientes

Se extrajeron sueros positivos de individuos chagásicos infectados de una región endémica situada en el noreste de Argentina (provincia del Chaco), una ciudad sin vectores situada en el noroeste de Argentina (ciudad de Salta) y de niños bolivianos tratados con Benznidazol (5 mg/kg/día) en la comunidad de Tupiza (departamento de Potosí), una zona bajo transmisión controlada del vector. Se extrajeron sueros negativos de donantes de sangre sanos de la misma región, respectivamente. Se determinó el estado de infección de *T. cruzi* utilizando dos pruebas convencionales: ELISA comercial e IHA basado en antígenos de homogeneizado de parásitos. Los sueros positivos para ambas reacciones se consideraron verdaderos positivos. Los sueros negativos para ambas reacciones se consideraron verdaderos negativos.

2.2. Resultados

Se dan en las figuras 8 y 9.

2.2.1. Expresión y purificación de la proteína recombinante rTc00.1047053509999.10 (SEC. ID. nº 85)

5 Con el fin de determinar las propiedades antigénicas de esta proteína segregada por *T. cruzi*, se produjo la proteína recombinante en *E. coli* para analizar posteriormente su reactividad con sueros de pacientes chagásicos. Se evaluó la expresión proteica en bacterias transformadas que llevan el plásmido recombinante. La proteína recombinante se expresó y purificó en condiciones desnaturalizantes en BL21 (DE3) de *E. coli* (figura 8).

10 2.2.2. Reactividad de sueros de pacientes chagásicos con rTc00.1047053509999.10 (SEC. ID. nº 85)

10 Se evaluó la capacidad de la proteína recombinante rTc00.1047053509999.10 para detectar infecciones chagásicas por transferencia Western. Como se muestra en la figura 9 la proteína recombinante rTc00.1047053509999.10 fue reconocida por los sueros de pacientes chagásicos como una sola banda. Los sueros de donantes sanos no reconocieron la proteína recombinante. Se detectaron anticuerpos anti-Tc00.1047053509999.10 en el 80% (18/22) de los sueros de pacientes chagásicos. Los sueros analizados pertenecen a pacientes originarios de diferentes regiones de América Latina. Seis sueros son de pacientes que viven en el noroeste de Argentina (ciudad de Salta) y que presentan insuficiencia cardíaca detectada por electrocardiograma y ecocardiograma. Cinco de estos sueros fueron positivos por análisis de transferencia Western. Entre seis sueros de niños del noreste de Argentina (provincia del Chaco), sólo 5 reconocieron la proteína recombinante. Los sueros restantes corresponden a cinco niños bolivianos y cinco pacientes mejicanos que reconocían la proteína de *T. cruzi* en cuatro de los cinco sueros ensayados.

25 Además, se evaluó la potencial reactividad cruzada con anticuerpos de cinco pacientes infectados con *L. infantum*. La proteína recombinante no fue reconocida por estos sueros lo que sugiere que los anticuerpos detectados por los pacientes chagásicos son específicos para la infección por *T. cruzi*.

30 En vista de las propiedades antigénicas de Tc00.1047053509999.10 de *T. cruzi* (SEC. ID. nº 85) dicha proteína recombinante puede representar un antígeno interesante para identificar específicamente anticuerpos anti-*T. cruzi* en sueros y puede representar una nueva herramienta de diagnóstico potencial para la enfermedad de Chagas.

Listado de secuencias

35 <110> INSTITUT DE RECHERCHE POUR LE DEVELOPPEMENT CORRALES, Rosa Milagros MATHIEU-DAUDE, Françoise SERENO, Denis

<120> Procedimiento para el cribado de proteínas segregadas conservadas

<130> WOB 08 BD IRD CHAG

40 <150> EP 08290657
<151> 2008-07-04
<160> 173
<170> PatentIn versión 3.5

45 <210> 1
<211> 705
<212> ADN
<213> Trypanosoma cruzi

50 <220>
<221> CDS
<222> (1)..(705)

<400> 1

ES 2 490 193 T3

atg ttg tct ctg gca gaa gtg tgt ttg tgt tgc cct gcc gtg cgt ggt 48
 Met Leu Ser Leu Ala Glu Val Cys Leu Cys Cys Pro Ala Val Arg Gly
 1 5 10 15

gtg ccc gag tcc act tcc tct ggc cgc cac aaa acc tgt tgc tct tcc 96
 Val Pro Glu Ser Thr Ser Ser Gly Arg His Lys Thr Cys Cys Ser Ser
 20 25 30

acc atg gac ttt tct tgg gaa gca aag aag aag aag tgt ggg tgc tgg 144
 Thr Met Asp Phe Ser Trp Glu Ala Lys Lys Lys Lys Cys Gly Cys Trp
 35 40 45

ggg aat tat agg cag gaa ggt ggc agc tac tca atg cgg cgg tgt ggc 192
 Gly Asn Tyr Arg Gln Glu Gly Gly Ser Tyr Ser Met Arg Arg Cys Gly
 50 55 60

tgt gcc tcg gca att ttt tct ttg gaa gtt ggt gac atg atg gca ggt 240
 Cys Ala Ser Ala Ile Phe Ser Leu Glu Val Gly Asp Met Met Ala Gly
 65 70 75 80

gga gcc gtg ggc aat gga gtg tcg tgg cga tca ttt gca cgt ggc cga 288
 Gly Ala Val Gly Asn Gly Val Ser Trp Arg Ser Phe Ala Arg Gly Arg
 85 90 95

ccg tac acg cct ttg ggc acc gtt cag gac ttc acg gca tca ccg cat 336
 Pro Tyr Thr Pro Leu Gly Thr Val Gln Asp Phe Thr Ala Ser Pro His
 100 105 110

cac ata cgt ctt gct gag atg cag cgc gaa ctg gac gaa atg agc ggt 384
 His Ile Arg Leu Ala Glu Met Gln Arg Glu Leu Asp Glu Met Ser Gly
 115 120 125

cgt tca ccg acg cac ctc tac gag ggg cca act gtc acc act gcg cag 432
 Arg Ser Pro Thr His Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Val Thr Thr Ala Gln
 130 135 140

ggc cct cgg cct ctc ttc gag gct gac ttg cgg gat gat cct gca aat 480
 Gly Pro Arg Pro Leu Phe Glu Ala Asp Leu Arg Asp Asp Pro Ala Asn
 145 150 155 160

gac aac atg ccg gag cac ttc gtt gcc gca cgt caa cgt ctg atg act 528
 Asp Asn Met Pro Glu His Phe Val Ala Ala Arg Gln Arg Leu Met Thr
 165 170 175

ttg cag agt gac agt tac ggg gag tcc att cgc ggt gtt gtc tcc ccg 576
 Leu Gln Ser Asp Ser Tyr Gly Glu Ser Ile Arg Gly Val Val Ser Pro
 180 185 190

ccc cca ccg ccg gat gcg aac gcc cct cga gca tat gag cag ccc cga 624
 Pro Pro Pro Pro Asp Ala Asn Ala Pro Arg Ala Tyr Glu Gln Pro Arg
 195 200 205

gtg cag ctg ggc aat att tgg tgg acg gct atg aca tta ata ata gta 672
 Val Gln Leu Gly Asn Ile Trp Trp Thr Ala Met Thr Leu Ile Ile Val
 210 215 220

tcg ttc ttt ctt atg gct agg ttt ggt cgc tag 705
 Ser Phe Phe Leu Met Ala Arg Phe Gly Arg
 225 230

5 <210> 2
 <211> 234
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi
 <400> 2

ES 2 490 193 T3

Met Leu Ser Leu Ala Glu Val Cys Leu Cys Cys Pro Ala Val Arg Gly
1 5 10 15

Val Pro Glu Ser Thr Ser Ser Gly Arg His Lys Thr Cys Cys Ser Ser
20 25 30

Thr Met Asp Phe Ser Trp Glu Ala Lys Lys Lys Lys Cys Gly Cys Trp
35 40 45

Gly Asn Tyr Arg Gln Glu Gly Gly Ser Tyr Ser Met Arg Arg Cys Gly
50 55 60

Cys Ala Ser Ala Ile Phe Ser Leu Glu Val Gly Asp Met Met Ala Gly
65 70 75 80

Gly Ala Val Gly Asn Gly Val Ser Trp Arg Ser Phe Ala Arg Gly Arg
85 90 95

Pro Tyr Thr Pro Leu Gly Thr Val Gln Asp Phe Thr Ala Ser Pro His
100 105 110

His Ile Arg Leu Ala Glu Met Gln Arg Glu Leu Asp Glu Met Ser Gly
115 120 125

Arg Ser Pro Thr His Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Val Thr Thr Ala Gln
130 135 140

Gly Pro Arg Pro Leu Phe Glu Ala Asp Leu Arg Asp Asp Pro Ala Asn
145 150 155 160

Asp Asn Met Pro Glu His Phe Val Ala Ala Arg Gln Arg Leu Met Thr
165 170 175

Leu Gln Ser Asp Ser Tyr Gly Glu Ser Ile Arg Gly Val Val Ser Pro
180 185 190

Pro Pro Pro Pro Asp Ala Asn Ala Pro Arg Ala Tyr Glu Gln Pro Arg
195 200 205

Val Gln Leu Gly Asn Ile Trp Trp Thr Ala Met Thr Leu Ile Ile Val
210 215 220

Ser Phe Phe Leu Met Ala Arg Phe Gly Arg
225 230

- 5 <210> 3
- <211> 666
- <212> ADN
- <213> Leishmania major

- 10 <220>
- <221> CDS
- <222> (1)..(666)

<400> 3

ES 2 490 193 T3

atg cgc caa gga gcc gcc agg gga tgc gcg tgt gta gcc gcg cac agc	48
Met Arg Gln Gly Ala Ala Arg Gly Cys Ala Cys Val Ala Ala His Ser	
1 5 10 15	
ggg ggt ctc tgc ggg tgc atc gcc agt gcc aac acg acc acc gct gtg	96
Gly Gly Leu Cys Gly Cys Ile Ala Ser Ala Asn Thr Thr Thr Ala Val	
20 25 30	
cgc ggt tac aca cgc gcc atc ccc tac act ccc caa ggg acc att cag	144
Arg Gly Tyr Thr Arg Gly Ile Pro Tyr Thr Pro Gln Gly Thr Ile Gln	
35 40 45	
gat tac acg tcc tct ccg cgg cac gta agg ttg gct gag atg cag cgc	192
Asp Tyr Thr Ser Ser Pro Arg His Val Arg Leu Ala Glu Met Gln Arg	
50 55 60	
aat atc gac cgg gag gcg aga agg gcg ccg acc gga ctc tat gaa ggc	240
Asn Ile Asp Arg Glu Ala Arg Arg Ala Pro Thr Gly Leu Tyr Glu Gly	
65 70 75 80	
ccg acc atc acc acc aag gac ggt gcg aga ccg ctc ttt cct ccc gaa	288
Pro Thr Ile Thr Lys Asp Gly Ala Arg Pro Leu Phe Pro Pro Glu	
85 90 95	
aaa gcg cgt cac cca aac cgc gcc ccg ccc cca cgt gga gcg aca ccg	336
Lys Ala Arg His Pro Asn Arg Gly Pro Pro Pro Arg Gly Ala Thr Pro	
100 105 110	
ccg acg tat gcc ccg cag ttc gtt gca ccg gct gcg acg cgc gag gac	384
Pro Thr Tyr Ala Pro Gln Phe Val Ala Pro Ala Ala Thr Arg Glu Asp	
115 120 125	
atg atg ccg ccg cag tct gat tcc tac cag cgc gac ctc cgc agc gac	432
Met Met Pro Pro Gln Ser Asp Ser Tyr Gln Arg Asp Leu Arg Ser Asp	
130 135 140	
ccc gcg tac gct gat gat cca gag cat att gtg gcg gca cgt cag ccg	480
Pro Ala Tyr Ala Asp Asp Pro Glu His Ile Val Ala Ala Arg Gln Arg	
145 150 155 160	
att atg act atg cag agc gac tct tac gcc gag gcg atg cgc ggg atg	528
Ile Met Thr Met Gln Ser Asp Ser Tyr Gly Glu Ala Met Arg Gly Met	
165 170 175	
gtg gct ccg ccg cca ccg ctg gat cct gac gcg ccg cag gcg tac ccg	576
Val Ala Pro Pro Pro Pro Leu Asp Pro Asp Ala Pro Gln Ala Tyr Arg	
180 185 190	
cag cct ccg gtg cag ctg gat gac aac tgg tgg att ctg atg tgg tcc	624
Gln Pro Arg Val Gln Leu Asp Asp Asn Trp Trp Ile Leu Met Trp Ser	
195 200 205	
ttc gca gcc ctg ttc gta gtg atg gcc atg tat gga aag tag	666
Phe Ala Ala Leu Phe Val Val Met Ala Met Tyr Gly Lys	
210 215 220	

5 <210> 4
 <211> 221
 <212> PRT
 <213> Leishmania major
 <400> 4

ES 2 490 193 T3

Met Arg Gln Gly Ala Ala Arg Gly Cys Ala Cys Val Ala Ala His Ser
1 5 10 15

Gly Gly Leu Cys Gly Cys Ile Ala Ser Ala Asn Thr Thr Thr Ala Val
20 25 30

Arg Gly Tyr Thr Arg Gly Ile Pro Tyr Thr Pro Gln Gly Thr Ile Gln
35 40 45
Asp Tyr Thr Ser Ser Pro Arg His Val Arg Leu Ala Glu Met Gln Arg
50 55 60

Asn Ile Asp Arg Glu Ala Arg Arg Ala Pro Thr Gly Leu Tyr Glu Gly
65 70 75 80

Pro Thr Ile Thr Thr Lys Asp Gly Ala Arg Pro Leu Phe Pro Pro Glu
85 90 95

Lys Ala Arg His Pro Asn Arg Gly Pro Pro Pro Arg Gly Ala Thr Pro
100 105 110

Pro Thr Tyr Ala Pro Gln Phe Val Ala Pro Ala Ala Thr Arg Glu Asp
115 120 125

Met Met Pro Pro Gln Ser Asp Ser Tyr Gln Arg Asp Leu Arg Ser Asp
130 135 140

Pro Ala Tyr Ala Asp Asp Pro Glu His Ile Val Ala Ala Arg Gln Arg
145 150 155 160

Ile Met Thr Met Gln Ser Asp Ser Tyr Gly Glu Ala Met Arg Gly Met
165 170 175

Val Ala Pro Pro Pro Pro Leu Asp Pro Asp Ala Pro Gln Ala Tyr Arg
180 185 190

Gln Pro Arg Val Gln Leu Asp Asp Asn Trp Trp Ile Leu Met Trp Ser
195 200 205

Phe Ala Ala Leu Phe Val Val Met Ala Met Tyr Gly Lys
210 215 220

- 5 <210> 5
- <211> 483
- <212> ADN
- <213> Leishmania infantum

- 10 <220>
- <221> CDS
- <222> (1)..(483)

<400> 5
atg cag cgc aat atc gac agg gag gcg aga agg gcg ccg acc gga ctc 48
Met Gln Arg Asn Ile Asp Arg Glu Ala Arg Arg Ala Pro Thr Gly Leu
1 5 10 15

tac gaa ggc ccg acc atc acc acc aag gac ggt gcg agg cca ctc ttt 96
Tyr Glu Gly Pro Thr Ile Thr Thr Lys Asp Gly Ala Arg Pro Leu Phe

ES 2 490 193 T3

20	25	30	
ccg ccc gaa aaa gca cgc cac cca aac cgc ggc ccg gcc cca cgt gga Pro Pro Glu Lys Ala Arg His Pro Asn Arg Gly Pro Ala Pro Arg Gly 35 40 45			144
gcg cca ccg ccg acg tat gcc ccg cag ttt gtc gca ccg gct gcg acg Ala Pro Pro Pro Thr Tyr Ala Pro Gln Phe Val Ala Pro Ala Ala Thr 50 55 60			192
cgc gag gac atg atg ccg ccg cag ccc gat tcc tac cag cgc gac ctc Arg Glu Asp Met Met Pro Pro Gln Pro Asp Ser Tyr Gln Arg Asp Leu 65 70 75 80			240
cgc agc gac ccc gcg tac gca gat gat cca gag cat att gtg gcg gca Arg Ser Asp Pro Ala Tyr Ala Asp Asp Pro Glu His Ile Val Ala Ala 85 90 95			288
cgt cag cgg att atg act atg cag agc gac tct tac ggc gaa gcg atg Arg Gln Arg Ile Met Thr Met Gln Ser Asp Ser Tyr Gly Glu Ala Met 100 105 110			336
cgc gga atg gtg gct ccg ccg ccg ccg ctg gat cct gac gcg ccg cag Arg Gly Met Val Ala Pro Pro Pro Pro Leu Asp Pro Asp Ala Pro Gln 115 120 125			384
gcg tac ccg cag cct ccg gtg cag ctg gat gac agc tgg tgg atc ctg Ala Tyr Arg Gln Pro Arg Val Gln Leu Asp Asp Ser Trp Trp Ile Leu 130 135 140			432
atg tgg tcc ttt gca gcc ctg ttc gtg gtg atg gcc atg tat gga aag Met Trp Ser Phe Ala Ala Leu Phe Val Val Met Ala Met Tyr Gly Lys 145 150 155 160			480
tag			483

<210> 6

<211> 160

5 <212> PRT

<213> Leishmania infantum

<400> 6

Met Gln Arg Asn Ile Asp Arg Glu Ala Arg Arg Ala Pro Thr Gly Leu
1 5 10 15

Tyr Glu Gly Pro Thr Ile Thr Thr Lys Asp Gly Ala Arg Pro Leu Phe
20 25 30

Pro Pro Glu Lys Ala Arg His Pro Asn Arg Gly Pro Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Ala Pro Pro Pro Thr Tyr Ala Pro Gln Phe Val Ala Pro Ala Ala Thr
50 55 60

Arg Glu Asp Met Met Pro Pro Gln Pro Asp Ser Tyr Gln Arg Asp Leu

ES 2 490 193 T3

65	70	75	80
Arg Ser Asp Pro	Ala Tyr Ala Asp Asp	Pro Glu His Ile Val	Ala Ala
	85	90	95
Arg Gln Arg Ile	Met Thr Met Gln Ser Asp	Ser Tyr Gly Glu Ala Met	
	100	105	110
Arg Gly Met Val	Ala Pro Pro Pro	Pro Leu Asp Pro Asp	Ala Pro Gln
	115	120	125
Ala Tyr Arg Gln	Pro Arg Val Gln Leu Asp Asp	Ser Trp Trp Ile Leu	
	130	135	140
Met Trp Ser Phe	Ala Ala Leu Phe Val Val	Met Ala Met Tyr Gly Lys	
	145	150	155
			160

<210> 7
 <211> 495
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(495)

	<400> 7	
	atg cga cgc cgt ggg tcc aca ctt ttc tgt gag ggt gca gtt tta acg	48
	Met Arg Arg Arg Gly Ser Thr Leu Phe Cys Glu Gly Ala Val Leu Thr	
	1 5 10 15	
	tgg agg cgc tct ttt gct cgg ggc cgg ccg tac aca cca ctc ggt act	96
	Trp Arg Arg Ser Phe Ala Arg Gly Arg Pro Tyr Thr Pro Leu Gly Thr	
	20 25 30	
	gta cag gac ttc aca tct tct cca cac cac gca caa ctc gcg gag aag	144
	Val Gln Asp Phe Thr Ser Ser Pro His His Ala Gln Leu Ala Glu Lys	
	35 40 45	
	cag cgc gag ttg gac cgg atg tgt ggc cgg ccg ccc tca cat ctt tac	192
	Gln Arg Glu Leu Asp Arg Met Cys Gly Arg Pro Pro Ser His Leu Tyr	
	50 55 60	
	gaa ggg ccc acc atc aca acc cct cac ggg gcc cgg cca ctc ttc gag	240
	Glu Gly Pro Thr Ile Thr Thr Pro His Gly Ala Arg Pro Leu Phe Glu	
	65 70 75 80	
	cga gac atg cgc gac gac ccg cga aat gac gag ctg ccg gag cat tac	288
	Arg Asp Met Arg Asp Asp Pro Arg Asn Asp Glu Leu Pro Glu His Tyr	
	85 90 95	
	gtg gcg gcg cag cag cgg atg gcg gtg tta caa agt gac agc tat gga	336
	Val Ala Ala Gln Gln Arg Met Ala Val Leu Gln Ser Asp Ser Tyr Gly	
	100 105 110	

ES 2 490 193 T3

gaa tca ata cgt gga gtg gtg gca ccg ccg cct cct ctg ggg gag ttt 384
 Glu Ser Ile Arg Gly Val Val Ala Pro Pro Pro Pro Leu Gly Glu Phe
 115 120 125

gat gcg gta agg gca tat caa acg ccg ccg gtg gaa ctt ggg acg gtt 432
 Asp Ala Val Arg Ala Tyr Gln Thr Pro Arg Val Glu Leu Gly Thr Val
 130 135 140

tgg tgg act gcc atg gcg acg att gta ttg ata ttt ttg ctg atg gtg 480
 Trp Trp Thr Ala Met Ala Thr Ile Val Leu Ile Phe Leu Leu Met Val
 145 150 155 160

aga tat gga cat taa 495
 Arg Tyr Gly His

5 <210> 8
 <211> 164
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma brucei

<400> 8
 Met Arg Arg Arg Gly Ser Thr Leu Phe Cys Glu Gly Ala Val Leu Thr
 1 5 10 15

Trp Arg Arg Ser Phe Ala Arg Gly Arg Pro Tyr Thr Pro Leu Gly Thr
 20 25 30

Val Gln Asp Phe Thr Ser Ser Pro His His Ala Gln Leu Ala Glu Lys
 35 40 45

Gln Arg Glu Leu Asp Arg Met Cys Gly Arg Pro Pro Ser His Leu Tyr
 50 55 60

Glu Gly Pro Thr Ile Thr Thr Pro His Gly Ala Arg Pro Leu Phe Glu
 65 70 75 80

Arg Asp Met Arg Asp Asp Pro Arg Asn Asp Glu Leu Pro Glu His Tyr
 85 90 95

Val Ala Ala Gln Gln Arg Met Ala Val Leu Gln Ser Asp Ser Tyr Gly
 100 105 110

Glu Ser Ile Arg Gly Val Val Ala Pro Pro Pro Pro Leu Gly Glu Phe
 115 120 125

Asp Ala Val Arg Ala Tyr Gln Thr Pro Arg Val Glu Leu Gly Thr Val
 130 135 140

Trp Trp Thr Ala Met Ala Thr Ile Val Leu Ile Phe Leu Leu Met Val
 145 150 155 160

10 Arg Tyr Gly His

<210> 9
 <211> 1065
 <212> ADN
 15 <213> Trypanosoma cruzi

<220>
 <221> CDS
 <222> (1).. (1065)

ES 2 490 193 T3

<400> 9

atg att gta ttg aat gga att tct gag gag caa aaa aaa ctt gcg gtg	48
Met Ile Val Leu Asn Gly Ile Ser Glu Glu Gln Lys Lys Leu Ala Val	
1 5 10 15	
gtt ggg gct gct gca gcc ttt ttt tcc tct gca gtt acc gcg gcg gtg	96
Val Gly Ala Ala Ala Phe Phe Ser Ser Ala Val Thr Ala Ala Val	
20 25 30	
gtg cgt gtg ctt tcg agg cag ccc ttg aag gct gtg gag gaa ccc cca	144
Val Arg Val Leu Ser Arg Gln Pro Leu Lys Ala Val Glu Glu Pro Pro	
35 40 45	
cct gtc gta aaa gtg gcg acg gag aag aat aaa tgt gcc agc gag gcc	192
Pro Val Val Lys Val Ala Thr Glu Lys Asn Lys Cys Ala Ser Glu Ala	
50 55 60	
aga gag gaa aag aag gaa ggt agt gaa atg tat aaa agc gag ttg tgc	240
Arg Glu Glu Lys Lys Glu Gly Ser Glu Met Tyr Lys Ser Glu Leu Cys	
65 70 75 80	
gct cgt cag tac atg gaa ttc cat tac acc ccc tct cgt acc agc tat	288
Ala Arg Gln Tyr Met Glu Phe His Tyr Thr Pro Ser Arg Thr Ser Tyr	
85 90 95	
gcg caa cga ctt cgg act att agc gag agt ttt gac ttc cca cag agg	336
Ala Gln Arg Leu Arg Thr Ile Ser Glu Ser Phe Asp Phe Pro Gln Arg	
100 105 110	
atg gcg cag aaa ttt aag gag ttt ttt cca gag gcg aag aat gag cag	384
Met Ala Gln Lys Phe Lys Glu Phe Phe Pro Glu Ala Lys Asn Glu Gln	
115 120 125	
aca cgt gcg ttg gaa att ggg tgt gct aca ggt gcc tct gta ttg gag	432
Thr Arg Ala Leu Glu Ile Gly Cys Ala Thr Gly Ala Ser Val Leu Glu	
130 135 140	
atg agc aaa tat ttt gac agc gtt atc ggt gtt gac tac tcg gag att	480
Met Ser Lys Tyr Phe Asp Ser Val Ile Gly Val Asp Tyr Ser Glu Ile	
145 150 155 160	
ttt att cat ttt gcg cag gaa gtt ttg agg gag aat tct gtg cct cat	528
Phe Ile His Phe Ala Gln Glu Val Leu Arg Glu Asn Ser Val Pro His	

ES 2 490 193 T3

	165		170		175	
ggt tct cgg gta tca ttt ggg gcg gtg gat cag ggc gac atc gag gtc						576
Val Ser Arg Val Ser Phe Gly Ala Val Asp Gln Gly Asp Ile Glu Val	180		185		190	
acg cgt cat gtg cgt ctt tca cac gga ctt ttt ccg aaa cga tgt cag						624
Thr Arg His Val Arg Leu Ser His Gly Leu Phe Pro Lys Arg Cys Gln	195		200		205	
ttt ttt tgg ggt gat gcg atg aat ctt ttg gga gga gga gga ggc gcg						672
Phe Phe Trp Gly Asp Ala Met Asn Leu Leu Gly Gly Gly Gly Ala	210		215		220	
aag aca aat ttg gtg ggg aga cat tcc agt cgt tat gac gat gtt tca						720
Lys Thr Asn Leu Val Gly Arg His Ser Ser Arg Tyr Asp Asp Val Ser	225		230		235	240
tgg tat cag gtg cct gcg gga gag ctc ttt gat ggg gtg ctt gtg tcc						768
Trp Tyr Gln Val Pro Ala Gly Glu Leu Phe Asp Gly Val Leu Val Ser	245		250		255	
aac atc ctc tgc cgt gtg tgc gac cca cgc aag ctg ctg gac aca ctc						816
Asn Ile Leu Cys Arg Val Ser Asp Pro Arg Lys Leu Leu Asp Thr Leu	260		265		270	
ccc cgg ctg ctc cgc aaa ggc ggc atc ctt gtg ctc gcc tcc ccg tac						864
Pro Arg Leu Leu Arg Lys Gly Gly Ile Leu Val Leu Ala Ser Pro Tyr	275		280		285	
tcg tgg agt gat ggg ata aca ccg aag agc aaa tgg atc ggt ggg ttg						912
Ser Trp Ser Asp Gly Ile Thr Pro Lys Ser Lys Trp Ile Gly Gly Leu	290		295		300	
cct gac ggg ccg cgg tcc gag gat gtt gtg aag gag ata ctt atg aaa						960
Pro Asp Gly Pro Arg Ser Glu Asp Val Val Lys Glu Ile Leu Met Lys	305		310		315	320
aat ttt gaa ctt cta aat gag aca gat gag gcg ttt ttg att cgt gac						1008
Asn Phe Glu Leu Leu Asn Glu Thr Asp Glu Ala Phe Leu Ile Arg Asp	325		330		335	
cac gta cgt cgt tat cag ttg ggg ttt tcc cac tgc acg gtg tgg agg						1056
His Val Arg Arg Tyr Gln Leu Gly Phe Ser His Cys Thr Val Trp Arg	340		345		350	
cgc agc tga						1065
Arg Ser						

<210> 10
 <211> 354
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

5

<400> 10
 Met Ile Val Leu Asn Gly Ile Ser Glu Glu Gln Lys Lys Leu Ala Val
 1 5 10 15

ES 2 490 193 T3

Val Gly Ala Ala Ala Ala Phe Phe Ser Ser Ala Val Thr Ala Ala Val
 20 25 30

Val Arg Val Leu Ser Arg Gln Pro Leu Lys Ala Val Glu Glu Pro Pro
 35 40 45

Pro Val Val Lys Val Ala Thr Glu Lys Asn Lys Cys Ala Ser Glu Ala
 50 55 60

Arg Glu Glu Lys Lys Glu Gly Ser Glu Met Tyr Lys Ser Glu Leu Cys
 65 70 75 80

Ala Arg Gln Tyr Met Glu Phe His Tyr Thr Pro Ser Arg Thr Ser Tyr
 85 90 95

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

Met Ala Gln Lys Phe Lys Glu Phe Phe Pro Glu Ala Lys Asn Glu Gln
 115 120 125

Thr Arg Ala Leu Glu Ile Gly Cys Ala Thr Gly Ala Ser Val Leu Glu
 130 135 140

Met Ser Lys Tyr Phe Asp Ser Val Ile Gly Val Asp Tyr Ser Glu Ile
 145 150 155 160

Phe Ile His Phe Ala Gln Glu Val Leu Arg Glu Asn Ser Val Pro His
 165 170 175

Val Ser Arg Val Ser Phe Gly Ala Val Asp Gln Gly Asp Ile Glu Val
 180 185 190

Thr Arg His Val Arg Leu Ser His Gly Leu Phe Pro Lys Arg Cys Gln
 195 200 205

Phe Phe Trp Gly Asp Ala Met Asn Leu Leu Gly Gly Gly Gly Gly Ala
 210 215 220

Lys Thr Asn Leu Val Gly Arg His Ser Ser Arg Tyr Asp Asp Val Ser
 225 230 235 240

Trp Tyr Gln Val Pro Ala Gly Glu Leu Phe Asp Gly Val Leu Val Ser
 245 250 255

ES 2 490 193 T3

Asn Ile Leu Cys Arg Val Ser Asp Pro Arg Lys Leu Leu Asp Thr Leu
 260 265 270

Pro Arg Leu Leu Arg Lys Gly Gly Ile Leu Val Leu Ala Ser Pro Tyr
 275 280 285

Ser Trp Ser Asp Gly Ile Thr Pro Lys Ser Lys Trp Ile Gly Gly Leu
 290 295 300

Pro Asp Gly Pro Arg Ser Glu Asp Val Val Lys Glu Ile Leu Met Lys
 305 310 315 320

Asn Phe Glu Leu Leu Asn Glu Thr Asp Glu Ala Phe Leu Ile Arg Asp
 325 330 335

His Val Arg Arg Tyr Gln Leu Gly Phe Ser His Cys Thr Val Trp Arg
 340 345 350

Arg Ser

<210> 11
 <211> 1038
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania major

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1038)

<400> 11
 atg cag caa ctt caa gca cga ctc tct gac aag ctc aat gag ctg acg 48
 Met Gln Gln Leu Gln Ala Arg Leu Ser Asp Lys Leu Asn Glu Leu Thr
 1 5 10 15
 aaa gac tgg aca gcc gag cag cgg aag ctc tac ggt gcg gtc gcc ttg 96
 Lys Asp Trp Thr Ala Glu Gln Arg Lys Leu Tyr Gly Ala Val Ala Leu
 20 25 30
 acg gct gtc gtt gcc tct ggc gcc acg ttg att gtt gtc aag gtg atg 144
 Thr Ala Val Val Ala Ser Gly Ala Thr Leu Ile Val Val Lys Val Met
 35 40 45
 cga cgg tgc tgc ggg gcc ggc aac gac gcc acc cgc tcg gaa agt cat 192
 Arg Arg Cys Cys Gly Ala Gly Asn Asp Ala Thr Arg Ser Glu Ser His
 50 55 60
 tcg aag agc tct gac atc tac gag agt gag acg gcg gcg cgc cag tac 240
 Ser Lys Ser Ser Asp Ile Tyr Glu Ser Glu Thr Ala Ala Arg Gln Tyr
 65 70 75 80
 atg gag ttc cac tac acg ccg tcg tgc gag agc tac acg cag ccg ctg 288
 Met Glu Phe His Tyr Thr Pro Ser Cys Glu Ser Tyr Thr Gln Arg Leu

ES 2 490 193 T3

				85					90					95		
cgc	tca	gtg	agc	gag	gcc	tac	gac	ttc	ccg	acg	cgc	gtt	gct	cac	aag	336
Arg	Ser	Val		Ser	Glu	Ala	Tyr	Asp	Phe	Pro	Thr	Arg	Val	Ala	His	Lys
				100					105						110	
ttc	cgc	acc	tac	atg	cag	cca	ggc	aag	cgc	aag	ctg	cgc	ggg	ctc	gac	384
Phe	Arg	Thr	Tyr	Met	Gln	Pro	Gly	Lys	Arg	Lys	Leu	Arg	Gly	Leu	Asp	
		115						120					125			
atc	ggc	tgc	gca	aca	ggg	gcc	tcg	gtg	ctg	gag	atg	tcc	aag	gtg	ttc	432
Ile	Gly	Cys	Ala	Thr	Gly	Ala	Ser	Val	Leu	Glu	Met	Ser	Lys	Val	Phe	
	130						135					140				
gac	ggc	ggc	gtc	atc	ggc	ata	gat	ttt	tcg	gag	gtc	ttc	att	cac	ctc	480
Asp	Gly	Gly	Val	Ile	Gly	Ile	Asp	Phe	Ser	Glu	Val	Phe	Ile	His	Leu	
145					150					155					160	
gcc	aag	gag	gtg	gtg	agt	cag	ccg	acc	tca	ggc	aag	aag	gtc	acc	tac	528
Ala	Lys	Glu	Val	Val	Ser	Gln	Pro	Thr	Ser	Gly	Lys	Lys	Val	Thr	Tyr	
				165					170					175		
acc	gcc	cct	gtg	caa	ggc	gag	atc	acg	gag	aag	cgc	gag	ctg	gag	ctg	576
Thr	Ala	Pro	Val	Gln	Gly	Glu	Ile	Thr	Glu	Lys	Arg	Glu	Leu	Glu	Leu	
			180					185						190		
cct	cgc	gcg	gtg	cgg	cca	gag	cgc	tgc	gag	ttt	tac	gcc	ggt	gac	gcc	624
Pro	Arg	Ala	Val	Arg	Pro	Glu	Arg	Cys	Glu	Phe	Tyr	Ala	Gly	Asp	Ala	
		195					200					205				
atg	aac	atg	ttc	gag	gag	gac	ggc	aag	atc	gca	act	acg	acg	tcg	cgc	672
Met	Asn	Met	Phe	Glu	Glu	Asp	Gly	Lys	Ile	Ala	Thr	Thr	Thr	Ser	Arg	
	210					215					220					
ctg	tac	ccc	gac	gtc	aag	tac	tgg	cag	gca	aag	aag	ggc	gag	acc	ttt	720
Leu	Tyr	Pro	Asp	Val	Lys	Tyr	Trp	Gln	Ala	Lys	Lys	Gly	Glu	Thr	Phe	
225					230					235					240	
gac	ggc	gtg	ctc	tgc	ctt	aac	ctg	att	gat	cgc	gtg	cca	gac	ccg	cag	768
Asp	Gly	Val	Leu	Cys	Leu	Asn	Leu	Ile	Asp	Arg	Val	Pro	Asp	Pro	Gln	
				245					250					255		
cgc	ctg	ctc	aac	agc	gtt	gta	cgt	ctc	ctg	gct	aag	gat	gga	att	ctc	816
Arg	Leu	Leu	Asn	Ser	Val	Val	Arg	Leu	Leu	Ala	Lys	Asp	Gly	Ile	Leu	
			260					265						270		
att	ctc	gca	gac	ccg	tac	tcg	tgg	tgg	gag	gat	gcg	acg	gag	aag	tca	864
Ile	Leu	Ala	Asp	Pro	Tyr	Ser	Trp	Trp	Glu	Asp	Ala	Thr	Glu	Lys	Ser	
		275					280					285				
cgc	tgg	ctg	ggc	ggc	cgc	aac	gac	gac	ggc	gtg	cgc	agc	gag	gat	gca	912
Arg	Trp	Leu	Gly	Gly	Arg	Asn	Asp	Asp	Gly	Val	Arg	Ser	Glu	Asp	Ala	
	290					295					300					
gtg	aag	gcg	gcg	ttg	ggg	ggc	aag	ttg	gag	ctc	ctg	agc	gag	tcg	gac	960
Val	Lys	Ala	Ala	Leu	Gly	Gly	Lys	Leu	Glu	Leu	Leu	Ser	Glu	Ser	Asp	
305					310					315					320	
gag	gcc	ttc	ctc	atc	cgc	gat	cac	att	cgc	cac	tat	cag	ctg	ggg	ttc	1008
Glu	Ala	Phe	Leu	Ile	Arg	Asp	His	Ile	Arg	His	Tyr	Gln	Leu	Gly	Phe	
				325					330					335		
tcc	cac	tgt	act	gtg	tgg	cgc	agg	aag	tag							1038
Ser	His	Cys	Thr	Val	Trp	Arg	Arg	Lys								
			340					345								

<210> 12

5 <211> 345

<212> PRT

<213> Leishmania major

<400> 12

ES 2 490 193 T3

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

Lys Asp Trp Thr Ala Glu Gln Arg Lys Leu Tyr Gly Ala Val Ala Leu
 20 25 30

Thr Ala Val Val Ala Ser Gly Ala Thr Leu Ile Val Val Lys Val Met
 35 40 45

Arg Arg Cys Cys Gly Ala Gly Asn Asp Ala Thr Arg Ser Glu Ser His
 50 55 60

Ser Lys Ser Ser Asp Ile Tyr Glu Ser Glu Thr Ala Ala Arg Gln Tyr
 65 70 75 80

Met Glu Phe His Tyr Thr Pro Ser Cys Glu Ser Tyr Thr Gln Arg Leu
 85 90 95

Arg Ser Val Ser Glu Ala Tyr Asp Phe Pro Thr Arg Val Ala His Lys
 100 105 110

Phe Arg Thr Tyr Met Gln Pro Gly Lys Arg Lys Leu Arg Gly Leu Asp
 115 120 125

Ile Gly Cys Ala Thr Gly Ala Ser Val Leu Glu Met Ser Lys Val Phe
 130 135 140

Asp Gly Gly Val Ile Gly Ile Asp Phe Ser Glu Val Phe Ile His Leu
 145 150 155 160

Ala Lys Glu Val Val Ser Gln Pro Thr Ser Gly Lys Lys Val Thr Tyr
 165 170 175

Thr Ala Pro Val Gln Gly Glu Ile Thr Glu Lys Arg Glu Leu Glu Leu
 180 185 190

ES 2 490 193 T3

Pro Arg Ala Val Arg Pro Glu Arg Cys Glu Phe Tyr Ala Gly Asp Ala
 195 200 205

Met Asn Met Phe Glu Glu Asp Gly Lys Ile Ala Thr Thr Thr Ser Arg
 210 215 220

Leu Tyr Pro Asp Val Lys Tyr Trp Gln Ala Lys Lys Gly Glu Thr Phe
 225 230 235 240

Asp Gly Val Leu Cys Leu Asn Leu Ile Asp Arg Val Pro Asp Pro Gln
 245 250 255

Arg Leu Leu Asn Ser Val Val Arg Leu Leu Ala Lys Asp Gly Ile Leu
 260 265 270

Ile Leu Ala Asp Pro Tyr Ser Trp Trp Glu Asp Ala Thr Glu Lys Ser
 275 280 285

Arg Trp Leu Gly Gly Arg Asn Asp Asp Gly Val Arg Ser Glu Asp Ala
 290 295 300

Val Lys Ala Ala Leu Gly Gly Lys Leu Glu Leu Leu Ser Glu Ser Asp
 305 310 315 320

Glu Ala Phe Leu Ile Arg Asp His Ile Arg His Tyr Gln Leu Gly Phe
 325 330 335

Ser His Cys Thr Val Trp Arg Arg Lys
 340 345

- <210> 13
- <211> 1050
- 5 <212> ADN
- <213> Leishmania infantum

- <220>
- <221> CDS
- 10 <222> (1)..(1050)

<400> 13	
atg cag caa ctt caa gcg cgg ctc tcc gac aag ctc gat gag ctg acg	48
Met Gln Gln Leu Gln Ala Arg Leu Ser Asp Lys Leu Asp Glu Leu Thr	
1 5 10 15	
aag gac tgg aca gcc gag cag cgg aag ctg tac ggc gct gtc gcc ctg	96
Lys Asp Trp Thr Ala Glu Gln Arg Lys Leu Tyr Gly Ala Val Ala Leu	
20 25 30	
acg gct gtc gtc gcc tct ggc gcc gcg ttg atc ggt gcc aac gtg atg	144
Thr Ala Val Val Ala Ser Gly Ala Ala Leu Ile Gly Ala Asn Val Met	

ES 2 490 193 T3

35					40					45						
caa	cgc	tgc	tgc	ggc	ggg	cgc	ggc	agg	gca	ggc	aac	gac	gcc	acc	cgc	192
Gln	Arg	Cys	Cys	Gly	Gly	Arg	Gly	Arg	Ala	Gly	Asn	Asp	Ala	Thr	Arg	
50						55					60					
tca	gaa	agt	cac	tcg	aag	agc	tcc	gac	atc	tat	gag	agt	gag	gcg	gcg	240
Ser	Glu	Ser	His	Ser	Lys	Ser	Ser	Asp	Ile	Tyr	Glu	Ser	Glu	Ala	Ala	
65					70					75					80	
gcg	cgc	cag	tac	atg	gag	ttc	cac	tac	acg	ccg	tcg	cgc	gag	agc	tac	288
Ala	Arg	Gln	Tyr	Met	Glu	Phe	His	Tyr	Thr	Pro	Ser	Arg	Glu	Ser	Tyr	
				85					90					95		
acg	cag	cgg	ctg	cgc	tcc	gtg	agc	gag	gcc	tac	gac	ttt	ccg	acg	cgc	336
Thr	Gln	Arg	Leu	Arg	Ser	Val	Ser	Glu	Ala	Tyr	Asp	Phe	Pro	Thr	Arg	
			100					105					110			
gtc	gct	cac	aag	ttc	cgc	acc	tac	gtg	cag	cca	ggc	aag	cgc	aag	ctg	384
Val	Ala	His	Lys	Phe	Arg	Thr	Tyr	Val	Gln	Pro	Gly	Lys	Arg	Lys	Leu	
		115					120					125				
cgc	ggg	ctc	gac	atc	ggc	tgc	gca	act	ggg	gcc	tcg	gtg	ctg	gag	atg	432
Arg	Gly	Leu	Asp	Ile	Gly	Cys	Ala	Thr	Gly	Ala	Ser	Val	Leu	Glu	Met	
	130					135					140					
tcc	aag	gtg	ttc	gac	ggc	ggt	gtc	atc	ggc	ata	gac	ttt	tcg	gag	gtc	480
Ser	Lys	Val	Phe	Asp	Gly	Gly	Val	Ile	Gly	Ile	Asp	Phe	Ser	Glu	Val	
145					150					155					160	
ttc	att	cac	ctc	gcc	aag	gag	gtg	gtg	aac	cag	ccg	acg	lca	ggc	aag	528
Phe	Ile	His	Leu	Ala	Lys	Glu	Val	Val	Asn	Gln	Pro	Thr	Ser	Gly	Lys	
				165					170						175	
aag	gtc	acc	tac	acc	gcc	cct	gtg	cag	ggc	gag	atc	acg	gag	aag	cgc	576
Lys	Val	Thr	Tyr	Thr	Ala	Pro	Val	Gln	Gly	Glu	Ile	Thr	Glu	Lys	Arg	
			180					185						190		
gag	cta	gag	ctg	cct	cgc	gcg	gtg	cgg	ccg	gag	cgc	tgc	gag	ttt	tac	624
Glu	Leu	Glu	Leu	Pro	Arg	Ala	Val	Arg	Pro	Glu	Arg	Cys	Glu	Phe	Tyr	
			195				200					205				
gcc	ggt	gac	gcc	atg	aac	atg	ttc	gag	gag	gac	agc	aag	atc	aca	act	672
Ala	Gly	Asp	Ala	Met	Asn	Met	Phe	Glu	Glu	Asp	Ser	Lys	Ile	Thr	Thr	
			210			215					220					
acg	acg	tcg	cgc	ctg	tac	ccc	gac	gtc	aag	tac	tgg	cag	gca	aag	aag	720
Thr	Thr	Ser	Arg	Leu	Tyr	Pro	Asp	Val	Lys	Tyr	Trp	Gln	Ala	Lys	Lys	
225					230					235					240	
ggc	gag	acc	ttt	gac	ggc	gta	ctc	tgc	ctt	aat	ctg	atc	gat	cgc	gtg	768
Gly	Glu	Thr	Phe	Asp	Gly	Val	Leu	Cys	Leu	Asn	Leu	Ile	Asp	Arg	Val	
				245				250						255		
cca	gac	ccg	cag	cgc	ctg	ctc	aac	agc	ggt	gta	cgg	ctc	ctg	gct	aag	816
Pro	Asp	Pro	Gln	Arg	Leu	Leu	Asn	Ser	Val	Val	Arg	Leu	Leu	Ala	Lys	
			260				265							270		
gat	ggc	att	ctc	att	ctc	gca	gac	ccg	tac	tcg	tgg	tgg	gag	gat	gcg	864
Asp	Gly	Ile	Leu	Ile	Leu	Ala	Asp	Pro	Tyr	Ser	Trp	Trp	Glu	Asp	Ala	
		275					280						285			

ES 2 490 193 T3

aca gag aag tca cgc tgg ctg ggc ggc cgc aaa gac gac ggc gtg cgc 912
 Thr Glu Lys Ser Arg Trp Leu Gly Gly Arg Lys Asp Asp Gly Val Arg
 290 295 300

agc gag gat gcg gtg aag gcg gct ctg gag ggc aag ttg gag ctc ctg 960
 Ser Glu Asp Ala Val Lys Ala Ala Leu Glu Gly Lys Leu Glu Leu Leu
 305 310 315 320

aac gag tcg gac gag gcc ttc ctt atc cgc gat cac att cgc cac tat 1008
 Asn Glu Ser Asp Glu Ala Phe Leu Ile Arg Asp His Ile Arg His Tyr
 325 330 335

cag ctg gga ttc tcc cac tgc act gtg tgg cgc agg aag tag 1050
 Gln Leu Gly Phe Ser His Cys Thr Val Trp Arg Arg Lys
 340 345

<210> 14

<211> 349

5

<212> PRT

<213> Leishmania infantum

<400> 14

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

Lys Asp Trp Thr Ala Glu Gln Arg Lys Leu Tyr Gly Ala Val Ala Leu
 20 25 30

Thr Ala Val Val Ala Ser Gly Ala Ala Leu Ile Gly Ala Asn Val Met
 35 40 45

Gln Arg Cys Cys Gly Gly Arg Gly Arg Ala Gly Asn Asp Ala Thr Arg
 50 55 60

Ser Glu Ser His Ser Lys Ser Ser Asp Ile Tyr Glu Ser Glu Ala Ala
 65 70 75 80

Ala Arg Gln Tyr Met Glu Phe His Tyr Thr Pro Ser Arg Glu Ser Tyr
 85 90 95

Thr Gln Arg Leu Arg Ser Val Ser Glu Ala Tyr Asp Phe Pro Thr Arg
 100 105 110

Val Ala His Lys Phe Arg Thr Tyr Val Gln Pro Gly Lys Arg Lys Leu
 115 120 125

Arg Gly Leu Asp Ile Gly Cys Ala Thr Gly Ala Ser Val Leu Glu Met
 130 135 140

ES 2 490 193 T3

Ser Lys Val Phe Asp Gly Gly Val Ile Gly Ile Asp Phe Ser Glu Val
 145 150 155 160

Phe Ile His Leu Ala Lys Glu Val Val Asn Gln Pro Thr Ser Gly Lys
 165 170 175

Lys Val Thr Tyr Thr Ala Pro Val Gln Gly Glu Ile Thr Glu Lys Arg
 180 185 190

Glu Leu Glu Leu Pro Arg Ala Val Arg Pro Glu Arg Cys Glu Phe Tyr
 195 200 205

Ala Gly Asp Ala Met Asn Met Phe Glu Glu Asp Ser Lys Ile Thr Thr
 210 215 220

Thr Thr Ser Arg Leu Tyr Pro Asp Val Lys Tyr Trp Gln Ala Lys Lys
 225 230 235 240

Gly Glu Thr Phe Asp Gly Val Leu Cys Leu Asn Leu Ile Asp Arg Val
 245 250 255

Pro Asp Pro Gln Arg Leu Leu Asn Ser Val Val Arg Leu Leu Ala Lys
 260 265 270

Asp Gly Ile Leu Ile Leu Ala Asp Pro Tyr Ser Trp Trp Glu Asp Ala
 275 280 285

Thr Glu Lys Ser Arg Trp Leu Gly Gly Arg Lys Asp Asp Gly Val Arg
 290 295 300

Ser Glu Asp Ala Val Lys Ala Ala Leu Glu Gly Lys Leu Glu Leu Leu
 305 310 315 320

Asn Glu Ser Asp Glu Ala Phe Leu Ile Arg Asp His Ile Arg His Tyr
 325 330 335

Gln Leu Gly Phe Ser His Cys Thr Val Trp Arg Arg Lys
 340 345

<210> 15
 <211> 1104
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1104)

<400> 15

ES 2 490 193 T3

atg ctg gcg ttg tgc aaa tgt acc gct ccc gag acg aga tgt tta gtg Met Leu Ala Leu Cys Lys Cys Thr Ala Pro Glu Thr Arg Cys Leu Val 1 5 10 15	48
ggg agt gtc att ttt acg gct gtc gtt tcc tcc gca gcg aca tat gcc Gly Ser Val Ile Phe Thr Ala Val Val Ser Ser Ala Ala Thr Tyr Ala 20 25 30	96
ttt cgt gac gtt ttt gat cac ttc ctg cgc tgt cgc tac aag ttc cta Phe Arg Asp Val Phe Asp His Phe Leu Arg Cys Arg Tyr Lys Phe Leu 35 40 45	144
tct tgg acg gat ggg gtt tgg gtg ctt cgt aaa ctg ttt ggg ttt ttt Ser Trp Thr Asp Gly Val Trp Val Leu Arg Lys Leu Phe Gly Phe Phe 50 55 60	192
gga aag tgg ttt ccc cat tgg gcg ctc tgt cgt ccc tca gaa ccg gcg Gly Lys Trp Phe Pro His Trp Ala Leu Cys Arg Pro Ser Glu Pro Ala 65 70 75 80	240
aac gtt tac gaa agt gat gca agt gtg cgg caa tac atg gag ttt cac Asn Val Tyr Glu Ser Asp Ala Ser Val Arg Gln Tyr Met Glu Phe His 85 90 95	288
tac acc ctc tcg tcg gaa agc ttt gcg caa aac ctt cgt atg ata tct Tyr Thr Leu Ser Ser Glu Ser Phe Ala Gln Asn Leu Arg Met Ile Ser 100 105 110	336
gag agc ttt gat tat ccc atc cga gtc gct cgc aag ttt cat gaa ttt Glu Ser Phe Asp Tyr Pro Ile Arg Val Ala Arg Lys Phe His Glu Phe 115 120 125	384
gtg cct gct aat gat gga aag gaa aga cgt gct ctt gat ttg ggg tgt Val Pro Ala Asn Asp Gly Lys Glu Arg Arg Ala Leu Asp Leu Gly Cys 130 135 140	432
gcg gtt ggt gct tcc tct ctg gag atg agt aaa tat ttc agc cgg gtt Ala Val Gly Ala Ser Ser Leu Glu Met Ser Lys Tyr Phe Ser Arg Val 145 150 155 160	480
gtc ggg att gat tac tct gtg gca ttc atc aaa atg gcg aga aat gtc Val Gly Ile Asp Tyr Ser Val Ala Phe Ile Lys Met Ala Arg Asn Val 165 170 175	528
gtg caa agc gcg ctg aac cca aac ata cag cca atc aaa tat gag gcc Val Gln Ser Ala Leu Asn Pro Asn Ile Gln Pro Ile Lys Tyr Glu Ala 180 185 190	576
cct ttg cag ggt gat att aca gtg gag cgc act gca tgt cta ccg gat Pro Leu Gln Gly Asp Ile Thr Val Glu Arg Thr Ala Cys Leu Pro Asp 195 200 205	624
ggg gcg gtt cct caa cgg tgc cgt ttc tat cgg ggc gac gca atg aat Gly Ala Val Pro Gln Arg Cys Arg Phe Tyr Arg Gly Asp Ala Met Asn 210 215 220	672
ctt ctt gat tcg gat ggc gat gat ggc aga ggt cat att gtg cct ccc Leu Leu Asp Ser Asp Gly Asp Asp Gly Arg Gly His Ile Val Pro Pro 225 230 235 240	720

ES 2 490 193 T3

gtc cac cat ggt gat aca aat gat gaa gat ata act tca tgg tac cgt 768
 Val His His Gly Asp Thr Asn Asp Glu Asp Ile Thr Ser Trp Tyr Arg
 245 250 255

ggt cct tca gga gag cgc ttt gac gct gtg ctt gtt gcg aat ctg ctc 816
 Val Pro Ser Gly Glu Arg Phe Asp Ala Val Leu Val Ala Asn Leu Leu
 260 265 270

tgt cgc gtt ccc aac cct cgc aag ctg ttg gat atg ctg ccg ctg ctg 864
 Cys Arg Val Pro Asn Pro Arg Lys Leu Leu Asp Met Leu Pro Leu Leu
 275 280 285

ctc gtt tct ggt ggc atc ctc gtg atc tcc tca cca tat tca tgg gag 912
 Leu Val Ser Gly Gly Ile Leu Val Ile Ser Ser Pro Tyr Ser Trp Glu
 290 295 300

ggt tcg gta gag gag cgg gat acg tgg gtt ggt gga agg gca gaa ggg 960
 Gly Ser Val Glu Glu Arg Asp Thr Trp Val Gly Gly Arg Ala Glu Gly
 305 310 315 320

tca acg agt gaa ata ttg gtg aag gaa ata ttg gga gcg aac ttt gat 1008
 Ser Thr Ser Glu Ile Leu Val Lys Glu Ile Leu Gly Ala Asn Phe Asp
 325 330 335

ctt ctc agt gaa aca gat gag gca ttt ctt att cgt gat cat gtt cgt 1056
 Leu Leu Ser Glu Thr Asp Glu Ala Phe Leu Ile Arg Asp His Val Arg
 340 345 350

cgc tac cag ttg ggg gtt gct cat tgc acc gtg tgg cgg cgc cgc tga 1104
 Arg Tyr Gln Leu Gly Val Ala His Cys Thr Val Trp Arg Arg Arg
 355 360 365

<210> 16
 <211> 367
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma brucei

5

<400> 16
 Met Leu Ala Leu Cys Lys Cys Thr Ala Pro Glu Thr Arg Cys Leu Val
 1 5 10 15

Gly Ser Val Ile Phe Thr Ala Val Val Ser Ser Ala Ala Thr Tyr Ala
 20 25 30

Phe Arg Asp Val Phe Asp His Phe Leu Arg Cys Arg Tyr Lys Phe Leu
 35 40 45

Ser Trp Thr Asp Gly Val Trp Val Leu Arg Lys Leu Phe Gly Phe Phe
 50 55 60

Gly Lys Trp Phe Pro His Trp Ala Leu Cys Arg Pro Ser Glu Pro Ala
 65 70 75 80

ES 2 490 193 T3

Asn Val Tyr Glu Ser Asp Ala Ser Val Arg Gln Tyr Met Glu Phe His
85 90 95

Tyr Thr Leu Ser Ser Glu Ser Phe Ala Gln Asn Leu Arg Met Ile Ser
100 105 110

Glu Ser Phe Asp Tyr Pro Ile Arg Val Ala Arg Lys Phe His Glu Phe
115 120 125

Val Pro Ala Asn Asp Gly Lys Glu Arg Arg Ala Leu Asp Leu Gly Cys
130 135 140

Ala Val Gly Ala Ser Ser Leu Glu Met Ser Lys Tyr Phe Ser Arg Val
145 150 155 160

Val Gly Ile Asp Tyr Ser Val Ala Phe Ile Lys Met Ala Arg Asn Val
165 170 175

Val Gln Ser Ala Leu Asn Pro Asn Ile Gln Pro Ile Lys Tyr Glu Ala
180 185 190

Pro Leu Gln Gly Asp Ile Thr Val Glu Arg Thr Ala Cys Leu Pro Asp
195 200 205

Gly Ala Val Pro Gln Arg Cys Arg Phe Tyr Arg Gly Asp Ala Met Asn
210 215 220

Leu Leu Asp Ser Asp Gly Asp Asp Gly Arg Gly His Ile Val Pro Pro
225 230 235 240

Val His His Gly Asp Thr Asn Asp Glu Asp Ile Thr Ser Trp Tyr Arg
245 250 255

Val Pro Ser Gly Glu Arg Phe Asp Ala Val Leu Val Ala Asn Leu Leu
260 265 270

Cys Arg Val Pro Asn Pro Arg Lys Leu Leu Asp Met Leu Pro Leu Leu
275 280 285

Leu Val Ser Gly Gly Ile Leu Val Ile Ser Ser Pro Tyr Ser Trp Glu
290 295 300

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

Ser Thr Ser Glu Ile Leu Val Lys Glu Ile Leu Gly Ala Asn Phe Asp
325 330 335

Leu Leu Ser Glu Thr Asp Glu Ala Phe Leu Ile Arg Asp His Val Arg
340 345 350

Arg Tyr Gln Leu Gly Val Ala His Cys Thr Val Trp Arg Arg Arg
355 360 365

<210> 17

ES 2 490 193 T3

<211> 1041
 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

5 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1041)

<400> 17

atg ttt ccg gcg cag gaa ttc ctc aga tat tca atg aaa agt ctt tta	48
Met Phe Pro Ala Gln Glu Phe Leu Arg Tyr Ser Met Lys Ser Leu Leu	
1 5 10 15	
cta gcg tcc agc ttg gcg gtg gca gct ggt tgg gcg tac gtg cgg cac	96
Leu Ala Ser Ser Leu Ala Val Ala Ala Gly Trp Ala Tyr Val Arg His	
20 25 30	
att cag ctt cct gct ggg cca tcg cgc ctc gat tgg ggg gca tgt gtc	144
Ile Gln Leu Pro Ala Gly Pro Ser Arg Leu Asp Trp Gly Ala Cys Val	
35 40 45	
ttt gga cat cgc ggc tgc aga ggt gtg ccg gga gtg cca gag aac aca	192
Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Pro Gly Val Pro Glu Asn Thr	
50 55 60	
ctg gat gct ttt aag tac gcc ctt tcg cgc ggt gcg gcc gcc ata gag	240
Leu Asp Ala Phe Lys Tyr Ala Leu Ser Arg Gly Ala Ala Gly Ile Glu	
65 70 75 80	
gtc gac gtg cgg ttg acg aaa gac aac gaa ctc gcc ata ttt cat gac	288
Val Asp Val Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Leu Ala Ile Phe His Asp	
85 90 95	
ttc tct tgt aat ggt cac ctg aaa ggg gtg gag aca aca aag cgc ata	336
Phe Ser Cys Asn Gly His Leu Lys Gly Val Glu Thr Thr Lys Arg Ile	
100 105 110	
gat gag ctc aca ctt cac gag ctg aag agt ctt ccg ttt caa gcc gat	384
Asp Glu Leu Thr Leu His Glu Leu Lys Ser Leu Pro Phe Gln Ala Asp	
115 120 125	
cca aca gga caa ata cgc ctg cca aca tta gag gaa tcg ctc ctg ttt	432
Pro Thr Gly Gln Ile Arg Leu Pro Thr Leu Glu Glu Ser Leu Leu Phe	
130 135 140	
tgt cgg gaa aac aaa ctc aag atg ctc att gaa atc aag gaa atg cgg	480
Cys Arg Glu Asn Lys Leu Lys Met Leu Ile Glu Ile Lys Glu Met Arg	
145 150 155 160	

10

ES 2 490 193 T3

aga gcg cgg ctt tgc gca gac aaa gtt ttg gat ttg tac cgc cgc tat 528
 Arg Ala Arg Leu Cys Ala Asp Lys Val Leu Asp Leu Tyr Arg Arg Tyr
 165 170 175

cca gat tat atg tat gag cat aca gtc att att gcg ttc aac ccg gcg 576
 Pro Asp Tyr Met Tyr Glu His Thr Val Ile Ile Ala Phe Asn Pro Ala
 180 185 190

gta ctt tat tat gtg cgg gaa cgg gac cgt aac gtg gcg gtg gga caa 624
 Val Leu Tyr Tyr Val Arg Glu Arg Asp Arg Asn Val Ala Val Gly Gln
 195 200 205

ctc cac tct gga cga gtt ttg cgc tca tgg att agt tcg gga agc gta 672
 Leu His Ser Gly Arg Val Leu Arg Ser Trp Ile Ser Ser Gly Ser Val
 210 215 220

gag gtg ccg tgg tac gca cgt ctc tgc cca act gtt ctg gac tgg ttg 720
 Glu Val Pro Trp Tyr Ala Arg Leu Cys Pro Thr Val Leu Asp Trp Leu
 225 230 235 240

ctg aat tat gta cag gaa agt att aac ccg tgg ctg tcg ggc gtt tca 768
 Leu Asn Tyr Val Gln Glu Ser Ile Asn Pro Trp Leu Ser Gly Val Ser
 245 250 255

tta atg tgc cca cac tat gat ctc ttt tcc gag acc tac aag cgc cgt 816
 Leu Met Cys Pro His Tyr Asp Leu Phe Ser Glu Thr Tyr Lys Arg Arg
 260 265 270

tgg cac acg cgc aag att ggt gtc ctt ttg tgg ggt ttc tct tcc cca 864
 Trp His Thr Arg Lys Ile Gly Val Leu Leu Trp Gly Phe Ser Ser Pro
 275 280 285

gcg cag tgc acc cgc gag atg cgg acg ccg ggc gtg att gtt gaa agc 912
 Ala Gln Cys Thr Arg Glu Met Arg Thr Pro Gly Val Ile Val Glu Ser
 290 295 300

gac gat cag cac gaa gaa ttt gcc tgc cca aag cca ccg gcg aac ttt 960
 Asp Asp Gln His Glu Glu Phe Ala Ser Pro Lys Pro Pro Ala Asn Phe
 305 310 315 320

gat ata ttt ggt gac cag gcc cgt gaa cgg gag cgt gag gaa gaa gag 1008
 Asp Ile Phe Gly Asp Gln Ala Arg Glu Arg Glu Arg Glu Glu Glu Glu
 325 330 335

cag cgg cgt cgt ttg aag ttg gga gcg gag taa 1041
 Gln Arg Arg Arg Leu Lys Leu Gly Ala Glu
 340 345

<210> 18
 <211> 346
 5 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

<400> 18
 Met Phe Pro Ala Gln Glu Phe Leu Arg Tyr Ser Met Lys Ser Leu Leu
 1 5 10 15

10

ES 2 490 193 T3

Leu Ala Ser Ser Leu Ala Val Ala Ala Gly Trp Ala Tyr Val Arg His
 20 25 30
 Ile Gln Leu Pro Ala Gly Pro Ser Arg Leu Asp Trp Gly Ala Cys Val
 35 40 45
 Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Pro Gly Val Pro Glu Asn Thr
 50 55 60
 Leu Asp Ala Phe Lys Tyr Ala Leu Ser Arg Gly Ala Ala Gly Ile Glu
 65 70 75 80
 Val Asp Val Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Leu Ala Ile Phe His Asp
 85 90 95
 Phe Ser Cys Asn Gly His Leu Lys Gly Val Glu Thr Thr Lys Arg Ile
 100 105 110
 Asp Glu Leu Thr Leu His Glu Leu Lys Ser Leu Pro Phe Gln Ala Asp
 115 120 125
 Pro Thr Gly Gln Ile Arg Leu Pro Thr Leu Glu Glu Ser Leu Leu Phe
 130 135 140
 Cys Arg Glu Asn Lys Leu Lys Met Leu Ile Glu Ile Lys Glu Met Arg
 145 150 155 160
 Arg Ala Arg Leu Cys Ala Asp Lys Val Leu Asp Leu Tyr Arg Arg Tyr
 165 170 175
 Pro Asp Tyr Met Tyr Glu His Thr Val Ile Ile Ala Phe Asn Pro Ala
 180 185 190
 Val Leu Tyr Tyr Val Arg Glu Arg Asp Arg Asn Val Ala Val Gly Gln
 195 200 205
 Leu His Ser Gly Arg Val Leu Arg Ser Trp Ile Ser Ser Gly Ser Val
 210 215 220
 Glu Val Pro Trp Tyr Ala Arg Leu Cys Pro Thr Val Leu Asp Trp Leu
 225 230 235 240
 Leu Asn Tyr Val Gln Glu Ser Ile Asn Pro Trp Leu Ser Gly Val Ser
 245 250 255
 Leu Met Cys Pro His Tyr Asp Leu Phe Ser Glu Thr Tyr Lys Arg Arg

ES 2 490 193 T3

260 265 270

Trp His Thr Arg Lys Ile Gly Val Leu Leu Trp Gly Phe Ser Ser Pro
 275 280 285

Ala Gln Cys Thr Arg Glu Met Arg Thr Pro Gly Val Ile Val Glu Ser
 290 295 300

Asp Asp Gln His Glu Glu Phe Ala Ser Pro Lys Pro Pro Ala Asn Phe
 305 310 315 320

Asp Ile Phe Gly Asp Gln Ala Arg Glu Arg Glu Arg Glu Glu Glu Glu
 325 330 335

Gln Arg Arg Arg Leu Lys Leu Gly Ala Glu
 340 345

<210> 19
 <211> 1002
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania major

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1002)

<400> 19 48
 atg aag cta gta ctt ttc ctc ggc agc gtt ggg gct gcg ttg ggg tgg
 Met Lys Leu Val Leu Phe Leu Gly Ser Val Gly Ala Ala Leu Gly Trp
 1 5 10 15

tcg tac ttg aga cac att cag ctg ccc gtg ggc ccg tcg cgg ctc ctg 96
 Ser Tyr Leu Arg His Ile Gln Leu Pro Val Gly Pro Ser Arg Leu Leu
 20 25 30

tgg ggc ggc gtc gtg ttc ggg cac cgt ggg tgc cgt ggt gtg gcg ggg 144
 Trp Gly Gly Val Val Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Ala Gly
 35 40 45

acg ccg gag aac acg ctg gag gca ttc ccg cac gcg gcc gca tcc gga 192
 Thr Pro Glu Asn Thr Leu Glu Ala Phe Arg His Ala Ala Ala Ser Gly
 50 55 60

tgt ggc ggt gtc gaa tgt gat gcc cgt ctc acc aaa gac aac gaa gtc 240
 Cys Gly Gly Val Glu Cys Asp Ala Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Val
 65 70 75 80

gtc atc ttt cac gac gcc ttc gtc aac ggc cac ctc cga gac gtc ccg 288
 Val Ile Phe His Asp Ala Phe Val Asn Gly His Leu Arg Asp Val Pro
 85 90 95

ccg acg cgc cgc atc gat gag ctg acg ctg ttt gag ctg cgc cag tgc 336
 Pro Thr Arg Arg Ile Asp Glu Leu Thr Leu Phe Glu Leu Arg Gln Cys
 100 105 110

ES 2 490 193 T3

acc ttc acg gcc gac ccc acg gga aag gtt cgc gtt cct acg ctg gag 384
 Thr Phe Thr Ala Asp Pro Thr Gly Lys Val Arg Val Pro Thr Leu Glu
 115 120 125

gaa gcc atc ttg ttc tgc cgt gat aac aac atg cgc atg ctg atc gag 432
 Glu Ala Ile Leu Phe Cys Arg Asp Asn Asn Met Arg Met Leu Ile Glu
 130 135 140

gtg aaa gat ctg aag cga acg tac cta tgc acg gac aag gtg ctc gac 480
 Val Lys Asp Leu Lys Arg Thr Tyr Leu Cys Thr Asp Lys Val Leu Asp
 145 150 155 160

ctc tac cgc cgc tat ccg gac tac atg tac gat cat acc acc ctc atc 528
 Leu Tyr Arg Arg Tyr Pro Asp Tyr Met Tyr Asp His Thr Thr Leu Ile
 165 170 175

tcc ttt cac agc ggc tcc ctc tac cat gcc agg aag gtg gac aag cga 576
 Ser Phe His Ser Gly Ser Leu Tyr His Ala Arg Lys Val Asp Lys Arg
 180 185 190

gtt gca gtg tgc cag ctg tac gcc gca aac atg gtg agc tcg tat att 624
 Val Ala Val Cys Gln Leu Tyr Ala Ala Asn Met Val Ser Ser Tyr Ile
 195 200 205

gcg ctg aaa gtc gac acg ctg ccg tgg gtg ctg cgc ctc tgt ccg gcg 672
 Ala Leu Lys Val Asp Thr Leu Pro Trp Val Leu Arg Leu Cys Pro Ala
 210 215 220

ttg tgg gat tgc gtg ctg ctc ttt gtg cat gag agg gtg ata ccg tgg 720
 Leu Trp Asp Cys Val Leu Leu Phe Val His Glu Arg Val Ile Pro Trp
 225 230 235 240

ctg acg ggg tgc tcc atg gtg ggg ccg cgc aat gac ctg ttc acc gag 768
 Leu Thr Gly Cys Ser Met Val Gly Pro Arg Asn Asp Leu Phe Thr Glu
 245 250 255

gcg agc cgc aag cgg tgg gtt acg cgg aac atc tgc atg tac ctg tgg 816
 Ala Ser Arg Lys Arg Trp Val Thr Arg Asn Ile Cys Met Tyr Leu Trp
 260 265 270

ggg ttc gag cgc gcc gag cag tac acg cca gcg atg cgg cag cct ggt 864
 Gly Phe Glu Arg Ala Glu Gln Tyr Thr Pro Ala Met Arg Gln Pro Gly
 275 280 285

gtg tgt atc tcg agc gac aaa tat caa ggc ttt gga aca ccg aag cca 912
 Val Cys Ile Ser Ser Asp Lys Tyr Gln Gly Phe Gly Thr Pro Lys Pro
 290 295 300

ccg cca aac tac gac ata ttc gat gat agg cag cgg aag ttg gag gga 960
 Pro Pro Asn Tyr Asp Ile Phe Asp Asp Arg Gln Arg Lys Leu Glu Gly
 305 310 315 320

cag cag gat gcg acg tgt aag cag ctg cgc att gcc aag tag 1002
 Gln Gln Asp Ala Thr Cys Lys Gln Leu Arg Ile Ala Lys
 325 330

<210> 20

<211> 333

5 <212> PRT

<213> Leishmania major

<400> 20

ES 2 490 193 T3

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

Ser Tyr Leu Arg His Ile Gln Leu Pro Val Gly Pro Ser Arg Leu Leu
 20 25 30

Trp Gly Gly Val Val Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Ala Gly
 35 40 45

Thr Pro Glu Asn Thr Leu Glu Ala Phe Arg His Ala Ala Ala Ser Gly
 50 55 60

Cys Gly Gly Val Glu Cys Asp Ala Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Val
 65 70 75 80

Val Ile Phe His Asp Ala Phe Val Asn Gly His Leu Arg Asp Val Pro
 85 90 95

Pro Thr Arg Arg Ile Asp Glu Leu Thr Leu Phe Glu Leu Arg Gln Cys
 100 105 110

Thr Phe Thr Ala Asp Pro Thr Gly Lys Val Arg Val Pro Thr Leu Glu
 115 120 125

Glu Ala Ile Leu Phe Cys Arg Asp Asn Asn Met Arg Met Leu Ile Glu
 130 135 140

Val Lys Asp Leu Lys Arg Thr Tyr Leu Cys Thr Asp Lys Val Leu Asp
 145 150 155 160

Leu Tyr Arg Arg Tyr Pro Asp Tyr Met Tyr Asp His Thr Thr Leu Ile
 165 170 175

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

Val Ala Val Cys Gln Leu Tyr Ala Ala Asn Met Val Ser Ser Tyr Ile
 195 200 205

Ala Leu Lys Val Asp Thr Leu Pro Trp Val Leu Arg Leu Cys Pro Ala
 210 215 220

Leu Trp Asp Cys Val Leu Leu Phe Val His Glu Arg Val Ile Pro Trp

ES 2 490 193 T3

225	230	235	240
Leu Thr Gly Cys Ser Met Val Gly Pro Arg Asn Asp Leu Phe Thr Glu	245	250	255
Ala Ser Arg Lys Arg Trp Val Thr Arg Asn Ile Cys Met Tyr Leu Trp	260	265	270
Gly Phe Glu Arg Ala Glu Gln Tyr Thr Pro Ala Met Arg Gln Pro Gly	275	280	285
Val Cys Ile Ser Ser Asp Lys Tyr Gln Gly Phe Gly Thr Pro Lys Pro	290	295	300
Pro Pro Asn Tyr Asp Ile Phe Asp Asp Arg Gln Arg Lys Leu Glu Gly	305	310	315
Gln Gln Asp Ala Thr Cys Lys Gln Leu Arg Ile Ala Lys	325	330	

5 <210> 21
 <211> 1005
 <212> ADN
 <213> Leishmania infantum

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1005)

<400> 21	atg aag cta gta ctt ttc ctc ggc agc gtc ggg gct gcg ttg ggg tgg	48
	Met Lys Leu Val Leu Phe Leu Gly Ser Val Gly Ala Ala Leu Gly Trp	
	1 5 10 15	
	tcg tac ttg agg cac att cag ctg ccc gtg ggc ccg tcg cgg ctc ctg	96
	Ser Tyr Leu Arg His Ile Gln Leu Pro Val Gly Pro Ser Arg Leu Leu	
	20 25 30	
	tgg ggc ggc gtc gtg ttc ggg cac cgt ggg tgc cgt ggt gtg gcg ggg	144
	Trp Gly Gly Val Val Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Ala Gly	
	35 40 45	
	acg ccg gag aac acg ctg gag gca ttc cgg cac gca gcc gca tcc ggg	192
	Thr Pro Glu Asn Thr Leu Glu Ala Phe Arg His Ala Ala Ala Ser Gly	
	50 55 60	
	tgt ggc ggt atc gaa tgc gat gct cgc ctc acc aaa gac aac gaa gtc	240
	Cys Gly Gly Ile Glu Cys Asp Ala Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Val	
	65 70 75 80	
	gtc atc ttt cac gac gcc ttc gtc aac ggc cac ctc cgc gac gtc ccg	288
	Val Ile Phe His Asp Ala Phe Val Asn Gly His Leu Arg Asp Val Pro	
	85 90 95	

ES 2 490 193 T3

ccg acg cgc cgc atc gat gag ctg acg ctg ttt gag ctg cgc cag tgc 336
 Pro Thr Arg Arg Ile Asp Glu Leu Thr Leu Phe Glu Leu Arg Gln Cys
 100 105 110

acc ttc acg gcc gac ccc acg gga aag gtc cgc gtt cct aca ctg gag 384
 Thr Phe Thr Ala Asp Pro Thr Gly Lys Val Arg Val Pro Thr Leu Glu
 115 120 125

gaa gcc atc ttg ttc tgc cgt gat aat aac atg cgc atg ttg atc gag 432
 Glu Ala Ile Leu Phe Cys Arg Asp Asn Asn Met Arg Met Leu Ile Glu
 130 135 140

gtg aaa gat ctg aag cga acg tat cta tgc acg gac aag gtg ctc gaa 480
 Val Lys Asp Leu Lys Arg Thr Tyr Leu Cys Thr Asp Lys Val Leu Glu
 145 150 155 160

ctc tac cgc cgc tat ccg gac tac atg tac gat cag acc acc ctc att 528
 Leu Tyr Arg Arg Tyr Pro Asp Tyr Met Tyr Asp Gln Thr Thr Leu Ile
 165 170 175

tcc ttt cac agc ggt gcc ctc tac cat gcc agg aaa gtg gac aag cga 576
 Ser Phe His Ser Gly Ala Leu Tyr His Ala Arg Lys Val Asp Lys Arg
 180 185 190

gtt gca gtg tgc cag ctg tac gct gcg agc atg gtg cgc tcg tgg att 624
 Val Ala Val Cys Gln Leu Tyr Ala Ala Ser Met Val Arg Ser Trp Ile
 195 200 205

gcg ctg aaa gtc gac acg ctg ccg tgg gtg ctg cgc ctt tgc ccg gcg 672
 Ala Leu Lys Val Asp Thr Leu Pro Trp Val Leu Arg Leu Cys Pro Ala
 210 215 220

ttt tgg gat tgc gta ctg ctc ttt gtg tat gag agg gtg ata ccg tgg 720
 Phe Trp Asp Cys Val Leu Leu Phe Val Tyr Glu Arg Val Ile Pro Trp
 225 230 235 240

ctg acg ggc tgc tcc atg gtg ggg ccg cgc cat gac ctg ttc acc gag 768
 Leu Thr Gly Cys Ser Met Val Gly Pro Arg His Asp Leu Phe Thr Glu
 245 250 255

gcg agc cgc agg cgc tgg gtt acg ccg aac atc tgc atg tac ctg tgg 816
 Ala Ser Arg Arg Arg Trp Val Thr Arg Asn Ile Cys Met Tyr Leu Trp
 260 265 270

ggg ttc gag tgc gcc gag cag tac acg cca gcg atg ccg caa ccg ggt 864
 Gly Phe Glu Cys Ala Glu Gln Tyr Thr Pro Ala Met Arg Gln Pro Gly
 275 280 285

gtg tgc atc tcg agt gac gaa tac aaa gaa ggc ttt gga aca ccg aag 912
 Val Cys Ile Ser Ser Asp Glu Tyr Lys Glu Gly Phe Gly Thr Pro Lys
 290 295 300

cca ccg cca aac tac gac ata ttc ggt gat ccg cag ccg gag ttg gag 960
 Pro Pro Pro Asn Tyr Asp Ile Phe Gly Asp Arg Gln Arg Glu Leu Glu
 305 310 315 320

aga cag cag gat gcg acg tgt aag ccg ctg cgc att ggc aag tag 1005
 Arg Gln Gln Asp Ala Thr Cys Lys Arg Leu Arg Ile Gly Lys
 325 330

<210> 22
 <211> 334
 <212> PRT
 <213> Leishmania infantum

5

<400> 22

ES 2 490 193 T3

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

Ser Tyr Leu Arg His Ile Gln Leu Pro Val Gly Pro Ser Arg Leu Leu
 20 25 30

Trp Gly Gly Val Val Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Ala Gly
 35 40 45

Thr Pro Glu Asn Thr Leu Glu Ala Phe Arg His Ala Ala Ala Ser Gly
 50 55 60

Cys Gly Gly Ile Glu Cys Asp Ala Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Val
 65 70 75 80

Val Ile Phe His Asp Ala Phe Val Asn Gly His Leu Arg Asp Val Pro
 85 90 95

Pro Thr Arg Arg Ile Asp Glu Leu Thr Leu Phe Glu Leu Arg Gln Cys
 100 105 110

Thr Phe Thr Ala Asp Pro Thr Gly Lys Val Arg Val Pro Thr Leu Glu
 115 120 125

Glu Ala Ile Leu Phe Cys Arg Asp Asn Asn Met Arg Met Leu Ile Glu
 130 135 140

Val Lys Asp Leu Lys Arg Thr Tyr Leu Cys Thr Asp Lys Val Leu Glu
 145 150 155 160

Leu Tyr Arg Arg Tyr Pro Asp Tyr Met Tyr Asp Gln Thr Thr Leu Ile
 165 170 175

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

Val Ala Val Cys Gln Leu Tyr Ala Ala Ser Met Val Arg Ser Trp Ile
 195 200 205

Ala Leu Lys Val Asp Thr Leu Pro Trp Val Leu Arg Leu Cys Pro Ala

ES 2 490 193 T3

210 215 220

Phe Trp Asp Cys Val Leu Leu Phe Val Tyr Glu Arg Val Ile Pro Trp
225 230 235 240

Leu Thr Gly Cys Ser Met Val Gly Pro Arg His Asp Leu Phe Thr Glu
245 250 255

Ala Ser Arg Arg Arg Trp Val Thr Arg Asn Ile Cys Met Tyr Leu Trp
260 265 270

Gly Phe Glu Cys Ala Glu Gln Tyr Thr Pro Ala Met Arg Gln Pro Gly
275 280 285

Val Cys Ile Ser Ser Asp Glu Tyr Lys Glu Gly Phe Gly Thr Pro Lys
290 295 300

Pro Pro Pro Asn Tyr Asp Ile Phe Gly Asp Arg Gln Arg Glu Leu Glu
305 310 315 320

Arg Gln Gln Asp Ala Thr Cys Lys Arg Leu Arg Ile Gly Lys
325 330

<210> 23

<211> 1002

5 <212> ADN

<213> Trypanosoma brucei

<220>

<221> CDS

10 <222> (1).. (1002)

<400> 23

atg aag agt gta ttt gta gca tct agt atg gct gtg gct gca ggt tgg 48
Met Lys Ser Val Phe Val Ala Ser Ser Met Ala Val Ala Ala Gly Trp
1 5 10 15

gct tac gta cgt cac ctg caa ctt cca gca ggt ccc aca cgt tta agt 96
Ala Tyr Val Arg His Leu Gln Leu Pro Ala Gly Pro Thr Arg Leu Ser
20 25 30

tgg gga agt tta gtg ttt ggc cac cgc ggc tgc aga gga gta ctt ggc 144
Trp Gly Ser Leu Val Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Leu Gly
35 40 45

gtt cct gag aat act ctt gac gcc ttt aaa tat gca ctt tcc cga ggt 192
Val Pro Glu Asn Thr Leu Asp Ala Phe Lys Tyr Ala Leu Ser Arg Gly
50 55 60

gct gct ggt atc gag gtg gat gta cga cta acg aaa gat aac gaa ctt 240
Ala Ala Gly Ile Glu Val Asp Val Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Leu
65 70 75 80

ES 2 490 193 T3

ggt ggt ttc cat gat gcc gtg gct aat gga cag ttg aag ggt gtt ccg 288
Val Val Phe His Asp Ala Val Ala Asn Gly Gln Leu Lys Gly Val Pro
85 90 95

gcg acg aaa cgg att gat gaa ctc acg ctc ctt caa cta aag gag ctt 336
Ala Thr Lys Arg Ile Asp Glu Leu Thr Leu Leu Gln Leu Lys Glu Leu
100 105 110

cct ttt atc act gat ccc acg ggg cag att cgc gtc cca aca cta gaa 384
Pro Phe Ile Thr Asp Pro Thr Gly Gln Ile Arg Val Pro Thr Leu Glu
115 120 125

gat tct gtg ctg ttc tgt cgt gag aac aac ctt aaa atg ctt att gaa 432
Asp Ser Val Leu Phe Cys Arg Glu Asn Asn Leu Lys Met Leu Ile Glu
130 135 140

gtg aag gaa aga aat cga tgc cgg tta tgt gtt gat agg tta ctt gac 480
Val Lys Glu Arg Asn Arg Ser Arg Leu Cys Val Asp Arg Leu Leu Asp
145 150 155 160

ctc tac aag cgg tac cca gat tac atg tat gag caa acg aca gtt att 528
Leu Tyr Lys Arg Tyr Pro Asp Tyr Met Tyr Glu Gln Thr Thr Val Ile
165 170 175

tca ttt gac cca cga gtg ctg tat tat gtc cgt cag cgg gac cgc aac 576
Ser Phe Asp Pro Arg Val Leu Tyr Tyr Val Arg Gln Arg Asp Arg Asn
180 185 190

gtc gct gta gga caa att cat tgc ggt cag gtt tta cgg acg tgg att 624
Val Ala Val Gly Gln Ile His Ser Gly Gln Val Leu Arg Thr Trp Ile
195 200 205

caa acc ggt ggt gaa agc gta tca tgg gcg gta cgt gtt tgc cct ggt 672
Gln Thr Gly Gly Glu Ser Val Ser Trp Ala Val Arg Val Cys Pro Gly
210 215 220

att cta gac aga ata ctt cat tgg gtg cag caa agc atc agt ccg tgg 720
Ile Leu Asp Arg Ile Leu His Trp Val Gln Gln Ser Ile Ser Pro Trp
225 230 235 240

gtg gcc ggt gtt tca atg gta tgc cca tat tac aaa ctt tat tgc gaa 768
Val Ala Gly Val Ser Met Val Cys Pro Tyr Tyr Lys Leu Tyr Ser Glu
245 250 255

aaa tac aag cgc cgc tgg cat acg cgt aag att gga att gca gtt tgg 816
Lys Tyr Lys Arg Arg Trp His Thr Arg Lys Ile Gly Ile Ala Val Trp
260 265 270

ggt ttt aca aat cca aca gaa tgc act tgg gag atg cgg gtg ccg gga 864
Gly Phe Thr Asn Pro Thr Glu Cys Thr Trp Glu Met Arg Val Pro Gly
275 280 285

ggt gtt gtt gag tgc gat gac aat cac gaa gag ttt gca gct ccg aag 912
Val Val Val Glu Cys Asp Asp Asn His Glu Glu Phe Ala Ala Pro Lys
290 295 300

cag ccg cca gat ttt gac ata ttt ggt gat agg gct cga gag cga gag 960
Gln Pro Pro Asp Phe Asp Ile Phe Gly Asp Arg Ala Arg Glu Arg Glu
305 310 315 320

gag gaa cag cag agg aga gca gca aaa ctt ccc agc aaa tga 1002
Glu Glu Gln Gln Arg Arg Ala Ala Lys Leu Pro Ser Lys
325 330

5 <210> 24
<211> 333
<212> PRT
<213> Trypanosoma brucei
<400> 24

ES 2 490 193 T3

Met Lys Ser Val Phe Val Ala Ser Ser Met Ala Val Ala Ala Gly Trp
 1 5 10 15

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

Trp Gly Ser Leu Val Phe Gly His Arg Gly Cys Arg Gly Val Leu Gly
 35 40 45

Val Pro Glu Asn Thr Leu Asp Ala Phe Lys Tyr Ala Leu Ser Arg Gly
 50 55 60

Ala Ala Gly Ile Glu Val Asp Val Arg Leu Thr Lys Asp Asn Glu Leu
 65 70 75 80

Val Val Phe His Asp Ala Val Ala Asn Gly Gln Leu Lys Gly Val Pro
 85 90 95

Ala Thr Lys Arg Ile Asp Glu Leu Thr Leu Leu Gln Leu Lys Glu Leu
 100 105 110

Pro Phe Ile Thr Asp Pro Thr Gly Gln Ile Arg Val Pro Thr Leu Glu
 115 120 125

Asp Ser Val Leu Phe Cys Arg Glu Asn Asn Leu Lys Met Leu Ile Glu
 130 135 140

Val Lys Glu Arg Asn Arg Ser Arg Leu Cys Val Asp Arg Leu Leu Asp
 145 150 155 160

Leu Tyr Lys Arg Tyr Pro Asp Tyr Met Tyr Glu Gln Thr Thr Val Ile
 165 170 175

Ser Phe Asp Pro Arg Val Leu Tyr Tyr Val Arg Gln Arg Asp Arg Asn
 180 185 190

Val Ala Val Gly Gln Ile His Ser Gly Gln Val Leu Arg Thr Trp Ile

ES 2 490 193 T3

195	200	205														
Gln Thr Gly Gly Glu Ser Val Ser Trp Ala Val Arg Val Cys Pro Gly																
210	215	220														
Ile Leu Asp Arg Ile Leu His Trp Val Gln Gln Ser Ile Ser Pro Trp																
225	230	235														
Val Ala Gly Val Ser Met Val Cys Pro Tyr Tyr Lys Leu Tyr Ser Glu																
245	250	255														
Lys Tyr Lys Arg Arg Trp His Thr Arg Lys Ile Gly Ile Ala Val Trp																
260	265	270														
Gly Phe Thr Asn Pro Thr Glu Cys Thr Trp Glu Met Arg Val Pro Gly																
275	280	285														
Val Val Val Glu Cys Asp Asp Asn His Glu Glu Phe Ala Ala Pro Lys																
290	295	300														
Gln Pro Pro Asp Phe Asp Ile Phe Gly Asp Arg Ala Arg Glu Arg Glu																
305	310	315	320													
Glu Glu Gln Gln Arg Arg Ala Ala Lys Leu Pro Ser Lys																
325	330															

<210> 25
 <211> 1269
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1269)

<400> 25			
atg cgt cgc act tta ttt tgt ctg tca acg ctt gtc aaa ata ggt cga	48		
Met Arg Arg Thr Leu Phe Cys Leu Ser Thr Leu Val Lys Ile Gly Arg			
1	5	10	15
ggg gca gag aat gtg acg gag gca gct agc aat gcc ctt ctg gaa tcc	96		
Gly Ala Glu Asn Val Thr Glu Ala Ala Ser Asn Ala Leu Leu Glu Ser			
20	25	30	
ctc cag atg cat ggc tat tgc tac gtg cag cat cca ttt att cag aag	144		
Leu Gln Met His Gly Tyr Cys Tyr Val Gln His Pro Phe Ile Gln Lys			
35	40	45	
gag att ttg gat cag ctt cac cgt gac agc cgc atc ttt ttt gag cgc	192		
Glu Ile Leu Asp Gln Leu His Arg Asp Ser Arg Ile Phe Phe Glu Arg			
50	55	60	

ES 2 490 193 T3

tac gtc aca gac acc gcc gcc gct gct gcg aga cca gcg acg atg acg	240
Tyr Val Thr Asp Thr Ala Ala Ala Ala Ala Arg Pro Ala Thr Met Thr	
65 70 75 80	
acg cga ttt aag caa gac acg cac cag cag cct gtt ctg ccc ctt tcg	288
Thr Arg Phe Lys Gln Asp Thr His Gln Gln Pro Val Leu Pro Leu Ser	
85 90 95	
ccg tac gag ttg gag agt atc aag tcg ccc tct gga ttc cgt ggg tac	336
Pro Tyr Glu Leu Glu Ser Ile Lys Ser Pro Ser Gly Phe Arg Gly Tyr	
100 105 110	
cac cgt tat gtc ggt gcc agt ggg ctg gat gat gcc att gag tgt ttc	384
His Arg Tyr Val Gly Ala Ser Gly Leu Asp Asp Ala Ile Glu Cys Phe	
115 120 125	
tcc gtc ggt cgt gag gtg gag cag ccg gca cac ctg cgg gag gcg tat	432
Ser Val Gly Arg Glu Val Glu Gln Pro Ala His Leu Arg Glu Ala Tyr	
130 135 140	
tac aaa ctg agt ggg tgg aat gaa gag gag tac aaa ccg ctg att agc	480
Tyr Lys Leu Ser Gly Trp Asn Glu Glu Glu Tyr Lys Pro Leu Ile Ser	
145 150 155 160	
cga cag acg ccc tgg cag gtg ctg ctt aac cac ccc agt ggc aat gta	528
Arg Gln Thr Pro Trp Gln Val Leu Leu Asn His Pro Ser Gly Asn Val	
165 170 175	
agc agc ccc ggc acg gac acc ttc atg gcc gac tac cgt gag atg atg	576
Ser Ser Pro Gly Thr Asp Thr Phe Met Ala Asp Tyr Arg Glu Met Met	
180 185 190	
ttg gca tac ttt gac ctc tgc gcg gag gtg tca att gat gtg ctg cga	624
Leu Ala Tyr Phe Asp Leu Cys Ala Glu Val Ser Ile Asp Val Leu Arg	
195 200 205	
cat atc agc tgt gga tta ggc gtc cgc cct acg att cca cag ggt ggc	672
His Ile Ser Cys Gly Leu Gly Val Arg Pro Thr Ile Pro Gln Gly Gly	
210 215 220	
cca gac ccg gcg agc ggt tac gat ctt gac ttc ttc acc ccc ttc cac	720
Pro Asp Pro Ala Ser Gly Tyr Asp Leu Asp Phe Phe Thr Pro Phe His	
225 230 235 240	
aac aaa ctt gac ttt gac ctg cag gca aag tac tac cca cag ttg gga	768
Asn Lys Leu Asp Phe Asp Leu Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Gln Leu Gly	
245 250 255	
cag gta acg cgc atg aat aat ggt gtg gag atc aaa aac gcg cgc tct	816
Gln Val Thr Arg Met Asn Asn Gly Val Glu Ile Lys Asn Ala Arg Ser	
260 265 270	
gcc tca aat ccg tat gga gca aaa gta ctg cga cgc aaa ggt gcc ctc	864
Ala Ser Asn Pro Tyr Gly Ala Lys Val Leu Arg Arg Lys Gly Ala Leu	
275 280 285	
gcg cag cca tta ctg aag gaa ggc aca gac gag gca aaa ggg gat gta	912
Ala Gln Pro Leu Leu Lys Glu Gly Thr Asp Glu Ala Lys Gly Asp Val	
290 295 300	

ES 2 490 193 T3

acc att cgc ctt gac aca cac aaa gac ctg agc acc atc acc cta cta 960
 Thr Ile Arg Leu Asp Thr His Lys Asp Leu Ser Thr Ile Thr Leu Leu
 305 310 315 320

gcg cag gac gcc ctc ggt ggt ctg gag gtc tgg gac gac gag gat gaa 1008
 Ala Gln Asp Ala Leu Gly Gly Leu Glu Val Trp Asp Asp Glu Asp Glu
 325 330 335

aag tac gtt gcc gtg cct gtt ctc aat gac gcg ctg ctt gtt aac gcg 1056
 Lys Tyr Val Ala Val Pro Val Leu Asn Asp Ala Leu Leu Val Asn Ala
 340 345 350

ggt cta ttc ctg gaa aag tgg acc ggt gga ctg ctg gag gca aca ccg 1104
 Gly Leu Phe Leu Glu Lys Trp Thr Gly Gly Leu Leu Glu Ala Thr Pro
 355 360 365

cac cgc gtg cga aat gtg aag gat gga agc agt cgt tgc agc gtt gtc 1152
 His Arg Val Arg Asn Val Lys Asp Gly Ser Ser Arg Cys Ser Val Val
 370 375 380

ttt ttt tgt ctt cca aac cac gac gcg aag gtg gag ccg ctg ctg cag 1200
 Phe Phe Cys Leu Pro Asn His Asp Ala Lys Val Glu Pro Leu Leu Gln
 385 390 395 400

cag gat gag aac ccc tcg ctt gac gcc cag gaa gga ttc tac gcc ggg 1248
 Gln Asp Glu Asn Pro Ser Leu Asp Ala Gln Glu Gly Phe Tyr Ala Gly
 405 410 415

gac ttg atg ccg gta tca taa 1269
 Asp Leu Met Pro Val Ser
 420

<210> 26
 <211> 422
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

5

<400> 26
 Met Arg Arg Thr Leu Phe Cys Leu Ser Thr Leu Val Lys Ile Gly Arg
 1 5 10 15

Gly Ala Glu Asn Val Thr Glu Ala Ala Ser Asn Ala Leu Leu Glu Ser
 20 25 30

Leu Gln Met His Gly Tyr Cys Tyr Val Gln His Pro Phe Ile Gln Lys
 35 40 45

Glu Ile Leu Asp Gln Leu His Arg Asp Ser Arg Ile Phe Phe Glu Arg
 50 55 60

Tyr Val Thr Asp Thr Ala Ala Ala Ala Arg Pro Ala Thr Met Thr
 65 70 75 80

Thr Arg Phe Lys Gln Asp Thr His Gln Gln Pro Val Leu Pro Leu Ser

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

Lys Tyr Val Ala Val Pro Val Leu Asn Asp Ala Leu Leu Val Asn Ala
 340 345 350

Gly Leu Phe Leu Glu Lys Trp Thr Gly Gly Leu Leu Glu Ala Thr Pro
 355 360 365

His Arg Val Arg Asn Val Lys Asp Gly Ser Ser Arg Cys Ser Val Val
 370 375 380

Phe Phe Cys Leu Pro Asn His Asp Ala Lys Val Glu Pro Leu Leu Gln
 385 390 395 400

Gln Asp Glu Asn Pro Ser Leu Asp Ala Gln Glu Gly Phe Tyr Ala Gly
 405 410 415

Asp Leu Met Pro Val Ser
 420

<210> 27
 <211> 1296
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania major

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1296)

<400> 27
 atg ctt cgc gct aca att ctt gct cgc ggc acg ctt gta aag atc ggc 48
 Met Leu Arg Ala Thr Ile Leu Ala Arg Gly Thr Leu Val Lys Ile Gly
 1 5 10 15
 cgc ggc ccg aac aac gta acg gag tcg gcc agc aat gcc ctt ctc gaa 96
 Arg Gly Pro Asn Asn Val Thr Glu Ser Ala Ser Asn Ala Leu Leu Glu
 20 25 30
 tcc cta caa gat cat ggt tat tgc tat atc cag cac ccc ttc att cag 144
 Ser Leu Gln Asp His Gly Tyr Cys Tyr Ile Gln His Pro Phe Ile Gln
 35 40 45
 aag acc ata ctc gat cag ctt cac cgc gat tgc cgc atc ttc ttc gag 192
 Lys Thr Ile Leu Asp Gln Leu His Arg Asp Cys Arg Ile Phe Phe Glu
 50 55 60
 cag tat gtc ctg cac ctg cac gac gct gct gcg cag ggc agc ctg aag 240
 Gln Tyr Val Leu His Leu His Asp Ala Ala Gln Gly Ser Leu Lys
 65 70 75 80
 cgc aac aac ctg cac aac tac aac tgc acc caa ctc tcc ccg tac gaa 288
 Arg Asn Asn Leu His Asn Tyr Asn Cys Thr Gln Leu Ser Pro Tyr Glu
 85 90 95

ES 2 490 193 T3

ctg gag agc atc aag tcc ccg agt ggg ttc cgc ggc tac tac cgc tac Leu Glu Ser Ile Lys Ser Pro Ser Gly Phe Arg Gly Tyr Tyr Arg Tyr 100 105 110	336
gtc ggc gcg agc ggc atc gat gac gct atc gaa tgc ttc tcc gtt ggc Val Gly Ala Ser Gly Ile Asp Asp Ala Ile Glu Cys Phe Ser Val Gly 115 120 125	384
cgc gac gac gtg gct gac ccg gca gtg ctg cgg cgc gac tac tac aag Arg Asp Asp Val Ala Asp Pro Ala Val Leu Arg Arg Asp Tyr Tyr Lys 130 135 140	432
caa gcc ggt tgg gag gag agc gag tac ctg agc atg att agc cgc cgc Gln Ala Gly Trp Glu Glu Ser Glu Tyr Leu Ser Met Ile Ser Arg Arg 145 150 155 160	480
aac ccg tgg gac atc ttg ctg aac cac gtc aac tca atc ccc gca tcc Asn Pro Trp Asp Ile Leu Leu Asn His Val Asn Ser Ile Pro Ala Ser 165 170 175	528
ggc agc ggc atc gtc ccg ggc atg gac cgc aac gac aac ttc atg tcc Gly Ser Gly Ile Val Pro Gly Met Asp Arg Asn Asp Asn Phe Met Ser 180 185 190	576
gac ttc aag gac atg atg atg gcc tac tac gac ctc tgc tac acg gtg Asp Phe Lys Asp Met Met Met Ala Tyr Tyr Asp Leu Cys Tyr Thr Val 195 200 205	624
agc atg gac gtg atg cgg cac atc agc tgc ggc ctc ggc atc cgc ccc Ser Met Asp Val Met Arg His Ile Ser Cys Gly Leu Gly Ile Arg Pro 210 215 220	672
tcc atc ccg caa gcc ggg tgg gac ccg acg atg gac ttc gag ctc gag Ser Ile Pro Gln Gly Gly Ser Asp Pro Thr Met Asp Phe Glu Leu Glu 225 230 235 240	720
tac ttc acg tgg ttc cac cag aag cgc gac tgc gac ttg caa gcc aag Tyr Phe Thr Ser Phe His Gln Lys Arg Asp Cys Asp Leu Gln Ala Lys 245 250 255	768
tac tac ccg cag ctc ggg gca ggg gca cga ctc aag aac ggc gtc gac Tyr Tyr Pro Gln Leu Gly Ala Gly Ala Arg Leu Lys Asn Gly Val Asp 260 265 270	816
atc caa aat caq cgg tgg gcg cac aac ccg gac ggc gtg aaa gtg ctg Ile Gln Asn Gln Arg Ser Ala His Asn Pro Asp Gly Val Lys Val Leu 275 280 285	864
cgg cgc aag gga gcc aag acg cag cct ctg gtg agg acg gcg agc acc Arg Arg Lys Gly Ala Lys Thr Gln Pro Leu Val Arg Thr Ala Ser Thr 290 295 300	912
gag gac ggc gat ggt gag aag gac gtg aca gtg cgc ctc gac acg cac Glu Asp Gly Asp Gly Glu Lys Asp Val Thr Val Arg Leu Asp Thr His 305 310 315 320	960
aaa gac ctc agc acc atc act ctg ctc tcc cag gac tct ctt ggg ggg Lys Asp Leu Ser Thr Ile Thr Leu Leu Ser Gln Asp Ser Leu Gly Gly 325 330 335	1008
ctg gag gtg tgg gac gag gag aag gcc tcc tat atg gcc gtt ccg gtg	1056

ES 2 490 193 T3

Leu Glu Val Trp Asp Glu Glu Lys Ala Ser Tyr Met Ala Val Pro Val
 340 345 350

ctc gag gac gcg ctt ctc gtg aac gcc ggc ttg ttc ctg gag aag tgg 1104
 Leu Glu Asp Ala Leu Leu Val Asn Ala Gly Leu Phe Leu Glu Lys Trp
 355 360 365

acg ggc ggc ctc atc gag gca aca ccc cac cgc gtg cgc aac gcc aag 1152
 Thr Gly Gly Leu Ile Glu Ala Thr Pro His Arg Val Arg Asn Ala Lys
 370 375 380

ggc ggc agc agc cgc tgc agc att gtc ttc ttt gcc ctg ccc gac cac 1200
 Gly Gly Ser Ser Arg Cys Ser Ile Val Phe Phe Ala Leu Pro Asp His
 385 390 395 400

gat gcc cgc atc gag ccg ctc ctg cag caa gaa gac aac ccg gca gtg 1248
 Asp Ala Arg Ile Glu Pro Leu Leu Gln Gln Glu Asp Asn Pro Ala Val
 405 410 415

gat gcg cag gac agc ttc ctt gca ggt gac atg atg ccc gcc ccg taa 1296
 Asp Ala Gln Asp Ser Phe Leu Ala Gly Asp Met Met Pro Ala Pro
 420 425 430

<210> 28
 <211> 431
 <212> PRT
 <213> Leishmania major

5

<400> 28
 Met Leu Arg Ala Thr Ile Leu Ala Arg Gly Thr Leu Val Lys Ile Gly
 1 5 10 15

Arg Gly Pro Asn Asn Val Thr Glu Ser Ala Ser Asn Ala Leu Leu Glu
 20 25 30

Ser Leu Gln Asp His Gly Tyr Cys Tyr Ile Gln His Pro Phe Ile Gln
 35 40 45

Lys Thr Ile Leu Asp Gln Leu His Arg Asp Cys Arg Ile Phe Phe Glu
 50 55 60

Gln Tyr Val Leu His Leu His Asp Ala Ala Ala Gln Gly Ser Leu Lys
 65 70 75 80

Arg Asn Asn Leu His Asn Tyr Asn Cys Thr Gln Leu Ser Pro Tyr Glu
 85 90 95

Leu Glu Ser Ile Lys Ser Pro Ser Gly Phe Arg Gly Tyr Tyr Arg Tyr
 100 105 110

Val Gly Ala Ser Gly Ile Asp Asp Ala Ile Glu Cys Phe Ser Val Gly
 115 120 125

ES 2 490 193 T3

Arg Asp Asp Val Ala Asp Pro Ala Val Leu Arg Arg Asp Tyr Tyr Lys
 130 135 140

Gln Ala Gly Trp Glu Glu Ser Glu Tyr Leu Ser Met Ile Ser Arg Arg
 145 150 155 160

Asn Pro Trp Asp Ile Leu Leu Asn His Val Asn Ser Ile Pro Ala Ser
 165 170 175

Gly Ser Gly Ile Val Pro Gly Met Asp Arg Asn Asp Asn Phe Met Ser
 180 185 190

Asp Phe Lys Asp Met Met Met Ala Tyr Tyr Asp Leu Cys Tyr Thr Val
 195 200 205

Ser Met Asp Val Met Arg His Ile Ser Cys Gly Leu Gly Ile Arg Pro
 210 215 220

Ser Ile Pro Gln Gly Gly Ser Asp Pro Thr Met Asp Phe Glu Leu Glu
 225 230 235 240

Tyr Phe Thr Ser Phe His Gln Lys Arg Asp Cys Asp Leu Gln Ala Lys
 245 250 255

Tyr Tyr Pro Gln Leu Gly Ala Gly Ala Arg Leu Lys Asn Gly Val Asp
 260 265 270

Ile Gln Asn Gln Arg Ser Ala His Asn Pro Asp Gly Val Lys Val Leu
 275 280 285

Arg Arg Lys Gly Ala Lys Thr Gln Pro Leu Val Arg Thr Ala Ser Thr
 290 295 300

Glu Asp Gly Asp Gly Glu Lys Asp Val Thr Val Arg Leu Asp Thr His
 305 310 315 320

Lys Asp Leu Ser Thr Ile Thr Leu Leu Ser Gln Asp Ser Leu Gly Gly
 325 330 335

Leu Glu Val Trp Asp Glu Glu Lys Ala Ser Tyr Met Ala Val Pro Val
 340 345 350

Leu Glu Asp Ala Leu Leu Val Asn Ala Gly Leu Phe Leu Glu Lys Trp
 355 360 365

ES 2 490 193 T3

Thr Gly Gly Leu Ile Glu Ala Thr Pro His Arg Val Arg Asn Ala Lys
 370 375 380

Gly Gly Ser Ser Arg Cys Ser Ile Val Phe Phe Ala Leu Pro Asp His
 385 390 395 400

Asp Ala Arg Ile Glu Pro Leu Leu Gln Gln Glu Asp Asn Pro Ala Val
 405 410 415

Asp Ala Gln Asp Ser Phe Leu Ala Gly Asp Met Met Pro Ala Pro
 420 425 430

<210> 29
 <211> 1296
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania infantum

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1).. (1296)

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (74).. (74)
 15 <223> n is a, c, g, or t

<400> 29
 atg ctt cgc gct act act ctt gct cgc ggc acg ctt gta aag atc ggc 48
 Met Leu Arg Ala Thr Thr Leu Ala Arg Gly Thr Leu Val Lys Ile Gly
 1 5 10 15
 cgc ggc ccg aac aac gta acg gaa tnt gcc aga aac gcc ctt ctc gaa 96
 Arg Gly Pro Asn Asn Val Thr Glu Xaa Ala Arg Asn Ala Leu Leu Glu
 20 25 30
 tcc cta caa gac cac ggc tac tgc tat atc cag cac ccc ttc att cag 144
 Ser Leu Gln Asp His Gly Tyr Cys Tyr Ile Gln His Pro Phe Ile Gln
 35 40 45
 aag acc atc ctc gat cag ctt cac cgc gat tgc cgc atc ttc ttt gag 192
 Lys Thr Ile Leu Asp Gln Leu His Arg Asp Cys Arg Ile Phe Phe Glu
 50 55 60
 cag tat gtc ctg cac ctg cac gac gct gct gcg cag ggc agc ctg aag 240
 Gln Tyr Val Leu His Leu His Asp Ala Ala Ala Gln Gly Ser Leu Lys
 65 70 75 80
 cgc aac aac ctg cac aac tac aac tgc aca caa ctc tcc ccg tac gaa 288
 Arg Asn Asn Leu His Asn Tyr Asn Cys Thr Gln Leu Ser Pro Tyr Glu
 85 90 95
 ctg gag agc ata aag tcc ccg agt ggg ttc cgc ggc tac tac cgc tac 336
 Leu Glu Ser Ile Lys Ser Pro Ser Gly Phe Arg Gly Tyr Tyr Arg Tyr
 100 105 110

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

Leu Glu Asp Ala Leu Leu Val Asn Ala Gly Leu Phe Leu Glu Lys Trp
 355 360 365

acg ggt ggc ctc atc gag gca aca ccc cac cgc gtg cgc aac gcc aag 1152
 Thr Gly Gly Leu Ile Glu Ala Thr Pro His Arg Val Arg Asn Ala Lys
 370 375 380

ggc ggc agc agc cgc tgc agc att gtc ttc ttt gcc ctg ccc gac cac 1200
 Gly Gly Ser Ser Arg Cys Ser Ile Val Phe Phe Ala Leu Pro Asp His
 385 390 395 400

gat gcc cgc atc gag ccg ctc ctg cag cag gag gac aat ccg gca gtg 1248
 Asp Ala Arg Ile Glu Pro Leu Leu Gln Gln Glu Asp Asn Pro Ala Val
 405 410 415

gat gcg cag gac agc ttc ctt gca ggt gac atg atg ccc gcc ccg taa 1296
 Asp Ala Gln Asp Ser Phe Leu Ala Gly Asp Met Met Pro Ala Pro
 420 425 430

<210> 30

<211> 431

5 <212> PRT

<213> Leishmania infantum

<220>

<221> misc_feature

10 <222> (25).. (25)

<223> El 'Xaa' en el lugar 25 representa Tyr, Cys, Ser, o Phe.

<400> 30

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

Arg Gly Pro Asn Asn Val Thr Glu Xaa Ala Arg Asn Ala Leu Leu Glu
 20 25 30

Ser Leu Gln Asp His Gly Tyr Cys Tyr Ile Gln His Pro Phe Ile Gln
 35 40 45

Lys Thr Ile Leu Asp Gln Leu His Arg Asp Cys Arg Ile Phe Phe Glu
 50 55 60

Gln Tyr Val Leu His Leu His Asp Ala Ala Ala Gln Gly Ser Leu Lys
 65 70 75 80

Arg Asn Asn Leu His Asn Tyr Asn Cys Thr Gln Leu Ser Pro Tyr Glu
 85 90 95

Leu Glu Ser Ile Lys Ser Pro Ser Gly Phe Arg Gly Tyr Tyr Arg Tyr
 100 105 110

Val Gly Ala Ser Gly Ile Asp Asp Ala Ile Glu Cys Phe Ser Val Gly

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

Thr Gly Gly Leu Ile Glu Ala Thr Pro His Arg Val Arg Asn Ala Lys
 370 375 380

Gly Gly Ser Ser Arg Cys Ser Ile Val Phe Phe Ala Leu Pro Asp His
 385 390 395 400

Asp Ala Arg Ile Glu Pro Leu Leu Gln Gln Glu Asp Asn Pro Ala Val
 405 410 415

Asp Ala Gln Asp Ser Phe Leu Ala Gly Asp Met Met Pro Ala Pro
 420 425 430

<210> 31
 <211> 1263
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1263)

<400> 31
 atg cgt cgt act ttt tcg ctt ttc aca act ctc gtt aga cta ggt cgc 48
 Met Arg Arg Thr Phe Ser Leu Phe Thr Thr Leu Val Arg Leu Gly Arg
 1 5 10 15
 ggg ccg gag aat gtg acg gag gag gca agc aac tcg ctc ttg gaa gcc 96
 Gly Pro Glu Asn Val Thr Glu Glu Ala Ser Asn Ser Leu Leu Glu Ala
 20 25 30
 ctg caa aag cac ggt tac tgc tac gtg cag cat ccg ttt ata cag tgg 144
 Leu Gln Lys His Gly Tyr Cys Tyr Val Gln His Pro Phe Ile Gln Trp
 35 40 45
 gag ata tta gat caa gtt cac cgc gat agt cgc atc ttt ttt gag cgt 192
 Glu Ile Leu Asp Gln Val His Arg Asp Ser Arg Ile Phe Phe Glu Arg
 50 55 60
 tat ttg ttg gac ctc ccg gag gaa aag cag aga acg agg aaa gag aag 240
 Tyr Leu Leu Asp Leu Pro Glu Glu Lys Gln Arg Thr Arg Lys Glu Lys
 65 70 75 80
 ttc tcc aag aaa cta ata gcc ccc cgt aag cca atc agg gca atg acc 288
 Phe Ser Lys Lys Leu Ile Ala Pro Arg Lys Pro Ile Arg Ala Met Thr
 85 90 95
 cca tac gaa tta gaa agc att aaa aca tcc tcg ggt ttc cgg ggg tat 336
 Pro Tyr Glu Leu Glu Ser Ile Lys Thr Ser Ser Gly Phe Arg Gly Tyr
 100 105 110
 tac cgt tac att ggc gca ggc ggc gtg gat gat gcg atc gag tgc ttt 384
 Tyr Arg Tyr Ile Gly Ala Gly Gly Val Asp Asp Ala Ile Glu Cys Phe
 115 120 125

ES 2 490 193 T3

tcc gtt ggc cgc gag gtg cag agc ccc gtg gaa tta cgg gaa ccg tac Ser Val Gly Arg Glu Val Gln Ser Pro Val Glu Leu Arg Glu Pro Tyr 130 135 140	432
tac aga ttg agc ggt tgg caa cgc gat gag tat ttg cca ctg att agc Tyr Arg Leu Ser Gly Trp Gln Arg Asp Glu Tyr Leu Pro Leu Ile Ser 145 150 155 160	480
cgg aga aat gcg tgg gat tca ctt cta act cac cct aag gat ggt agt Arg Arg Asn Ala Trp Asp Ser Leu Leu Thr His Pro Lys Asp Gly Ser 165 170 175	528
gga gac ccc aat ggt gtg cac gcc ttc atg gca gat tat cgt gag atg Gly Asp Pro Asn Gly Val His Ala Phe Met Ala Asp Tyr Arg Glu Met 180 185 190	576
ata ctg gcg tat tat gac ctt tgc agc gag gtc gcc ctc gat gtg ctg Ile Leu Ala Tyr Tyr Asp Leu Cys Ser Glu Val Ala Leu Asp Val Leu 195 200 205	624
cgg cat ata agt tgt ggt ttg ggc gtc aga ccc agc att cca cag ggt Arg His Ile Ser Cys Gly Leu Gly Val Arg Pro Ser Ile Pro Gln Gly 210 215 220	672
ggt cct gat cct gat agc gga tac gat ctc gaa tac ttc aca cag ttc Gly Pro Asp Pro Asp Ser Gly Tyr Asp Leu Glu Tyr Phe Thr Gln Phe 225 230 235 240	720
cac aac aaa ctt gac ttc gac tta caa gca aag tat tat ccg agg ttc His Asn Lys Leu Asp Phe Asp Leu Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Arg Phe 245 250 255	768
gga caa ggg gct cgg aca cgt ggt ggt gta gag gtt aag gga gtg cag Gly Gln Gly Ala Arg Thr Arg Gly Gly Val Glu Val Lys Gly Val Gln 260 265 270	816
agc gcc tcg aac ccc aag ggt gta aaa gtt cta cgt cgc aag aca gct Ser Ala Ser Asn Pro Lys Gly Val Lys Val Leu Arg Arg Lys Thr Ala 275 280 285	864
cga gga caa ccg ttg gtt aat gaa gat gaa gaa aac gcc gtg ttg cgg Arg Gly Gln Pro Leu Val Asn Glu Asp Glu Glu Asn Ala Val Leu Arg 290 295 300	912
ctg gat tcg cac aag gac ctc agt act gtc aca ctc ctc gca cag gac Leu Asp Ser His Lys Asp Leu Ser Thr Val Thr Leu Leu Ala Gln Asp 305 310 315 320	960
gct ctc ggt gga ttg gag gtt tgg gac aat gag tcg gaa cag ttc aat Ala Leu Gly Gly Leu Glu Val Trp Asp Asn Glu Ser Glu Gln Phe Asn 325 330 335	1008
ccg gtc cct gtg ctg aat gat gca ttg ctt gta aac gcg ggg ttg ttc Pro Val Pro Val Leu Asn Asp Ala Leu Leu Val Asn Ala Gly Leu Phe 340 345 350	1056
ctt gag aag tgg act ggc ggg ttg tta gag gcg aca ccg cat cga gtg Leu Glu Lys Trp Thr Gly Gly Leu Leu Glu Ala Thr Pro His Arg Val 355 360 365	1104
cgg aac gtc aga ggc gga agt agt cga tgc agt gtt gtc ttc ttc tgc	1152

ES 2 490 193 T3

Arg Asn Val Arg Gly Gly Ser Ser Arg Cys Ser Val Val Phe Phe Cys
 370 375 380

tta cct aac cat gac gcc cgg ata gag ccc cta ctg cag cga gat gaa 1200
 Leu Pro Asn His Asp Ala Arg Ile Glu Pro Leu Leu Gln Arg Asp Glu
 385 390 395 400

aat cct tct ctt gac gcg gaa gaa ggt ttc tac gcg ggt gat cta atg 1248
 Asn Pro Ser Leu Asp Ala Glu Glu Gly Phe Tyr Ala Gly Asp Leu Met
 405 410 415

cca gca gca cct taa 1263
 Pro Ala Ala Pro
 420

<210> 32
 <211> 420
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma brucei

<400> 32
 Met Arg Arg Thr Phe Ser Leu Phe Thr Thr Leu Val Arg Leu Gly Arg
 1 5 10 15

Gly Pro Glu Asn Val Thr Glu Glu Ala Ser Asn Ser Leu Leu Glu Ala
 20 25 30

Leu Gln Lys His Gly Tyr Cys Tyr Val Gln His Pro Phe Ile Gln Trp
 35 40 45

Glu Ile Leu Asp Gln Val His Arg Asp Ser Arg Ile Phe Phe Glu Arg
 50 55 60

Tyr Leu Leu Asp Leu Pro Glu Glu Lys Gln Arg Thr Arg Lys Glu Lys
 65 70 75 80

Phe Ser Lys Lys Leu Ile Ala Pro Arg Lys Pro Ile Arg Ala Met Thr
 85 90 95

Pro Tyr Glu Leu Glu Ser Ile Lys Thr Ser Ser Gly Phe Arg Gly Tyr
 100 105 110

Tyr Arg Tyr Ile Gly Ala Gly Gly Val Asp Asp Ala Ile Glu Cys Phe
 115 120 125

Ser Val Gly Arg Glu Val Gln Ser Pro Val Glu Leu Arg Glu Pro Tyr
 130 135 140

Tyr Arg Leu Ser Gly Trp Gln Arg Asp Glu Tyr Leu Pro Leu Ile Ser
 145 150 155 160

5

ES 2 490 193 T3

Arg Arg Asn Ala Trp Asp Ser Leu Leu Thr His Pro Lys Asp Gly Ser
 165 170 175

Gly Asp Pro Asn Gly Val His Ala Phe Met Ala Asp Tyr Arg Glu Met
 180 185 190

Ile Leu Ala Tyr Tyr Asp Leu Cys Ser Glu Val Ala Leu Asp Val Leu
 195 200 205

Arg His Ile Ser Cys Gly Leu Gly Val Arg Pro Ser Ile Pro Gln Gly
 210 215 220

Gly Pro Asp Pro Asp Ser Gly Tyr Asp Leu Glu Tyr Phe Thr Gln Phe
 225 230 235 240

His Asn Lys Leu Asp Phe Asp Leu Gln Ala Lys Tyr Tyr Pro Arg Phe
 245 250 255

Gly Gln Gly Ala Arg Thr Arg Gly Gly Val Glu Val Lys Gly Val Gln
 260 265 270

Ser Ala Ser Asn Pro Lys Gly Val Lys Val Leu Arg Arg Lys Thr Ala
 275 280 285

Arg Gly Gln Pro Leu Val Asn Glu Asp Glu Glu Asn Ala Val Leu Arg
 290 295 300

Leu Asp Ser His Lys Asp Leu Ser Thr Val Thr Leu Leu Ala Gln Asp
 305 310 315 320

Ala Leu Gly Gly Leu Glu Val Trp Asp Asn Glu Ser Glu Gln Phe Asn
 325 330 335

Pro Val Pro Val Leu Asn Asp Ala Leu Leu Val Asn Ala Gly Leu Phe
 340 345 350

Leu Glu Lys Trp Thr Gly Gly Leu Leu Glu Ala Thr Pro His Arg Val
 355 360 365

Arg Asn Val Arg Gly Gly Ser Ser Arg Cys Ser Val Val Phe Phe Cys
 370 375 380

Leu Pro Asn His Asp Ala Arg Ile Glu Pro Leu Leu Gln Arg Asp Glu
 385 390 395 400

Asn Pro Ser Leu Asp Ala Glu Glu Gly Phe Tyr Ala Gly Asp Leu Met
 405 410 415

Pro Ala Ala Pro
 420

<210> 33
 <211> 1944
 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

5

ES 2 490 193 T3

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1944)

5 <400> 33

atg cgc act tct tct gcc gtg tct ttt ttt ctt ctt gct gtg gcc gcc	48
Met Arg Thr Ser Ser Ala Val Ser Phe Phe Leu Leu Ala Val Ala Ala	
1 5 10 15	
gtg tta ttc tcg ccg ttt gtt gcg gat gcc ttt tac att ccg ggc atg	96
Val Leu Phe Ser Pro Phe Val Ala Asp Ala Phe Tyr Ile Pro Gly Met	
20 25 30	
cag ccc aag tac tac agc gag ggc gag act gtg cca ttt atg gtg aat	144
Gln Pro Lys Tyr Tyr Ser Glu Gly Glu Thr Val Pro Phe Met Val Asn	
35 40 45	
tcc ctc cgc tcc ttg aag gag ttg ttt cca cag ggc tac tac aat ctg	192
Ser Leu Arg Ser Leu Lys Glu Leu Phe Pro Gln Gly Tyr Tyr Asn Leu	
50 55 60	
ccc ttt tgt gcg ccc gag ttc atc aag acg aag cca gag gcc ctt ggg	240
Pro Phe Cys Ala Pro Glu Phe Ile Lys Thr Lys Pro Glu Ala Leu Gly	
65 70 75 80	
gag gtc ata tgg gga gac cgc ata cag aac tct ctt tac tcg gtg aac	288
Glu Val Ile Trp Gly Asp Arg Ile Gln Asn Ser Leu Tyr Ser Val Asn	
85 90 95	
atg aag aaa aac tca acc tgc aca aaa ctc ccc gat tgc gac gtg gtg	336
Met Lys Lys Asn Ser Thr Cys Thr Lys Leu Pro Asp Cys Asp Val Val	
100 105 110	
gct aac aat cgc aac atc agg aat aat att gat aag ctg gag aag tac	384
Ala Asn Asn Arg Asn Ile Arg Asn Asn Ile Asp Lys Leu Glu Lys Tyr	
115 120 125	
att gaa aaa ggc tac cga ggc ttt atg aac gtt gat aat ctt ccc gtc	432
Ile Glu Lys Gly Tyr Arg Gly Phe Met Asn Val Asp Asn Leu Pro Val	
130 135 140	
ttt ggg gat ggg ctg ccc gag tat ctt gct tcc tgt aag ttt caa tca	480
Phe Gly Asp Gly Leu Pro Glu Tyr Leu Ala Ser Cys Lys Phe Gln Ser	
145 150 155 160	
aaa gac atg cag tac aac tac tat cgc ggc tac ccc atc ggt gtc cca	528

ES 2 490 193 T3

Lys	Asp	Met	Gln	Tyr	Asn	Tyr	Tyr	Arg	Gly	Tyr	Pro	Ile	Gly	Val	Pro		
				165					170					175			
cgt	cag	tgc	gcg	ggc	aag	aca	ctt	atc	aac	aat	cac	ctg	gat	ttt	gtc		576
Arg	Gln	Cys	Ala	Gly	Lys	Thr	Leu	Ile	Asn	Asn	His	Leu	Asp	Phe	Val		
			180					185					190				
att	gac	tac	aac	acc	gct	cca	agg	gac	agc	gaa	aag	ttc	atg	gtt	gtc		624
Ile	Asp	Tyr	Asn	Thr	Ala	Pro	Arg	Asp	Ser	Glu	Lys	Phe	Met	Val	Val		
		195					200					205					
ggc	cta	agg	ggt	act	ccc	cac	agc	att	aag	cac	gat	ata	ggt	gga	aat		672
Gly	Leu	Arg	Val	Thr	Pro	His	Ser	Ile	Lys	His	Asp	Ile	Gly	Gly	Asn		
	210					215					220						
agc	tgt	agt	gag	gct	ctg	gta	ttc	cgg	cgg	ggc	gag	atg	aac	ttt	ctc		720
Ser	Cys	Ser	Glu	Ala	Leu	Val	Phe	Arg	Arg	Gly	Glu	Met	Asn	Phe	Leu		
	225				230					235					240		
agc	aca	gat	gat	gtg	cgt	gag	ggc	gca	acg	gtg	tat	tgg	acg	tac	agt		768
Ser	Thr	Asp	Asp	Val	Arg	Glu	Gly	Ala	Thr	Val	Tyr	Trp	Thr	Tyr	Ser		
				245				250						255			
gtc	aca	tgg	cag	cct	tcc	aat	gtt	att	tgg	gca	aca	cgt	tgg	gac	gcc		816
Val	Thr	Trp	Gln	Pro	Ser	Asn	Val	Ile	Trp	Ala	Thr	Arg	Trp	Asp	Ala		
			260					265					270				
tat	ctt	cat	agc	tca	att	ggg	gat	act	agt	gct	agt	ttt	cat	tgg	ctt		864
Tyr	Leu	His	Ser	Ser	Ile	Ala	Asp	Thr	Ser	Ala	Ser	Phe	His	Trp	Leu		
		275					280					285					
tac	ggt	tgc	ggc	agc	tta	ctg	ata	ggt	atc	ttg	tgc	gcc	acc	tcc	gtc		912
Tyr	Val	Cys	Gly	Ser	Leu	Leu	Ile	Val	Ile	Leu	Cys	Ala	Thr	Ser	Val		
	290					295					300						
gcc	acg	gta	ttg	atg	cgt	gcc	tta	cac	aaa	gat	ttt	aac	cgt	tac	aat		960
Ala	Thr	Val	Leu	Met	Arg	Ala	Leu	His	Lys	Asp	Phe	Asn	Arg	Tyr	Asn		
	305				310					315					320		
tcc	ctt	gat	cct	gag	gat	aat	cag	gag	gag	acc	ggc	tgg	aaa	ctc	gta		1008
Ser	Leu	Asp	Pro	Glu	Asp	Asn	Gln	Glu	Glu	Thr	Gly	Trp	Lys	Leu	Val		
				325					330					335			
cat	gcc	gac	gtg	ttc	cgt	ccc	cca	gat	cga	gca	cca	ctg	ctg	gcc	tca		1056
His	Ala	Asp	Val	Phe	Arg	Pro	Pro	Asp	Arg	Ala	Pro	Leu	Leu	Ala	Ser		
			340					345						350			
ctc	acg	ggc	act	ggt	ttc	cag	gtg	tta	tcc	atg	ttc	acc	ggc	gtg	ttg		1104
Leu	Thr	Gly	Thr	Gly	Phe	Gln	Val	Leu	Ser	Met	Phe	Thr	Gly	Val	Leu		
		355					360					365					
ctc	ttt	gcg	ctg	ttg	ggc	ttt	ctt	tcc	cct	gca	cga	cgt	ggc	gct	ctt		1152
Leu	Phe	Ala	Leu	Leu	Gly	Phe	Leu	Ser	Pro	Ala	Arg	Arg	Gly	Ala	Leu		
	370					375					380						
ttg	act	gcc	atc	atc	att	ctc	ttt	gtg	ttt	atg	tcc	act	gtg	gct	gga		1200
Leu	Thr	Ala	Ile	Ile	Ile	Leu	Phe	Val	Phe	Met	Ser	Thr	Val	Ala	Gly		
	385				390					395					400		
tac	gta	tgt	ggg	ttc	ctg	ctt	aaa	tat	ttt	aat	cgt	cgt	gaa	tgg	aag		1248
Tyr	Val	Cys	Gly	Phe	Leu	Leu	Lys	Tyr	Phe	Asn	Arg	Arg	Glu	Trp	Lys		

ES 2 490 193 T3

	405	410	415	
	cac gtg ttc ttc tgc ggt tgt gca ttc cct ggg act gtt ttt ggt gtc			1296
	His Val Phe Phe Cys Gly Cys Ala Phe Pro Gly Thr Val Phe Gly Val	425	430	
	420			
	tac gcc ttt gcg aac atg atc aat tgg gct cac ggc tcc aca gac acc			1344
	Tyr Ala Phe Ala Asn Met Ile Asn Trp Ala His Gly Ser Thr Asp Thr	440	445	
	435			
	gta tcc ttc tcc gtc ctt ttc acc att ttc ttg ctg tgg atg ctg atc			1392
	Val Ser Phe Ser Val Leu Phe Thr Ile Phe Leu Leu Trp Met Leu Ile	455	460	
	450			
	agt ctg cca ctg acc ttt ttg ggc gcc tcc ttc tcg ttt agg cag gac			1440
	Ser Leu Pro Leu Thr Phe Leu Gly Ala Ser Phe Ser Phe Arg Gln Asp	470	475	480
	465			
	cca cct gca aac cct gtg aga gta ggc cgt ctg gcg cgt gag atc cca			1488
	Pro Pro Ala Asn Pro Val Arg Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu Ile Pro	485	490	495
	485			
	cca cag atg tgg gca aac agt ccc tcg ttt ctg tac gtc att cct ccc			1536
	Pro Gln Met Trp Ala Asn Ser Pro Ser Phe Leu Tyr Val Ile Pro Pro	500	505	510
	500			
	ata ttt cct ctt tcc aca atc atc ttg gag ttg aat ttc gta ctg cag			1584
	Ile Phe Pro Leu Ser Thr Ile Ile Leu Glu Leu Asn Phe Val Leu Gln	520	525	
	515			
	gcg ctg tgg gcc ggc cag gtg tat tac gtg ttc ggt ttt ctt gcg ctg			1632
	Ala Leu Trp Ala Gly Gln Val Tyr Tyr Val Phe Gly Phe Leu Ala Leu	535	540	
	530			
	gtt ttt ctt ctt tgg atc gcc att aca gcc ctc atg acg gtt ttc cac			1680
	Val Phe Leu Leu Trp Ile Ala Ile Thr Ala Leu Met Thr Val Phe His	550	555	560
	545			
	ctt tac tac gtc ttg tgt tac gag aac cat cag tgg tgg tgg atc agt			1728
	Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Tyr Glu Asn His Gln Trp Trp Trp Ile Ser	565	570	575
	565			
	ttt att ctc tcg gga gga cta gga ata cat gtt ttt att tac tcg atc			1776
	Phe Ile Leu Ser Gly Gly Leu Gly Ile His Val Phe Ile Tyr Ser Ile	580	585	590
	580			
	tac ttc tac tgc acg cag ctc gca atc agc tcg ttt gcc tca tcg cta			1824
	Tyr Phe Tyr Cys Thr Gln Leu Ala Ile Ser Ser Phe Ala Ser Ser Leu	600	605	
	595			
	ctg tac ttt atg tac atg ggg ctg ctt tca tgt gca tac ggc ctt gca			1872
	Leu Tyr Phe Met Tyr Met Gly Leu Leu Ser Cys Ala Tyr Gly Leu Ala	615	620	
	610			
	gca ggg gcg att gga ctc act tct ggc ata tgt ttt gta cgc aca ata			1920
	Ala Gly Ala Ile Gly Leu Thr Ser Gly Ile Cys Phe Val Arg Thr Ile	630	635	640
	625			
	tac gcg agc att aaa gtc gac tga			1944
	Tyr Ala Ser Ile Lys Val Asp			
	645			

<210> 34

<211> 647

5 <212> PRT

<213> Trypanosoma cruzi

<400> 34

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

Gly Leu Arg Val Thr Pro His Ser Ile Lys His Asp Ile Gly Gly Asn
 210 215 220

Ser Cys Ser Glu Ala Leu Val Phe Arg Arg Gly Glu Met Asn Phe Leu
 225 230 235 240

Ser Thr Asp Asp Val Arg Glu Gly Ala Thr Val Tyr Trp Thr Tyr Ser
 245 250 255

Val Thr Trp Gln Pro Ser Asn Val Ile Trp Ala Thr Arg Trp Asp Ala
 260 265 270

Tyr Leu His Ser Ser Ile Ala Asp Thr Ser Ala Ser Phe His Trp Leu
 275 280 285

Tyr Val Cys Gly Ser Leu Leu Ile Val Ile Leu Cys Ala Thr Ser Val
 290 295 300

Ala Thr Val Leu Met Arg Ala Leu His Lys Asp Phe Asn Arg Tyr Asn
 305 310 315 320

Ser Leu Asp Pro Glu Asp Asn Gln Glu Glu Thr Gly Trp Lys Leu Val
 325 330 335

His Ala Asp Val Phe Arg Pro Pro Asp Arg Ala Pro Leu Leu Ala Ser
 340 345 350

Leu Thr Gly Thr Gly Phe Gln Val Leu Ser Met Phe Thr Gly Val Leu
 355 360 365

Leu Phe Ala Leu Leu Gly Phe Leu Ser Pro Ala Arg Arg Gly Ala Leu
 370 375 380

Leu Thr Ala Ile Ile Ile Leu Phe Val Phe Met Ser Thr Val Ala Gly
 385 390 395 400

Tyr Val Cys Gly Phe Leu Leu Lys Tyr Phe Asn Arg Arg Glu Trp Lys
 405 410 415

His Val Phe Phe Cys Gly Cys Ala Phe Pro Gly Thr Val Phe Gly Val
 420 425 430

Tyr Ala Phe Ala Asn Met Ile Asn Trp Ala His Gly Ser Thr Asp Thr
 435 440 445

Val Ser Phe Ser Val Leu Phe Thr Ile Phe Leu Leu Trp Met Leu Ile

ES 2 490 193 T3

450 455 460

Ser Leu Pro Leu Thr Phe Leu Gly Ala Ser Phe Ser Phe Arg Gln Asp
465 470 475 480

Pro Pro Ala Asn Pro Val Arg Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu Ile Pro
485 490 495

Pro Gln Met Trp Ala Asn Ser Pro Ser Phe Leu Tyr Val Ile Pro Pro
500 505 510

Ile Phe Pro Leu Ser Thr Ile Ile Leu Glu Leu Asn Phe Val Leu Gln
515 520 525

Ala Leu Trp Ala Gly Gln Val Tyr Tyr Val Phe Gly Phe Leu Ala Leu
530 535 540

Val Phe Leu Leu Trp Ile Ala Ile Thr Ala Leu Met Thr Val Phe His
545 550 555 560

Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Tyr Glu Asn His Gln Trp Trp Trp Ile Ser
565 570 575

Phe Ile Leu Ser Gly Gly Leu Gly Ile His Val Phe Ile Tyr Ser Ile
580 585 590

Tyr Phe Tyr Cys Thr Gln Leu Ala Ile Ser Ser Phe Ala Ser Ser Leu
595 600 605

Leu Tyr Phe Met Tyr Met Gly Leu Leu Ser Cys Ala Tyr Gly Leu Ala
610 615 620

Ala Gly Ala Ile Gly Leu Thr Ser Gly Ile Cys Phe Val Arg Thr Ile
625 630 635 640

Tyr Ala Ser Ile Lys Val Asp
645

<210> 35
<211> 2043
5 <212> ADN
<213> Leishmania major

<220>
10 <221> CDS
<222> (1)..(2043)

<400> 35

ES 2 490 193 T3

atg tcg gct tcc acc caa cat gcg cac tcc cac tgc agc agc aac ggt	48
Met Ser Ala Ser Thr Gln His Ala His Ser His Cys Ser Ser Asn Gly	
1 5 10 15	
ggg gcg agg cct cca ctg ctg ctg ctg ctc acc ctg ctg gtg gcg cta	96
Gly Ala Arg Pro Pro Leu Leu Leu Leu Leu Thr Leu Leu Val Ala Leu	
20 25 30	
cag ctg ctg gcc gcg ggc gcg acc cct gca agc gcc ttc tat gtg ccg	144
Gln Leu Leu Ala Ala Gly Ala Thr Pro Ala Ser Ala Phe Tyr Val Pro	
35 40 45	
ggc gcc gca gag aaa tcg tac aag aaa gcc gaa gcc gtg aaa ttc atg	192
Gly Ala Ala Glu Lys Ser Tyr Lys Lys Gly Glu Ala Val Lys Phe Met	
50 55 60	
gtg aat tcg ctg cga tcc tcg tcg gag atg ttt ccc atc gac tac tca	240
Val Asn Ser Leu Arg Ser Ser Ser Glu Met Phe Pro Ile Asp Tyr Ser	
65 70 75 80	
aag atg ccg ttt tgt cag ccg gca agg cag gag ttc aag gag gag tcc	288
Lys Met Pro Phe Cys Gln Pro Ala Arg Gln Glu Phe Lys Glu Glu Ser	
85 90 95	
att gcc gag atc atc tgg ggt gac cgc gtg ctc aac tcc ctg tac acc	336
Ile Gly Glu Ile Ile Trp Gly Asp Arg Val Leu Asn Ser Leu Tyr Thr	
100 105 110	
gtc aag atg aag gaa gat ggg aag tgt atg act ctc ccc gat tgc gac	384
Val Lys Met Lys Lys Glu Asp Gly Lys Cys Met Thr Leu Pro Asp Cys Asp	
115 120 125	
ttc atc gcc aac acc gag acg att cgc cgc aag gag tcg aag aac ctc	432
Phe Ile Ala Asn Thr Glu Thr Ile Arg Arg Lys Glu Ser Lys Asn Leu	
130 135 140	
aca aag atg atc aat aaa tgg tac cgt gtg tac atg aac att gac aac	480
Thr Lys Met Ile Asn Lys Trp Tyr Arg Val Tyr Met Asn Ile Asp Asn	
145 150 155 160	
ttg ccc gtc ttc tcc acc aac ccg gag agc aca cag atg agc gag tgc	528
Leu Pro Val Phe Ser Thr Asn Pro Glu Ser Thr Gln Met Ser Glu Cys	
165 170 175	
gcg aag aag ctc gcc aag gac atc aag atc tac gca cag cga ggg ttc	576
Ala Lys Lys Leu Gly Lys Asp Ile Lys Ile Tyr Ala Gln Arg Gly Phe	
180 185 190	
ccg ctc ggt ctc ccg gcc aaa tgc acg agt gac agg gcg gcg ctg cta	624
Pro Leu Gly Leu Pro Ala Lys Cys Thr Ser Asp Arg Ala Ala Leu Leu	
195 200 205	
aac aat cac ctt gat ttc acg att cac tac aac cgc gac agc aag acg	672
Asn Asn His Leu Asp Phe Thr Ile His Tyr Asn Arg Asp Ser Lys Thr	
210 215 220	
acc agc acg acg gcg gaa gag gaa agg aag tat atc gtt gtt ttt atc	720
Thr Ser Thr Thr Ala Glu Glu Glu Arg Lys Tyr Ile Val Val Phe Ile	
225 230 235 240	

ES 2 490 193 T3

gac gtc aag gcc aga agc atc gct tgg agc gac ccc cta gag tgc aac Asp Val Lys Ala Arg Ser Ile Ala Trp Ser Asp Pro Leu Glu Cys Asn 245 250 255	768
agc gag atg aaa gtc gcg ccg gag gtt ctc gcg cca atg cgc ggc ctc Ser Glu Met Lys Val Ala Pro Glu Val Leu Ala Pro Met Arg Gly Leu 260 265 270	816
aag atg aag gac gtg atg cag aac aag acg acg gtg tac tgg acg tac Lys Met Lys Asp Val Met Gln Asn Lys Thr Thr Val Tyr Trp Thr Tyr 275 280 285	864
agc gtc cag tgg aag gag agc ccg aac gtt aag tgg gcg acg cgc tgg Ser Val Gln Trp Lys Glu Ser Pro Asn Val Lys Trp Ala Thr Arg Trp 290 295 300	912
gac ttc tac ctc aca gcc gcc gcc gct gcc gca ccc gct ggc cac att Asp Phe Tyr Leu Thr Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Gly His Ile 305 310 315 320	960
ctc ttt atc atc ctc tcg ctc atg gtg gtg ctg ttt att ggc agt gcg Leu Phe Ile Ile Leu Ser Leu Met Val Val Leu Phe Ile Gly Ser Ala 325 330 335	1008
gtg atg ggg gtt ctg cta agg gcg ctg cac aaa gac ttt aac cgc tac Val Met Gly Val Leu Leu Arg Ala Leu His Lys Asp Phe Asn Arg Tyr 340 345 350	1056
aac tcc gaa gac cca gag gac ttg cag gag gag gtg gga tgg aag ctg Asn Ser Glu Asp Pro Glu Asp Leu Gln Glu Glu Val Gly Trp Lys Leu 355 360 365	1104
gtt cac gcc gac gtg ttc cgc ccg cca ctt tat gca aac tgg ctt gcc Val His Ala Asp Val Phe Arg Pro Pro Leu Tyr Ala Asn Trp Leu Ala 370 375 380	1152
atc ttc gtc gcc aac ggt gtc caa atc ctc acg act gtt ggg gtg gtg Ile Phe Val Ala Asn Gly Val Gln Ile Leu Thr Thr Val Gly Val Val 385 390 395 400	1200
ctc atc ata gcg ctc atg gcc ttc ctc tct ccc tct cgg cgc ggc gcg Leu Ile Ile Ala Leu Met Gly Phe Leu Ser Pro Ser Arg Arg Gly Ala 405 410 415	1248
ctc ctc acg aca ctg ctg ctg acc gcc gtc ttc acg tcg ctc att aqc Leu Leu Thr Thr Leu Leu Leu Thr Ala Val Phe Thr Ser Leu Ile Ser 420 425 430	1296
ggc tat gtc tgc ggt gtg ctg ctg cag tac ctc aac tgc cgt gcg tgg Gly Tyr Val Cys Gly Val Leu Leu Gln Tyr Leu Asn Cys Arg Ala Trp 435 440 445	1344
aaa cac att ttc atg tgc agc ttc aca ctg ccc ggt gcg atg ctg ctc Lys His Ile Phe Met Cys Ser Phe Thr Leu Pro Gly Ala Met Leu Leu 450 455 460	1392
atc tac atc ttc atc ctc atc atc aac aag gcg cac ggc gcc act act Ile Tyr Ile Phe Ile Leu Ile Ile Asn Lys Ala His Gly Ala Thr Thr 465 470 475 480	1440
gcc atc ccg ttc atg acg ctg ttg gag gtg ctg acg ctt ttt gtg gcg	1488

ES 2 490 193 T3

Ala Ile Pro Phe Met Thr Leu Leu Glu Val Leu Thr Leu Phe Val Ala
 485 490 495

gtg agc ctg ccg ctg acg gtg ctg ggc ggc tcc ata gcc ttc cgc caa 1536
 Val Ser Leu Pro Leu Thr Val Leu Gly Gly Ser Ile Ala Phe Arg Gln
 500 505 510

caa ccg atc acg aac ccg acg cgg gtc ggt cgt ctc gct cgc gag atc 1584
 Gln Pro Ile Thr Asn Pro Thr Arg Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu Ile
 515 520 525

ccg aca caa agc tgg ctc aac aag ccc atg ttc atc tgc gtc ttc tgg 1632
 Pro Thr Gln Ser Trp Leu Asn Lys Pro Met Phe Ile Cys Val Phe Trp
 530 535 540

ccc tct gtt ccg ctt gtc gtc atc gtg atc gag ctc tac tac atc atg 1680
 Pro Ser Val Pro Leu Val Val Ile Val Ile Glu Leu Tyr Tyr Ile Met
 545 550 555 560

caa gac cta tgg gag gga cag atc tat tac tcc ttc ggc ttc ctc acc 1728
 Gln Asp Leu Trp Glu Gly Gln Ile Tyr Tyr Ser Phe Gly Phe Leu Thr
 565 570 575

gtg acg gcg tgc att tgg gtt ctc atc tgc gct ctt gtc acg gtg tgg 1776
 Val Thr Ala Cys Ile Trp Val Leu Ile Cys Ala Leu Val Thr Val Ser
 580 585 590

tgc ctg tac tac gtt ctt tgc tac gag aat cat cgc tgg tgg tgg att 1824
 Cys Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Tyr Glu Asn His Arg Trp Trp Trp Ile
 595 600 605

gcg tac ctc gta ccc ggc ggt gct ggt gtc cac atg ctc tgc atg tcc 1872
 Ala Tyr Leu Val Pro Gly Gly Ala Gly Val His Met Leu Cys Met Ser
 610 615 620

ctc att ttt ttc atg tct cac att tcc gtg agc agc ttc gcc tct gcg 1920
 Leu Ile Phe Phe Met Ser His Ile Ser Val Ser Ser Phe Ala Ser Ala
 625 630 635 640

gtg ctt ttc ttt ttc tac atg ggg atg gtg tgc tac atg tac gga atg 1968
 Val Leu Phe Phe Phe Tyr Met Gly Met Val Ser Tyr Met Tyr Gly Met
 645 650 655

gcg gct ggt gcc gtc ggc gtg att gtc tcc atc gcg ttc gtg cgc agg 2016
 Ala Ala Gly Ala Val Gly Val Ile Val Ser Ile Ala Phe Val Arg Arg
 660 665 670

atc tac ggc agc atc aag att gac tag 2043
 Ile Tyr Gly Ser Ile Lys Ile Asp
 675 680

<210> 36
 <211> 680
 <212> PRT
 <213> Leishmania major

5

<400> 36
 Met Ser Ala Ser Thr Gln His Ala His Ser His Cys Ser Ser Asn Gly
 1 5 10 15

ES 2 490 193 T3

Gly Ala Arg Pro Pro Leu Leu Leu Leu Leu Thr Leu Leu Val Ala Leu
 20 25 30

Gln Leu Leu Ala Ala Gly Ala Thr Pro Ala Ser Ala Phe Tyr Val Pro
 35 40 45

Gly Ala Ala Glu Lys Ser Tyr Lys Lys Gly Glu Ala Val Lys Phe Met
 50 55 60

Val Asn Ser Leu Arg Ser Ser Ser Glu Met Phe Pro Ile Asp Tyr Ser
 65 70 75 80

Lys Met Pro Phe Cys Gln Pro Ala Arg Gln Glu Phe Lys Glu Glu Ser
 85 90 95

Ile Gly Glu Ile Ile Trp Gly Asp Arg Val Leu Asn Ser Leu Tyr Thr
 100 105 110

Val Lys Met Lys Glu Asp Gly Lys Cys Met Thr Leu Pro Asp Cys Asp
 115 120 125

Phe Ile Ala Asn Thr Glu Thr Ile Arg Arg Lys Glu Ser Lys Asn Leu
 130 135 140

Thr Lys Met Ile Asn Lys Trp Tyr Arg Val Tyr Met Asn Ile Asp Asn
 145 150 155 160

Leu Pro Val Phe Ser Thr Asn Pro Glu Ser Thr Gln Met Ser Glu Cys
 165 170 175

Ala Lys Lys Leu Gly Lys Asp Ile Lys Ile Tyr Ala Gln Arg Gly Phe
 180 185 190

Pro Leu Gly Leu Pro Ala Lys Cys Thr Ser Asp Arg Ala Ala Leu Leu
 195 200 205

Asn Asn His Leu Asp Phe Thr Ile His Tyr Asn Arg Asp Ser Lys Thr
 210 215 220

Thr Ser Thr Thr Ala Glu Glu Glu Arg Lys Tyr Ile Val Val Phe Ile
 225 230 235 240

Asp Val Lys Ala Arg Ser Ile Ala Trp Ser Asp Pro Leu Glu Cys Asn
 245 250 255

ES 2 490 193 T3

Ser Glu Met Lys Val Ala Pro Glu Val Leu Ala Pro Met Arg Gly Leu
 260 265 270

Lys Met Lys Asp Val Met Gln Asn Lys Thr Thr Val Tyr Trp Thr Tyr
 275 280 285

Ser Val Gln Trp Lys Glu Ser Pro Asn Val Lys Trp Ala Thr Arg Trp
 290 295 300

Asp Phe Tyr Leu Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Gly His Ile
 305 310 315 320

Leu Phe Ile Ile Leu Ser Leu Met Val Val Leu Phe Ile Gly Ser Ala
 325 330 335

Val Met Gly Val Leu Leu Arg Ala Leu His Lys Asp Phe Asn Arg Tyr
 340 345 350

Asn Ser Glu Asp Pro Glu Asp Leu Gln Glu Glu Val Gly Trp Lys Leu
 355 360 365

Val His Ala Asp Val Phe Arg Pro Pro Leu Tyr Ala Asn Trp Leu Ala
 370 375 380

Ile Phe Val Ala Asn Gly Val Gln Ile Leu Thr Thr Val Gly Val Val
 385 390 395 400

Leu Ile Ile Ala Leu Met Gly Phe Leu Ser Pro Ser Arg Arg Gly Ala
 405 410 415

Leu Leu Thr Thr Leu Leu Leu Thr Ala Val Phe Thr Ser Leu Ile Ser
 420 425 430

Gly Tyr Val Cys Gly Val Leu Leu Gln Tyr Leu Asn Cys Arg Ala Trp
 435 440 445

Lys His Ile Phe Met Cys Ser Phe Thr Leu Pro Gly Ala Met Leu Leu
 450 455 460

Ile Tyr Ile Phe Ile Leu Ile Ile Asn Lys Ala His Gly Ala Thr Thr
 465 470 475 480

Ala Ile Pro Phe Met Thr Leu Leu Glu Val Leu Thr Leu Phe Val Ala
 485 490 495

ES 2 490 193 T3

Val Ser Leu Pro Leu Thr Val Leu Gly Gly Ser Ile Ala Phe Arg Gln
500 505 510

Gln Pro Ile Thr Asn Pro Thr Arg Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu Ile
515 520 525

Pro Thr Gln Ser Trp Leu Asn Lys Pro Met Phe Ile Cys Val Phe Trp
530 535 540

Pro Ser Val Pro Leu Val Val Ile Val Ile Glu Leu Tyr Tyr Ile Met
545 550 555 560

Gln Asp Leu Trp Glu Gly Gln Ile Tyr Tyr Ser Phe Gly Phe Leu Thr
565 570 575

Val Thr Ala Cys Ile Trp Val Leu Ile Cys Ala Leu Val Thr Val Ser
580 585 590

Cys Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Tyr Glu Asn His Arg Trp Trp Trp Ile
595 600 605

Ala Tyr Leu Val Pro Gly Gly Ala Gly Val His Met Leu Cys Met Ser
610 615 620

Leu Ile Phe Phe Met Ser His Ile Ser Val Ser Ser Phe Ala Ser Ala
625 630 635 640

Val Leu Phe Phe Phe Tyr Met Gly Met Val Ser Tyr Met Tyr Gly Met
645 650 655

Ala Ala Gly Ala Val Gly Val Ile Val Ser Ile Ala Phe Val Arg Arg
660 665 670

Ile Tyr Gly Ser Ile Lys Ile Asp
675 680

<210> 37

<211> 2043

5 <212> ADN

<213> Leishmania infantum

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(2043)

<400> 37

atg tcg gtt tcc acc cag cat gcg cgc tcc cac tgc agc agc aac gca
Met Ser Val Ser Thr Gln His Ala Arg Ser His Cys Ser Ser Asn Ala

48

ES 2 490 193 T3

1	5	10	15	
ggt gcg agg cct cca ctg ctg ctg ctg ctc acc ctg ctg gtg gtg cta				96
Gly Ala Arg Pro Pro Leu Leu Leu Leu Thr Leu Leu Val Val Leu	20	25	30	
cag ctg ctg gcc gcg ggc gcg acc cct gca agc gcc ttt tat gtg cct				144
Gln Leu Leu Ala Ala Gly Ala Thr Pro Ala Ser Ala Phe Tyr Val Pro	35	40	45	
ggc gca gca gag aaa gcg tac aag aaa ggc gaa aag gtg aaa ttc atg				192
Gly Ala Ala Glu Lys Ala Tyr Lys Lys Gly Glu Lys Val Lys Phe Met	50	55	60	
gtg aac tcg ttg cga tcc tcg tcg gag atg ttt ccc atc gac tac tca				240
Val Asn Ser Leu Arg Ser Ser Ser Glu Met Phe Pro Ile Asp Tyr Ser	65	70	80	
aag atg ccg ttc tgt cag ccg gcg agg cag gag ttc aag gag gag tcc				288
Lys Met Pro Phe Cys Gln Pro Ala Arg Gln Glu Phe Lys Glu Glu Ser	85	90	95	
att ggc gag atc ata tgg ggt gac cgc atg ctc aac tcc ctg tac acc				336
Ile Gly Glu Ile Ile Trp Gly Asp Arg Met Leu Asn Ser Leu Tyr Thr	100	105	110	
gtc agg atg aag gaa gat gtg aag tgc atg gct ctc ccc gat tgc gac				384
Val Arg Met Lys Glu Asp Val Lys Cys Met Ala Leu Pro Asp Cys Asp	115	120	125	
ttc atc gcc aac acc gag aca att cgc cgc aag gag tcg aag aac ctc				432
Phe Ile Ala Asn Thr Glu Thr Ile Arg Arg Lys Glu Ser Lys Asn Leu	130	135	140	
aca aag atg atc aat aaa tgg tac cgt gtg tac atg aac atc gac aac				480
Thr Lys Met Ile Asn Lys Trp Tyr Arg Val Tyr Met Asn Ile Asp Asn	145	150	160	
ttg ccc gtc ttc tcc acc aac ccg gaa agc aca cag atg agc gag tgc				528
Leu Pro Val Phe Ser Thr Asn Pro Glu Ser Thr Gln Met Ser Glu Cys	165	170	175	
gcc aag aaa ctc ggc aag gac gtc aag atc tac gca cag cga ggg ttc				576
Ala Lys Lys Leu Gly Lys Asp Val Lys Ile Tyr Ala Gln Arg Gly Phe	180	185	190	
ccg ctc ggt gtc ccg gcc aaa tgc acg agc gac cgg gcg gcg ctg cta				624
Pro Leu Gly Val Pro Ala Lys Cys Thr Ser Asp Arg Ala Ala Leu Leu	195	200	205	
aac aat cac ctt gat ttc acg att cac tac aac cac gac agc cag acg				672
Asn Asn His Leu Asp Phe Thr Ile His Tyr Asn His Asp Ser Gln Thr	210	215	220	
acc agc acg aca gca gag gag gaa agg agg tat atc gtg gtc ttt atc				720
Thr Ser Thr Thr Ala Glu Glu Glu Arg Arg Tyr Ile Val Val Phe Ile	225	230	240	
gac gtc aag gcc aga agc atc gct tgg agc gac tcc cta gag tgc aac				768
Asp Val Lys Ala Arg Ser Ile Ala Trp Ser Asp Ser Leu Glu Cys Asn	245	250	255	

ES 2 490 193 T3

agc cag atg aaa gtc gcg ccg gag gtt ctc gcg cca atg cgc ggc ctc	816
Ser Gln Met Lys Val Ala Pro Glu Val Leu Ala Pro Met Arg Gly Leu	
260 265 270	
aag atg aag aat gtt acg cag aac aag gcg acg gtg tac tgg acg tac	864
Lys Met Lys Asn Val Thr Gln Asn Lys Ala Thr Val Tyr Trp Thr Tyr	
275 280 285	
agc gtc aag tgg aag gag aac ccg aac gtt aag tgg gcg acg cgc tgg	912
Ser Val Lys Trp Lys Glu Asn Pro Asn Val Lys Trp Ala Thr Arg Trp	
290 295 300	
gac ttc tac ctc act gcc gcc gcc gct gcc gca ccc gct ggc cac atc	960
Asp Phe Tyr Leu Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Gly His Ile	
305 310 315 320	
ctc ttt atc atc ctc tcg ctc gtg gtg gtg ctg ttc att ggc agc gcg	1008
Leu Phe Ile Ile Leu Ser Leu Val Val Val Leu Phe Ile Gly Ser Ala	
325 330 335	
gtg atg ggg gtt ctg cta agg gcg ctg cac aag gac ttt aac cgc tac	1056
Val Met Gly Val Leu Leu Arg Ala Leu His Lys Asp Phe Asn Arg Tyr	
340 345 350	
aac tcc gaa gac cca gag gac ttg caa gag gag gtg gga tgg aag ctg	1104
Asn Ser Glu Asp Pro Glu Asp Leu Gln Glu Glu Val Gly Trp Lys Leu	
355 360 365	
gtt cac gcc gac gtg ttc cgc ccg cca ctt tac gca aac tgg ctt gcc	1152
Val His Ala Asp Val Phe Arg Pro Pro Leu Tyr Ala Asn Trp Leu Ala	
370 375 380	
atc ttc gtc gcc aac ggt gtc caa atc ctc acg act gtt ggg gtg gtg	1200
Ile Phe Val Ala Asn Gly Val Gln Ile Leu Thr Thr Val Gly Val Val	
385 390 395 400	
cta atc ata gcg ctt atg ggc ttc ctc tcc ccc tct cgg cgc ggt gct	1248
Leu Ile Ile Ala Leu Met Gly Phe Leu Ser Pro Ser Arg Arg Gly Ala	
405 410 415	
ctc ctc acg aca atg ctg ctg acc gcc gtc ttc acg tcg ctc att agc	1296
Leu Leu Thr Thr Met Leu Leu Thr Ala Val Phe Thr Ser Leu Ile Ser	
420 425 430	
ggc tat gtc tgc ggt gtg ctg ctg cag tac ctc aac tgc cgt gca tgg	1344
Gly Tyr Val Cys Gly Val Leu Leu Gln Tyr Leu Asn Cys Arg Ala Trp	
435 440 445	
aaa aac att ttc acg tgc agc ttc aca ctg ccg ggt gca atg ctg ctc	1392
Lys Asn Ile Phe Thr Cys Ser Phe Thr Leu Pro Gly Ala Met Leu Leu	
450 455 460	
atc tac att ttc atc ctc atc atc aac aag gcg cac ggc gcc act act	1440
Ile Tyr Ile Phe Ile Leu Ile Ile Asn Lys Ala His Gly Ala Thr Thr	
465 470 475 480	
gcc atc ccg ttc atg acg ctg ttg gag atg ctg acg ctc ttc gtg gcg	1488
Ala Ile Pro Phe Met Thr Leu Leu Glu Met Leu Thr Leu Phe Val Ala	
485 490 495	

ES 2 490 193 T3

gtg agc ctg ccg ctg acg gtg ttg gga ggc tcc gtg gcc ttc cgc cag 1536
 Val Ser Leu Pro Leu Thr Val Leu Gly Gly Ser Val Ala Phe Arg Gln
 500 505 510

cag ccc atc acg aac ccg acg cgg gtc ggt cgc ctc gct cgc gag atc 1584
 Gln Pro Ile Thr Asn Pro Thr Arg Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu Ile
 515 520 525

ccg aca caa agc tgg atc aat cag ccc att ttc atc tgc gtc ttc tgg 1632
 Pro Thr Gln Ser Trp Ile Asn Gln Pro Ile Phe Ile Cys Val Phe Trp
 530 535 540

cca tct gtt ccg ctt gtc gtc gtc gtg atc gag ctc tac tac atc atg 1680
 Pro Ser Val Pro Leu Val Val Val Val Ile Glu Leu Tyr Tyr Ile Met
 545 550 555 560

caa gat ctg tgg gag gga cag atc tat tac tcc ttc ggc ttc ctc acc 1728
 Gln Asp Leu Trp Glu Gly Gln Ile Tyr Tyr Ser Phe Gly Phe Leu Thr
 565 570 575

gtg acg gcg tgc att tgg gta ctc gtc tgc gct ctc gtc acg ata tcg 1776
 Val Thr Ala Cys Ile Trp Val Leu Val Cys Ala Leu Val Thr Ile Ser
 580 585 590

tgc ctg tac tac gtt ctt tgc tac gag aat cat cgc tgg tgg tgg att 1824
 Cys Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Tyr Glu Asn His Arg Trp Trp Trp Ile
 595 600 605

gcg tac ctc gtg ccc ggc ggt gcc ggt gtt cac atg ttc tgc atg tcg 1872
 Ala Tyr Leu Val Pro Gly Gly Ala Gly Val His Met Phe Cys Met Ser
 610 615 620

ctc att ttt ttc atg tct cac gtc tcc gtg agc agc ttc gcc tct gcg 1920
 Leu Ile Phe Phe Met Ser His Val Ser Val Ser Ser Phe Ala Ser Ala
 625 630 635 640

gtg ctt ttc ttt tcc tac atg ggg atg gtg tcg tat atg tac gga atg 1968
 Val Leu Phe Phe Ser Tyr Met Gly Met Val Ser Tyr Met Tyr Gly Met
 645 650 655

gcg gct ggt gcc gtc ggc gtg atc gtc tcc atc gtg ttc gtg cgc agg 2016
 Ala Ala Gly Ala Val Gly Val Ile Val Ser Ile Val Phe Val Arg Arg
 660 665 670

atc tac ggc agc atc aag att gac tag 2043
 Ile Tyr Gly Ser Ile Lys Ile Asp
 675 680

<210> 38
 <211> 680
 <212> PRT
 <213> Leishmania infantum

5

<400> 38
 Met Ser Val Ser Thr Gln His Ala Arg Ser His Cys Ser Ser Asn Ala
 1 5 10 15

Gly Ala Arg Pro Pro Leu Leu Leu Leu Leu Thr Leu Leu Val Val Leu

ES 2 490 193 T3

	20	25	30
Gln Leu Leu Ala Ala Gly Ala Thr Pro Ala Ser Ala Phe Tyr Val Pro	35	40	45
Gly Ala Ala Glu Lys Ala Tyr Lys Lys Gly Glu Lys Val Lys Phe Met	50	55	60
Val Asn Ser Leu Arg Ser Ser Ser Glu Met Phe Pro Ile Asp Tyr Ser	65	70	75
Lys Met Pro Phe Cys Gln Pro Ala Arg Gln Glu Phe Lys Glu Glu Ser	85	90	95
Ile Gly Glu Ile Ile Trp Gly Asp Arg Met Leu Asn Ser Leu Tyr Thr	100	105	110
Val Arg Met Lys Glu Asp Val Lys Cys Met Ala Leu Pro Asp Cys Asp	115	120	125
Phe Ile Ala Asn Thr Glu Thr Ile Arg Arg Lys Glu Ser Lys Asn Leu	130	135	140
Thr Lys Met Ile Asn Lys Trp Tyr Arg Val Tyr Met Asn Ile Asp Asn	145	150	155
Leu Pro Val Phe Ser Thr Asn Pro Glu Ser Thr Gln Met Ser Glu Cys	165	170	175
Ala Lys Lys Leu Gly Lys Asp Val Lys Ile Tyr Ala Gln Arg Gly Phe	180	185	190
Pro Leu Gly Val Pro Ala Lys Cys Thr Ser Asp Arg Ala Ala Leu Leu	195	200	205
Asn Asn His Leu Asp Phe Thr Ile His Tyr Asn His Asp Ser Gln Thr	210	215	220
Thr Ser Thr Thr Ala Glu Glu Glu Arg Arg Tyr Ile Val Val Phe Ile	225	230	235
Asp Val Lys Ala Arg Ser Ile Ala Trp Ser Asp Ser Leu Glu Cys Asn	245	250	255
Ser Gln Met Lys Val Ala Pro Glu Val Leu Ala Pro Met Arg Gly Leu	260	265	270

ES 2 490 193 T3

Lys Met Lys Asn Val Thr Gln Asn Lys Ala Thr Val Tyr Trp Thr Tyr
 275 280 285

Ser Val Lys Trp Lys Glu Asn Pro Asn Val Lys Trp Ala Thr Arg Trp
 290 295 300

Asp Phe Tyr Leu Thr Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Gly His Ile
 305 310 315 320

Leu Phe Ile Ile Leu Ser Leu Val Val Val Leu Phe Ile Gly Ser Ala
 325 330 335

Val Met Gly Val Leu Leu Arg Ala Leu His Lys Asp Phe Asn Arg Tyr
 340 345 350

Asn Ser Glu Asp Pro Glu Asp Leu Gln Glu Glu Val Gly Trp Lys Leu
 355 360 365

Val His Ala Asp Val Phe Arg Pro Pro Leu Tyr Ala Asn Trp Leu Ala
 370 375 380

Ile Phe Val Ala Asn Gly Val Gln Ile Leu Thr Thr Val Gly Val Val
 385 390 395 400

Leu Ile Ile Ala Leu Met Gly Phe Leu Ser Pro Ser Arg Arg Gly Ala
 405 410 415

Leu Leu Thr Thr Met Leu Leu Thr Ala Val Phe Thr Ser Leu Ile Ser
 420 425 430

Gly Tyr Val Cys Gly Val Leu Leu Gln Tyr Leu Asn Cys Arg Ala Trp
 435 440 445

Lys Asn Ile Phe Thr Cys Ser Phe Thr Leu Pro Gly Ala Met Leu Leu
 450 455 460

Ile Tyr Ile Phe Ile Leu Ile Ile Asn Lys Ala His Gly Ala Thr Thr
 465 470 475 480

Ala Ile Pro Phe Met Thr Leu Leu Glu Met Leu Thr Leu Phe Val Ala
 485 490 495

Val Ser Leu Pro Leu Thr Val Leu Gly Gly Ser Val Ala Phe Arg Gln
 500 505 510

ES 2 490 193 T3

Gln Pro Ile Thr Asn Pro Thr Arg Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu Ile
 515 520 525

Pro Thr Gln Ser Trp Ile Asn Gln Pro Ile Phe Ile Cys Val Phe Trp
 530 535 540

Pro Ser Val Pro Leu Val Val Val Val Ile Glu Leu Tyr Tyr Ile Met
 545 550 555 560

Gln Asp Leu Trp Glu Gly Gln Ile Tyr Tyr Ser Phe Gly Phe Leu Thr
 565 570 575

Val Thr Ala Cys Ile Trp Val Leu Val Cys Ala Leu Val Thr Ile Ser
 580 585 590

Cys Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Tyr Glu Asn His Arg Trp Trp Trp Ile
 595 600 605

Ala Tyr Leu Val Pro Gly Gly Ala Gly Val His Met Phe Cys Met Ser
 610 615 620

Leu Ile Phe Phe Met Ser His Val Ser Val Ser Ser Phe Ala Ser Ala
 625 630 635 640

Val Leu Phe Phe Ser Tyr Met Gly Met Val Ser Tyr Met Tyr Gly Met
 645 650 655

Ala Ala Gly Ala Val Gly Val Ile Val Ser Ile Val Phe Val Arg Arg
 660 665 670

Ile Tyr Gly Ser Ile Lys Ile Asp
 675 680

<210> 39
 <211> 2190
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(2190)

<400> 39
 atg ctt cgc ggt gcg tgg ctc tat ttg gtg cat tct att ttt tct ctg 48
 Met Leu Arg Gly Ala Trp Leu Tyr Leu Val His Ser Ile Phe Ser Leu
 1 5 10 15

act tcc att gaa tcc agt ttt tcg ttc ttg agc tct ttt act aac cgc 96

ES 2 490 193 T3

Thr	Ser	Ile	Glu	Ser	Ser	Phe	Ser	Phe	Leu	Ser	Ser	Phe	Thr	Asn	Arg		
			20					25					30				
ttt	cac	ctc	tca	cct	tct	ctg	ttg	acc	cac	atc	ttt	gtt	tcc	ctc	act		144
Phe	His	Leu	Ser	Pro	Ser	Leu	Leu	Thr	His	Ile	Phe	Val	Ser	Leu	Thr		
		35					40					45					
tac	acc	caa	aac	aac	aac	att	aaa	gaa	acc	ttc	tct	tca	ctt	att	ttg		192
Tyr	Thr	Gln	Asn	Asn	Asn	Ile	Lys	Glu	Thr	Phe	Ser	Ser	Leu	Ile	Leu		
	50					55					60						
agc	gta	tcg	cca	ttt	ttt	ttt	tta	cat	att	tac	cca	cgt	gcg	cac	gcg		240
Ser	Val	Ser	Pro	Phe	Phe	Phe	Leu	His	Ile	Tyr	Pro	Arg	Ala	His	Ala		
	65					70				75					80		
gag	gcg	gtc	gga	atg	act	cgc	ttc	tcg	tgt	gtt	gcg	ott	ggc	gtc	ttt		288
Glu	Ala	Val	Gly	Met	Thr	Arg	Phe	Ser	Cys	Val	Ala	Leu	Gly	Val	Phe		
				85					90					95			
gcc	ttc	ctc	atc	tct	gca	ttg	gct	gtg	act	gac	gcc	ttt	tac	att	cca		336
Ala	Phe	Leu	Ile	Ser	Ala	Leu	Ala	Val	Thr	Asp	Ala	Phe	Tyr	Ile	Pro		
			100					105					110				
ggg	ggt	caa	ccc	agg	tac	tat	gct	gaa	ggg	gac	gag	ggt	cat	ttt	tgg		384
Gly	Val	Gln	Pro	Arg	Tyr	Tyr	Ala	Glu	Gly	Asp	Glu	Val	His	Phe	Trp		
		115					120					125					
gtg	aac	tca	ctt	cgc	tca	ctt	cag	gtg	ttg	ttc	cca	aag	gag	tac	tac		432
Val	Asn	Ser	Leu	Arg	Ser	Leu	Gln	Val	Leu	Phe	Pro	Lys	Glu	Tyr	Tyr		
	130					135					140						
acg	ctt	ccc	ttc	tgt	agg	ccg	agt	gaa	atc	att	aca	aag	gac	gag	tcc		480
Thr	Leu	Pro	Phe	Cys	Arg	Pro	Ser	Glu	Ile	Ile	Thr	Lys	Asp	Glu	Ser		
	145				150					155					160		
atc	ggg	gaa	atc	ata	tgg	gga	gat	cgt	ata	cag	aat	tcc	ttg	tac	gtc		528
Ile	Gly	Glu	Ile	Ile	Trp	Gly	Asp	Arg	Ile	Gln	Asn	Ser	Leu	Tyr	Val		
				165					170					175			
aca	aac	atg	aag	aaa	aac	acg	aac	tgt	acc	gtg	ctt	cca	aac	tgt	gac		576
Thr	Asn	Met	Lys	Lys	Asn	Thr	Asn	Cys	Thr	Val	Leu	Pro	Asn	Cys	Asp		
			180					185					190				
gca	ggt	gcc	aac	act	aag	acc	att	ttg	agt	aat	ata	gat	gac	ttg	gag		624
Ala	Val	Ala	Asn	Thr	Lys	Thr	Ile	Leu	Ser	Asn	Ile	Asp	Asp	Leu	Glu		
		195					200					205					
ggc	tcc	att	gaa	aag	ggg	tat	cgc	ggt	ttc	atg	aac	atc	gac	aac	ctt		672
Gly	Ser	Ile	Glu	Lys	Gly	Tyr	Arg	Gly	Phe	Met	Asn	Ile	Asp	Asn	Leu		
	210					215					220						
ccc	ggt	ttc	gga	gag	gtg	cca	ccg	gac	ttg	ctt	gct	cat	tgt	gcc	tcc		720
Pro	Val	Phe	Gly	Glu	Val	Pro	Pro	Asp	Leu	Leu	Ala	His	Cys	Ala	Ser		
	225				230					235					240		
gtc	cca	aag	gac	atg	cgt	cac	act	ttc	tac	cgc	ggc	tat	tgg	att	ggc		768
Val	Pro	Lys	Asp	Met	Arg	His	Thr	Phe	Tyr	Arg	Gly	Tyr	Trp	Ile	Gly		
				245					250					255			
acg	ccc	agt	gcc	tgc	acc	ggg	aaa	aca	ctc	att	aac	aat	cac	ctt	gaa		816
Thr	Pro	Ser	Ala	Cys	Thr	Gly	Lys	Thr	Leu	Ile	Asn	Asn	His	Leu	Glu		

ES 2 490 193 T3

260					265					270						
ttt	gtg	atc	aag	tac	aat	cat	gcc	cct	cat	gac	cct	aac	aaa	ttc	atg	864
Phe	Val	Ile	Lys	Tyr	Asn	His	Ala	Pro	His	Asp	Pro	Asn	Lys	Phe	Met	
		275					280					285				
gta	gtt	gga	ctt	aag	gcc	acg	cct	tat	agc	atc	aaa	cac	agt	gat	gac	912
Val	Val	Gly	Leu	Lys	Ala	Thr	Pro	Tyr	Ser	Ile	Lys	His	Ser	Asp	Asp	
	290					295					300					
ggg	ctg	agt	tgt	aat	gcg	gat	atg	tcc	gcc	act	ggg	agc	gcg	tta	gac	960
Gly	Leu	Ser	Cys	Asn	Ala	Asp	Met	Ser	Ala	Thr	Gly	Ser	Ala	Leu	Asp	
305					310					315				320		
tat	ctt	acc	acc	gat	gat	gtg	cgt	ggg	gga	gcc	gtt	gtg	cac	tgg	tcg	1008
Tyr	Leu	Thr	Thr	Asp	Asp	Val	Arg	Gly	Gly	Ala	Val	Val	His	Trp	Ser	
				325						330				335		
tat	ggc	gtc	aaa	tgg	gag	aaa	tct	gat	gtt	att	tgg	gcc	acc	cgg	tgg	1056
Tyr	Gly	Val	Lys	Trp	Glu	Lys	Ser	Asp	Val	Ile	Trp	Ala	Thr	Arg	Trp	
			340					345					350			
gat	gaa	tac	ctc	cac	agc	tcg	gtt	gca	gat	tcc	agt	cct	gca	ttt	cac	1104
Asp	Glu	Tyr	Leu	His	Ser	Ser	Val	Ala	Asp	Ser	Ser	Pro	Ala	Phe	His	
		355					360					365				
tgg	ctt	tat	gtc	tgc	agc	agt	tta	gtt	gtc	gtg	ctc	atg	tgt	gcc	gcc	1152
Trp	Leu	Tyr	Val	Cys	Ser	Ser	Leu	Val	Val	Val	Leu	Met	Cys	Ala	Ala	
	370					375					380					
tct	gtc	gca	acc	att	ctc	atg	cgt	act	ctc	cac	aag	gac	ttc	agc	cgc	1200
Ser	Val	Ala	Thr	Ile	Leu	Met	Arg	Thr	Leu	His	Lys	Asp	Phe	Ser	Arg	
385					390					395					400	
tac	aac	tcc	ccc	gtt	ctg	gaa	gat	ggt	gag	gag	gaa	agc	ggt	tgg	aag	1248
Tyr	Asn	Ser	Pro	Val	Leu	Glu	Asp	Gly	Glu	Glu	Glu	Ser	Gly	Trp	Lys	
				405					410					415		
ctt	gtt	cat	gct	gat	gtg	ttt	cgg	ccg	cca	gac	cgc	gcc	cca	ctg	ctt	1296
Leu	Val	His	Ala	Asp	Val	Phe	Arg	Pro	Pro	Asp	Arg	Ala	Pro	Leu	Leu	
			420					425					430			
gcc	gcc	cta	act	gga	aat	ggg	tac	cag	gtg	ttg	ggc	atg	agc	gcc	gga	1344
Ala	Ala	Leu	Thr	Gly	Asn	Gly	Tyr	Gln	Val	Leu	Gly	Met	Ser	Ala	Gly	
		435				440						445				
aca	atg	tta	ttt	gct	ttg	ctt	ggt	ttc	ctt	tct	ccc	gcc	cgc	cgc	ggt	1392
Thr	Met	Leu	Phe	Ala	Leu	Leu	Gly	Phe	Leu	Ser	Pro	Ala	Arg	Arg	Gly	
	450					455					460					
gct	ctt	ttg	agt	gct	gtt	ata	ttt	ctg	ttc	gtg	ttt	atg	tca	gtt	gtg	1440
Ala	Leu	Leu	Ser	Ala	Val	Ile	Phe	Leu	Phe	Val	Phe	Met	Ser	Val	Val	
465					470					475				480		
tct	ggg	tac	gtg	tgc	ggc	ttc	ttg	ctc	aag	tac	ttt	gga	cga	tgt	gag	1488
Ser	Gly	Tyr	Val	Cys	Gly	Phe	Leu	Leu	Lys	Tyr	Phe	Gly	Arg	Cys	Glu	
				485					490					495		
tgg	aag	cac	atc	ttt	ttc	tgc	ggc	tgc	gcc	ttc	cct	ggc	gcc	atc	gtt	1536
Trp	Lys	His	Ile	Phe	Phe	Cys	Gly	Cys	Ala	Phe	Pro	Gly	Ala	Ile	Val	
			500					505					510			

ES 2 490 193 T3

ggc gtc tac acc ttc gcc aat atc atc aat tat tcc cat ggc tct tcg 1584
 Gly Val Tyr Thr Phe Ala Asn Ile Ile Asn Tyr Ser His Gly Ser Ser
 515 520 525

gga acg att cca ttt tcg ctc ttg ttt att cta ctg tcg ctg tgg att 1632
 Gly Thr Ile Pro Phe Ser Leu Leu Phe Ile Leu Leu Ser Leu Trp Ile
 530 535 540

ctt atc agt gtt cca ctt acc gtc ctc ggc gcc tcg ttc tca ttc cgc 1680
 Leu Ile Ser Val Pro Leu Thr Val Leu Gly Ala Ser Phe Ser Phe Arg
 545 550 555 560

cag gag tcc ctc gct aat cct gtc gct gtt ggc cgt tta gcg cgc gag 1728
 Gln Glu Ser Leu Ala Asn Pro Val Ala Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu
 565 570 575

att cca cca cag acg tat atg aat cgg act ctg ttt tta ctg gtg gtt 1776
 Ile Pro Pro Gln Thr Tyr Met Asn Arg Thr Leu Phe Leu Leu Val Val
 580 585 590

cct ccc atc ttt ccg cta tgt aca atc ata tta gag ctc aac ttt gtc 1824
 Pro Pro Ile Phe Pro Leu Cys Thr Ile Ile Leu Glu Leu Asn Phe Val
 595 600 605

ctg cag gcg ctg tgg tct ggg cag gtg tat tat gtg ttt ggg ttt ctg 1872
 Leu Gln Ala Leu Trp Ser Gly Gln Val Tyr Tyr Val Phe Gly Phe Leu
 610 615 620

gcg ttg gtg agc ttt att tgg gtc atc ata aca gct ctt gtc aca gtg 1920
 Ala Leu Val Ser Phe Ile Trp Val Ile Ile Thr Ala Leu Val Thr Val
 625 630 635 640

ttc cat cta tat tac gtt ctg tgc cgt gag aat cac cag tgg tgg tgg 1968
 Phe His Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Arg Glu Asn His Gln Trp Trp Trp
 645 650 655

ccc gca ttc ttc atc cct ggt ggg ttc ggt gtg ccg ctc ttc gtt tac 2016
 Pro Ala Phe Phe Ile Pro Gly Gly Phe Gly Val Pro Leu Phe Val Tyr
 660 665 670

tcg att ttc ttc tac atg acg caa ttg gca att cac act ttt gct tcc 2064
 Ser Ile Phe Phe Tyr Met Thr Gln Leu Ala Ile His Thr Phe Ala Ser
 675 680 685

tct tta ctg tat ttc ttg tac atg gga ttg ata tcg tat gcc tat ggg 2112
 Ser Leu Leu Tyr Phe Leu Tyr Met Gly Leu Ile Ser Tyr Ala Tyr Gly
 690 695 700

ctg gca gcg gga gca gtg ggg ctc aca tcg gga att atg ttt gtt cgc 2160
 Leu Ala Ala Gly Ala Val Gly Leu Thr Ser Gly Ile Met Phe Val Arg
 705 710 715 720

aaa ata tat gga agc atc aag gtg gac tga 2190
 Lys Ile Tyr Gly Ser Ile Lys Val Asp
 725

<210> 40

<211> 729

5 <212> PRT

<213> Trypanosoma brucei

<400> 40

ES 2 490 193 T3

Met Leu Arg Gly Ala Trp Leu Tyr Leu Val His Ser Ile Phe Ser Leu
 1 5 10 15

Thr Ser Ile Glu Ser Ser Phe Ser Phe Leu Ser Ser Phe Thr Asn Arg
 20 25 30

Phe His Leu Ser Pro Ser Leu Leu Thr His Ile Phe Val Ser Leu Thr
 35 40 45

Tyr Thr Gln Asn Asn Asn Ile Lys Glu Thr Phe Ser Ser Leu Ile Leu
 50 55 60

Ser Val Ser Pro Phe Phe Phe Leu His Ile Tyr Pro Arg Ala His Ala
 65 70 75 80

Glu Ala Val Gly Met Thr Arg Phe Ser Cys Val Ala Leu Gly Val Phe
 85 90 95

Ala Phe Leu Ile Ser Ala Leu Ala Val Thr Asp Ala Phe Tyr Ile Pro
 100 105 110

Gly Val Gln Pro Arg Tyr Tyr Ala Glu Gly Asp Glu Val His Phe Trp
 115 120 125

Val Asn Ser Leu Arg Ser Leu Gln Val Leu Phe Pro Lys Glu Tyr Tyr
 130 135 140

Thr Leu Pro Phe Cys Arg Pro Ser Glu Ile Ile Thr Lys Asp Glu Ser
 145 150 155 160

Ile Gly Glu Ile Ile Trp Gly Asp Arg Ile Gln Asn Ser Leu Tyr Val
 165 170 175

Thr Asn Met Lys Lys Asn Thr Asn Cys Thr Val Leu Pro Asn Cys Asp
 180 185 190

Ala Val Ala Asn Thr Lys Thr Ile Leu Ser Asn Ile Asp Asp Leu Glu
 195 200 205

Gly Ser Ile Glu Lys Gly Tyr Arg Gly Phe Met Asn Ile Asp Asn Leu
 210 215 220

Pro Val Phe Gly Glu Val Pro Pro Asp Leu Leu Ala His Cys Ala Ser

ES 2 490 193 T3

Ser Gly Tyr Val Cys Gly Phe Leu Leu Lys Tyr Phe Gly Arg Cys Glu
 485 490 495

Trp Lys His Ile Phe Phe Cys Gly Cys Ala Phe Pro Gly Ala Ile Val
 500 505 510

Gly Val Tyr Thr Phe Ala Asn Ile Ile Asn Tyr Ser His Gly Ser Ser
 515 520 525

Gly Thr Ile Pro Phe Ser Leu Leu Phe Ile Leu Leu Ser Leu Trp Ile
 530 535 540

Leu Ile Ser Val Pro Leu Thr Val Leu Gly Ala Ser Phe Ser Phe Arg
 545 550 555 560

Gln Glu Ser Leu Ala Asn Pro Val Ala Val Gly Arg Leu Ala Arg Glu
 565 570 575

Ile Pro Pro Gln Thr Tyr Met Asn Arg Thr Leu Phe Leu Leu Val Val
 580 585 590

Pro Pro Ile Phe Pro Leu Cys Thr Ile Ile Leu Glu Leu Asn Phe Val
 595 600 605

Leu Gln Ala Leu Trp Ser Gly Gln Val Tyr Tyr Val Phe Gly Phe Leu
 610 615 620

Ala Leu Val Ser Phe Ile Trp Val Ile Ile Thr Ala Leu Val Thr Val
 625 630 635 640

Phe His Leu Tyr Tyr Val Leu Cys Arg Glu Asn His Gln Trp Trp Trp
 645 650 655

Pro Ala Phe Phe Ile Pro Gly Gly Phe Gly Val Pro Leu Phe Val Tyr
 660 665 670

Ser Ile Phe Phe Tyr Met Thr Gln Leu Ala Ile His Thr Phe Ala Ser
 675 680 685

Ser Leu Leu Tyr Phe Leu Tyr Met Gly Leu Ile Ser Tyr Ala Tyr Gly
 690 695 700

Leu Ala Ala Gly Ala Val Gly Leu Thr Ser Gly Ile Met Phe Val Arg
 705 710 715 720

Lys Ile Tyr Gly Ser Ile Lys Val Asp
 725

- 5 <210> 41
- <211> 1521
- <212> ADN
- <213> Trypanosoma cruzi

- 10 <220>
- <221> CDS

ES 2 490 193 T3

<222> (1)..(1521)

<400> 41

atg tct gct aaa gcc tca cgg cga tgc aat cga ctg att gtc ctt ttt	48
Met Ser Ala Lys Ala Ser Arg Arg Cys Asn Arg Leu Ile Val Leu Phe	
1 5 10 15	
agt tct atc aac ggc gtg acg gca tgg cca ttt tgg aag ttt ctg cag	96
Ser Ser Ile Asn Gly Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln	
20 25 30	
atg aag aaa gta aag ggt gta acg gat ctt tcc atc ctt gcc ttt aac	144
Met Lys Lys Val Lys Gly Val Thr Asp Leu Ser Ile Leu Ala Phe Asn	
35 40 45	
agc cag ggt ggc agc ttt gag gcc cgc att gac gga cag gag tac atg	192
Ser Gln Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Gln Glu Tyr Met	
50 55 60	
ttg aag aac tac gaa aac gtt gta ggc tac tgc cag gac atg ttg gag	240
Leu Lys Asn Tyr Glu Asn Val Val Gly Tyr Ser Gln Asp Met Leu Glu	
65 70 75 80	
cgt ttt ctg cac cgt tgg tac gac cct ggg cgc agt tat ttt gtc tac	288
Arg Phe Leu His Arg Trp Tyr Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr	
85 90 95	
ggc ggt cac gga atg ggt gac tac ctg gag ctg gag gaa aac aag gtg	336
Gly Gly His Gly Met Gly Asp Tyr Leu Glu Leu Glu Glu Asn Lys Val	
100 105 110	
ggg tta caa tgc cac gaa ctg gca gcg ata ttt gga gac aaa aag ttt	384
Gly Leu Gln Cys His Glu Leu Ala Ala Ile Phe Gly Asp Lys Lys Phe	
115 120 125	
gag gcg atc acc ttt gac gca tgc tta atg gca agc ctg gac tgc gct	432
Glu Ala Ile Thr Phe Asp Ala Cys Leu Met Ala Ser Leu Asp Cys Ala	
130 135 140	
tat cat ctg cgg aat aac acg cgt tac att ggc gcc tgt gag gga tac	480
Tyr His Leu Arg Asn Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr	
145 150 155 160	
ttg tgg gag ccc gac aca agc ctc gac cat cat gtc ttc aac acg tac	528
Leu Trp Glu Pro Asp Thr Ser Leu Asp His His Val Phe Asn Thr Tyr	
165 170 175	
acc gcc tcc gcg atg agc cgc ttt cgc gat ccg aag cac att ctt tta	576

ES 2 490 193 T3

Thr	Ala	Ser	Ala	Met	Ser	Arg	Phe	Arg	Asp	Pro	Lys	His	Ile	Leu	Leu		
			180					185					190				
gcc	gtg	cag	cgt	gac	tac	tgc	agc	aaa	tct	tca	ctt	gct	gac	ttt	gcc		624
Ala	Val	Gln	Arg	Asp	Tyr	Cys	Ser	Lys	Ser	Ser	Leu	Ala	Asp	Phe	Ala		
		195					200				205						
gtg	ctg	gac	acc	acg	cat	gta	gag	gct	ttg	cgg	aac	tat	gtg	gaa	gag		672
Val	Leu	Asp	Thr	Thr	His	Val	Glu	Ala	Leu	Arg	Asn	Tyr	Val	Glu	Glu		
	210					215					220						
cac	gtg	atg	caa	cgt	gtc	tac	gac	cgt	gcc	act	ttt	tat	aat	gtc	cag		720
His	Val	Met	Gln	Arg	Val	Tyr	Asp	Arg	Ala	Thr	Phe	Tyr	Asn	Val	Gln		
	225				230					235					240		
cag	cag	cag	aaa	tta	agc	tgc	atg	gcg	gag	gag	gca	ttg	caa	ctt	agc		768
Gln	Gln	Gln	Lys	Leu	Ser	Cys	Met	Ala	Glu	Glu	Ala	Leu	Gln	Leu	Ser		
			245					250						255			
cgg	aaa	aat	tcg	aat	gct	gac	atc	aag	atg	cca	gct	tca	tca	tca	tca		816
Arg	Lys	Asn	Ser	Asn	Ala	Asp	Ile	Lys	Met	Pro	Ala	Ser	Ser	Ser	Ser		
			260					265					270				
cca	tcg	tca	tct	cct	gac	acg	gta	gcc	atg	cga	gcg	atg	gcg	act	aag		864
Pro	Ser	Ser	Ser	Pro	Asp	Thr	Val	Ala	Met	Arg	Ala	Met	Ala	Thr	Lys		
		275					280						285				
ttg	cag	aac	aaa	cgg	ttg	gca	aga	cgt	tcc	aag	ctg	cag	cat	gcg	gtt		912
Leu	Gln	Asn	Lys	Arg	Leu	Ala	Arg	Arg	Ser	Lys	Leu	Gln	His	Ala	Val		
	290					295					300						
cag	ttt	gag	cac	gcc	ttg	tat	cca	tct	gag	ccg	ggc	gac	aag	tac	atc		960
Gln	Phe	Glu	His	Ala	Leu	Tyr	Pro	Ser	Glu	Pro	Gly	Asp	Lys	Tyr	Ile		
	305				310					315					320		
ctt	gac	ctt	cgt	tcc	tac	ctg	atc	gat	atg	gcg	cgt	gag	gag	gag	gaa		1008
Leu	Asp	Leu	Arg	Ser	Tyr	Leu	Ile	Asp	Met	Ala	Arg	Glu	Glu	Glu	Glu		
				325					330						335		
tta	gct	atc	gcc	tct	cgg	tca	ccg	cga	act	gcc	gtt	gtg	gag	gca	cat		1056
Leu	Ala	Ile	Ala	Ser	Pro	Ser	Pro	Arg	Thr	Ala	Val	Val	Glu	Ala	His		
			340					345					350				
ggg	agt	ttg	cca	aat	gaa	aaa	aag	cat	ctc	cac	ccg	cgg	ttt	gcc	aaa		1104
Gly	Ser	Leu	Pro	Asn	Glu	Lys	Lys	His	Leu	His	Pro	Arg	Phe	Ala	Lys		
		355					360					365					
ggc	agc	gca	cac	gag	gga	ctg	gac	ttg	ttt	cat	cgc	gtc	gtc	gtc	aat		1152
Gly	Ser	Ala	His	Glu	Gly	Leu	Asp	Leu	Phe	His	Arg	Val	Val	Val	Asn		
	370					375					380						
cac	ata	ccc	cct	gag	gaa	aag	cat	ata	tac	gcg	tca	cac	ctg	ggg	ggc		1200
His	Ile	Pro	Pro	Glu	Glu	Lys	His	Ile	Tyr	Ala	Ser	His	Leu	Gly	Gly		
	385				390					395					400		
ctg	tct	att	cca	gta	tat	gag	ttt	agt	tcc	atg	tca	aag	ccg	ctg	atg		1248
Leu	Ser	Ile	Pro	Val	Tyr	Glu	Phe	Ser	Ser	Met	Ser	Lys	Pro	Leu	Met		
				405					410					415			
ccg	tgg	aat	cgt	gta	aac	cga	caa	ata	ttc	aaa	caa	agg	gca	aac	gaa		1296
Pro	Trp	Asn	Arg	Val	Asn	Arg	Gln	Ile	Phe	Lys	Gln	Arg	Ala	Asn	Glu		

ES 2 490 193 T3

420	425	430	
ttt ttg cgt cgt ggt gtc atg cag gaa gtg aag atg aac cag cgc acc			1344
Phe Leu Arg Arg Gly Val Met Gln Glu Val Lys Met Asn Gln Arg Thr			
435	440	445	
caa agc ggt ttg cac gaa acg gaa ggt cgc agc tcg tca tca tcg cca			1392
Gln Ser Gly Leu His Glu Thr Glu Gly Arg Ser Ser Ser Ser Ser Pro			
450	455	460	
tcg acg ggt tca cca ggt cca acc ata tat ctc cca att tca ggg tac			1440
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Pro Thr Ile Tyr Leu Pro Ile Ser Gly Tyr			
465	470	475	480
tcc ggc aac acc aac ggc aat cga aac aaa ccc ggt agc gga aac ttg			1488
Ser Gly Asn Thr Asn Gly Asn Arg Asn Lys Pro Gly Ser Gly Asn Leu			
485	490	495	
tcg ggg cct cag cac tgt gag gcg aga cga tga			1521
Ser Gly Pro Gln His Cys Glu Ala Arg Arg			
500	505		

<210> 42
 <211> 506
 5 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

<400> 42
 Met Ser Ala Lys Ala Ser Arg Arg Cys Asn Arg Leu Ile Val Leu Phe
 1 5 10 15

Ser Ser Ile Asn Gly Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln
 20 25 30

Met Lys Lys Val Lys Gly Val Thr Asp Leu Ser Ile Leu Ala Phe Asn
 35 40 45

Ser Gln Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Gln Glu Tyr Met
 50 55 60

Leu Lys Asn Tyr Glu Asn Val Val Gly Tyr Ser Gln Asp Met Leu Glu
 65 70 75 80

Arg Phe Leu His Arg Trp Tyr Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr
 85 90 95

Gly Gly His Gly Met Gly Asp Tyr Leu Glu Leu Glu Glu Asn Lys Val
 100 105 110

Gly Leu Gln Cys His Glu Leu Ala Ala Ile Phe Gly Asp Lys Lys Phe
 115 120 125

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

Gly Ser Ala His Glu Gly Leu Asp Leu Phe His Arg Val Val Val Asn
 370 375 380

His Ile Pro Pro Glu Gly Lys His Ile Tyr Ala Ser His Leu Gly Gly
 385 390 395 400

Leu Ser Ile Pro Val Tyr Glu Phe Ser Ser Met Ser Lys Pro Leu Met
 405 410 415

Pro Trp Asn Arg Val Asn Arg Gln Ile Phe Lys Gln Arg Ala Asn Glu
 420 425 430

Phe Leu Arg Arg Gly Val Met Gln Glu Val Lys Met Asn Gln Arg Thr
 435 440 445

Gln Ser Gly Leu His Glu Thr Glu Gly Arg Ser Ser Ser Ser Pro
 450 455 460

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Pro Thr Ile Tyr Leu Pro Ile Ser Gly Tyr
 465 470 475 480

Ser Gly Asn Thr Asn Gly Asn Arg Asn Lys Pro Gly Ser Gly Asn Leu
 485 490 495

Ser Gly Pro Gln His Cys Glu Ala Arg Arg
 500 505

<210> 43
 <211> 1962
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania major

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1962)

<400> 43
 atg ccc cca aag cgc tac ccc aac cgc ctc ttg gtg ctg tgc gcc tcc 48
 Met Pro Pro Lys Arg Tyr Pro Asn Arg Leu Leu Val Leu Cys Ala Ser
 1 5 10 15
 atc aac gat gtc aca gca tgg ccg ttt tgg aag ttc ttg cag atg aag 96
 Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln Met Lys
 20 25 30
 aag att cgc ggc gtg acg gac atg gcg ctg ctc gcc ttc aac agc gac 144
 Lys Ile Arg Gly Val Thr Asp Met Ala Leu Leu Ala Phe Asn Ser Asp
 35 40 45
 ggc ggc agc ttc gag gct cgc att gac ggc gac aaa tac cag ctc aag 192
 Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Asp Lys Tyr Gln Leu Lys

ES 2 490 193 T3

50	55	60	
aac tat gcc aag gtt cgc ggc tac cag cat gac atg ttt gag agc ttc Asn Tyr Ala Lys Val Arg Gly Tyr Gln His Asp Met Phe Glu Ser Phe 65 70 75 80			240
gtg cat cgc tgg cac gat ccg ggc cga agc tat ttt gtg tat ggc ggg Val His Arg Trp His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr Gly Gly 85 90 95			288
cat ggc atg ggt gac tat gtg gag cta gaa cag aac cgt gtc tcg ctg His Gly Met Gly Asp Tyr Val Glu Leu Glu Gln Asn Arg Val Ser Leu 100 105 110			336
cag gtg cac gag ctc gcc gac gtc ttc ggc acg cgt gtc ttc gaa gca Gln Val His Glu Leu Ala Asp Val Phe Gly Thr Arg Val Phe Glu Ala 115 120 125			384
gtg ctc ttt gac gcc tgc ttc atg gcg aac atc gac tgc gcc tat cat Val Leu Phe Asp Ala Cys Phe Met Ala Asn Ile Asp Cys Ala Tyr His 130 135 140			432
ctg cgc cac aac acg cgg tac atc ggt gcc tgc gag ggg tac atg tgg Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr Met Trp 145 150 155 160			480
gag cct gac acg gcc ctc gac tac cat gtc ttc aac acc cac aac gcg Glu Pro Asp Thr Ala Leu Asp Tyr His Val Phe Asn Thr His Asn Ala 165 170 175			528
agc gcc atg agc cgc ttc aaa gac ccg ctg cac atc ctc cgt gtt att Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys Asp Pro Leu His Ile Leu Arg Val Ile 180 185 190			576
cag acg gac tac tgc agc aag gcg cca cgt ggc gac ttc acc atc atc Gln Thr Asp Tyr Cys Ser Lys Ala Pro Arg Gly Asp Phe Thr Ile Ile 195 200 205			624
gac acc acg cac atc gcg gcg ctg cgg cag tac gtg cag gag cac gtc Asp Thr Thr His Ile Ala Ala Leu Arg Gln Tyr Val Gln Glu His Val 210 215 220			672
atg cag cgt gtt tat gac cgg gcg acc ttc tac agc tta ccg cag cga Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Ser Leu Pro Gln Arg 225 230 235 240			720
gag cga ctg cag caa atc gcc gag gcg tcg att cag gcg tcg ata tct Glu Arg Leu Gln Gln Ile Ala Glu Ala Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser 245 250 255			768
cag ttt ggc cac ccc gcc ggt gac acc aac gtg att aat ggc gtt ggc Gln Phe Gly His Pro Gly Gly Asp Thr Asn Val Ile Asn Gly Val Gly 260 265 270			816
agt ggc act gac cgc ccg cgc acc gcc cca tcg tca ccc gag gtg ctt Ser Gly Thr Asp Arg Pro Arg Thr Ala Pro Ser Ser Pro Glu Val Leu 275 280 285			864
gca ctt tcc gcc gcc gcc aga ccg acg cgg cgg cag cga atg ctg cag Ala Leu Ser Ala Ala Gly Arg Pro Thr Arg Arg Gln Arg Met Leu Gln 290 295 300			912

ES 2 490 193 T3

gcg att cag ttt gag cac tcg ctg tac ccg tcg gag gtc gac gac aag	960
Ala Ile Gln Phe Glu His Ser Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp Lys	
305 310 315 320	
cag ctg ctc gac ctc aag tcg tat ctc act gac atg ctg cac gag gag	1008
Gln Leu Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Thr Asp Met Leu His Glu Glu	
325 330 335	
cag cag cta aag gcg tgg gag gca gcg gcg ctg ggg ccg cag cgc cgc	1056
Gln Gln Leu Lys Ala Trp Glu Ala Ala Leu Gly Pro Gln Arg Arg	
340 345 350	
att gcg gcg ggt cgc cgc cgc gtg cga agt gat gca ctg cag cat ggt	1104
Ile Ala Ala Gly Arg Arg Arg Val Arg Ser Asp Ala Leu Gln His Gly	
355 360 365	
ggc agc tcc ggc atc gcc gcc ccc tcc acc gcc tcg tcc tcc ttc gcc	1152
Gly Ser Ser Gly Ile Ala Ala Pro Ser Thr Ala Ser Ser Ser Phe Ala	
370 375 380	
gtc tgg aag gcg ccg ccg tcg cgg gcg ctg ttt gct gat cgg cac ggg	1200
Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Ala Asp Arg His Gly	
385 390 395 400	
cgg ccg cct gct gcc agt tct gca gag tgc tcg ccg tcc atc aac ggt	1248
Arg Pro Pro Ala Ala Ser Ser Ala Glu Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly	
405 410 415	
ggc cca gcc gca gca cac gac acg cag aag ggg gcg acg gcg ctc tct	1296
Gly Pro Ala Ala Ala His Asp Thr Gln Lys Gly Ala Thr Ala Leu Ser	
420 425 430	
cct cca gtc ctt gcg acc act cca acg aag gca gca ccg ccg cct ccg	1344
Pro Pro Val Leu Ala Thr Thr Pro Thr Lys Ala Ala Pro Pro Pro Pro	
435 440 445	
tct ctc tcc acc tct tac aag ggc agc gcg cag gag ggg cta gat ctt	1392
Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu	
450 455 460	
ttc tac cag gtt gtc gtg agc cac atc cca ccg aag gcc gct tcc atc	1440
Phe Tyr Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile	
465 470 475 480	
tac gcg acc cag ctc ggg ggg tta tcc ttt acg gtg cac gag tac agt	1488
Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Phe Thr Val His Glu Tyr Ser	
485 490 495	
gcc atg tcg cgg ccg gca gag ccg tgg ttg gtg ggc tcg aag agg ttg	1536
Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Leu Val Gly Ser Lys Arg Leu	
500 505 510	
ctg aag cgc cgg gca aag caa ttc ctg aag aac ggc gaa ctc tcg gag	1584
Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu	
515 520 525	
gtg gtg atg gag tcc ccg aag gcg agc gcg tcc gtc acc agc gct gcc	1632
Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Ala Ser Val Thr Ser Ala Ala	
530 535 540	

ES 2 490 193 T3

ctc gtg gca gcc gtc gac aag gtg aca gca acg gcg gcg gcg gtg acg 1680
 Leu Val Ala Ala Val Asp Lys Val Thr Ala Thr Ala Ala Ala Val Thr
 545 550 555 560

ggg gct tct gca gga aaa ccc gag cct gcg act tcc gcc gcc gcg ctg 1728
 Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Glu Pro Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu
 565 570 575

ccg ctg tca ccc aga gca cac atg ccc tcc acg gat cag cgt ctg cgt 1776
 Pro Leu Ser Pro Arg Ala His Met Pro Ser Thr Asp Gln Arg Leu Arg
 580 585 590

ttc acg agc agc ggt aat ggc aca gac agc gac agc tcc ttg tca ctg 1824
 Phe Thr Ser Ser Gly Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Ser Leu
 595 600 605

agc ttg tcc gta ccg ctc tcc act tcc tcc acg gat gca tac aac aac 1872
 Ser Leu Ser Val Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Tyr Asn Asn
 610 615 620

agc atg aaa acg gta att ctc gac tcg cca cag cgg gct gcc tcc tat 1920
 Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Ser Pro Gln Arg Ala Ala Ser Tyr
 625 630 635 640

aca tcg tta ccc aac tcc aaa gaa cgt aca agc gcc tgc tga 1962
 Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Glu Arg Thr Ser Ala Cys
 645 650

<210> 44
 <211> 653
 <212> PRT
 <213> Leishmania major

5

<400> 44
 Met Pro Pro Lys Arg Tyr Pro Asn Arg Leu Leu Val Leu Cys Ala Ser
 1 5 10 15

Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln Met Lys
 20 25 30

Lys Ile Arg Gly Val Thr Asp Met Ala Leu Leu Ala Phe Asn Ser Asp
 35 40 45

Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Asp Lys Tyr Gln Leu Lys
 50 55 60

Asn Tyr Ala Lys Val Arg Gly Tyr Gln His Asp Met Phe Glu Ser Phe
 65 70 75 80

Val His Arg Trp His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr Gly Gly
 85 90 95

His Gly Met Gly Asp Tyr Val Glu Leu Glu Gln Asn Arg Val Ser Leu

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

Ile Ala Ala Gly Arg Arg Arg Val Arg Ser Asp Ala Leu Gln His Gly
 355 360 365

Gly Ser Ser Gly Ile Ala Ala Pro Ser Thr Ala Ser Ser Ser Phe Ala
 370 375 380

Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Ala Asp Arg His Gly
 385 390 395 400

Arg Pro Pro Ala Ala Ser Ser Ala Glu Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly
 405 410 415

Gly Pro Ala Ala Ala His Asp Thr Gln Lys Gly Ala Thr Ala Leu Ser
 420 425 430

Pro Pro Val Leu Ala Thr Thr Pro Thr Lys Ala Ala Pro Pro Pro Pro
 435 440 445

Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu
 450 455 460

Phe Tyr Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile
 465 470 475 480

Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Phe Thr Val His Glu Tyr Ser
 485 490 495

Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Leu Val Gly Ser Lys Arg Leu
 500 505 510

Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu
 515 520 525

Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Ala Ser Val Thr Ser Ala Ala
 530 535 540

Leu Val Ala Ala Val Asp Lys Val Thr Ala Thr Ala Ala Ala Val Thr
 545 550 555 560

Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Glu Pro Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu
 565 570 575

Pro Leu Ser Pro Arg Ala His Met Pro Ser Thr Asp Gln Arg Leu Arg
 580 585 590

ES 2 490 193 T3

Phe Thr Ser Ser Gly Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Ser Leu
 595 600 605

Ser Leu Ser Val Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Tyr Asn Asn
 610 615 620

Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Ser Pro Gln Arg Ala Ala Ser Tyr
 625 630 635 640

Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Glu Arg Thr Ser Ala Cys
 645 650

<210> 45
 <211> 1962
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania infantum

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1962)

<400> 45
 atg ccg ccg agg cgc tgc cca aac cgc ctc ctg gtg ctg tgc gcc tcc 48
 Met Pro Pro Arg Arg Cys Pro Asn Arg Leu Leu Val Leu Cys Ala Ser
 1 5 10 15

atc aat gat gtc aca gca tgg ccg ttt tgg aag ttc ttg cag atg aag 96
 Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln Met Lys
 20 25 30

aag att cgc ggc gtg acg gac atg gcg ctg ctc gcc ttc aac agc gac 144
 Lys Ile Arg Gly Val Thr Asp Met Ala Leu Leu Ala Phe Asn Ser Asp
 35 40 45

ggc ggc agc ttt gag gct cgc atc gat ggc gac agg tac cag ctc aag 192
 Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Asp Arg Tyr Gln Leu Lys
 50 55 60

aac tac gcc aag gtg cgc ggc tac cag cac gac atg ttt gag agc ttc 240
 Asn Tyr Ala Lys Val Arg Gly Tyr Gln His Asp Met Phe Glu Ser Phe
 65 70 75 80

gtg cat cgc tgg cac gat ccg ggc cga agc tat ttc gtg tat ggc ggg 288
 Val His Arg Trp His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr Gly Gly
 85 90 95

cat ggt atg ggc gac tat gtg gag cta gag cag aac cgt gtt tcg ctg 336
 His Gly Met Gly Asp Tyr Val Glu Leu Glu Gln Asn Arg Val Ser Leu
 100 105 110

cag gcg cac gag ctc gcc gac gtc ttc ggc acg cgt gtc ttc gaa gcc 384
 Gln Ala His Glu Leu Ala Asp Val Phe Gly Thr Arg Val Phe Glu Ala
 115 120 125

gtg ctc ttt gac gcc tgc ttc atg gcg aac ctt gac tgc gcc tat cat 432

ES 2 490 193 T3

Val	Leu	Phe	Asp	Ala	Cys	Phe	Met	Ala	Asn	Leu	Asp	Cys	Ala	Tyr	His		
	130					135					140						
ctg	cgc	cac	aac	acg	cgg	tac	atc	ggc	gcc	tgt	gag	ggg	tac	atg	tgg		480
Leu	Arg	His	Asn	Thr	Arg	Tyr	Ile	Gly	Ala	Cys	Glu	Gly	Tyr	Met	Trp		
145					150					155					160		
gag	cct	gac	acg	gcc	ctc	gac	tac	cat	gtc	ttc	aac	acc	cac	aac	gcg		528
Glu	Pro	Asp	Thr	Ala	Leu	Asp	Tyr	His	Val	Phe	Asn	Thr	His	Asn	Ala		
				165					170					175			
agc	gcc	atg	agc	cgc	ttc	aaa	gac	ccg	ctg	cac	atc	ctc	cgc	ggt	att		576
Ser	Ala	Met	Ser	Arg	Phe	Lys	Asp	Pro	Leu	His	Ile	Leu	Arg	Val	Ile		
			180					185						190			
cag	gcg	gac	tac	tgc	agc	aag	gcg	ccg	cgt	ggc	gac	ttc	acc	atc	atc		624
Gln	Ala	Asp	Tyr	Cys	Ser	Lys	Ala	Pro	Arg	Gly	Asp	Phe	Thr	Ile	Ile		
		195					200					205					
gac	acc	acg	cac	att	gcg	gcg	ctg	cgg	cag	tac	gtg	cag	gag	cat	gtc		672
Asp	Thr	Thr	His	Ile	Ala	Ala	Leu	Arg	Gln	Tyr	Val	Gln	Glu	His	Val		
	210						215					220					
atg	cag	cgc	ggt	tat	gac	cgg	gcg	acc	ttc	tac	agc	cta	ccg	cag	cga		720
Met	Gln	Arg	Val	Tyr	Asp	Arg	Ala	Thr	Phe	Tyr	Ser	Leu	Pro	Gln	Arg		
225					230					235					240		
gag	cga	ctg	cag	caa	atc	gcc	gag	gcg	tcg	att	cag	gcg	tcc	ata	tcc		768
Glu	Arg	Leu	Gln	Gln	Ile	Ala	Glu	Ala	Ser	Ile	Gln	Ala	Ser	Ile	Ser		
				245						250					255		
cag	ttt	ggc	cac	ccc	ggc	ggt	gac	acc	aac	gtg	atg	aat	ggc	ggt	ggc		816
Gln	Phe	Gly	His	Pro	Gly	Gly	Asp	Thr	Asn	Val	Met	Asn	Gly	Val	Gly		
			260						265				270				
agt	ggt	act	ggc	cgc	ccg	cgc	acc	gcc	cca	tcg	tca	ccc	gag	gtg	ctt		864
Ser	Gly	Thr	Gly	Arg	Pro	Arg	Thr	Ala	Pro	Ser	Ser	Pro	Glu	Val	Leu		
		275						280					285				
gcg	ctt	tcc	gcc	gcc	ggt	aga	ccg	acg	cgg	cgg	cag	cga	atg	ctg	cag		912
Ala	Leu	Ser	Ala	Ala	Gly	Arg	Pro	Thr	Arg	Arg	Gln	Arg	Met	Leu	Gln		
		290				295						300					
gcg	att	cag	ttt	gag	cac	tcg	ctg	tac	ccg	tcg	gag	gta	gac	gac	aaa		960
Ala	Ile	Gln	Phe	Glu	His	Ser	Leu	Tyr	Pro	Ser	Glu	Val	Asp	Asp	Lys		
305					310					315					320		
cag	ctg	ctc	gac	ctc	aag	tcg	tat	ctc	acg	gac	atg	ctg	cgg	gag	gag		1008
Gln	Leu	Leu	Asp	Leu	Lys	Ser	Tyr	Leu	Thr	Asp	Met	Leu	Arg	Glu	Glu		
				325						330					335		
cag	cag	cta	aag	gcg	tgg	gag	gca	gcg	gcg	ctg	ggg	ccg	cag	cgc	cgc		1056
Gln	Gln	Leu	Lys	Ala	Trp	Glu	Ala	Ala	Ala	Leu	Gly	Pro	Gln	Arg	Arg		
			340						345					350			
att	gcg	gct	ggc	cgc	cgc	cgc	ttg	cga	agt	gat	gca	ctg	cag	cat	ggt		1104
Ile	Ala	Ala	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Arg	Ser	Asp	Ala	Leu	Gln	His	Gly		
			355				360						365				
ggc	agc	tcc	gga	atc	gcc	gcc	ccc	tcc	tcc	gcc	tcg	tcc	tcc	ttc	gcc		1152
Gly	Ser	Ser	Gly	Ile	Ala	Ala	Pro	Ser	Ser	Ala	Ser	Ser	Ser	Phe	Ala		

ES 2 490 193 T3

370	375	380	
gtc tgg aag gcg ccg ccg tcg cgg gcg ctg ttt gtt gat cgg cac gga			1200
Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Val Asp Arg His Gly			
385	390	395	400
cgg ctg cct gct gcc agc tct aca ggg tgc tcg ccg tcc atc aac ggt			1248
Arg Leu Pro Ala Ala Ser Ser Thr Gly Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly			
	405	410	415
ggc cca gcc gca gca aac gac aag caa aaa gag gcg acg gcg ctc tct			1296
Gly Pro Ala Ala Ala Asn Asp Lys Gln Lys Glu Ala Thr Ala Leu Ser			
	420	425	430
cct cca gcc ctt gca gcc act cta acg atg gca aca gcg ccg cct ccg			1344
Pro Pro Ala Leu Ala Ala Thr Leu Thr Met Ala Thr Ala Pro Pro Pro			
	435	440	445
tct ctc tcc acc tct tac aag ggc agc gcg cag gag ggg cta gat ctt			1392
Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu			
	450	455	460
ttt cac cag gtt gtc gtg agc cac atc cca ccc aag gcc gct tcc atc			1440
Phe His Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile			
465	470	475	480
tac gca acc cag ctc ggg ggg cta tcc tta acg gtg cac gag tac agt			1488
Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Leu Thr Val His Glu Tyr Ser			
	485	490	495
gcc atg tcg cgg ccg gca gag ccg tgg tcg glg ggc tcg aag agg ttg			1536
Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Ser Val Gly Ser Lys Arg Leu			
	500	505	510
ctg aag cgc cgg gca aag caa ttc ctg aag aac ggc gaa ctc tcg gag			1584
Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu			
	515	520	525
gtg gtg atg gag tcc ccg aag gcg agc cca tcc gtc acc agc gct gcc			1632
Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Pro Ser Val Thr Ser Ala Ala			
	530	535	540
ctc gcg gca acc gtg aac aag gcg aca gcg acg gcc gcg gca gtg aag			1680
Leu Ala Ala Thr Val Asn Lys Ala Thr Ala Thr Ala Ala Val Lys			
	545	550	555
ggg gct tct gca gga aaa ccc cag cat gcg act tcc gcc gcc gcg ctg			1728
Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Gln His Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu			
	565	570	575
ccg cta tca ccc aga aca cga atg ctc ttc ccg gac cag cgt ctg agt			1776
Pro Leu Ser Pro Arg Thr Arg Met Leu Phe Pro Asp Gln Arg Leu Ser			
	580	585	590
ttc acg agc agc agt aat ggc aca gac agc gac agc tcc ttg ccg ctc			1824
Phe Thr Ser Ser Ser Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Pro Leu			
	595	600	605
agc ttg tcc gca ccg ctt tcc acc tca tcc acg gat gca tgc aac agc			1872
Ser Leu Ser Ala Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Cys Asn Ser			
	610	615	620
agc atg aaa aca gta att ctc gac ccg cca cag cgg gct gcc tcc tgt			1920
Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Pro Pro Gln Arg Ala Ala Ser Cys			
	625	630	635
acg tcg tta ccc aac tcc aaa caa cgt aca agc gcc tgc tga			1962
Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Gln Arg Thr Ser Ala Cys			
	645	650	

5 <210> 46
<211> 653

ES 2 490 193 T3

<212> PRT

<213> Leishmania infantum

<400> 46

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

5

ES 2 490 193 T3

Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys Asp Pro Leu His Ile Leu Arg Val Ile
 180 185 190

Gln Ala Asp Tyr Cys Ser Lys Ala Pro Arg Gly Asp Phe Thr Ile Ile
 195 200 205

Asp Thr Thr His Ile Ala Ala Leu Arg Gln Tyr Val Gln Glu His Val
 210 215 220

Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Ser Leu Pro Gln Arg
 225 230 235 240

Glu Arg Leu Gln Gln Ile Ala Glu Ala Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser
 245 250 255

Gln Phe Gly His Pro Gly Gly Asp Thr Asn Val Met Asn Gly Val Gly
 260 265 270

Ser Gly Thr Gly Arg Pro Arg Thr Ala Pro Ser Ser Pro Glu Val Leu
 275 280 285

Ala Leu Ser Ala Ala Gly Arg Pro Thr Arg Arg Gln Arg Met Leu Gln
 290 295 300

Ala Ile Gln Phe Glu His Ser Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp Lys
 305 310 315 320

Gln Leu Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Thr Asp Met Leu Arg Glu Glu
 325 330 335

Gln Gln Leu Lys Ala Trp Glu Ala Ala Ala Leu Gly Pro Gln Arg Arg
 340 345 350

Ile Ala Ala Gly Arg Arg Arg Leu Arg Ser Asp Ala Leu Gln His Gly
 355 360 365

Gly Ser Ser Gly Ile Ala Ala Pro Ser Ser Ala Ser Ser Ser Phe Ala
 370 375 380

Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Val Asp Arg His Gly
 385 390 395 400

Arg Leu Pro Ala Ala Ser Ser Thr Gly Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly
 405 410 415

Gly Pro Ala Ala Ala Asn Asp Lys Gln Lys Glu Ala Thr Ala Leu Ser

ES 2 490 193 T3

420 425 430

Pro Pro Ala Leu Ala Ala Thr Leu Thr Met Ala Thr Ala Pro Pro Pro
435 440 445

Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu
450 455 460

Phe His Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile
465 470 475 480

Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Leu Thr Val His Glu Tyr Ser
485 490 495

Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Ser Val Gly Ser Lys Arg Leu
500 505 510

Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu
515 520 525

Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Pro Ser Val Thr Ser Ala Ala
530 535 540

Leu Ala Ala Thr Val Asn Lys Ala Thr Ala Thr Ala Ala Val Lys
545 550 555 560

Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Gln His Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu
565 570 575

Pro Leu Ser Pro Arg Thr Arg Met Leu Phe Pro Asp Gln Arg Leu Ser
580 585 590

Phe Thr Ser Ser Ser Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Pro Leu
595 600 605

Ser Leu Ser Ala Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Cys Asn Ser
610 615 620

Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Pro Pro Gln Arg Ala Ala Ser Cys
625 630 635 640

Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Gln Arg Thr Ser Ala Cys
645 650

<210> 47
 <211> 1593
 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (1).. (1593)

10

<400> 47

ES 2 490 193 T3

atg ttg tcc cga gcc cca cga cca aat aac cgc ctc atc gtg gtc tgc	48
Met Leu Ser Arg Ala Pro Arg Pro Asn Asn Arg Leu Ile Val Val Cys	
1 5 10 15	
agt tgc att aaa aat gtg tgc ggg tgg cca ttc tgg aag ttt cag caa	96
Ser Cys Ile Lys Asn Val Ser Gly Trp Pro Phe Trp Lys Phe Gln Gln	
20 25 30	
atg agg aag gta aag ggc gtt acc gat ctt tgc atg ctt gcc ttt aac	144
Met Arg Lys Val Lys Gly Val Thr Asp Leu Cys Met Leu Ala Phe Asn	
35 40 45	
tcc agt ggt ggg agc ttt gaa gca agt atc act ggg agc gac tac aca	192
Ser Ser Gly Gly Ser Phe Glu Ala Ser Ile Thr Gly Ser Asp Tyr Thr	
50 55 60	
ttg aag aac tac gaa aat gtt gtt ggc tat cgt cag gac atg ctt gaa	240
Leu Lys Asn Tyr Glu Asn Val Val Gly Tyr Arg Gln Asp Met Leu Glu	
65 70 75 80	
gac ttt cta cag cgt tgc cac gac ccc ggt cgg agt tat ttt gtg tac	288
Asp Phe Leu Gln Arg Cys His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr	
85 90 95	
ggg ggt cat ggg atg gga gat tac ctg gaa tta gag gag aac aaa ctg	336
Gly Gly His Gly Met Gly Asp Tyr Leu Glu Leu Glu Glu Asn Lys Leu	
100 105 110	
gcg ttg caa tgc cat gag ctc gcc tcc att ctc ggc aag cga aaa ttt	384
Ala Leu Gln Cys His Glu Leu Ala Ser Ile Leu Gly Lys Arg Lys Phe	
115 120 125	
gag gcg atg gtc ttt gat tgc tgt ttt atg gcc agt ctc gaa tgc gct	432
Glu Ala Met Val Phe Asp Ser Cys Phe Met Ala Ser Leu Glu Cys Ala	
130 135 140	
tat caa cta cgc cat aac aca cgt tac att ggg gcc tgt gag ggt tat	480
Tyr Gln Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr	
145 150 155 160	
gtg tgg gca cct gac ccc aac ctt gac caa cac gtc ttt aac cag tac	528
Val Trp Ala Pro Asp Pro Asn Leu Asp Gln His Val Phe Asn Gln Tyr	
165 170 175	
tct gcc tct gct atg agt cgc ttt aaa cat cca aaa aac atc cta ctt	576
Ser Ala Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys His Pro Lys Asn Ile Leu Leu	
180 185 190	
gcc atc cag aga gac tac tgc aac aag tct cct ctc gcc gac ttc gct	624
Ala Ile Gln Arg Asp Tyr Cys Asn Lys Ser Pro Leu Ala Asp Phe Ala	
195 200 205	

ES 2 490 193 T3

gtg ttg gat acc act cat gtg gag tcg ctc aag aag tat gtt gaa gaa Val Leu Asp Thr Thr His Val Glu Ser Leu Lys Lys Tyr Val Glu Glu 210 215 220	672
cat gtg atg cag cga gta tac gat cga gca acg ttt tac aac agt gag His Val Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Asn Ser Glu 225 230 235 240	720
cag cag cag agg ttg agt agt atc gca cag aaa gaa ttg caa aac gcc Gln Gln Gln Arg Leu Ser Ser Ile Ala Gln Lys Glu Leu Gln Asn Ala 245 250 255	768
tat gag gat atc aaa tgt gga gcc aag atg cta gct gcc gcg ccg tta Tyr Glu Asp Ile Lys Cys Gly Ala Lys Met Leu Ala Ala Ala Pro Leu 260 265 270	816
aca gca cag gcg ccc tta tgc acg gcg ctg cgg aga gat tcg ggg gac Thr Ala Gln Ala Pro Leu Cys Thr Ala Leu Arg Arg Asp Ser Gly Asp 275 280 285	864
cta att cca aag aag aag aag agg gag ccg gct cgc tta gct ctt ttg Leu Ile Pro Lys Lys Lys Lys Arg Glu Pro Ala Arg Leu Ala Leu Leu 290 295 300	912
cgg gct gcg cat ttt gaa cat gct tta tac cct tcg gag gtg gat gac Arg Ala Ala His Phe Glu His Ala Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp 305 310 315 320	960
aag cac ata ctc gac cta aaa tcc tat ctt att gac atg gcg cgt gag Lys His Ile Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Ile Asp Met Ala Arg Glu 325 330 335	1008
gag gag gag gga gcc ctt gtt ctg cca aaa ggg agt gag tta ata tca Glu Glu Glu Gly Ala Leu Val Leu Pro Lys Gly Ser Glu Leu Ile Ser 340 345 350	1056
aca tca ggt gcc tgt ggt gcc ctt aag gga ccg cca cca cgt acc ggt Thr Ser Gly Ala Cys Gly Ala Leu Lys Gly Pro Pro Pro Arg Thr Gly 355 360 365	1104
gtt gtg gag gtt cat ggt agc ctt cca ccg cgg gaa aca cat aat agc Val Val Glu Val His Gly Ser Leu Pro Pro Arg Glu Thr His Asn Ser 370 375 380	1152
gca cga tac ggg cga gac agc cgc cat aaa ggc ctc gac cta ttc cac Ala Arg Tyr Gly Arg Asp Ser Arg His Lys Gly Leu Asp Leu Phe His 385 390 395 400	1200
cgt gtc gtt att agt cat aga caa ccc cgt aga aag agc ata tac gct Arg Val Val Ile Ser His Arg Gln Pro Arg Arg Lys Ser Ile Tyr Ala 405 410 415	1248
tcg cac ttg ggt ggg ctc tct ttc ccc gtg ttg gaa tac agc cca ttg Ser His Leu Gly Gly Leu Ser Phe Pro Val Leu Glu Tyr Ser Pro Leu 420 425 430	1296
tcg aag ccg ctg cgg gat tgg gag ggt atg gac aag aag gag ttg ttg Ser Lys Pro Leu Arg Asp Trp Glu Gly Met Asp Lys Lys Glu Leu Leu 435 440 445	1344
cga aaa gca agg gag ttc cta cga aag ggt gtt gcg gag ggt gtt cag	1392

ES 2 490 193 T3

Arg Lys Ala Arg Glu Phe Leu Arg Lys Gly Val Val Glu Gly Val Gln
 450 455 460

atg agt gag agt gga gcc agc gaa tgt ggt gtt agg ggt ggc agt agc 1440
 Met Ser Glu Ser Gly Ala Ser Glu Cys Gly Val Arg Gly Gly Ser Ser
 465 470 475 480

agc atc acc gaa aat agt gat agc gtg gcg tca tcc atg gtt tct cca 1488
 Ser Ile Thr Glu Asn Ser Asp Ser Val Ala Ser Ser Met Val Ser Pro
 485 490 495

cag aat gtg aag ttg gga att gca ccg tca gca tta atg cgc gca tca 1536
 Gln Asn Val Lys Leu Gly Ile Ala Pro Ser Ala Leu Met Arg Ala Ser
 500 505 510

ttg acg aca cca tcg tcg gga gct cca gga caa acc gtg agc agt gag 1584
 Leu Thr Thr Pro Ser Ser Gly Ala Pro Gly Gln Thr Val Ser Ser Glu
 515 520 525

aac ggc taa 1593
 Asn Gly
 530

5

<210> 48
 <211> 530
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma brucei

<400> 48
 Met Leu Ser Arg Ala Pro Arg Pro Asn Asn Arg Leu Ile Val Val Cys
 1 5 10 15

Ser Cys Ile Lys Asn Val Ser Gly Trp Pro Phe Trp Lys Phe Gln Gln
 20 25 30

Met Arg Lys Val Lys Gly Val Thr Asp Leu Cys Met Leu Ala Phe Asn
 35 40 45

Ser Ser Gly Gly Ser Phe Glu Ala Ser Ile Thr Gly Ser Asp Tyr Thr
 50 55 60

Leu Lys Asn Tyr Glu Asn Val Val Gly Tyr Arg Gln Asp Met Leu Glu
 65 70 75 80

Asp Phe Leu Gln Arg Cys His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr
 85 90 95

Gly Gly His Gly Met Gly Asp Tyr Leu Glu Leu Glu Glu Asn Lys Leu
 100 105 110

Ala Leu Gln Cys His Glu Leu Ala Ser Ile Leu Gly Lys Arg Lys Phe
 115 120 125

ES 2 490 193 T3

Glu Ala Met Val Phe Asp Ser Cys Phe Met Ala Ser Leu Glu Cys Ala
 130 135 140

Tyr Gln Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr
 145 150 155 160

Val Trp Ala Pro Asp Pro Asn Leu Asp Gln His Val Phe Asn Gln Tyr
 165 170 175

Ser Ala Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys His Pro Lys Asn Ile Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile Gln Arg Asp Tyr Cys Asn Lys Ser Pro Leu Ala Asp Phe Ala
 195 200 205

Val Leu Asp Thr Thr His Val Glu Ser Leu Lys Lys Tyr Val Glu Glu
 210 215 220

His Val Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Asn Ser Glu
 225 230 235 240

Gln Gln Gln Arg Leu Ser Ser Ile Ala Gln Lys Glu Leu Gln Asn Ala
 245 250 255

Tyr Glu Asp Ile Lys Cys Gly Ala Lys Met Leu Ala Ala Ala Pro Leu
 260 265 270

Thr Ala Gln Ala Pro Leu Cys Thr Ala Leu Arg Arg Asp Ser Gly Asp
 275 280 285

Leu Ile Pro Lys Lys Lys Lys Arg Glu Pro Ala Arg Leu Ala Leu Leu
 290 295 300

Arg Ala Ala His Phe Glu His Ala Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp
 305 310 315 320

Lys His Ile Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Ile Asp Met Ala Arg Glu
 325 330 335

Glu Glu Glu Gly Ala Leu Val Leu Pro Lys Gly Ser Glu Leu Ile Ser
 340 345 350

Thr Ser Gly Ala Cys Gly Ala Leu Lys Gly Pro Pro Pro Arg Thr Gly
 355 360 365

ES 2 490 193 T3

Val Val Glu Val His Gly Ser Leu Pro Pro Arg Glu Thr His Asn Ser
370 375 380

Ala Arg Tyr Gly Arg Asp Ser Arg His Lys Gly Leu Asp Leu Phe His
385 390 395 400

Arg Val Val Ile Ser His Arg Gln Pro Arg Arg Lys Ser Ile Tyr Ala
405 410 415

Ser His Leu Gly Gly Leu Ser Phe Pro Val Leu Glu Tyr Ser Pro Leu
420 425 430

Ser Lys Pro Leu Arg Asp Trp Glu Gly Met Asp Lys Lys Glu Leu Leu
435 440 445

Arg Lys Ala Arg Glu Phe Leu Arg Lys Gly Val Val Glu Gly Val Gln
450 455 460

Met Ser Glu Ser Gly Ala Ser Glu Cys Gly Val Arg Gly Gly Ser Ser
465 470 475 480

Ser Ile Thr Glu Asn Ser Asp Ser Val Ala Ser Ser Met Val Ser Pro
485 490 495

Gln Asn Val Lys Leu Gly Ile Ala Pro Ser Ala Leu Met Arg Ala Ser
500 505 510

Leu Thr Thr Pro Ser Ser Gly Ala Pro Gly Gln Thr Val Ser Ser Glu
515 520 525

Asn Gly
530

<210> 49
<211> 1518
5 <212> ADN
<213> Trypanosoma cruzi

<220>
10 <221> CDS
<222> (1)..(1518)

<400> 49
atg tct gtt aaa gcc tca cgg cga tgc aat cga ctg att gtc ctt ttt 48
Met Ser Val Lys Ala Ser Arg Arg Cys Asn Arg Leu Ile Val Leu Phe
1 5 10 15

agt tct atc aac gac gtg acg gca tgg cca ttt tgg aag ttt ctg cag 96

ES 2 490 193 T3

Ser	Ser	Ile	Asn	Asp	Val	Thr	Ala	Trp	Pro	Phe	Trp	Lys	Phe	Leu	Gln		
			20					25					30				
atg	aag	aaa	gta	aag	ggt	gta	acg	gat	ctt	tcc	ata	ctt	gcc	ttt	aac		144
Met	Lys	Lys	Val	Lys	Gly	Val	Thr	Asp	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Phe	Asn		
		35					40					45					
agc	cag	ggt	ggc	agc	ttt	gag	gcc	cgc	att	gac	gga	cag	gag	tac	atg		192
Ser	Gln	Gly	Gly	Ser	Phe	Glu	Ala	Arg	Ile	Asp	Gly	Gln	Glu	Tyr	Met		
	50					55					60						
ttg	aag	aac	tac	gaa	aac	ggt	gta	ggc	tac	tcg	cag	gac	atg	ttg	gag		240
Leu	Lys	Asn	Tyr	Glu	Asn	Val	Val	Gly	Tyr	Ser	Gln	Asp	Met	Leu	Glu		
	65				70				75						80		
cgt	ttt	ctg	cac	cgt	tgg	tac	gac	cct	ggg	cgc	agt	tat	ttt	gtc	tac		288
Arg	Phe	Leu	His	Arg	Trp	Tyr	Asp	Pro	Gly	Arg	Ser	Tyr	Phe	Val	Tyr		
				85					90					95			
ggc	ggt	cac	gga	atg	ggt	gac	tac	ctg	gag	ctg	gag	gaa	aac	aag	gtg		336
Gly	Gly	His	Gly	Met	Gly	Asp	Tyr	Leu	Glu	Leu	Glu	Glu	Asn	Lys	Val		
			100					105					110				
gga	tta	caa	tgc	cac	gaa	ctg	gca	gcg	ata	ttt	gga	gac	aaa	aag	ttt		384
Gly	Leu	Gln	Cys	His	Glu	Leu	Ala	Ala	Ile	Phe	Gly	Asp	Lys	Lys	Phe		
		115					120					125					
gag	gcg	atc	acc	ttt	gac	gca	tgc	tta	atg	gca	agc	ctg	gac	tgc	gct		432
Glu	Ala	Ile	Thr	Phe	Asp	Ala	Cys	Leu	Met	Ala	Ser	Leu	Asp	Cys	Ala		
	130					135					140						
tat	cat	ctg	cgg	aat	aac	acg	cgt	tac	att	ggc	gcc	tgt	gag	gga	tac		480
Tyr	His	Leu	Arg	Asn	Asn	Thr	Arg	Tyr	Ile	Gly	Ala	Cys	Glu	Gly	Tyr		
	145				150					155					160		
ttg	tgg	gag	ccc	gac	aca	agc	ctc	gac	cat	cat	gtc	ttc	aac	acg	tac		528
Leu	Trp	Glu	Pro	Asp	Thr	Ser	Leu	Asp	His	His	Val	Phe	Asn	Thr	Tyr		
				165					170					175			
acc	gcc	tcc	gcg	atg	agc	cgc	ttt	cgt	gat	cgg	aag	cac	att	ctt	tta		576
Thr	Ala	Ser	Ala	Met	Ser	Arg	Phe	Arg	Asp	Pro	Lys	His	Ile	Leu	Leu		
			180					185					190				
gcc	gtg	cag	cgt	gac	tac	tgc	agc	aaa	tct	tca	ctt	gct	gac	ttt	gcc		624
Ala	Val	Gln	Arg	Asp	Tyr	Cys	Ser	Lys	Ser	Ser	Leu	Ala	Asp	Phe	Ala		
		195					200					205					
gtg	ctg	gac	acc	acg	cat	gta	gag	gct	ttg	cgg	agt	tat	gtg	gaa	gag		672
Val	Leu	Asp	Thr	Thr	His	Val	Glu	Ala	Leu	Arg	Ser	Tyr	Val	Glu	Glu		
	210					215					220						
cac	gtg	atg	caa	cgt	ggt	tac	gac	cgt	gcc	act	ttt	tat	aat	gtc	cag		720
His	Val	Met	Gln	Arg	Val	Tyr	Asp	Arg	Ala	Thr	Phe	Tyr	Asn	Val	Gln		
	225				230					235					240		
cag	cag	cag	aaa	tta	agc	tac	atg	gcg	gag	gaa	gca	ttg	caa	ctc	agc		768
Gln	Gln	Gln	Lys	Leu	Ser	Tyr	Met	Ala	Glu	Glu	Ala	Leu	Gln	Leu	Ser		
			245						250					255			
cgg	caa	aat	tcg	aat	act	gac	atc	aag	atg	cca	gct	tca	tca	tca	tca		816
Arg	Gln	Asn	Ser	Asn	Thr	Asp	Ile	Lys	Met	Pro	Ala	Ser	Ser	Ser	Ser		

ES 2 490 193 T3

260	265	270	
tcg tca tct cct gac acg gta gcc atg cga gcg atg gcg act aag ttg Ser Ser Ser Pro Asp Thr Val Ala Met Arg Ala Met Ala Thr Lys Leu 275 280 285			864
cag aac aaa cgg ttg gca aga cgt tcc aag ctg cag cat gcg gtt cag Gln Asn Lys Arg Leu Ala Arg Arg Ser Lys Leu Gln His Ala Val Gln 290 295 300			912
ttt gag cac gcc ttg tat cca tct gag cgg gcc gac aag tac atc ctt Phe Glu His Ala Leu Tyr Pro Ser Glu Pro Gly Asp Lys Tyr Ile Leu 305 310 315 320			960
gac ctt cgt tcc tac ctg atc gat atg gcg cgt gag gag gag gaa tta Asp Leu Arg Ser Tyr Leu Ile Asp Met Ala Arg Glu Glu Glu Glu Leu 325 330 335			1008
gct atc gcc tcc cgg tca ccg cga act gcc gtt gtg gag gca cat ggg Ala Ile Ala Ser Pro Ser Pro Arg Thr Ala Val Val Glu Ala His Gly 340 345 350			1056
agt ttg cca aat gaa aaa aag cat ctc cac ccg cgg ttt gcc aaa ggc Ser Leu Pro Asn Glu Lys Lys His Leu His Pro Arg Phe Ala Lys Gly 355 360 365			1104
agc gca cac gag gga ctg gac ttg ttt cat cgc gta gtc gtc aat cac Ser Ala His Glu Gly Leu Asp Leu Phe His Arg Val Val Val Asn His 370 375 380			1152
ata ccc cct gag gaa aag cat ata tac gcg tca cac ctg ggg ggc ctg Ile Pro Pro Glu Glu Lys His Ile Tyr Ala Ser His Leu Gly Gly Leu 385 390 395 400			1200
tct att cca gta tat gag ttt agt tcc atg tca aag ccg ctg atg ccg Ser Ile Pro Val Tyr Glu Phe Ser Ser Met Ser Lys Pro Leu Met Pro 405 410 415			1248
tgg aat cgt gta aac cga caa ata ttc aaa caa aag gca aac gaa ttt Trp Asn Arg Val Asn Arg Gln Ile Phe Lys Gln Lys Ala Asn Glu Phe 420 425 430			1296
ttg cgt cgt ggt gtc atg cag gaa gtg aag atg aac cag cgc acc cac Leu Arg Arg Gly Val Met Gln Glu Val Lys Met Asn Gln Arg Thr His 435 440 445			1344
agc ggt ttg cgc gaa acg gaa agt cgc aac tcg tca tca tcg cca tcg Ser Gly Leu Arg Glu Thr Glu Ser Arg Asn Ser Ser Ser Ser Pro Ser 450 455 460			1392
acg gcc tca cca ggt cca acc ata tat ctc cca att tca ggg tac tcc Thr Gly Ser Pro Gly Pro Thr Ile Tyr Leu Pro Ile Ser Gly Tyr Ser 465 470 475 480			1440
ggc aac agc aac agc aat cga aac aaa ccc ggt agc gga aac ttg ccg Gly Asn Ser Asn Ser Asn Arg Asn Lys Pro Gly Ser Gly Asn Leu Pro 485 490 495			1488
ggg tcg cag cac tgt gag gcg aga cga tga Gly Ser Gln His Cys Glu Ala Arg Arg 500 505			1518

<210> 50

<211> 505

5 <212> PRT

<213> Trypanosoma cruzi

<400> 50

ES 2 490 193 T3

Met Ser Val Lys Ala Ser Arg Arg Cys Asn Arg Leu Ile Val Leu Phe
 1 5 10 15

Ser Ser Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln
 20 25 30

Met Lys Lys Val Lys Gly Val Thr Asp Leu Ser Ile Leu Ala Phe Asn
 35 40 45

Ser Gln Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Gln Glu Tyr Met
 50 55 60

Leu Lys Asn Tyr Glu Asn Val Val Gly Tyr Ser Gln Asp Met Leu Glu
 65 70 75 80

Arg Phe Leu His Arg Trp Tyr Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr
 85 90 95

Gly Gly His Gly Met Gly Asp Tyr Leu Glu Leu Glu Glu Asn Lys Val
 100 105 110

Gly Leu Gln Cys His Glu Leu Ala Ala Ile Phe Gly Asp Lys Lys Phe
 115 120 125

Glu Ala Ile Thr Phe Asp Ala Cys Leu Met Ala Ser Leu Asp Cys Ala
 130 135 140

Tyr His Leu Arg Asn Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr
 145 150 155 160

Leu Trp Glu Pro Asp Thr Ser Leu Asp His His Val Phe Asn Thr Tyr
 165 170 175

Thr Ala Ser Ala Met Ser Arg Phe Arg Asp Pro Lys His Ile Leu Leu
 180 185 190

Ala Val Gln Arg Asp Tyr Cys Ser Lys Ser Ser Leu Ala Asp Phe Ala
 195 200 205

ES 2 490 193 T3

Val Leu Asp Thr Thr His Val Glu Ala Leu Arg Ser Tyr Val Glu Glu
 210 215 220

His Val Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Asn Val Gln
 225 230 235 240

Gln Gln Gln Lys Leu Ser Tyr Met Ala Glu Glu Ala Leu Gln Leu Ser
 245 250 255

Arg Gln Asn Ser Asn Thr Asp Ile Lys Met Pro Ala Ser Ser Ser Ser
 260 265 270

Ser Ser Ser Pro Asp Thr Val Ala Met Arg Ala Met Ala Thr Lys Leu
 275 280 285

Gln Asn Lys Arg Leu Ala Arg Arg Ser Lys Leu Gln His Ala Val Gln
 290 295 300

Phe Glu His Ala Leu Tyr Pro Ser Glu Pro Gly Asp Lys Tyr Ile Leu
 305 310 315 320

Asp Leu Arg Ser Tyr Leu Ile Asp Met Ala Arg Glu Glu Glu Glu Leu
 325 330 335

Ala Ile Ala Ser Pro Ser Pro Arg Thr Ala Val Val Glu Ala His Gly
 340 345 350

Ser Leu Pro Asn Glu Lys Lys His Leu His Pro Arg Phe Ala Lys Gly
 355 360 365

Ser Ala His Glu Gly Leu Asp Leu Phe His Arg Val Val Val Asn His
 370 375 380

Ile Pro Pro Glu Glu Lys His Ile Tyr Ala Ser His Leu Gly Gly Leu
 385 390 395 400

Ser Ile Pro Val Tyr Glu Phe Ser Ser Met Ser Lys Pro Leu Met Pro
 405 410 415

Trp Asn Arg Val Asn Arg Gln Ile Phe Lys Gln Lys Ala Asn Glu Phe
 420 425 430

Leu Arg Arg Gly Val Met Gln Glu Val Lys Met Asn Gln Arg Thr His
 435 440 445

Ser Gly Leu Arg Glu Thr Glu Ser Arg Asn Ser Ser Ser Ser Pro Ser

ES 2 490 193 T3

450

455

460

Thr Gly Ser Pro Gly Pro Thr Ile Tyr Leu Pro Ile Ser Gly Tyr Ser
465 470 475 480

Gly Asn Ser Asn Ser Asn Arg Asn Lys Pro Gly Ser Gly Asn Leu Pro
485 490 495

Gly Ser Gln His Cys Glu Ala Arg Arg
500 505

<210> 51

<211> 1962

5 <212> ADN

<213> Leishmania major

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(1962)

<400> 51

atg ccc cca aag cgc tac ccc aac cgc ctc ttg gtg ctg tgc gcc tcc 48
Met Pro Pro Lys Arg Tyr Pro Asn Arg Leu Leu Val Leu Cys Ala Ser
1 5 10 15

atc aac gat gtc aca gca tgg ccg ttt tgg aag ttc ttg cag atg aag 96
Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln Met Lys
20 25 30

aag att cgc ggc gtg acg gac atg gcg ctg ctc gcc ttc aac agc gac 144
Lys Ile Arg Gly Val Thr Asp Met Ala Leu Leu Ala Phe Asn Ser Asp
35 40 45

ggc ggc agc ttc gag gct cgc att gac ggc gac aaa tac cag ctc aag 192
Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Asp Lys Tyr Gln Leu Lys
50 55 60

aac tat gcc aag gtt cgc ggc tac cag cat gac atg ttt gag agc ttc 240
Asn Tyr Ala Lys Val Arg Gly Tyr Gln His Asp Met Phe Glu Ser Phe
65 70 75 80

gtg cat cgc tgg cac gat ccg ggc cga agc tat ttt gtg tat ggc ggg 288
Val His Arg Trp His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr Gly Gly
85 90 95

cat ggc atg ggt gac tat gtg gag cta gaa cag aac cgt gtc tcg ctg 336
His Gly Met Gly Asp Tyr Val Glu Leu Glu Gln Asn Arg Val Ser Leu
100 105 110

cag gtg cac gag ctc gcc gac gtc ttc ggc acg cgt gtc ttc gaa gca 384
Gln Val His Glu Leu Ala Asp Val Phe Gly Thr Arg Val Phe Glu Ala
115 120 125

gtg ctc ttt gac gcc tgc ttc atg gcg aac atc gac tgc gcc tat cat 432
Val Leu Phe Asp Ala Cys Phe Met Ala Asn Ile Asp Cys Ala Tyr His
130 135 140

ES 2 490 193 T3

ctg cgc cac aac acg cgg tac atc ggt gcc tgc gag ggg tac atg tgg Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr Met Trp 145 150 155 160	480
gag cct gac acg gcc ctc gac tac cat gtc ttc aac acc cac aac gcg Glu Pro Asp Thr Ala Leu Asp Tyr His Val Phe Asn Thr His Asn Ala 165 170 175	528
agc gcc atg agc cgc ttc aaa gac ccg ctg cac atc ctc cgt gtt att Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys Asp Pro Leu His Ile Leu Arg Val Ile 180 185 190	576
cag acg gac tac tgc agc aag gcg cca cgt ggc gac ttc acc atc atc Gln Thr Asp Tyr Cys Ser Lys Ala Pro Arg Gly Asp Phe Thr Ile Ile 195 200 205	624
gac acc acg cac atc gcg gcg ctg cgg cag tac gtg cag gag cac gtc Asp Thr Thr His Ile Ala Ala Leu Arg Gln Tyr Val Gln Glu His Val 210 215 220	672
atg cag cgt gtt tat gac cgg gcg acc ttc tac agc tta ccg cag cga Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Ser Leu Pro Gln Arg 225 230 235 240	720
gag cga ctg cag caa atc gcc gag gcg tcg att cag gcg tcg ata tct Glu Arg Leu Gln Gln Ile Ala Glu Ala Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser 245 250 255	768
cag ttt ggc cac ccc ggc ggt gac acc aac gtg att aat ggc gtt ggc Gln Phe Gly His Pro Gly Gly Asp Thr Asn Val Ile Asn Gly Val Gly 260 265 270	816
agt ggc act gac cgc ccg cgc acc gcc cca tcg tca ccc gag gtg ctt Ser Gly Thr Asp Arg Pro Arg Thr Ala Pro Ser Ser Pro Glu Val Leu 275 280 285	864
gca ctt tcc gcc gcc ggc aga ccg acg cgg cgg cag cga atg ctg cag Ala Leu Ser Ala Ala Gly Arg Pro Thr Arg Arg Gln Arg Met Leu Gln 290 295 300	912
gcg att cag ttt gag cac tcg ctg tac ccg tcg gag gtc gac gac aag Ala Ile Gln Phe Glu His Ser Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp Lys 305 310 315 320	960
cag ctg ctc gac ctc aag tcg tat ctc act gac atg ctg cac gag gag Gln Leu Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Thr Asp Met Leu His Glu Glu 325 330 335	1008
cag cag cta aag gcg tgg gag gca gcg cgg ctg ggg ccg cag cgc cgc Gln Gln Leu Lys Ala Trp Glu Ala Ala Ala Leu Gly Pro Gln Arg Arg 340 345 350	1056
att gcg gcg ggt cgc cgc cgc gtg cga agt gat gca ctg cag cat ggt Ile Ala Ala Gly Arg Arg Arg Val Arg Ser Asp Ala Leu Gln His Gly 355 360 365	1104
ggc agc tcc gcc atc gcc gcc ccc tcc acc gcc tcg tcc tcc ttc gcc Gly Ser Ser Gly Ile Ala Ala Pro Ser Thr Ala Ser Ser Ser Phe Ala 370 375 380	1152

ES 2 490 193 T3

gtc tgg aag gcg ccg ccg tcg cgg gcg ctg ttt gct gat cgg cac ggg 1200
 Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Ala Asp Arg His Gly
 385 390 395 400
 cgg ccg cct gct gcc agt tct gca gag tgc tcg ccg tcc atc aac ggt 1248
 Arg Pro Pro Ala Ala Ser Ser Ala Glu Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly
 405 410 415
 ggc cca gcc gca gca cac gac acg cag aag ggg gcg acg gcg ctc tct 1296
 Gly Pro Ala Ala Ala His Asp Thr Gln Lys Gly Ala Thr Ala Leu Ser
 420 425 430
 cct cca gtc ctt gcg acc act cca acg aag gca gca ccg ccg cct ccg 1344
 Pro Pro Val Leu Ala Thr Thr Pro Thr Lys Ala Ala Pro Pro Pro Pro
 435 440 445
 tct ctc tcc acc tct tac aag ggc agc gcg cag gag ggg cta gat ctt 1392
 Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu
 450 455 460
 ttc tac cag gtt gtc gtg agc cac atc cca ccg aag gcc gct tcc atc 1440
 Phe Tyr Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile
 465 470 475 480
 tac gcg acc cag ctc ggg ggg tta tcc ttt acg gtg cac gag tac agt 1488
 Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Phe Thr Val His Glu Tyr Ser
 485 490 495
 gcc atg tcg ccg ccg gca gag ccg tgg ttg gtg ggc tcg aag agg ttg 1536
 Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Leu Val Gly Ser Lys Arg Leu
 500 505 510
 ctg aag cgc ccg gca aag caa ttc ctg aag aac ggc gaa ctc tcg gag 1584
 Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu
 515 520 525
 gtg gtg atg gag tcc ccg aag gcg agc gcg tcc gtc acc agc gct gcc 1632
 Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Ala Ser Val Thr Ser Ala Ala
 530 535 540
 ctc gtg gca gcc gtc gac aag gtg aca gca acg gcg gcg gcg gtg acg 1680
 Leu Val Ala Ala Val Asp Lys Val Thr Ala Thr Ala Ala Val Thr
 545 550 555 560
 ggt gct tct gca gga aaa ccc gag cct gcg act tcc gcc gcc gcg ctg 1728
 Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Glu Pro Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu
 565 570 575
 ccg ctg tca ccc aga gca cac atg ccc tcc acg gat cag cgt ctg cgt 1776
 Pro Leu Ser Pro Arg Ala His Met Pro Ser Thr Asp Gln Arg Leu Arg
 580 585 590
 ttc acg agc agc ggt aat ggc aca gac agc gac agc tcc ttg tca ctg 1824
 Phe Thr Ser Ser Gly Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Ser Leu
 595 600 605
 agc ttg tcc gta ccg ctc tcc act tcc tcc acg gat gca tac aac aac 1872
 Ser Leu Ser Val Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Tyr Asn Asn
 610 615 620
 agc atg aaa acg gta att ctc gac tcg cca cag cgg gct gcc tcc tat 1920
 Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Ser Pro Gln Arg Ala Ala Ser Tyr
 625 630 635 640
 aca tcg tta ccc aac tcc aaa gaa cgt aca agc gcc tgc tga 1962
 Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Glu Arg Thr Ser Ala Cys
 645 650

5 <210> 52
 <211> 653
 <212> PRT
 <213> Leishmania major

ES 2 490 193 T3

<400> 52

Met Pro Pro Lys Arg Tyr Pro Asn Arg Leu Leu Val Leu Cys Ala Ser
1 5 10 15

Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln Met Lys
20 25 30

Lys Ile Arg Gly Val Thr Asp Met Ala Leu Leu Ala Phe Asn Ser Asp
35 40 45

Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Asp Lys Tyr Gln Leu Lys
50 55 60

Asn Tyr Ala Lys Val Arg Gly Tyr Gln His Asp Met Phe Glu Ser Phe
65 70 75 80

Val His Arg Trp His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr Gly Gly
85 90 95

His Gly Met Gly Asp Tyr Val Glu Leu Glu Gln Asn Arg Val Ser Leu
100 105 110

Gln Val His Glu Leu Ala Asp Val Phe Gly Thr Arg Val Phe Glu Ala
115 120 125

Val Leu Phe Asp Ala Cys Phe Met Ala Asn Ile Asp Cys Ala Tyr His
130 135 140

Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr Met Trp
145 150 155 160

Glu Pro Asp Thr Ala Leu Asp Tyr His Val Phe Asn Thr His Asn Ala
165 170 175

Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys Asp Pro Leu His Ile Leu Arg Val Ile
180 185 190

ES 2 490 193 T3

Gln Thr Asp Tyr Cys Ser Lys Ala Pro Arg Gly Asp Phe Thr Ile Ile
 195 200 205

Asp Thr Thr His Ile Ala Ala Leu Arg Gln Tyr Val Gln Glu His Val
 210 215 220

Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Ser Leu Pro Gln Arg
 225 230 235 240

Glu Arg Leu Gln Gln Ile Ala Glu Ala Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser
 245 250 255

Gln Phe Gly His Pro Gly Gly Asp Thr Asn Val Ile Asn Gly Val Gly
 260 265 270

Ser Gly Thr Asp Arg Pro Arg Thr Ala Pro Ser Ser Pro Glu Val Leu
 275 280 285

Ala Leu Ser Ala Ala Gly Arg Pro Thr Arg Arg Gln Arg Met Leu Gln
 290 295 300

Ala Ile Gln Phe Glu His Ser Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp Lys
 305 310 315 320

Gln Leu Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Thr Asp Met Leu His Glu Glu
 325 330 335

Gln Gln Leu Lys Ala Trp Glu Ala Ala Ala Leu Gly Pro Gln Arg Arg
 340 345 350

Ile Ala Ala Gly Arg Arg Arg Val Arg Ser Asp Ala Leu Gln His Gly
 355 360 365

Gly Ser Ser Gly Ile Ala Ala Pro Ser Thr Ala Ser Ser Ser Phe Ala
 370 375 380

Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Ala Asp Arg His Gly
 385 390 395 400

Arg Pro Pro Ala Ala Ser Ser Ala Glu Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly
 405 410 415

Gly Pro Ala Ala Ala His Asp Thr Gln Lys Gly Ala Thr Ala Leu Ser
 420 425 430

ES 2 490 193 T3

Pro Pro Val Leu Ala Thr Thr Pro Thr Lys Ala Ala Pro Pro Pro Pro
 435 440 445

Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu
 450 455 460

Phe Tyr Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile
 465 470 475 480

Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Phe Thr Val His Glu Tyr Ser
 485 490 495

Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Leu Val Gly Ser Lys Arg Leu
 500 505 510

Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu
 515 520 525

Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Ala Ser Val Thr Ser Ala Ala
 530 535 540

Leu Val Ala Ala Val Asp Lys Val Thr Ala Thr Ala Ala Val Thr
 545 550 555 560

Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Glu Pro Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu
 565 570 575

Pro Leu Ser Pro Arg Ala His Met Pro Ser Thr Asp Gln Arg Leu Arg
 580 585 590

Phe Thr Ser Ser Gly Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Ser Leu
 595 600 605

Ser Leu Ser Val Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Tyr Asn Asn
 610 615 620

Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Ser Pro Gln Arg Ala Ala Ser Tyr
 625 630 635 640

Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Glu Arg Thr Ser Ala Cys
 645 650

<210> 53
 <211> 1962
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania infantum

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1962)

<400> 53

ES 2 490 193 T3

atg ccg ccg agg cgc tgc cca aac cgc ctc ctg gtg ctg tgc gcc tcc	48
Met Pro Pro Arg Arg Cys Pro Asn Arg Leu Leu Val Leu Cys Ala Ser	
1 5 10 15	
atc aat gat gtc aca gca tgg ccg ttt tgg aag ttc ttg cag atg aag	96
Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln Met Lys	
20 25 30	
aag att cgc ggc gtg acg gac atg gcg ctg ctc gcc ttc aac agc gac	144
Lys Ile Arg Gly Val Thr Asp Met Ala Leu Leu Ala Phe Asn Ser Asp	
35 40 45	
ggc ggc agc ttt gag gct cgc atc gat ggc gac agg tac cag ctc aag	192
Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Asp Arg Tyr Gln Leu Lys	
50 55 60	
aac tac gcc aag gtg cgc ggc tac cag cac gac atg ttt gag agc ttc	240
Asn Tyr Ala Lys Val Arg Gly Tyr Gln His Asp Met Phe Glu Ser Phe	
65 70 75 80	
gtg cat cgc tgg cac gat ccg ggc cga agc tat ttc gtg tat ggc ggg	288
Val His Arg Trp His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr Gly Gly	
85 90 95	
cat ggt atg ggc gac tat gtg gag cta gag cag aac cgt gtt tcc ctg	336
His Gly Met Gly Asp Tyr Val Glu Leu Gln Asn Arg Val Ser Leu	
100 105 110	
cag gcg cac gag ctc gcc gac gtc ttc ggc acg cgt gtc ttc gaa gcc	384
Gln Ala His Glu Leu Ala Asp Val Phe Gly Thr Arg Val Phe Glu Ala	
115 120 125	
gtg ctc ttt gac gcc tgc ttc atg gcg aac ctt gac tgc gcc tat cat	432
Val Leu Phe Asp Ala Cys Phe Met Ala Asn Leu Asp Cys Ala Tyr His	
130 135 140	
ctg cgc cac aac acg ccg tac atc ggt gcc tgt gag ggg tac atg tgg	480
Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr Met Trp	
145 150 155 160	
gag cct gac acg gcc ctc gac tac cat gtc ttc aac acc cac aac gcg	528
Glu Pro Asp Thr Ala Leu Asp Tyr His Val Phe Asn Thr His Asn Ala	
165 170 175	
agc gcc atg agc cgc ttc aaa gac ccg ctg cac atc ctc cgc gtt att	576
Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys Asp Pro Leu His Ile Leu Arg Val Ile	
180 185 190	
cag gcg gac tac tgc agc aag gcg ccg cgt ggc gac ttc acc atc atc	624
Gln Ala Asp Tyr Cys Ser Lys Ala Pro Arg Gly Asp Phe Thr Ile Ile	
195 200 205	
gac acc acg cac att gcg gcg ctg ccg cag tac gtg cag gag cat gtc	672
Asp Thr Thr His Ile Ala Ala Leu Arg Gln Tyr Val Gln Glu His Val	

ES 2 490 193 T3

210	215	220	
atg cag cgc gtt tat gac cgg gcg acc ttc tac agc cta ccg cag cga			720
Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Ser Leu Pro Gln Arg			
225	230	235	240
gag cga ctg cag caa atc gcc gag gcg tcg att cag gcg tcc ata tcc			768
Glu Arg Leu Gln Gln Ile Ala Glu Ala Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser			
	245	250	255
cag ttt ggc cac ccc gcc ggt gac acc aac gtg atg aat gcc gtt gcc			816
Gln Phe Gly His Pro Gly Gly Asp Thr Asn Val Met Asn Gly Val Gly			
	260	265	270
agt ggt act gcc cgc ccg cgc acc gcc cca tcg tca ccc gag gtg ctt			864
Ser Gly Thr Gly Arg Pro Arg Thr Ala Pro Ser Ser Pro Glu Val Leu			
	275	280	285
gcg ctt tcc gcc gcc ggt aga ccg acg cgg cgg cag cga atg ctg cag			912
Ala Leu Ser Ala Ala Gly Arg Pro Thr Arg Arg Gln Arg Met Leu Gln			
	290	295	300
gcg att cag ttt gag cac tcg ctg tac ccg tcg gag gta gac gac aaa			960
Ala Ile Gln Phe Glu His Ser Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp Lys			
305	310	315	320
cag ctg ctc gac ctc aag tcg tat ctc acg gac atg ctg cgg gag gag			1008
Gln Leu Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Thr Asp Met Leu Arg Glu Glu			
	325	330	335
cag cag cta aag gcg tgg gag gca gcg gcg ctg ggg ccg cag cgc cgc			1056
Gln Gln Leu Lys Ala Trp Glu Ala Ala Ala Leu Gly Pro Gln Arg Arg			
	340	345	350
att gcg gct gcc cgc cgc cgc ttg cga agt gat gca ctg cag cat ggt			1104
Ile Ala Ala Gly Arg Arg Arg Leu Arg Ser Asp Ala Leu Gln His Gly			
	355	360	365
ggc agc tcc gga atc gcc gcc ccc tcc tcc gcc tcg tcc tcc ttc gcc			1152
Gly Ser Ser Gly Ile Ala Ala Pro Ser Ser Ala Ser Ser Ser Phe Ala			
	370	375	380
gtc tgg aag gcg ccg ccg tcg cgg gcg ctg ttt gtt gat cgg cac gga			1200
Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Val Asp Arg His Gly			
385	390	395	400
cgg ctg cct gct gcc agc tct aca ggg tgc tcg ccg tcc atc aac ggt			1248
Arg Leu Pro Ala Ala Ser Ser Thr Gly Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly			
	405	410	415
ggc cca gcc gca gca aac gac aag caa aaa gag gcg acg gcg ctc tct			1296
Gly Pro Ala Ala Ala Asn Asp Lys Gln Lys Glu Ala Thr Ala Leu Ser			
	420	425	430
cct cca gcc ctt gca gcc act cta acg atg gca aca gcg ccg cct ccg			1344
Pro Pro Ala Leu Ala Ala Thr Leu Thr Met Ala Thr Ala Pro Pro Pro			
	435	440	445
tct ctc tcc acc tct tac aag gcc agc gcg cag gag ggg cta gat ctt			1392
Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu			
450	455	460	

ES 2 490 193 T3

ttt cac cag gtt gtc gtg agc cac atc cca ccc aag gcc gct tcc atc 1440
 Phe His Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile
 465 470 475 480
 tac gca acc cag ctc ggg ggg cta tcc tta acg gtg cac gag tac agt 1488
 Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Leu Thr Val His Glu Tyr Ser
 485 490 495
 gcc atg tcg cgg ccg gca gag ccg tgg tcg gtg ggc tcg aag agg ttg 1536
 Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Ser Val Gly Ser Lys Arg Leu
 500 505 510
 ctg aag cgc cgg gca aag caa ttc ctg aag aac ggc gaa ctc tcg gag 1584
 Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu
 515 520 525
 gtg gtg atg gag tcc ccg aag gcg agc cca tcc gtc acc agc gct gcc 1632
 Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Pro Ser Val Thr Ser Ala Ala
 530 535 540
 ctc gcg gca acc gtg aac aag gcg aca gcg acg gcc gcg gca gtg aag 1680
 Leu Ala Ala Thr Val Asn Lys Ala Thr Ala Thr Ala Ala Ala Val Lys
 545 550 555 560
 ggt gct tct gca gga aaa ccc cag cat gcg act tcc gcc gcc gcg ctg 1728
 Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Gln His Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu
 565 570 575
 ccg cta tca ccc aga aca cga atg ctc ttc ccg gac cag cgt ctg agt 1776
 Pro Leu Ser Pro Arg Thr Arg Met Leu Phe Pro Asp Gln Arg Leu Ser
 580 585 590
 ttc acg agc agc agt aat ggc aca gac agc gac agc tcc ttg ccg ctc 1824
 Phe Thr Ser Ser Ser Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Pro Leu
 595 600 605
 agc ttg tcc gca ccg ctt tcc acc tca tcc acg gat gca tgc aac agc 1872
 Ser Leu Ser Ala Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Cys Asn Ser
 610 615 620
 agc atg aaa aca gta att ctc gac ccg cca cag cgg gct gcc tcc tgt 1920
 Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Pro Pro Gln Arg Ala Ala Ser Cys
 625 630 635 640
 acg tcg tta ccc aac tcc aaa caa cgt aca agc gcc tgc tga 1962
 Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Gln Arg Thr Ser Ala Cys
 645 650

<210> 54
 <211> 653
 <212> PRT
 <213> Leishmania infantum

<400> 54
 Met Pro Pro Arg Arg Cys Pro Asn Arg Leu Leu Val Leu Cys Ala Ser
 1 5 10 15

5

ES 2 490 193 T3

Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp Pro Phe Trp Lys Phe Leu Gln Met Lys
 20 25 30

Lys Ile Arg Gly Val Thr Asp Met Ala Leu Leu Ala Phe Asn Ser Asp
 35 40 45

Gly Gly Ser Phe Glu Ala Arg Ile Asp Gly Asp Arg Tyr Gln Leu Lys
 50 55 60

Asn Tyr Ala Lys Val Arg Gly Tyr Gln His Asp Met Phe Glu Ser Phe
 65 70 75 80

Val His Arg Trp His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr Gly Gly
 85 90 95

His Gly Met Gly Asp Tyr Val Glu Leu Glu Gln Asn Arg Val Ser Leu
 100 105 110

Gln Ala His Glu Leu Ala Asp Val Phe Gly Thr Arg Val Phe Glu Ala
 115 120 125

Val Leu Phe Asp Ala Cys Phe Met Ala Asn Leu Asp Cys Ala Tyr His
 130 135 140

Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr Met Trp
 145 150 155 160

Glu Pro Asp Thr Ala Leu Asp Tyr His Val Phe Asn Thr His Asn Ala
 165 170 175

Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys Asp Pro Leu His Ile Leu Arg Val Ile
 180 185 190

Gln Ala Asp Tyr Cys Ser Lys Ala Pro Arg Gly Asp Phe Thr Ile Ile
 195 200 205

Asp Thr Thr His Ile Ala Ala Leu Arg Gln Tyr Val Gln Glu His Val
 210 215 220

Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Ser Leu Pro Gln Arg
 225 230 235 240

Glu Arg Leu Gln Gln Ile Ala Glu Ala Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser
 245 250 255

Gln Phe Gly His Pro Gly Gly Asp Thr Asn Val Met Asn Gly Val Gly

ES 2 490 193 T3

260	265	270
Ser Gly Thr Gly Arg Pro Arg Thr Ala Pro Ser Ser Pro Glu Val Leu 275	280	285
Ala Leu Ser Ala Ala Gly Arg Pro Thr Arg Arg Gln Arg Met Leu Gln 290	295	300
Ala Ile Gln Phe Glu His Ser Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp Lys 305	310	315
Gln Leu Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Thr Asp Met Leu Arg Glu Glu 325	330	335
Gln Gln Leu Lys Ala Trp Glu Ala Ala Ala Leu Gly Pro Gln Arg Arg 340	345	350
Ile Ala Ala Gly Arg Arg Arg Leu Arg Ser Asp Ala Leu Gln His Gly 355	360	365
Gly Ser Ser Gly Ile Ala Ala Pro Ser Ser Ala Ser Ser Ser Phe Ala 370	375	380
Val Trp Lys Ala Pro Pro Ser Arg Ala Leu Phe Val Asp Arg His Gly 385	390	395
Arg Leu Pro Ala Ala Ser Ser Thr Gly Cys Ser Pro Ser Ile Asn Gly 405	410	415
Gly Pro Ala Ala Ala Asn Asp Lys Gln Lys Glu Ala Thr Ala Leu Ser 420	425	430
Pro Pro Ala Leu Ala Ala Thr Leu Thr Met Ala Thr Ala Pro Pro Pro 435	440	445
Ser Leu Ser Thr Ser Tyr Lys Gly Ser Ala Gln Glu Gly Leu Asp Leu 450	455	460
Phe His Gln Val Val Val Ser His Ile Pro Pro Lys Ala Ala Ser Ile 465	470	475
Tyr Ala Thr Gln Leu Gly Gly Leu Ser Leu Thr Val His Glu Tyr Ser 485	490	495
Ala Met Ser Arg Pro Ala Glu Pro Trp Ser Val Gly Ser Lys Arg Leu 500	505	510

ES 2 490 193 T3

Leu Lys Arg Arg Ala Lys Gln Phe Leu Lys Asn Gly Glu Leu Ser Glu
515 520 525

Val Val Met Glu Ser Pro Lys Ala Ser Pro Ser Val Thr Ser Ala Ala
530 535 540

Leu Ala Ala Thr Val Asn Lys Ala Thr Ala Thr Ala Ala Ala Val Lys
545 550 555 560

Gly Ala Ser Ala Gly Lys Pro Gln His Ala Thr Ser Ala Ala Ala Leu
565 570 575

Pro Leu Ser Pro Arg Thr Arg Met Leu Phe Pro Asp Gln Arg Leu Ser
580 585 590

Phe Thr Ser Ser Ser Asn Gly Thr Asp Ser Asp Ser Ser Leu Pro Leu
595 600 605

Ser Leu Ser Ala Pro Leu Ser Thr Ser Ser Thr Asp Ala Cys Asn Ser
610 615 620

Ser Met Lys Thr Val Ile Leu Asp Pro Pro Gln Arg Ala Ala Ser Cys
625 630 635 640

Thr Ser Leu Pro Asn Ser Lys Gln Arg Thr Ser Ala Cys
645 650

<210> 55

<211> 1593

5 <212> ADN

<213> Trypanosoma brucei

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(1593)

<400> 55

atg ttg tcc cga gcc cca cga cca aat aac cgc ctc atc gtg gtc tgc 48
Met Leu Ser Arg Ala Pro Arg Pro Asn Asn Arg Leu Ile Val Val Cys
1 5 10 15

agt tgc att aaa aat gtg tcg ggg tgg cca ttc tgg aag ttt cag caa 96
Ser Cys Ile Lys Asn Val Ser Gly Trp Pro Phe Trp Lys Phe Gln Gln
20 25 30

atg agg aag gta aag ggc gtt acc gat ctt tgc atg ctt gcc ttt aac 144
Met Arg Lys Val Lys Gly Val Thr Asp Leu Cys Met Leu Ala Phe Asn
35 40 45

ES 2 490 193 T3

tcc agt ggt ggg agc ttt gaa gca agt atc act ggg agc gac tac aca	192
Ser Ser Gly Gly Ser Phe Glu Ala Ser Ile Thr Gly Ser Asp Tyr Thr	
50 55 60	
ttg aag aac tac gaa aat gtt gtt ggc tat cgt cag gac atg ctt gaa	240
Leu Lys Asn Tyr Glu Asn Val Val Gly Tyr Arg Gln Asp Met Leu Glu	
65 70 75 80	
gac ttt cta cag cgt tgc cac gac ccc ggt cgg agt tat ttt gtg tac	288
Asp Phe Leu Gln Arg Cys His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr	
85 90 95	
ggg ggt cat ggg atg gga gat tac ctg gaa tta gag gag aac aaa ctg	336
Gly Gly His Gly Met Gly Asp Tyr Leu Glu Leu Glu Glu Asn Lys Leu	
100 105 110	
gcg ttg caa tgc cat gag ctc gcc tcc att ctc ggc aag cga aaa ttt	384
Ala Leu Gln Cys His Glu Leu Ala Ser Ile Leu Gly Lys Arg Lys Phe	
115 120 125	
gag gcg atg gtc ttt gat tgc tgt ttt atg gcc agt ctc gaa tgc gct	432
Glu Ala Met Val Phe Asp Ser Cys Phe Met Ala Ser Leu Glu Cys Ala	
130 135 140	
tat caa cta cgc cat aac aca cgt tac att ggg gcc tgt gag ggt tat	480
Tyr Gln Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr	
145 150 155 160	
gtg tgg gca cct gac ccc aac ctt gac caa cac gtc ttt aac cag tac	528
Val Trp Ala Pro Asp Pro Asn Leu Asp Gln His Val Phe Asn Gln Tyr	
165 170 175	
tct gcc tct gct atg agt cgc ttt aaa cat cca aaa aac atc cta ctt	576
Ser Ala Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys His Pro Lys Asn Ile Leu Leu	
180 185 190	
gcc atc cag aga gac tac tgc aac aag tct cct ctc gcc gac ttc gct	624
Ala Ile Gln Arg Asp Tyr Cys Asn Lys Ser Pro Leu Ala Asp Phe Ala	
195 200 205	
gtg ttg gat acc act cat gtg gag tgc ctc aag aag tat gtt gaa gaa	672
Val Leu Asp Thr Thr His Val Glu Ser Leu Lys Lys Tyr Val Glu Glu	
210 215 220	
cat gtg atg cag cga gta tac gat cga gca acg ttt tac aac agt gag	720
His Val Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Asn Ser Glu	
225 230 235 240	
cag cag cag agg ttg agt agt atc gca cag aaa gaa ttg caa aac gcc	768
Gln Gln Gln Arg Leu Ser Ser Ile Ala Gln Lys Glu Leu Gln Asn Ala	
245 250 255	
tat gag gat atc aaa tgt gga gcc aag atg cta gct gcc gcg ccg tta	816
Tyr Glu Asp Ile Lys Cys Gly Ala Lys Met Leu Ala Ala Ala Pro Leu	
260 265 270	
aca gca cag gcg ccc tta tgc acg gcg ctg cgg aga gat tgc ggg gac	864
Thr Ala Gln Ala Pro Leu Cys Thr Ala Leu Arg Arg Asp Ser Gly Asp	
275 280 285	
cta att cca aag aag aag aag agg gag ccg gct cgc tta gct ctt ttg	912

ES 2 490 193 T3

Leu Ile Pro Lys Lys Lys Lys Arg Glu Pro Ala Arg Leu Ala Leu Leu
 290 295 300

cgg gct gcg cat ttt gaa cat gct tta tac cct tcg gag gtg gat gac 960
 Arg Ala Ala His Phe Glu His Ala Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp
 305 310 315 320

aag cac ata ctc gac cta aaa tcc tat ctt att gac atg gcg cgt gag 1008
 Lys His Ile Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Ile Asp Met Ala Arg Glu
 325 330 335

gag gag gag gga gcc ctt gtt ctg cca aaa ggg agt gag tta ata tca 1056
 Glu Glu Glu Gly Ala Leu Val Leu Pro Lys Gly Ser Glu Leu Ile Ser
 340 345 350

aca tca ggt gcc tgt ggt gcc ctt aag gga ccg cca cca cgt acc ggt 1104
 Thr Ser Gly Ala Cys Gly Ala Leu Lys Gly Pro Pro Pro Arg Thr Gly
 355 360 365

gtt gtg gag gtt cat ggt agc ctt cca ccg cgg gaa aca cat aat agc 1152
 Val Val Glu Val His Gly Ser Leu Pro Pro Arg Glu Thr His Asn Ser
 370 375 380

gca cga tac ggg cga gac agc cgc cat aaa ggc ctc gac cta ttc cac 1200
 Ala Arg Tyr Gly Arg Asp Ser Arg His Lys Gly Leu Asp Leu Phe His
 385 390 395 400

cgt gtc gtt att agt cat aga caa ccc cgt aga aag agc ata tac gct 1248
 Arg Val Val Ile Ser His Arg Gln Pro Arg Arg Lys Ser Ile Tyr Ala
 405 410 415

tcg cac ttg ggt ggg ctc tct ttc ccc gtg ttg gaa tac agc cca ttg 1296
 Ser His Leu Gly Gly Leu Ser Phe Pro Val Leu Glu Tyr Ser Pro Leu
 420 425 430

tcg aag ccg ctg cgg gat tgg gag ggt atg gac aag aag gag ttg ttg 1344
 Ser Lys Pro Leu Arg Asp Trp Glu Gly Met Asp Lys Lys Glu Leu Leu
 435 440 445

cga aaa gca agg gag ttc cta cga aag ggt gtt gtg gag ggt gtt cag 1392
 Arg Lys Ala Arg Glu Phe Leu Arg Lys Gly Val Val Glu Gly Val Gln
 450 455 460

atg agt gag agt gga gcc agc gaa tgt ggt gtt agg ggt gcc agt agc 1440
 Met Ser Glu Ser Gly Ala Ser Glu Cys Gly Val Arg Gly Gly Ser Ser
 465 470 475 480

agc atc acc gaa aat agt gat agc gtg gcg tca tcc atg gtt tct cca 1488
 Ser Ile Thr Glu Asn Ser Asp Ser Val Ala Ser Ser Met Val Ser Pro
 485 490 495

cag aat gtg aag ttg gga att gca ccg tca gca tta atg cgc gca tca 1536
 Gln Asn Val Lys Leu Gly Ile Ala Pro Ser Ala Leu Met Arg Ala Ser
 500 505 510

ttg acg aca cca tcg tcg gga gct cca gga caa acc gtg agc agt gag 1584
 Leu Thr Thr Pro Ser Ser Gly Ala Pro Gly Gln Thr Val Ser Ser Glu
 515 520 525

aac ggc taa 1593
 Asn Gly
 530

- <210> 56
- 5 <211> 530
- <212> PRT
- <213> Trypanosoma brucei
- <400> 56

ES 2 490 193 T3

Met Leu Ser Arg Ala Pro Arg Pro Asn Asn Arg Leu Ile Val Val Cys
 1 5 10 15

Ser Cys Ile Lys Asn Val Ser Gly Trp Pro Phe Trp Lys Phe Gln Gln
 20 25 30

Met Arg Lys Val Lys Gly Val Thr Asp Leu Cys Met Leu Ala Phe Asn
 35 40 45

Ser Ser Gly Gly Ser Phe Glu Ala Ser Ile Thr Gly Ser Asp Tyr Thr
 50 55 60

Leu Lys Asn Tyr Glu Asn Val Val Gly Tyr Arg Gln Asp Met Leu Glu
 65 70 75 80

Asp Phe Leu Gln Arg Cys His Asp Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Val Tyr
 85 90 95

Gly Gly His Gly Met Gly Asp Tyr Leu Glu Leu Glu Glu Asn Lys Leu
 100 105 110

Ala Leu Gln Cys His Glu Leu Ala Ser Ile Leu Gly Lys Arg Lys Phe
 115 120 125

Glu Ala Met Val Phe Asp Ser Cys Phe Met Ala Ser Leu Glu Cys Ala
 130 135 140

Tyr Gln Leu Arg His Asn Thr Arg Tyr Ile Gly Ala Cys Glu Gly Tyr
 145 150 155 160

Val Trp Ala Pro Asp Pro Asn Leu Asp Gln His Val Phe Asn Gln Tyr
 165 170 175

Ser Ala Ser Ala Met Ser Arg Phe Lys His Pro Lys Asn Ile Leu Leu
 180 185 190

Ala Ile Gln Arg Asp Tyr Cys Asn Lys Ser Pro Leu Ala Asp Phe Ala
 195 200 205

ES 2 490 193 T3

Val Leu Asp Thr Thr His Val Glu Ser Leu Lys Lys Tyr Val Glu Glu
 210 215 220

His Val Met Gln Arg Val Tyr Asp Arg Ala Thr Phe Tyr Asn Ser Glu
 225 230 235 240

Gln Gln Gln Arg Leu Ser Ser Ile Ala Gln Lys Glu Leu Gln Asn Ala
 245 250 255

Tyr Glu Asp Ile Lys Cys Gly Ala Lys Met Leu Ala Ala Ala Pro Leu
 260 265 270

Thr Ala Gln Ala Pro Leu Cys Thr Ala Leu Arg Arg Asp Ser Gly Asp
 275 280 285

Leu Ile Pro Lys Lys Lys Lys Arg Glu Pro Ala Arg Leu Ala Leu Leu
 290 295 300

Arg Ala Ala His Phe Glu His Ala Leu Tyr Pro Ser Glu Val Asp Asp
 305 310 315 320

Lys His Ile Leu Asp Leu Lys Ser Tyr Leu Ile Asp Met Ala Arg Glu
 325 330 335

Glu Glu Glu Gly Ala Leu Val Leu Pro Lys Gly Ser Glu Leu Ile Ser
 340 345 350

Thr Ser Gly Ala Cys Gly Ala Leu Lys Gly Pro Pro Pro Arg Thr Gly
 355 360 365

Val Val Glu Val His Gly Ser Leu Pro Pro Arg Glu Thr His Asn Ser
 370 375 380

Ala Arg Tyr Gly Arg Asp Ser Arg His Lys Gly Leu Asp Leu Phe His
 385 390 395 400

Arg Val Val Ile Ser His Arg Gln Pro Arg Arg Lys Ser Ile Tyr Ala
 405 410 415

Ser His Leu Gly Gly Leu Ser Phe Pro Val Leu Glu Tyr Ser Pro Leu
 420 425 430

Ser Lys Pro Leu Arg Asp Trp Glu Gly Met Asp Lys Lys Glu Leu Leu
 435 440 445

ES 2 490 193 T3

Arg Lys Ala Arg Glu Phe Leu Arg Lys Gly Val Val Glu Gly Val Gln
 450 455 460

Met Ser Glu Ser Gly Ala Ser Glu Cys Gly Val Arg Gly Gly Ser Ser
 465 470 475 480

Ser Ile Thr Glu Asn Ser Asp Ser Val Ala Ser Ser Met Val Ser Pro
 485 490 495

Gln Asn Val Lys Leu Gly Ile Ala Pro Ser Ala Leu Met Arg Ala Ser
 500 505 510

Leu Thr Thr Pro Ser Ser Gly Ala Pro Gly Gln Thr Val Ser Ser Glu
 515 520 525

Asn Gly
 530

<210> 57
 <211> 612
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(612)

<400> 57
 atg cgg tgg gtg ata gtt gta ttt gct tta ttt gcc ttc atg gct gtg 48
 Met Arg Trp Val Ile Val Phe Ala Leu Phe Ala Phe Met Ala Val
 1 5 10 15
 gga tct ctg gcc cag ctc gat aca ctg ccg ttc cta ttt gtc tcc aag 96
 Gly Ser Leu Ala Gln Leu Asp Thr Leu Pro Phe Leu Phe Val Ser Lys
 20 25 30
 tcc gtc tca gac gac tac gtg gta gct ggt aac agc gtg gag ttc act 144
 Ser Val Ser Asp Asp Tyr Val Val Ala Gly Asn Ser Val Glu Phe Thr
 35 40 45
 gtc act gtt tac aac tac ggc cag agc cct gcg atg gat gtg aca gtc 192
 Val Thr Val Tyr Asn Tyr Gly Gln Ser Pro Ala Met Asp Val Thr Val
 50 55 60
 aca gac att ttg gtg gac ggc acg aca cgt aca aag cgt gta gaa atg 240
 Thr Asp Ile Leu Val Asp Gly Thr Thr Arg Thr Lys Arg Val Glu Met
 65 70 75 80
 ctt tcc ttt gga gag agt gcc gtg ctg aag tac acc gta ata ccg aaa 288
 Leu Ser Phe Gly Glu Ser Ala Val Leu Lys Tyr Thr Val Ile Pro Lys
 85 90 95
 gag ctt ggc aac tac gtt gtt ggc gtt gca gag gtg aca tat gcc ctg 336
 Glu Leu Gly Asn Tyr Val Val Gly Val Ala Glu Val Thr Tyr Ala Leu

ES 2 490 193 T3

100	105	110	
gag aag ggg aag cca gct aca cac aga gcg tac agc aat gtc att cgc			384
Glu Lys Gly Lys Pro Ala Thr His Arg Ala Tyr Ser Asn Val Ile Arg			
115	120	125	
gag agt aat gcg cac ttc ctg gga gaa aaa tac gac gac gag agt ttt			432
Glu Ser Asn Ala His Phe Leu Gly Glu Lys Tyr Asp Asp Glu Ser Phe			
130	135	140	
cgt gga gtt gtg tcg gtt gta acg cgg gaa cgt tac gat cgt tta cac			480
Arg Gly Val Val Ser Val Val Thr Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu His			
145	150	155	160
aag cgg tat gtt cgt gaa att gtg gcg tat agt ata ctt tgc gtc att			528
Lys Arg Tyr Val Arg Glu Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Cys Val Ile			
165	170	175	
ccc gcg ctt ttt cct ttt ttt gtt tac cgc gcg gag caa aat cag gtg			576
Pro Ala Leu Phe Pro Phe Phe Val Tyr Arg Ala Glu Gln Asn Gln Val			
180	185	190	
gaa ctt ctg att cgc cgc tcc aaa ctc aac aag tag			612
Glu Leu Leu Ile Arg Arg Ser Lys Leu Asn Lys			
195	200		

<210> 58
 <211> 203
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

5

<400> 58
 Met Arg Trp Val Ile Val Val Phe Ala Leu Phe Ala Phe Met Ala Val
 1 5 10 15

Gly Ser Leu Ala Gln Leu Asp Thr Leu Pro Phe Leu Phe Val Ser Lys
 20 25 30

Ser Val Ser Asp Asp Tyr Val Val Ala Gly Asn Ser Val Glu Phe Thr
 35 40 45

Val Thr Val Tyr Asn Tyr Gly Gln Ser Pro Ala Met Asp Val Thr Val
 50 55 60

Thr Asp Ile Leu Val Asp Gly Thr Thr Arg Thr Lys Arg Val Glu Met
 65 70 75 80

Leu Ser Phe Gly Glu Ser Ala Val Leu Lys Tyr Thr Val Ile Pro Lys
 85 90 95

Glu Leu Gly Asn Tyr Val Val Gly Val Ala Glu Val Thr Tyr Ala Leu
 100 105 110

ES 2 490 193 T3

Glu Lys Gly Lys Pro Ala Thr His Arg Ala Tyr Ser Asn Val Ile Arg
 115 120 125

Glu Ser Asn Ala His Phe Leu Gly Glu Lys Tyr Asp Asp Glu Ser Phe
 130 135 140

Arg Gly Val Val Ser Val Val Thr Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu His
 145 150 155 160

Lys Arg Tyr Val Arg Glu Ile Val Ala Tyr Ser Ile Leu Cys Val Ile
 165 170 175

Pro Ala Leu Phe Pro Phe Phe Val Tyr Arg Ala Glu Gln Asn Gln Val
 180 185 190

Glu Leu Leu Ile Arg Arg Ser Lys Leu Asn Lys
 195 200

<210> 59
 <211> 639
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania major

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(639)

<400> 59
 atg gcc gct ctc aag gtg ctg ctc tta ctg tgc ttg gcc acc ttg gtg 48
 Met Ala Ala Leu Lys Val Leu Leu Leu Cys Leu Ala Thr Leu Val
 1 5 10 15
 gcg acg acg tgc ttc gcg cag gtg gcg cag gag gca gag ata aat cca 96
 Ala Thr Thr Cys Phe Ala Gln Val Ala Gln Glu Ala Glu Ile Asn Pro
 20 25 30
 cac ccg ctg ctg ttt gtg tcc aag acg aca tcg aac gac gac atc gtc 144
 His Pro Leu Leu Phe Val Ser Lys Thr Thr Ser Asn Asp Asp Ile Val
 35 40 45
 ctt gcc tcc tct gtg gag gtg gtg gtc acg gtg acg aac tac ggc cag 192
 Leu Gly Ser Ser Val Glu Val Val Val Thr Val Thr Asn Tyr Gly Gln
 50 55 60
 agt ccc gcc ttt gac gtg cag ata tct gac ctg ctg gat gac ggc tcg 240
 Ser Pro Ala Phe Asp Val Gln Ile Ser Asp Leu Leu Asp Asp Gly Ser
 65 70 75 80
 ctg cag agc aag tct atc gcc tac ctc ccc tac agc gct tcg gag acg 288
 Leu Gln Ser Lys Ser Ile Ala Tyr Leu Pro Tyr Ser Ala Ser Glu Thr
 85 90 95
 ctg cgc tac acg gtg acc cct acc gca ctg ggc aac tac gcc gtc tcc 336

ES 2 490 193 T3

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

ggt gct gag gtg acg tac aat gtg gag cag ggc aat cct gcg acg tcc 384
 Val Ala Glu Val Thr Tyr Asn Val Glu Gln Gly Asn Pro Ala Thr Ser
 115 120 125

cgc aag gct ctc agc aac ctg atc cgc gag ggt gag gcg tac tac tat 432
 Arg Lys Ala Leu Ser Asn Leu Ile Arg Glu Gly Glu Ala Tyr Tyr Tyr
 130 135 140

ggc gag ggt gtc gat gac gag agc ttt cgc ggc gtc atc tcc gtt ctc 480
 Gly Glu Gly Val Asp Asp Glu Ser Phe Arg Gly Val Ile Ser Val Leu
 145 150 155 160

acc cgc gac cgc tac gac cgc ctg cac gcg cgc tac atc aag gag tcg 528
 Thr Arg Asp Arg Tyr Asp Arg Leu His Ala Arg Tyr Ile Lys Glu Ser
 165 170 175

acg gcg tac atc ttc cta ggc gcc atc ccg gct ctg ttt ccc tac gtg 576
 Thr Ala Tyr Ile Phe Leu Gly Ala Ile Pro Ala Leu Phe Pro Tyr Val
 180 185 190

cta tac cgc gtg aag cag agc gag gtg gat gcg ctg ctc cgc cag cgc 624
 Leu Tyr Arg Val Lys Gln Ser Glu Val Asp Ala Leu Leu Arg Gln Arg
 195 200 205

aag gcc agc aag tag 639
 Lys Ala Ser Lys
 210

<210> 60
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> Leishmania major

5

<400> 60
 Met Ala Ala Leu Lys Val Leu Leu Leu Leu Cys Leu Ala Thr Leu Val
 1 5 10 15

Ala Thr Thr Cys Phe Ala Gln Val Ala Gln Glu Ala Glu Ile Asn Pro
 20 25 30

His Pro Leu Leu Phe Val Ser Lys Thr Thr Ser Asn Asp Asp Ile Val
 35 40 45

Leu Gly Ser Ser Val Glu Val Val Val Thr Val Thr Asn Tyr Gly Gln
 50 55 60

Ser Pro Ala Phe Asp Val Gln Ile Ser Asp Leu Leu Asp Asp Gly Ser
 65 70 75 80

Leu Gln Ser Lys Ser Ile Ala Tyr Leu Pro Tyr Ser Ala Ser Glu Thr
 85 90 95

ES 2 490 193 T3

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

Val Ala Glu Val Thr Tyr Asn Val Glu Gln Gly Asn Pro Ala Thr Ser
 115 120 125

Arg Lys Ala Leu Ser Asn Leu Ile Arg Glu Gly Glu Ala Tyr Tyr Tyr
 130 135 140

Gly Glu Gly Val Asp Asp Glu Ser Phe Arg Gly Val Ile Ser Val Leu
 145 150 155 160

Thr Arg Asp Arg Tyr Asp Arg Leu His Ala Arg Tyr Ile Lys Glu Ser
 165 170 175

Thr Ala Tyr Ile Phe Leu Gly Ala Ile Pro Ala Leu Phe Pro Tyr Val
 180 185 190

Leu Tyr Arg Val Lys Gln Ser Glu Val Asp Ala Leu Leu Arg Gln Arg
 195 200 205

Lys Ala Ser Lys
 210

- <210> 61
- <211> 639
- 5 <212> ADN
- <213> Leishmania infantum

- <220>
- <221> CDS
- 10 <222> (1).. (639)

<400> 61
 atg gcc act ctc aag gtg ctg ctc tta ctg tgc ttg gcc acc ttg gtg 48
 Met Ala Thr Leu Lys Val Leu Leu Leu Leu Cys Leu Ala Thr Leu Val
 1 5 10 15

gca acg acg tgt ttc gcg cag gtg gcg cag gag gca gag ata aat ccg 96
 Ala Thr Thr Cys Phe Ala Gln Val Ala Gln Glu Ala Glu Ile Asn Pro
 20 25 30

cat ccg ctg ctg ttt gtg tcc aag acg aca tcg agc gac gac atc gtt 144
 His Pro Leu Leu Phe Val Ser Lys Thr Thr Ser Ser Asp Asp Ile Val
 35 40 45

ctc gga tcc tcc gtg gag gtg gtg gtc acg gta acg aac tac ggc cag 192
 Leu Gly Ser Ser Val Glu Val Val Val Thr Val Thr Asn Tyr Gly Gln
 50 55 60

ES 2 490 193 T3

agt ccc gcc ttt gac gtg cag ata tct gac ctg ctg gag gac ggc tcg 240
 Ser Pro Ala Phe Asp Val Gln Ile Ser Asp Leu Leu Glu Asp Gly Ser
 65 70 75 80

 ctg cag agc aag tct atc gcc tac ctc ccc tac ggc gct tcg gag acg 288
 Leu Gln Ser Lys Ser Ile Ala Tyr Leu Pro Tyr Gly Ala Ser Glu Thr
 85 90 95

 ctg cgc tac acg gtg acc cct acc gca ctg ggc aac tac gcc gtc tcc 336
 Leu Arg Tyr Thr Val Thr Pro Thr Ala Leu Gly Asn Tyr Ala Val Ser
 100 105 110

 gtt gct gag gtg acg tac aat gtt gag cag ggc aat act gcg acg gcc 384
 Val Ala Glu Val Thr Tyr Asn Val Glu Gln Gly Asn Thr Ala Thr Ala
 115 120 125

 cgc aag gct ctc agc aac ctg atc cgc gag ggc gag gcg tac tac tac 432
 Arg Lys Ala Leu Ser Asn Leu Ile Arg Glu Gly Glu Ala Tyr Tyr Tyr
 130 135 140

 ggc gag ggt gtc gat gac gag agc ttt cgc ggc gtc atc tcc gtc ctc 480
 Gly Glu Gly Val Asp Asp Glu Ser Phe Arg Gly Val Ile Ser Val Leu
 145 150 155 160

 acc cgc gac cgt tac gac cgc ctg cac gcg cgc tac atc aag gag tcg 528
 Thr Arg Asp Arg Tyr Asp Arg Leu His Ala Arg Tyr Ile Lys Glu Ser
 165 170 175

 acg gcg tac atc ttc cta ggc gcc atc ccg gcg ctg ttt ccc tac gta 576
 Thr Ala Tyr Ile Phe Leu Gly Ala Ile Pro Ala Leu Phe Pro Tyr Val
 180 185 190

 ctg tac cga gtg aag cag agc gag gtg gac gcg ctg ctc cgc cag cgc 624
 Leu Tyr Arg Val Lys Gln Ser Glu Val Asp Ala Leu Leu Arg Gln Arg
 195 200 205

 aag gcc agc aag tag 639
 Lys Ala Ser Lys
 210

<210> 62
 <211> 212
 5 <212> PRT
 <213> Leishmania infantum

<400> 62
 Met Ala Thr Leu Lys Val Leu Leu Leu Leu Cys Leu Ala Thr Leu Val
 1 5 10 15

 Ala Thr Thr Cys Phe Ala Gln Val Ala Gln Glu Ala Glu Ile Asn Pro
 20 25 30

 His Pro Leu Leu Phe Val Ser Lys Thr Thr Ser Ser Asp Asp Ile Val
 35 40 45

 Leu Gly Ser Ser Val Glu Val Val Val Thr Val Thr Asn Tyr Gly Gln

ES 2 490 193 T3

50 55 60

Ser Pro Ala Phe Asp Val Gln Ile Ser Asp Leu Leu Glu Asp Gly Ser
65 70 75 80

Leu Gln Ser Lys Ser Ile Ala Tyr Leu Pro Tyr Gly Ala Ser Glu Thr
85 90 95

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

Val Ala Glu Val Thr Tyr Asn Val Glu Gln Gly Asn Thr Ala Thr Ala
115 120 125

Arg Lys Ala Leu Ser Asn Leu Ile Arg Glu Gly Glu Ala Tyr Tyr Tyr
130 135 140

Gly Glu Gly Val Asp Asp Glu Ser Phe Arg Gly Val Ile Ser Val Leu
145 150 155 160

Thr Arg Asp Arg Tyr Asp Arg Leu His Ala Arg Tyr Ile Lys Glu Ser
165 170 175

Thr Ala Tyr Ile Phe Leu Gly Ala Ile Pro Ala Leu Phe Pro Tyr Val
180 185 190

Leu Tyr Arg Val Lys Gln Ser Glu Val Asp Ala Leu Leu Arg Gln Arg
195 200 205

Lys Ala Ser Lys
210

<210> 63

<211> 612

5 <212> ADN

<213> Trypanosoma brucei

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(612)

<400> 63

atg cgg ctc ctc tat gtc atc ccg ctt ctt ttg gcc gct gct gcc gtc 48
Met Arg Leu Leu Tyr Val Ile Pro Leu Leu Leu Ala Ala Ala Val
1 5 10 15

ggg tca ctg gct cag ccg gat ccc cag ccg ctt ctt ttc gtc tcg aaa 96
Gly Ser Leu Ala Gln Pro Asp Pro Gln Pro Leu Leu Phe Val Ser Lys
20 25 30

ES 2 490 193 T3

atg atc tcg gat gac cac gtg gtg gtg ggc aac aac gtc gaa ttc act 144
 Met Ile Ser Asp Asp His Val Val Val Gly Asn Asn Val Glu Phe Thr
 35 40 45
 gtg act gtc tac aac tac ggt caa agc cct gcc ttt gat att acc att 192
 Val Thr Val Tyr Asn Tyr Gly Gln Ser Pro Ala Phe Asp Ile Thr Ile
 50 55 60
 act gac ttg cta cct gac ggt act acg cgc acg aag cag gtg gat tcg 240
 Thr Asp Leu Leu Pro Asp Gly Thr Thr Arg Thr Lys Gln Val Asp Ser
 65 70 75 80
 ctt gct ttc ggt gag tca gcc gaa ctt aag tac acc att gtc acc aag 288
 Leu Ala Phe Gly Glu Ser Ala Glu Leu Lys Tyr Thr Ile Val Thr Lys
 85 90 95
 gct ctt ggt ggt tat cac gtt ggg gtg acg gag gtg tta tac tcc ctg 336
 Ala Leu Gly Gly Tyr His Val Gly Val Thr Glu Val Leu Tyr Ser Leu
 100 105 110
 gag aga gga ggg aag aag aca gaa aaa gca tac agt aac atc atc cgc 384
 Glu Arg Gly Gly Lys Lys Thr Glu Lys Ala Tyr Ser Asn Ile Ile Arg
 115 120 125
 gaa ggt acg gca tat ttc tac gga gag gat tac gac gat aca aat ttc 432
 Glu Gly Thr Ala Tyr Phe Tyr Gly Glu Asp Tyr Asp Asp Thr Asn Phe
 130 135 140
 cgt ggt att gtg tcc gtg gtt acc cgc gag ttc tat gac cgc tta tac 480
 Arg Gly Ile Val Ser Val Val Thr Arg Glu Phe Tyr Asp Arg Leu Tyr
 145 150 155 160
 aag agc tat gtg cgg gag gcg gcg gtc tac gcc ttc cta tgt ctt gtt 528
 Lys Ser Tyr Val Arg Glu Ala Ala Val Tyr Ala Phe Leu Cys Leu Val
 165 170 175
 ccc gcc ttg ttt cct ctt gtt gtg tac cgt atg gag cag agc caa gtg 576
 Pro Ala Leu Phe Pro Leu Val Val Tyr Arg Met Glu Gln Ser Gln Val
 180 185 190
 gac ctc tta att cgt cgc tcc aag gca gtt aaa tga 612
 Asp Leu Leu Ile Arg Arg Ser Lys Ala Val Lys
 195 200

<210> 64

<211> 203

<212> PRT

<213> Trypanosoma brucei

<400> 64

Met Arg Leu Leu Tyr Val Ile Pro Leu Leu Leu Ala Ala Ala Ala Val
 1 5 10 15

Gly Ser Leu Ala Gln Pro Asp Pro Gln Pro Leu Leu Phe Val Ser Lys
 20 25 30

5

ES 2 490 193 T3

Met Ile Ser Asp Asp His Val Val Val Gly Asn Asn Val Glu Phe Thr
 35 40 45

Val Thr Val Tyr Asn Tyr Gly Gln Ser Pro Ala Phe Asp Ile Thr Ile
 50 55 60

Thr Asp Leu Leu Pro Asp Gly Thr Thr Arg Thr Lys Gln Val Asp Ser
 65 70 75 80

Leu Ala Phe Gly Glu Ser Ala Glu Leu Lys Tyr Thr Ile Val Thr Lys
 85 90 95

Ala Leu Gly Gly Tyr His Val Gly Val Thr Glu Val Leu Tyr Ser Leu
 100 105 110

Glu Arg Gly Gly Lys Lys Thr Glu Lys Ala Tyr Ser Asn Ile Ile Arg
 115 120 125

Glu Gly Thr Ala Tyr Phe Tyr Gly Glu Asp Tyr Asp Asp Thr Asn Phe
 130 135 140

Arg Gly Ile Val Ser Val Val Thr Arg Glu Phe Tyr Asp Arg Leu Tyr
 145 150 155 160

Lys Ser Tyr Val Arg Glu Ala Ala Val Tyr Ala Phe Leu Cys Leu Val
 165 170 175

Pro Ala Leu Phe Pro Leu Val Val Tyr Arg Met Glu Gln Ser Gln Val
 180 185 190

Asp Leu Leu Ile Arg Arg Ser Lys Ala Val Lys
 195 200

<210> 65
 <211> 687
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(687)

<400> 65
 atg aaa caa aaa atg cga cgc aaa ttt tgt gac gtt ctc ttc cct tta 48
 Met Lys Gln Lys Met Arg Arg Lys Phe Cys Asp Val Leu Phe Pro Leu
 1 5 10 15

ttg ttg gtg ttt ctc ttg acg acg atg gag cct gtg acg gct gag gtg 96
 Leu Leu Val Phe Leu Leu Thr Thr Met Glu Pro Val Thr Ala Glu Val

ES 2 490 193 T3

	20	25	30	
	tac att cga ctt ttt ccc gga aaa gaa ttg tgc ttc aac tat gag ggc			144
	Tyr Ile Arg Leu Phe Pro Gly Lys Glu Leu Cys Phe Asn Tyr Glu Gly			
	35	40	45	
	tat cgt gac cca gag gat gac cca ccc acc gtg gac atc cgt cac cgt			192
	Tyr Arg Asp Pro Glu Asp Asp Pro Pro Thr Val Asp Ile Arg His Arg			
	50	55	60	
	gga att gac ccg cga aat gtc aac ata cgc acc cgc ctg tac gcc cca			240
	Gly Ile Asp Pro Arg Asn Val Asn Ile Arg Thr Arg Leu Tyr Ala Pro			
	65	70	75	80
	agt gga gcg cag gtg act ttg gat gag cgc att gac tct ttt ggt tcc			288
	Ser Gly Ala Gln Val Thr Leu Asp Glu Arg Ile Asp Ser Phe Gly Ser			
	85	90	95	
	cca tcc tca ctt ttt ttt aag gtg aca gag act ggc act tat cgc ttt			336
	Pro Ser Ser Leu Phe Phe Lys Val Thr Glu Thr Gly Thr Tyr Arg Phe			
	100	105	110	
	tgt atg cgc aca cca ttg agt cag cct tcg tta cgt ttt gag atg cgc			384
	Cys Met Arg Thr Pro Leu Ser Gln Pro Ser Leu Arg Phe Glu Met Arg			
	115	120	125	
	ttt ctt gga gaa aag gat ctt ata gat ccg ata aca aca gca gag gga			432
	Phe Leu Gly Glu Lys Asp Leu Ile Asp Pro Ile Thr Thr Ala Glu Gly			
	130	135	140	
	atg cct gct gtt gac aaa cca gta gac gct aaa gac tac gaa gcg cgg			480
	Met Pro Ala Val Asp Lys Pro Val Asp Ala Lys Asp Tyr Glu Ala Arg			
	145	150	155	160
	ttg aat atg ttg gat att tgt gtg caa gtc gct ctt gac gaa gtt cgc			528
	Leu Asn Met Leu Asp Ile Cys Val Gln Val Ala Leu Asp Glu Val Arg			
	165	170	175	
	ata atc gaa aac cgt ctc cac atg ttt gat gaa gtc acg cag tcg acg			576
	Ile Ile Glu Asn Arg Leu His Met Phe Asp Glu Val Thr Gln Ser Thr			
	180	185	190	
	tac tac atc aca gtg ggg atg ctt ttt ctc aat gtg att ctc tct atc			624
	Tyr Tyr Ile Thr Val Gly Met Leu Phe Leu Asn Val Ile Leu Ser Ile			
	195	200	205	
	gta ctg acc gtg tgg tct gag aaa tac ctt gag cgc tac ttt aca aag			672
	Val Leu Thr Val Trp Ser Glu Lys Tyr Leu Glu Arg Tyr Phe Thr Lys			
	210	215	220	
	aag aag aat gtc tag			687
	Lys Lys Asn Val			
	225			

<210> 66

<211> 228

5 <212> PRT

<213> Trypanosoma cruzi

<400> 66

ES 2 490 193 T3

Met Lys Gln Lys Met Arg Arg Lys Phe Cys Asp Val Leu Phe Pro Leu
1 5 10 15

Leu Leu Val Phe Leu Leu Thr Thr Met Glu Pro Val Thr Ala Glu Val
20 25 30

Tyr Ile Arg Leu Phe Pro Gly Lys Glu Leu Cys Phe Asn Tyr Glu Gly
35 40 45

Tyr Arg Asp Pro Glu Asp Asp Pro Pro Thr Val Asp Ile Arg His Arg
50 55 60

Gly Ile Asp Pro Arg Asn Val Asn Ile Arg Thr Arg Leu Tyr Ala Pro
65 70 75 80

Ser Gly Ala Gln Val Thr Leu Asp Glu Arg Ile Asp Ser Phe Gly Ser
85 90 95

Pro Ser Ser Leu Phe Phe Lys Val Thr Glu Thr Gly Thr Tyr Arg Phe
100 105 110

Cys Met Arg Thr Pro Leu Ser Gln Pro Ser Leu Arg Phe Glu Met Arg
115 120 125

Phe Leu Gly Glu Lys Asp Leu Ile Asp Pro Ile Thr Thr Ala Glu Gly
130 135 140

Met Pro Ala Val Asp Lys Pro Val Asp Ala Lys Asp Tyr Glu Ala Arg
145 150 155 160

Leu Asn Met Leu Asp Ile Cys Val Gln Val Ala Leu Asp Glu Val Arg
165 170 175

Ile Ile Glu Asn Arg Leu His Met Phe Asp Glu Val Thr Gln Ser Thr
180 185 190

Tyr Tyr Ile Thr Val Gly Met Leu Phe Leu Asn Val Ile Leu Ser Ile
195 200 205

Val Leu Thr Val Trp Ser Glu Lys Tyr Leu Glu Arg Tyr Phe Thr Lys
210 215 220

Lys Lys Asn Val
225

<210> 67
<211> 747
5 <212> ADN
<213> Leishmania major

<220>
<221> CDS
10 <222> (1)..(747)

<400> 67

ES 2 490 193 T3

atg aac gct ctt gat ccg acg cgc gcg cac acg tct gta atg atg gcc 48
 Met Asn Ala Leu Asp Pro Thr Arg Ala His Thr Ser Val Met Met Ala
 1 5 10 15

gca tcg cgt gtc ctg ggg ctg ctg act gtt tgc ctg ctc tgc gcg ctg 96
 Ala Ser Arg Val Leu Gly Leu Leu Thr Val Cys Leu Leu Cys Ala Leu
 20 25 30

tgc gca cgc gtc gtg gcg gcc gcg tcc atg cac gct ggc gtg tac gcg 144
 Cys Ala Arg Val Val Ala Ala Ser Met His Ala Gly Val Tyr Ala
 35 40 45

aag ctt ctg ccg gga aag gag ttc tgc gca gac tac cac gcc tac cgc 192
 Lys Leu Leu Pro Gly Lys Glu Phe Cys Ala Asp Tyr His Ala Tyr Arg
 50 55 60

gat ccg cag agt gac cca gtg ccg gtg aca ttt cat cac cgc tgc atc 240
 Asp Pro Gln Ser Asp Pro Val Pro Val Thr Phe His His Arg Cys Ile
 65 70 75 80

gat ccg cgc ctg gct ggc att act aca aag ctg tac ggt ccg agt agc 288
 Asp Pro Arg Leu Ala Gly Ile Thr Thr Lys Leu Tyr Gly Pro Ser Ser
 85 90 95

gag ccg ctc aag cgc ggc ccg gag atc cct tta tca gaa acc atc gac 336
 Glu Pro Leu Lys Arg Gly Pro Glu Ile Pro Leu Ser Glu Thr Ile Asp
 100 105 110

acc ttt ggc gac atc tcg cag att ttc ttc tac gcc gag aag acc ggc 384
 Thr Phe Gly Asp Ile Ser Gln Ile Phe Phe Tyr Ala Glu Lys Thr Gly
 115 120 125

atc tat aag atg tgc ttt ctg ctt ccc ctc aag aag ccc gcc atg cgc 432
 Ile Tyr Lys Met Cys Phe Leu Leu Pro Leu Lys Lys Pro Ala Met Arg
 130 135 140

ttc gag atg tcc ttc agc gcg gcc aac gac att gtc gag ccg ccc aag 480
 Phe Glu Met Ser Phe Ser Ala Ala Asn Asp Ile Val Glu Pro Pro Lys
 145 150 155 160

gta gag gac ggg gcc ttc gtg gtg gac aaa ccg cca gag gtg gcc gac 528
 Val Glu Asp Gly Ala Phe Val Val Asp Lys Pro Pro Glu Val Ala Asp
 165 170 175

tac gct gac cgc ctg cgc atg ttg aac ttg tcc gtg gag aca acc gtg 576
 Tyr Ala Asp Arg Leu Arg Met Leu Asn Leu Ser Val Glu Thr Thr Val
 180 185 190

gac gag ctc cga atg tat cag acg cgg cga tac ttc ttc gac aag acg 624
 Asp Glu Leu Arg Met Tyr Gln Thr Arg Arg Tyr Phe Phe Asp Lys Thr
 195 200 205

gtc aac tct gcc ttt tac gtt tgc gtc ttt agt gtg ctg ctg aac atc 672
 Val Asn Ser Ala Phe Tyr Val Cys Val Phe Ser Val Leu Leu Asn Ile
 210 215 220

gcc atc gcc gtg ggg ctc acc ttg tgg tcg gag agg tat ctg aag cgg 720
 Ala Ile Ala Val Gly Leu Thr Leu Trp Ser Glu Arg Tyr Leu Lys Arg
 225 230 235 240

tac ttt gta aag cag aag att gca taa 747
 Tyr Phe Val Lys Gln Lys Ile Ala
 245

5 <210> 68
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Leishmania major
 <400> 68

ES 2 490 193 T3

Met Asn Ala Leu Asp Pro Thr Arg Ala His Thr Ser Val Met Met Ala
1 5 10 15

Ala Ser Arg Val Leu Gly Leu Leu Thr Val Cys Leu Leu Cys Ala Leu
20 25 30

Cys Ala Arg Val Val Ala Ala Ala Ser Met His Ala Gly Val Tyr Ala
35 40 45

Lys Leu Leu Pro Gly Lys Glu Phe Cys Ala Asp Tyr His Ala Tyr Arg
50 55 60

Asp Pro Gln Ser Asp Pro Val Pro Val Thr Phe His His Arg Cys Ile
65 70 75 80

Asp Pro Arg Leu Ala Gly Ile Thr Thr Lys Leu Tyr Gly Pro Ser Ser
85 90 95

Glu Pro Leu Lys Arg Gly Pro Glu Ile Pro Leu Ser Glu Thr Ile Asp
100 105 110

Thr Phe Gly Asp Ile Ser Gln Ile Phe Phe Tyr Ala Glu Lys Thr Gly
115 120 125

Ile Tyr Lys Met Cys Phe Leu Leu Pro Leu Lys Lys Pro Ala Met Arg
130 135 140

Phe Glu Met Ser Phe Ser Ala Ala Asn Asp Ile Val Glu Pro Pro Lys
145 150 155 160
Val Glu Asp Gly Ala Phe Val Val Asp Lys Pro Pro Glu Val Ala Asp
165 170 175

Tyr Ala Asp Arg Leu Arg Met Leu Asn Leu Ser Val Glu Thr Thr Val
180 185 190

Asp Glu Leu Arg Met Tyr Gln Thr Arg Arg Tyr Phe Phe Asp Lys Thr
195 200 205

Val Asn Ser Ala Phe Tyr Val Cys Val Phe Ser Val Leu Leu Asn Ile
210 215 220

Ala Ile Ala Val Gly Leu Thr Leu Trp Ser Glu Arg Tyr Leu Lys Arg
225 230 235 240

Tyr Phe Val Lys Gln Lys Ile Ala
245

- 5 <210> 69
- <211> 708
- <212> ADN
- <213> Leishmania infantum

- 10 <220>
- <221> CDS
- <222> (1).. (708)

ES 2 490 193 T3

<400> 69

atg atg gcc gca tcg cgt gtc ctg gtg ctg gtg act gtg tgc ctg ctc	48
Met Met Ala Ala Ser Arg Val Leu Val Leu Val Thr Val Cys Leu Leu	
1 5 10 15	
tgc gcg ctg tgc gca cgc gtc gtc gcg gcc acc tcc gtg cac gct ggc	96
Cys Ala Leu Cys Ala Arg Val Val Ala Ala Thr Ser Val His Ala Gly	
20 25 30	
gtg tac gcg aag ctg ctg cca gga aag gag ttc tgc gct gac tac cac	144
Val Tyr Ala Lys Leu Leu Pro Gly Lys Glu Phe Cys Ala Asp Tyr His	
35 40 45	
gcc tac cgc gat ccg cag agt gac cca gtg ccg gtg aca ttt cat cac	192
Ala Tyr Arg Asp Pro Gln Ser Asp Pro Val Pro Val Thr Phe His His	
50 55 60	
cgc tgc atc gat ccg cgc ctg gct ggc att act aca aag ctg tac ggc	240
Arg Cys Ile Asp Pro Arg Leu Ala Gly Ile Thr Thr Lys Leu Tyr Gly	
65 70 75 80	
ccc agt agc gag ccg ctc aag cgc ggg ccg gag atc cct tta tca gaa	288
Pro Ser Ser Glu Pro Leu Lys Arg Gly Pro Glu Ile Pro Leu Ser Glu	
85 90 95	
acc atc gac acc ttc ggc gac atc tcg cag ata ctc ttc tac gcc gag	336
Thr Ile Asp Thr Phe Gly Asp Ile Ser Gln Ile Leu Phe Tyr Ala Glu	
100 105 110	
aag acc ggc atc tat aag atg tgc ttt ctg ctt ccc ctc aag aag ccc	384
Lys Thr Gly Ile Tyr Lys Met Cys Phe Leu Leu Pro Leu Lys Lys Pro	
115 120 125	
gcc atg cgc ttc gag atg tcc ttc agc gcg gcc aac gac atc gtc gag	432
Ala Met Arg Phe Glu Met Ser Phe Ser Ala Ala Asn Asp Ile Val Glu	
130 135 140	
ccg ccc aag gta gag gac ggg gcc ttc gtg gtg gac aag ccg cca gag	480
Pro Pro Lys Val Glu Asp Gly Ala Phe Val Val Asp Lys Pro Pro Glu	
145 150 155 160	
atg gcc gac tac gcc gac cgc ctg cgc atg ttg aac ttg tcc gta gag	528
Met Ala Asp Tyr Ala Asp Arg Leu Arg Met Leu Asn Leu Ser Val Glu	
165 170 175	
aca acc gtg gac gag ctc cgc atg tac cag acg cgg cgg tac ttc ttc	576
Thr Thr Val Asp Glu Leu Arg Met Tyr Gln Thr Arg Arg Tyr Phe Phe	
180 185 190	
gac aag acg gtc aac tcc gcc ttt tgc gtt tgc gtc ttt agt gtg ctg	624
Asp Lys Thr Val Asn Ser Ala Phe Cys Val Cys Val Phe Ser Val Leu	
195 200 205	
ctg aac atc gcc atc gcc gtg ggg ctc acc ttg tgg tcg gag aag tat	672
Leu Asn Ile Ala Ile Ala Val Gly Leu Thr Leu Trp Ser Glu Lys Tyr	
210 215 220	
ctg aag cgg tac ttt gta aag cag aaa att gca taa	708
Leu Lys Arg Tyr Phe Val Lys Gln Lys Ile Ala	
225 230 235	

5

<210> 70

<211> 235

<212> PRT

<213> Leishmania infantum

10

<400> 70

ES 2 490 193 T3

Met Met Ala Ala Ser Arg Val Leu Val Leu Val Thr Val Cys Leu Leu
 1 5 10 15

Cys Ala Leu Cys Ala Arg Val Val Ala Ala Thr Ser Val His Ala Gly
 20 25 30

Val Tyr Ala Lys Leu Leu Pro Gly Lys Glu Phe Cys Ala Asp Tyr His
 35 40 45

Ala Tyr Arg Asp Pro Gln Ser Asp Pro Val Pro Val Thr Phe His His
 50 55 60

Arg Cys Ile Asp Pro Arg Leu Ala Gly Ile Thr Thr Lys Leu Tyr Gly
 65 70 75 80
 Pro Ser Ser Glu Pro Leu Lys Arg Gly Pro Glu Ile Pro Leu Ser Glu
 85 90 95

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

Lys Thr Gly Ile Tyr Lys Met Cys Phe Leu Leu Pro Leu Lys Lys Pro
 115 120 125

Ala Met Arg Phe Glu Met Ser Phe Ser Ala Ala Asn Asp Ile Val Glu
 130 135 140

Pro Pro Lys Val Glu Asp Gly Ala Phe Val Val Asp Lys Pro Pro Glu
 145 150 155 160

Met Ala Asp Tyr Ala Asp Arg Leu Arg Met Leu Asn Leu Ser Val Glu
 165 170 175

Thr Thr Val Asp Glu Leu Arg Met Tyr Gln Thr Arg Arg Tyr Phe Phe
 180 185 190

Asp Lys Thr Val Asn Ser Ala Phe Cys Val Cys Val Phe Ser Val Leu
 195 200 205

Leu Asn Ile Ala Ile Ala Val Gly Leu Thr Leu Trp Ser Glu Lys Tyr
 210 215 220

Leu Lys Arg Tyr Phe Val Lys Gln Lys Ile Ala
 225 230 235

5 <210> 71
 <211> 699
 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1).. (699)

<400> 71

ES 2 490 193 T3

atg aag agt ttc cgc gta gtt tgc agg ttc ccc gcc atg ttg cag ctg 48
Met Lys Ser Phe Arg Val Val Cys Arg Phe Pro Ala Met Leu Gln Leu
1 5 10 15

cta gca ctt gtg gga ctt gca ttg gtt ccg caa agc gct ctc agt tct 96
Leu Ala Leu Val Gly Leu Ala Leu Val Pro Gln Ser Ala Leu Ser Ser
20 25 30

caa aac ggc gtg tac gta aaa ctc ttt ccc ggc cgt gag ttg tgt ttg 144
Gln Asn Gly Val Tyr Val Lys Leu Phe Pro Gly Arg Glu Leu Cys Leu
35 40 45

agt tac gag ggg tac cgg gaa gtg gag gaa aca ccg cca aca gtt gcc 192
Ser Tyr Glu Gly Tyr Arg Glu Val Glu Glu Thr Pro Pro Thr Val Ala
50 55 60

ttg cga cat cgc gcc ctc tcg cca cgt aac gtt aac gtg cga aca cgc 240
Leu Arg His Arg Ala Leu Ser Pro Arg Asn Val Asn Val Arg Thr Arg
65 70 75 80

ctc tac ggc cct gat gga aac att ata cga cat gat gac cgc atc gat 288
Leu Tyr Gly Pro Asp Gly Asn Ile Ile Arg His Asp Asp Arg Ile Asp
85 90 95

ccc ttt gga caa cca cgc tct ttc ttc ttt aag gta aca aag acg ggt 336
Pro Phe Gly Gln Pro Ala Ser Phe Phe Phe Lys Val Thr Lys Thr Gly
100 105 110

aca tat cgg gtt tgc atg cgt aca ccg ttg aac cac ccg ccg cta tcg 384
Thr Tyr Arg Val Cys Met Arg Thr Pro Leu Asn His Pro Pro Leu Ser
115 120 125

ttt gac atg cgt ttc atc ggc gag cgc gat gtg gcg cag tca ccg gag 432
Phe Asp Met Arg Phe Ile Gly Glu Arg Asp Val Ala Gln Ser Pro Glu
130 135 140

acc gtt gag gga gtg gaa gtt gct gac aaa cca ata gaa gcc tcc gac 480
Thr Val Glu Gly Val Glu Val Ala Asp Lys Pro Ile Glu Ala Ser Asp
145 150 155 160

tat caa agt tca ctt cac atg ttg gac att tgt gtg caa gtg gct cta 528
Tyr Gln Ser Ser Leu His Met Leu Asp Ile Cys Val Gln Val Ala Leu
165 170 175

gat gaa gtg cgt atg agt gag aac cgc ctt cat ctt ctt gat gag att 576
Asp Glu Val Arg Met Ser Glu Asn Arg Leu His Leu Leu Asp Glu Ile
180 185 190

aca aac tct acg tac aac cgc gtt gtg gga ttc tta att ctg aac gtt 624
Thr Asn Ser Thr Tyr Asn Arg Val Val Gly Phe Leu Ile Leu Asn Val
195 200 205

ctg ctt gtc att gtt gct agc gtt ggg tca gag aag tat ttg gaa cga 672
Leu Leu Val Ile Val Ala Ser Val Gly Ser Glu Lys Tyr Leu Glu Arg
210 215 220

ttc ttt ata aag cag aag att gct taa 699
Phe Phe Ile Lys Gln Lys Ile Ala
225 230

<210> 72

5 <211> 232

<212> PRT

<213> Trypanosoma brucei

<400> 72

10 Met Lys Ser Phe Arg Val Val Cys Arg Phe Pro Ala Met Leu Gln Leu

ES 2 490 193 T3

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

<210> 73
 <211> 2031
 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

<220>
 <221> CDS
 <222> (1).. (2031)

<400> 73

ES 2 490 193 T3

atg tat tca tgt ttg tcg ctg agg ctg ttg gtg ggc gga ggg atg ggg	48
Met Tyr Ser Cys Leu Ser Leu Arg Leu Leu Val Gly Gly Gly Met Gly	
1 5 10 15	
ttt gct tcg cgg agg aga gct gct atg gtg ctg tcg ctc ttg gtc ttt	96
Phe Ala Ser Arg Arg Arg Ala Ala Met Val Leu Ser Leu Leu Val Phe	
20 25 30	
ctt ctg gtt gtg cca tgc ggg gtc ttt tcg cag tat tct ttg gag tgc	144
Leu Leu Val Val Pro Cys Gly Val Phe Ser Gln Tyr Ser Leu Glu Cys	
35 40 45	
cag aat gtg tgg gag ggt ccc aac gcc gaa aac gac att att gca tgc	192
Gln Asn Val Trp Glu Gly Pro Asn Ala Glu Asn Asp Ile Ile Ala Cys	
50 55 60	
ctg tcg aat aag gat cgc ctg aag ggg caa tgg cgt ttg ttc att ctt	240
Leu Ser Asn Lys Asp Arg Leu Lys Gly Gln Trp Arg Leu Phe Ile Leu	
65 70 75 80	
ccc gca ttg aac gtc att att ttg gct atg ctc ttg ttg agc ttt cct	288
Pro Ala Leu Asn Val Ile Ile Leu Ala Met Leu Leu Leu Ser Phe Pro	
85 90 95	
ttg ttg ttt ttg tgt gct ctt tgt tgc cgt tgc tgc tgc aca cct ggt	336
Leu Leu Phe Leu Cys Ala Leu Cys Cys Arg Cys Cys Cys Thr Pro Gly	
100 105 110	
act gcg gga agc acg aag cgt gcc cgt tgc tgc atg tgg ctg tgg att	384
Thr Ala Gly Ser Thr Lys Arg Ala Arg Cys Cys Met Trp Leu Trp Ile	
115 120 125	
ttg tac gct gtc att tgg tcc ggg gtg atg ttt tat ctt gtc ttt ttt	432
Leu Tyr Ala Val Ile Trp Ser Gly Val Met Phe Tyr Leu Val Phe Phe	
130 135 140	
ggt gcc ggg ctg ttg att gcg acg gcc cct cgc ctg ttg gaa gac ttt	480
Gly Ala Gly Leu Leu Ile Ala Thr Ala Pro Arg Leu Leu Glu Asp Phe	
145 150 155 160	
gtc tcg ggt cca ctg gat tac ttt aat tct acc gcg gaa aga gtg ctt	528
Val Ser Gly Pro Leu Asp Tyr Phe Asn Ser Thr Ala Glu Arg Val Leu	
165 170 175	
gac ttt gca tct gat tgg tcc acg ggt gaa cgc aag ccg ctt gat gcc	576
Asp Phe Ala Ser Asp Trp Ser Thr Gly Glu Arg Lys Pro Leu Asp Ala	
180 185 190	
att cct ttg gac ctc tcg gat ttc aca acc gtc cac gaa cag gcc atg	624
Ile Pro Leu Asp Leu Ser Asp Phe Thr Thr Val His Glu Gln Ala Met	
195 200 205	

ES 2 490 193 T3

gga ttt att gcc ctt gca agg aga tat tac ttc aac tac ctg gat aag Gly Phe Ile Ala Leu Ala Arg Arg Tyr Tyr Phe Asn Tyr Leu Asp Lys 210 215 220	672
ggt tct att gca acg ttc tgt gta tca agt gtg ggt ctt gtt ctg atc Val Ser Ile Ala Thr Phe Cys Val Ser Ser Val Gly Leu Val Leu Ile 225 230 235 240	720
atc ctc att ctg cca ttt gca tgc tgc cat tgc tgc att cca tgt ttt Ile Leu Ile Leu Pro Phe Ala Cys Cys His Cys Cys Ile Pro Cys Phe 245 250 255	768
cca ctt atc ctc tcg tgc ctt tac tgg gtg aca gga gtt ctt ttt gcg Pro Leu Ile Leu Ser Cys Leu Tyr Trp Val Thr Gly Val Leu Phe Ala 260 265 270	816
gtg ctt gga acc ctt gtg agt gtc ttg gca tat gct gca acc gtg ggc Val Leu Gly Thr Leu Val Ser Val Leu Ala Tyr Ala Ala Thr Val Gly 275 280 285	864
tgt gga gag ttg gag ctg caa tac aca cgt cag ccg gga gtt ttc cag Cys Gly Glu Leu Glu Leu Gln Tyr Thr Arg Gln Pro Gly Val Phe Gln 290 295 300	912
tgg tac gct gtg cct tac tgt cag aga cag ttc aat ttt tcg aac atc Trp Tyr Ala Val Pro Tyr Cys Gln Arg Gln Phe Asn Phe Ser Asn Ile 305 310 315 320	960
aac aag atg att cgc gag aag gaa ctt gag ctc tcc cga gaa gcc tgt Asn Lys Met Ile Arg Glu Lys Glu Leu Glu Leu Ser Arg Glu Ala Cys 325 330 335	1008
aac cag ctg ttg ggg gtg tgc gaa tcc gta acg ccg gag gag gct gca Asn Gln Leu Leu Gly Val Cys Glu Ser Val Thr Pro Glu Glu Ala Ala 340 345 350	1056
gcc gaa ccc atg aaa tta ctt gcg gcc ggt gtt att cct agt gct att Ala Glu Pro Met Lys Leu Leu Ala Ala Gly Val Ile Pro Ser Ala Ile 355 360 365	1104
ccc ggt gta att ccg gct gct gtt ccg gct gct gtt ccg gct gct ctt Pro Gly Val Ile Pro Ala Ala Val Pro Ala Ala Val Pro Ala Ala Leu 370 375 380	1152
cct gct ggt gtt ccc gga ggt ttt ccc gga ggt gtt gtt ccc gga ggt Pro Ala Gly Val Pro Gly Gly Phe Pro Gly Gly Val Val Pro Gly Gly 385 390 395 400	1200
ggt gcc gga ggt gct gct cca gga gtt gtt cct ggt gct gct act ggt Val Ala Gly Gly Ala Ala Pro Gly Val Val Pro Gly Ala Ala Thr Gly 405 410 415	1248
gat ggt gat tct gcg act ata gct gct ctt gcc gag tct ggc gcc ctt Asp Gly Asp Ser Ala Thr Ile Ala Ala Leu Ala Glu Ser Gly Ala Leu 420 425 430	1296
tct gga agt gac ggt gct ccc ctt gac atc agc agt ttg gcg gga tcg Ser Gly Ser Asp Gly Ala Pro Leu Asp Ile Ser Ser Leu Ala Gly Ser 435 440 445	1344
gat ggt gtt ggg ctg gct ggt ggg gct tcc agt gtt gag agc ttt gag	1392

ES 2 490 193 T3

Asp Gly Val Gly Leu Ala Gly Gly Ala Ser Ser Val Glu Ser Phe Glu
 450 455 460

ggt ttg cct ccc gga att gat tta tcc tcc atc aaa gac atg ccg ggt 1440
 Gly Leu Pro Pro Gly Ile Asp Leu Ser Ser Ile Lys Asp Met Pro Gly
 465 470 475 480

gcg tcg gag agc atc aag aag gcc ttg gaa agc cgc aat atg tct gag 1488
 Ala Ser Glu Ser Ile Lys Lys Ala Leu Glu Ser Arg Asn Met Ser Glu
 485 490 495

gac atc ctc cgt atg gtt ccc gga gaa gtg aac gcc gac ttg ctg aaa 1536
 Asp Ile Leu Arg Met Val Pro Gly Glu Val Asn Ala Asp Leu Leu Lys
 500 505 510

atg tta agt aat gcc act gcg ctc tcg aat ctc ttc gca cgt ccc ttg 1584
 Met Leu Ser Asn Ala Thr Ala Leu Ser Asn Leu Phe Ala Arg Pro Leu
 515 520 525

gtg tgc ggc aaa ggg ctc aaa agc gcc agt gag tgc ggg gac ttt ggc 1632
 Val Cys Gly Lys Gly Leu Lys Ser Ala Ser Glu Cys Gly Asp Phe Gly
 530 535 540

acc atg gca agt att ctg ttg gac acc aag ctc cag aaa aac att ccg 1680
 Thr Met Ala Ser Ile Leu Leu Asp Thr Lys Leu Gln Lys Asn Ile Pro
 545 550 555 560

ggc tgc gta tcc aaa aat ggc gac tgc acg ctt act gat tgt gcg gcg 1728
 Gly Cys Val Ser Lys Asn Gly Asp Cys Thr Leu Thr Asp Cys Ala Ala
 565 570 575

acc tgc aca ata gat ttt ctt aag gat gcc gcc acg atg atc ttg tcg 1776
 Thr Cys Thr Ile Asp Phe Leu Lys Asp Ala Ala Thr Met Ile Leu Ser
 580 585 590

aag ggg gaa atg gcc cgc aat gcg agt aat gcg ctt tcg tac gcc agg 1824
 Lys Gly Glu Met Ala Arg Asn Ala Ser Asn Ala Leu Ser Tyr Ala Arg
 595 600 605

cct ttg ctt gag tgc aac ttt gtg att gat aag gtg gcc act ggt ctg 1872
 Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Val Ile Asp Lys Val Ala Thr Gly Leu
 610 615 620

gcg aag tgt gat gat ttg cgg aaa gga aca att atg ctc ggg atg gga 1920
 Ala Lys Cys Asp Asp Leu Arg Lys Gly Thr Ile Met Leu Gly Met Gly
 625 630 635 640

ttc ctt gtg ggg gga atg ata ttt ggc ctg gcc atc tac att gca ttg 1968
 Phe Leu Val Gly Gly Met Ile Phe Gly Leu Ala Ile Tyr Ile Ala Leu
 645 650 655

cgt gga gca tgc gtg tgg ggt gaa acg ttt cca aag ctc cga agg aaa 2016
 Arg Gly Ala Cys Val Trp Gly Glu Thr Phe Pro Lys Leu Arg Arg Lys
 660 665 670

ccc aga gag gag taa 2031
 Pro Arg Glu Glu
 675

<210> 74
 <211> 676
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

5

<400> 74

ES 2 490 193 T3

Met Tyr Ser Cys Leu Ser Leu Arg Leu Leu Val Gly Gly Gly Met Gly
 1 5 10 15

Phe Ala Ser Arg Arg Arg Ala Ala Met Val Leu Ser Leu Leu Val Phe
 20 25 30

Leu Leu Val Val Pro Cys Gly Val Phe Ser Gln Tyr Ser Leu Glu Cys
 35 40 45

Gln Asn Val Trp Glu Gly Pro Asn Ala Glu Asn Asp Ile Ile Ala Cys
 50 55 60

Leu Ser Asn Lys Asp Arg Leu Lys Gly Gln Trp Arg Leu Phe Ile Leu
 65 70 75 80

Pro Ala Leu Asn Val Ile Ile Leu Ala Met Leu Leu Leu Ser Phe Pro
 85 90 95

Leu Leu Phe Leu Cys Ala Leu Cys Cys Arg Cys Cys Cys Thr Pro Gly
 100 105 110

Thr Ala Gly Ser Thr Lys Arg Ala Arg Cys Cys Met Trp Leu Trp Ile
 115 120 125

Leu Tyr Ala Val Ile Trp Ser Gly Val Met Phe Tyr Leu Val Phe Phe
 130 135 140

Gly Ala Gly Leu Leu Ile Ala Thr Ala Pro Arg Leu Leu Glu Asp Phe
 145 150 155 160

Val Ser Gly Pro Leu Asp Tyr Phe Asn Ser Thr Ala Glu Arg Val Leu
 165 170 175

Asp Phe Ala Ser Asp Trp Ser Thr Gly Glu Arg Lys Pro Leu Asp Ala
 180 185 190

Ile Pro Leu Asp Leu Ser Asp Phe Thr Thr Val His Glu Gln Ala Met
 195 200 205

Gly Phe Ile Ala Leu Ala Arg Arg Tyr Tyr Phe Asn Tyr Leu Asp Lys
 210 215 220

ES 2 490 193 T3

Val Ser Ile Ala Thr Phe Cys Val Ser Ser Val Gly Leu Val Leu Ile
 225 230 235 240

Ile Leu Ile Leu Pro Phe Ala Cys Cys His Cys Cys Ile Pro Cys Phe
 245 250 255

Pro Leu Ile Leu Ser Cys Leu Tyr Trp Val Thr Gly Val Leu Phe Ala
 260 265 270

Val Leu Gly Thr Leu Val Ser Val Leu Ala Tyr Ala Ala Thr Val Gly
 275 280 285

Cys Gly Glu Leu Glu Leu Gln Tyr Thr Arg Gln Pro Gly Val Phe Gln
 290 295 300

Trp Tyr Ala Val Pro Tyr Cys Gln Arg Gln Phe Asn Phe Ser Asn Ile
 305 310 315 320

Asn Lys Met Ile Arg Glu Lys Glu Leu Glu Leu Ser Arg Glu Ala Cys
 325 330 335

Asn Gln Leu Leu Gly Val Cys Glu Ser Val Thr Pro Glu Glu Ala Ala
 340 345 350

Ala Glu Pro Met Lys Leu Leu Ala Ala Gly Val Ile Pro Ser Ala Ile
 355 360 365

Pro Gly Val Ile Pro Ala Ala Val Pro Ala Ala Val Pro Ala Ala Leu
 370 375 380

Pro Ala Gly Val Pro Gly Gly Phe Pro Gly Gly Val Val Pro Gly Gly
 385 390 395 400

Val Ala Gly Gly Ala Ala Pro Gly Val Val Pro Gly Ala Ala Thr Gly
 405 410 415

Asp Gly Asp Ser Ala Thr Ile Ala Ala Leu Ala Glu Ser Gly Ala Leu
 420 425 430

Ser Gly Ser Asp Gly Ala Pro Leu Asp Ile Ser Ser Leu Ala Gly Ser
 435 440 445

Asp Gly Val Gly Leu Ala Gly Gly Ala Ser Ser Val Glu Ser Phe Glu
 450 455 460

ES 2 490 193 T3

Gly Leu Pro Pro Gly Ile Asp Leu Ser Ser Ile Lys Asp Met Pro Gly
465 470 475 480

Ala Ser Glu Ser Ile Lys Lys Ala Leu Glu Ser Arg Asn Met Ser Glu
485 490 495

Asp Ile Leu Arg Met Val Pro Gly Glu Val Asn Ala Asp Leu Leu Lys
500 505 510

Met Leu Ser Asn Ala Thr Ala Leu Ser Asn Leu Phe Ala Arg Pro Leu
515 520 525

Val Cys Gly Lys Gly Leu Lys Ser Ala Ser Glu Cys Gly Asp Phe Gly
530 535 540

Thr Met Ala Ser Ile Leu Leu Asp Thr Lys Leu Gln Lys Asn Ile Pro
545 550 555 560

Gly Cys Val Ser Lys Asn Gly Asp Cys Thr Leu Thr Asp Cys Ala Ala
565 570 575

Thr Cys Thr Ile Asp Phe Leu Lys Asp Ala Ala Thr Met Ile Leu Ser
580 585 590

Lys Gly Glu Met Ala Arg Asn Ala Ser Asn Ala Leu Ser Tyr Ala Arg
595 600 605

Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Val Ile Asp Lys Val Ala Thr Gly Leu
610 615 620

Ala Lys Cys Asp Asp Leu Arg Lys Gly Thr Ile Met Leu Gly Met Gly
625 630 635 640

Phe Leu Val Gly Gly Met Ile Phe Gly Leu Ala Ile Tyr Ile Ala Leu
645 650 655

Arg Gly Ala Cys Val Trp Gly Glu Thr Phe Pro Lys Leu Arg Arg Lys
660 665 670

Pro Arg Glu Glu
675

<210> 75
<211> 1647
5 <212> ADN
<213> Leishmania major

<220>
<221> CDS
10 <222> (1)..(1647)

<400> 75

ES 2 490 193 T3

atg	gtg	tgt	ccc	ttc	tcc	tgc	ccg	ccc	ctc	ccc	gcc	ccc	tct	ctc	aac	48
Met	Val	Cys	Pro	Phe	Ser	Cys	Pro	Pro	Leu	Pro	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	
1			5						10					15		
tcg	tcc	cac	ctc	tca	ttg	ccg	aag	aag	cag	cgg	tta	aca	gcg	cgc	gcg	96
Ser	Ser	His	Leu	Ser	Leu	Pro	Lys	Lys	Gln	Arg	Leu	Thr	Ala	Arg	Ala	
			20					25					30			
cac	aca	ccg	aca	cac	aaa	atg	gcc	aag	aca	acg	ctt	ctc	gtg	tgc	gct	144
His	Thr	Pro	Thr	His	Lys	Met	Ala	Lys	Thr	Thr	Leu	Leu	Val	Cys	Ala	
		35					40					45				
ctg	ctc	gcc	ctc	gtc	atg	tgc	ctg	gca	gcg	aca	gcc	gtc	tcg	gcg	cag	192
Leu	Leu	Ala	Leu	Val	Met	Cys	Leu	Ala	Ala	Thr	Ala	Val	Ser	Ala	Gln	
	50					55					60					
cag	tcg	ctg	gcg	tgc	caa	atg	gtg	tgg	caa	gct	ccg	tcc	cct	aac	aac	240
Gln	Ser	Leu	Ala	Cys	Gln	Met	Val	Trp	Gln	Ala	Pro	Ser	Pro	Asn	Asn	
65					70					75					80	
agc	ctg	ctg	gag	tgc	ctg	ggg	aac	acg	gat	cgc	atc	cgg	tct	cag	tgg	288
Ser	Leu	Leu	Glu	Cys	Leu	Gly	Asn	Thr	Asp	Arg	Ile	Arg	Ser	Gln	Trp	
				85					90					95		
ccc	tac	tac	ctg	tat	ccc	gcc	ttc	gct	gcg	ctc	atc	ttc	atc	ttt	acg	336
Pro	Tyr	Tyr	Leu	Tyr	Pro	Ala	Phe	Ala	Ala	Leu	Ile	Phe	Ile	Phe	Thr	
			100					105						110		
gtg	att	ggg	ctg	ccg	att	ctg	ttc	tgc	tgc	cac	tgc	tgc	agc	tgc	tgc	384
Val	Ile	Gly	Leu	Pro	Ile	Leu	Phe	Cys	Cys	His	Cys	Cys	Ser	Cys	Cys	
		115					120					125				
gag	gcg	tat	gtg	aag	ccg	aag	gcg	gag	acg	gac	ctc	ggc	gtt	gcc	cgc	432
Glu	Ala	Tyr	Val	Lys	Pro	Lys	Ala	Glu	Thr	Asp	Leu	Gly	Val	Ala	Arg	
	130					135					140					
tgc	tgc	cta	tgg	atg	ctg	atc	gtg	att	tcg	gtg	ctt	gtg	gcg	tgc	ggc	480
Cys	Cys	Leu	Trp	Met	Leu	Ile	Val	Ile	Ser	Val	Leu	Val	Ala	Cys	Gly	
145					150					155					160	
gtg	tgc	gtg	ctg	ctg	gtg	tat	ggc	tcc	gtc	tta	ctg	gag	cag	gca	gcc	528
Val	Cys	Val	Leu	Leu	Val	Tyr	Gly	Ser	Val	Leu	Leu	Glu	Gln	Ala	Ala	
				165					170					175		
acg	caa	att	atc	cat	gac	acc	gag	tat	cgc	acg	ctt	aat	tac	ttc	aac	576
Thr	Gln	Ile	Ile	His	Asp	Thr	Glu	Tyr	Arg	Thr	Leu	Asn	Tyr	Phe	Asn	
			180					185					190			
gac	atc	cgt	gcg	aac	atc	acg	atg	ctg	ctg	aca	aac	tac	agc	gcg	gac	624
Asp	Ile	Arg	Ala	Asn	Ile	Thr	Met	Leu	Leu	Thr	Asn	Tyr	Ser	Ala	Asp	
		195					200					205				
cca	ccg	ata	cca	ccg	tcg	atc	gac	ctt	agg	acc	ttt	gac	gct	gtg	aac	672
Pro	Pro	Ile	Pro	Pro	Ser	Ile	Asp	Leu	Arg	Thr	Phe	Asp	Ala	Val	Asn	
		210				215					220					

ES 2 490 193 T3

gat gat att acc cac tac gtg cat ctg gcg cgc aac aac tac ctc cag Asp Asp Ile Thr His Tyr Val His Leu Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Gln 225 230 235 240	720
tac ttc cgc gct gcc gag att gtg gtg tgc tgt gtc ggc agc gtg ggt Tyr Phe Arg Ala Ala Glu Ile Val Val Cys Cys Val Gly Ser Val Gly 245 250 255	768
gtt ttc ctg atg ctg tgc atg ctg gtt ttt gtg ctg tgc cgt tgc aat Val Phe Leu Met Leu Cys Met Leu Val Phe Val Leu Cys Arg Cys Asn 260 265 270	816
ggg atc tgc ccg att gcg tgg agc tgc ctg tac ttc gtg ttc gcg ctt Gly Ile Cys Pro Ile Ala Trp Ser Cys Leu Tyr Phe Val Phe Ala Leu 275 280 285	864
gca ttt gcg ttg ctt gcg gtg ttg ttc acg ata tgc atc tac gtg ctg Ala Phe Ala Leu Leu Ala Val Leu Phe Thr Ile Cys Ile Tyr Val Leu 290 295 300	912
tcc gct ggc tgc ggc gag gtg ggc ctc cag cgt ggt cgt gag cct ggc Ser Ala Gly Cys Gly Glu Val Gly Leu Gln Arg Gly Arg Glu Pro Gly 305 310 315 320	960
gtc ttc cag tgg tac ctg gtg ccg tgg tgc gag aag cag ttc aac ttc Val Phe Gln Trp Tyr Leu Val Pro Trp Cys Glu Lys Gln Phe Asn Phe 325 330 335	1008
caa gcg ctg ccg gct cag gtg cag agc cag gag cag cag gtc tgc cag Gln Ala Leu Arg Ala Gln Val Gln Ser Gln Glu Gln Gln Val Ser Gln 340 345 350	1056
agc gcc tgc gcg gag ctc ttg aac ttc tgt gac aac gat ccg cat tac Ser Ala Cys Ala Glu Leu Leu Asn Phe Cys Asp Asn Asp Pro His Tyr 355 360 365	1104
tcg ttg gag act aaa aac cac atc ttc atg tgc ggc aac agc atc acc Ser Leu Glu Thr Lys Asn His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr 370 375 380	1152
gat aag agc cag tgc gac tcg ctg gac gac gtg gtg gac gtt gtt ctg Asp Lys Ser Gln Cys Asp Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu 385 390 395 400	1200
agc aca tac gtg aag ccg atg ctg acg aac acg cta tgt gcc aac cag Ser Thr Tyr Val Lys Pro Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln 405 410 415	1248
acg ggc atg gag tac ctg gag aag tgt aca gtg agg ttg tgc tca tcg Thr Gly Met Glu Tyr Leu Glu Lys Cys Thr Val Arg Leu Cys Ser Ser 420 425 430	1296
cgg tgt gta aac tac gaa gcg ctg gat ctg cat gcc agg acg tac gcc Arg Cys Val Asn Tyr Glu Ala Leu Asp Leu His Ala Arg Thr Tyr Ala 435 440 445	1344
att caa att ttg cag gct gcc gac ttt gct gcg aat gcg agc act gcg Ile Gln Ile Leu Gln Ala Ala Asp Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala 450 455 460	1392

ES 2 490 193 T3

ctg tcg tac gtg tgg ccg ctg ctg gac tgc aac ttc atc att gac aag 1440
 Leu Ser Tyr Val Trp Pro Leu Leu Asp Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys
 465 470 475 480

atc gcc aac aca gtc gag acg cag agc tac aac agc agc ttc acc acg 1488
 Ile Ala Asn Thr Val Glu Thr Gln Ser Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr
 485 490 495

cag agc gaa tat gtc cgc agc tgc tct gcg gtc cgc act tcc tct gtg 1536
 Gln Ser Glu Tyr Val Arg Ser Cys Ser Ala Val Arg Thr Ser Ser Val
 500 505 510

atg ctg ggt acc ggg ttc ttt gtc ggg gcg ctc atg ttc att gtc ggc 1584
 Met Leu Gly Thr Gly Phe Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Val Gly
 515 520 525

att tat gtc ata cat cgc ggt tcg cgg atc acg gtg cca gtg aac aaa 1632
 Ile Tyr Val Ile His Arg Gly Ser Arg Ile Thr Val Pro Val Asn Lys
 530 535 540

gag aag gat ttc tga 1647
 Glu Lys Asp Phe
 545

<210> 76
 <211> 548
 5 <212> PRT
 <213> Leishmania major

<400> 76
 Met Val Cys Pro Phe Ser Cys Pro Pro Leu Pro Ala Pro Ser Leu Asn
 1 5 10 15

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

His Thr Pro Thr His Lys Met Ala Lys Thr Thr Leu Leu Val Cys Ala
 35 40 45

Leu Leu Ala Leu Val Met Cys Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala Gln
 50 55 60

Gln Ser Leu Ala Cys Gln Met Val Trp Gln Ala Pro Ser Pro Asn Asn
 65 70 75 80

Ser Leu Leu Glu Cys Leu Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp
 85 90 95

Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro Ala Phe Ala Ala Leu Ile Phe Ile Phe Thr
 100 105 110

Val Ile Gly Leu Pro Ile Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

Ser Leu Glu Thr Lys Asn His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr
 370 375 380

Asp Lys Ser Gln Cys Asp Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu
 385 390 395 400

Ser Thr Tyr Val Lys Pro Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln
 405 410 415

Thr Gly Met Glu Tyr Leu Glu Lys Cys Thr Val Arg Leu Cys Ser Ser
 420 425 430

Arg Cys Val Asn Tyr Glu Ala Leu Asp Leu His Ala Arg Thr Tyr Ala
 435 440 445

Ile Gln Ile Leu Gln Ala Ala Asp Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala
 450 455 460

Leu Ser Tyr Val Trp Pro Leu Leu Asp Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys
 465 470 475 480

Ile Ala Asn Thr Val Glu Thr Gln Ser Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr
 485 490 495

Gln Ser Glu Tyr Val Arg Ser Cys Ser Ala Val Arg Thr Ser Ser Val
 500 505 510

Met Leu Gly Thr Gly Phe Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Val Gly
 515 520 525

Ile Tyr Val Ile His Arg Gly Ser Arg Ile Thr Val Pro Val Asn Lys
 530 535 540

Glu Lys Asp Phe
 545

<210> 77

<211> 1590

5 <212> ADN

<213> Leishmania infantum

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(1590)

<400> 77

ES 2 490 193 T3

atg gcc aaa aca gcg ctt ctc gtg ggc gct ctg ctc gcc ctc gtc atg	48
Met Ala Lys Thr Ala Leu Leu Val Gly Ala Leu Leu Ala Leu Val Met	
1 5 10 15	
tgc ctg gcg gcg acg gcc gtc tcg gcg cag cgg tcg ctg gag tgt caa	96
Cys Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala Gln Arg Ser Leu Glu Cys Gln	
20 25 30	
atg gtg tgg caa ggt cct tcc tct aac aac agc ctg ctg gag tgc ctg	144
Met Val Trp Gln Gly Pro Ser Ser Asn Asn Ser Leu Leu Glu Cys Leu	
35 40 45	
ggg aac acg gat cgc atc cgg tcc cag tgg ccc tac tac ctg tat ccc	192
Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro	
50 55 60	
gcc ttc gct gcg ctc gtg ttc atc ttc acg gtg att ggg ctg ccg att	240
Ala Phe Ala Ala Leu Val Phe Ile Phe Thr Val Ile Gly Leu Pro Ile	
65 70 75 80	
ctg ttc tgc tgc cac tgc tgc agc tgc tgc gag gcg tat gtg aag ccg	288
Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys Glu Ala Tyr Val Lys Pro	
85 90 95	
aag gcg gag acg gac ctc ggc gtt gcc cgc tgc tgc cta tgg atg tgg	336
Lys Ala Glu Thr Asp Leu Gly Val Ala Arg Cys Cys Leu Trp Met Trp	
100 105 110	
atc gtg att tcg gtg ctt gtg gcg tgc ggc gtg tgc gtg ctg ctg gtg	384
Ile Val Ile Ser Val Leu Val Ala Cys Gly Val Cys Val Leu Leu Val	
115 120 125	
tat ggc tcc gtc tta ctg gag cag gca gcc aaa caa att atc cac gac	432
Tyr Gly Ser Val Leu Leu Glu Gln Ala Ala Lys Gln Ile Ile His Asp	
130 135 140	
acc gag tat cgc acg ctt gat tac ttc aac gac acc cgt gcg aac atc	480
Thr Glu Tyr Arg Thr Leu Asp Tyr Phe Asn Asp Thr Arg Ala Asn Ile	
145 150 155 160	
gcg atg ctg ctg aca aac tac agc gcg gac cca ccg aca cca ccg tca	528
Ala Met Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Ala Asp Pro Pro Thr Pro Pro Ser	
165 170 175	
atc gac ctt agc gcc ttt gac gcc gtg aac gat aat gtt acc tac tac	576
Ile Asp Leu Ser Ala Phe Asp Ala Val Asn Asp Asn Val Thr Tyr Tyr	
180 185 190	
gtg cac ctg gcg cgc aac aac tac ctc aag tac ttc cgc gct gcc gag	624
Val His Leu Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Lys Tyr Phe Arg Ala Ala Glu	
195 200 205	
att gtg gtc tgc tgc gtc ggc agc gtc ggt gtt ttc ctg atg ctg tgc	672
Ile Val Val Cys Cys Val Gly Ser Val Gly Val Phe Leu Met Leu Cys	
210 215 220	
atg ctg atc ttt gcg ctg tgc cgt tgc agt ggg atc tgc ccg att gtg	720
Met Leu Ile Phe Ala Leu Cys Arg Cys Ser Gly Ile Cys Pro Ile Val	
225 230 235 240	
tgg agc tgc ctg tac ttc gtg ttc gcg ctt gca ttt gcg ttg ctt gcg	768

ES 2 490 193 T3

Trp	Ser	Cys	Leu	Tyr	Phe	Val	Phe	Ala	Leu	Ala	Phe	Ala	Leu	Leu	Ala		
				245					250					255			
gtg	ctg	ttc	acg	ata	tgc	atc	tac	gtg	atg	tcc	gcc	ggc	tgc	ggc	gag		816
Val	Leu	Phe	Thr	Ile	Cys	Ile	Tyr	Val	Met	Ser	Ala	Gly	Cys	Gly	Glu		
			260					265					270				
gtg	gac	ctc	cag	tac	agc	cgt	gag	cct	ggc	gtc	ttt	cag	tgg	tac	ctg		864
Val	Asp	Leu	Gln	Tyr	Ser	Arg	Glu	Pro	Gly	Val	Phe	Gln	Trp	Tyr	Leu		
		275					280					285					
gtg	ccg	tgg	tgc	gag	aag	cag	ttc	gac	ttc	cag	gcg	ctg	cgg	gct	cag		912
Val	Pro	Trp	Cys	Glu	Lys	Gln	Phe	Asp	Phe	Gln	Ala	Leu	Arg	Ala	Gln		
	290					295				300							
gtg	cag	agc	cag	gag	cag	cag	gtc	tcg	cag	agc	gcc	tgc	ggg	gcg	ctc		960
Val	Gln	Ser	Gln	Glu	Gln	Gln	Val	Ser	Gln	Ser	Ala	Cys	Gly	Ala	Leu		
305				310						315					320		
ttg	aac	ttc	tgt	gac	aac	gat	ccg	aat	tac	tcg	ttg	gag	aat	aaa	aac		1008
Leu	Asn	Phe	Cys	Asp	Asn	Asp	Pro	Asn	Tyr	Ser	Leu	Glu	Asn	Lys	Asn		
				325				330						335			
cac	atc	ttc	atg	tgc	ggc	aac	agc	atc	acc	gac	aaa	agc	cag	tgc	aac		1056
His	Ile	Phe	Met	Cys	Gly	Asn	Ser	Ile	Thr	Asp	Lys	Ser	Gln	Cys	Asn		
			340					345					350				
tcg	ctg	gac	gac	gtg	gtg	gac	gtt	gtt	ctg	agc	aca	tac	gtg	aag	ccg		1104
Ser	Leu	Asp	Asp	Val	Val	Asp	Val	Val	Leu	Ser	Thr	Tyr	Val	Lys	Pro		
		355				360						365					
atg	ctg	acg	aac	acg	cta	tgt	gcc	aac	cag	acg	ggc	atg	gag	tac	ctg		1152
Met	Leu	Thr	Asn	Thr	Leu	Cys	Ala	Asn	Gln	Thr	Gly	Met	Glu	Tyr	Leu		
	370					375					380						
gag	aag	tgt	acg	ttg	atc	tcc	tgc	gca	tcg	cgg	tgt	gtg	gac	tac	caa		1200
Glu	Lys	Cys	Thr	Leu	Ile	Ser	Cys	Ala	Ser	Arg	Cys	Val	Asp	Tyr	Gln		
385					390					395					400		
ttc	ccg	ccc	ctg	cat	gcc	agg	aca	gaa	gcc	att	caa	att	ctg	cag	gct		1248
Phe	Pro	Pro	Leu	His	Ala	Arg	Thr	Glu	Ala	Ile	Gln	Ile	Leu	Gln	Ala		
				405				410						415			
gcc	aac	ttt	gct	gcg	aat	gcg	agc	act	gcg	ctg	tca	tac	gtg	tgg	ccg		1296
Ala	Asn	Phe	Ala	Ala	Asn	Ala	Ser	Thr	Ala	Leu	Ser	Tyr	Val	Trp	Pro		
			420					425					430				
ctg	ctg	gag	tgc	aac	ttc	atc	att	gac	aag	att	gcc	aac	aca	gtc	gag		1344
Leu	Leu	Glu	Cys	Asn	Phe	Ile	Ile	Asp	Lys	Ile	Ala	Asn	Thr	Val	Glu		
		435				440						445					
acg	cgg	aac	tac	aac	agc	agc	ttc	acc	acg	cag	agc	gat	tat	gtg	cgc		1392
Thr	Arg	Asn	Tyr	Asn	Ser	Ser	Phe	Thr	Thr	Gln	Ser	Asp	Tyr	Val	Arg		
	450					455						460					
agc	tgc	tct	gcg	gtc	cgc	gta	tcc	tcg	gtg	atg	ctg	ggt	acc	ggt	ttc		1440
Ser	Cys	Ser	Ala	Val	Arg	Val	Ser	Ser	Val	Met	Leu	Gly	Thr	Gly	Phe		
465					470					475					480		
ttt	gtc	ggg	gcg	ctc	atg	ttc	atc	ctc	ggc	att	cac	gtc	atg	cat	cgc		1488
Phe	Val	Gly	Ala	Leu	Met	Phe	Ile	Leu	Gly	Ile	His	Val	Met	His	Arg		
				485					490					495			
ggt	gcg	ttt	atc	tgg	gct	gcc	ggc	aag	gag	aat	gat	gcg	gtg	cag	aag		1536
Gly	Ala	Phe	Ile	Trp	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Asn	Asp	Ala	Val	Gln	Lys		
			500					505					510				
aag	gat	gtt	tca	cca	cct	ggc	aat	gcc	gtc	tcg	tca	ccc	ctg	aga	aca		1584
Lys	Asp	Val	Ser	Pro	Pro	Gly	Asn	Ala	Val	Ser	Ser	Pro	Leu	Arg	Thr		
		515					520					525					
cct	taa																1590
Pro																	

ES 2 490 193 T3

<210> 78

<211> 529

<212> PRT

5 <213> Leishmania infantum

<400> 78

Met Ala Lys Thr Ala Leu Leu Val Gly Ala Leu Leu Ala Leu Val Met
1 5 10 15

Cys Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala Gln Arg Ser Leu Glu Cys Gln
20 25 30

Met Val Trp Gln Gly Pro Ser Ser Asn Asn Ser Leu Leu Glu Cys Leu
35 40 45

Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro
50 55 60

Ala Phe Ala Ala Leu Val Phe Ile Phe Thr Val Ile Gly Leu Pro Ile
65 70 75 80

Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys Glu Ala Tyr Val Lys Pro
85 90 95

Lys Ala Glu Thr Asp Leu Gly Val Ala Arg Cys Cys Leu Trp Met Trp
100 105 110

Ile Val Ile Ser Val Leu Val Ala Cys Gly Val Cys Val Leu Leu Val
115 120 125

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

Thr Glu Tyr Arg Thr Leu Asp Tyr Phe Asn Asp Thr Arg Ala Asn Ile
145 150 155 160

ES 2 490 193 T3

Ala Met Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Ala Asp Pro Pro Thr Pro Pro Ser
 165 170 175

Ile Asp Leu Ser Ala Phe Asp Ala Val Asn Asp Asn Val Thr Tyr Tyr
 180 185 190

Val His Leu Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Lys Tyr Phe Arg Ala Ala Glu
 195 200 205

Ile Val Val Cys Cys Val Gly Ser Val Gly Val Phe Leu Met Leu Cys
 210 215 220

Met Leu Ile Phe Ala Leu Cys Arg Cys Ser Gly Ile Cys Pro Ile Val
 225 230 235 240

Trp Ser Cys Leu Tyr Phe Val Phe Ala Leu Ala Phe Ala Leu Leu Ala
 245 250 255

Val Leu Phe Thr Ile Cys Ile Tyr Val Met Ser Ala Gly Cys Gly Glu
 260 265 270

Val Asp Leu Gln Tyr Ser Arg Glu Pro Gly Val Phe Gln Trp Tyr Leu
 275 280 285

Val Pro Trp Cys Glu Lys Gln Phe Asp Phe Gln Ala Leu Arg Ala Gln
 290 295 300

Val Gln Ser Gln Glu Gln Gln Val Ser Gln Ser Ala Cys Gly Ala Leu
 305 310 315 320

Leu Asn Phe Cys Asp Asn Asp Pro Asn Tyr Ser Leu Glu Asn Lys Asn
 325 330 335

His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr Asp Lys Ser Gln Cys Asn
 340 345 350

Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu Ser Thr Tyr Val Lys Pro
 355 360 365

Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln Thr Gly Met Glu Tyr Leu
 370 375 380

Glu Lys Cys Thr Leu Ile Ser Cys Ala Ser Arg Cys Val Asp Tyr Gln
 385 390 395 400

ES 2 490 193 T3

Phe Pro Pro Leu His Ala Arg Thr Glu Ala Ile Gln Ile Leu Gln Ala
 405 410 415

Ala Asn Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala Leu Ser Tyr Val Trp Pro
 420 425 430

Leu Leu Glu Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys Ile Ala Asn Thr Val Glu
 435 440 445

Thr Arg Asn Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr Gln Ser Asp Tyr Val Arg
 450 455 460

Ser Cys Ser Ala Val Arg Val Ser Ser Val Met Leu Gly Thr Gly Phe
 465 470 475 480

Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Leu Gly Ile His Val Met His Arg
 485 490 495

Gly Ala Phe Ile Trp Ala Ala Gly Lys Glu Asn Asp Ala Val Gln Lys
 500 505 510

Lys Asp Val Ser Pro Pro Gly Asn Ala Val Ser Ser Pro Leu Arg Thr
 515 520 525

Pro

- <210> 79
- <211> 1644
- 5 <212> ADN
- <213> Trypanosoma brucei

- <220>
- <221> CDS
- 10 <222> (1)..(1644)

<400> 79
 atg tcc tcc gtt acc act ggc agc tct ttc tat gct gca gtg tta ttg 48
 Met Ser Ser Val Thr Thr Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Ala Val Leu Leu
 1 5 10 15

gtg ctg ttg tta aca gtt acg caa tgc gga aac tcc aag ttt cca aat 96
 Val Leu Leu Leu Thr Val Thr Gln Cys Gly Asn Ser Lys Phe Pro Asn
 20 25 30

ctt cac tgt gac aat gtc tgg gat ggg ccc agt gct cga aat gac cct 144
 Leu His Cys Asp Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Ala Arg Asn Asp Pro
 35 40 45

ctt acg tgc att atg gat acc gac cgt atc tta gcg cag tgg cgt atg 192
 Leu Thr Cys Ile Met Asp Thr Asp Arg Ile Leu Ala Gln Trp Arg Met

ES 2 490 193 T3

50	55	60	
tta gca atg cct gct ctc tgt gct ttc ctt ttc gtg gct gtg tta att			240
Leu Ala Met Pro Ala Leu Cys Ala Phe Leu Phe Val Ala Val Leu Ile			
65	70	75	80
gct ttc ccc ata tct tgc ttt ctt aca tgc ctg tgt tcc tcc cgt tgc			288
Ala Phe Pro Ile Ser Cys Phe Leu Thr Cys Leu Cys Ser Ser Arg Cys			
	85	90	95
aag cct tcc tct aag gac gga ggt aag gaa caa cgt tgc tgc ctt tgg			336
Lys Pro Ser Ser Lys Asp Gly Gly Lys Glu Gln Arg Cys Cys Leu Trp			
	100	105	110
atg tgg att atg ttt gct tta ata tgg gct ttt ggt gtt gct gca ttt			384
Met Trp Ile Met Phe Ala Leu Ile Trp Ala Phe Gly Val Ala Ala Phe			
	115	120	125
gtg ttc ttt ggg gtg aag cag ttg tgg gca acc tca aat tat ttt ctc			432
Val Phe Phe Gly Val Lys Gln Leu Trp Ala Thr Ser Asn Tyr Phe Leu			
	130	135	140
gat gta aca ttg atg aat ccg ttg aat gtt gtg aac tgc act gcg gaa			480
Asp Val Thr Leu Met Asn Pro Leu Asn Val Val Asn Cys Thr Ala Glu			
	145	150	160
aaa gtt att gat ttt gcg tct aac tgg acc tct gga aat aga gag cca			528
Lys Val Ile Asp Phe Ala Ser Asn Trp Thr Ser Gly Asn Arg Glu Pro			
	165	170	175
tac gct gat ggt gtt gat gtg agc ttt ttc tat gat ata tog gaa aac			576
Tyr Ala Asp Gly Val Asp Val Ser Phe Phe Tyr Asp Ile Ser Glu Asn			
	180	185	190
gcc gtt cgt gtt gtt gaa atg ttg aga ggt aga gcg gga gat tat att			624
Ala Val Arg Val Val Glu Met Leu Arg Gly Arg Ala Gly Asp Tyr Ile			
	195	200	205
aag ttg tta cct gtt gtt tct tat gcg gtg ggt tcc gta tgt att gcg			672
Lys Leu Leu Pro Val Val Ser Tyr Ala Val Gly Ser Val Cys Ile Ala			
	210	215	220
ttg atg gct ccg atg gtt att ctt gct tgc tgt cgc cga ggt cct ttg			720
Leu Met Ala Pro Met Val Ile Leu Ala Cys Cys Arg Arg Gly Pro Leu			
	225	230	240
ata gtg ccc gaa tgc ttc gct tgt gca tat ttc gtt ttc ggg ctt gtt			768
Ile Val Pro Glu Cys Phe Ala Cys Ala Tyr Phe Val Phe Gly Leu Val			
	245	250	255
ttt tca gtt ggc ggt gct gtt ttg ttc ctg ttg agc tat gct tct tca			816
Phe Ser Val Gly Gly Ala Val Leu Phe Leu Leu Ser Tyr Ala Ser Ser			
	260	265	270
tct gtg tgt ggc gag att gca ctt cac cgt gag cga aag cct ggc att			864
Ser Val Cys Gly Glu Ile Ala Leu His Arg Glu Arg Lys Pro Gly Ile			
	275	280	285
atc cag tgg tac gga atc cca tta tgc aat agc aag ttt cgc cct gat			912
Ile Gln Trp Tyr Gly Ile Pro Leu Cys Asn Ser Lys Phe Arg Pro Asp			
	290	295	300

ES 2 490 193 T3

gct att aac aag aaa gtg aca gac gcg gag att ggc att tgt agg gag 960
 Ala Ile Asn Lys Lys Val Thr Asp Ala Glu Ile Gly Ile Cys Arg Glu
 305 310 315 320

gct tgc aat tat ttg ctt gat aac tgt gat aat ctg gat atg cgt ggc 1008
 Ala Cys Asn Tyr Leu Leu Asp Asn Cys Asp Asn Leu Asp Met Arg Gly
 325 330 335

cca agt atg agt cgt ttt tcg gga tca agt gta tct tat gat ggt tat 1056
 Pro Ser Met Ser Arg Phe Ser Gly Ser Ser Val Ser Tyr Asp Gly Tyr
 340 345 350

gtg cct tct ggt tac ctc aaa gac aga aac ggt aag ccg aac acg cga 1104
 Val Pro Ser Gly Tyr Leu Lys Asp Arg Asn Gly Lys Pro Asn Thr Arg
 355 360 365

tct agc gac ata tcc cct gac gcc cct gct tct ttc ata gca agt ggg 1152
 Ser Ser Asp Ile Ser Pro Asp Ala Pro Ala Ser Phe Ile Ala Ser Gly
 370 375 380

ttt gta agt cat gcg gca gct agg aat gtg ggt ggt act ttt ccc gtg 1200
 Phe Val Ser His Ala Ala Ala Arg Asn Val Gly Gly Thr Phe Pro Val
 385 390 395 400

aag gtt ctg act tgt gga aag aat atc acc tca tcc gat gag tgt cca 1248
 Lys Val Leu Thr Cys Gly Lys Asn Ile Thr Ser Ser Asp Glu Cys Pro
 405 410 415

aac ttt ggc atc aca gca aca gta ctg gag gac aca cgg gtg aag gcc 1296
 Asn Phe Gly Ile Thr Ala Thr Val Leu Glu Asp Thr Arg Val Lys Ala
 420 425 430

ttc gtt ggt tca tgc cct act ccc gga aat tct tgc acg gta gtg gag 1344
 Phe Val Gly Ser Cys Pro Thr Pro Gly Asn Ser Cys Thr Val Val Glu
 435 440 445

tgt gcg gcc aat tgt acg gag ggc agg gca aag aac gtc tct atc gaa 1392
 Cys Ala Ala Asn Cys Thr Glu Gly Arg Ala Lys Asn Val Ser Ile Glu
 450 455 460

gtc gta cgt gtg gct gca cgg tcg cgt aac gtc agt gtt gca ctt tca 1440
 Val Val Arg Val Ala Ala Arg Ser Arg Asn Val Ser Val Ala Leu Ser
 465 470 475 480

ata ggt cga ccg ctg ctg gaa tgt aat ttt atg ctc gac att gcg cta 1488
 Ile Gly Arg Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Met Leu Asp Ile Ala Leu
 485 490 495

act gcc atg ccg gac tgt gaa gat ata acg ccg ggt gtc ttc atg ctt 1536
 Thr Ala Met Pro Asp Cys Glu Asp Ile Thr Pro Gly Val Phe Met Leu
 500 505 510

tcc gtc ggg ttt ctc ctt gga agt ctg atg ttt gcg gtc ggg att tat 1584
 Ser Val Gly Phe Leu Leu Gly Ser Leu Met Phe Ala Val Gly Ile Tyr
 515 520 525

gtc atg ctc cgt ggt tct tgt gtt tgg ggt agt gcc aag acc tcg ccg 1632
 Val Met Leu Arg Gly Ser Cys Val Trp Gly Ser Ala Lys Thr Ser Pro
 530 535 540

gag gct tct taa 1644
 Glu Ala Ser
 545

5

<210> 80
 <211> 547
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma brucei

<400> 80

ES 2 490 193 T3

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

Val Leu Leu Leu Thr Val Thr Gln Cys Gly Asn Ser Lys Phe Pro Asn
 20 25 30

Leu His Cys Asp Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Ala Arg Asn Asp Pro
 35 40 45

Leu Thr Cys Ile Met Asp Thr Asp Arg Ile Leu Ala Gln Trp Arg Met
 50 55 60

Leu Ala Met Pro Ala Leu Cys Ala Phe Leu Phe Val Ala Val Leu Ile
 65 70 75 80

Ala Phe Pro Ile Ser Cys Phe Leu Thr Cys Leu Cys Ser Ser Arg Cys
 85 90 95

Lys Pro Ser Ser Lys Asp Gly Gly Lys Glu Gln Arg Cys Cys Leu Trp
 100 105 110

Met Trp Ile Met Phe Ala Leu Ile Trp Ala Phe Gly Val Ala Ala Phe
 115 120 125

Val Phe Phe Gly Val Lys Gln Leu Trp Ala Thr Ser Asn Tyr Phe Leu
 130 135 140

Asp Val Thr Leu Met Asn Pro Leu Asn Val Val Asn Cys Thr Ala Glu
 145 150 155 160

Lys Val Ile Asp Phe Ala Ser Asn Trp Thr Ser Gly Asn Arg Glu Pro
 165 170 175

Tyr Ala Asp Gly Val Asp Val Ser Phe Phe Tyr Asp Ile Ser Glu Asn
 180 185 190

Ala Val Arg Val Val Glu Met Leu Arg Gly Arg Ala Gly Asp Tyr Ile

ES 2 490 193 T3

	195						200								205
Lys	Leu	Leu	Pro	Val	Val	Ser	Tyr	Ala	Val	Gly	Ser	Val	Cys	Ile	Ala
	210						215								220
Leu	Met	Ala	Pro	Met	Val	Ile	Leu	Ala	Cys	Cys	Arg	Arg	Gly	Pro	Leu
	225				230						235				240
Ile	Val	Pro	Glu	Cys	Phe	Ala	Cys	Ala	Tyr	Phe	Val	Phe	Gly	Leu	Val
				245					250						255
Phe	Ser	Val	Gly	Gly	Ala	Val	Leu	Phe	Leu	Leu	Ser	Tyr	Ala	Ser	Ser
			260					265						270	
Ser	Val	Cys	Gly	Glu	Ile	Ala	Leu	His	Arg	Glu	Arg	Lys	Pro	Gly	Ile
		275						280					285		
Ile	Gln	Trp	Tyr	Gly	Ile	Pro	Leu	Cys	Asn	Ser	Lys	Phe	Arg	Pro	Asp
	290					295						300			
Ala	Ile	Asn	Lys	Lys	Val	Thr	Asp	Ala	Glu	Ile	Gly	Ile	Cys	Arg	Glu
	305				310						315				320
Ala	Cys	Asn	Tyr	Leu	Leu	Asp	Asn	Cys	Asp	Asn	Leu	Asp	Met	Arg	Gly
				325					330					335	
Pro	Ser	Met	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ser	Val	Ser	Tyr	Asp	Gly	Tyr
			340					345						350	
Val	Pro	Ser	Gly	Tyr	Leu	Lys	Asp	Arg	Asn	Gly	Lys	Pro	Asn	Thr	Arg
			355				360						365		
Ser	Ser	Asp	Ile	Ser	Pro	Asp	Ala	Pro	Ala	Ser	Phe	Ile	Ala	Ser	Gly
		370				375					380				
Phe	Val	Ser	His	Ala	Ala	Ala	Arg	Asn	Val	Gly	Gly	Thr	Phe	Pro	Val
	385				390						395				400
Lys	Val	Leu	Thr	Cys	Gly	Lys	Asn	Ile	Thr	Ser	Ser	Asp	Glu	Cys	Pro
				405					410					415	
Asn	Phe	Gly	Ile	Thr	Ala	Thr	Val	Leu	Glu	Asp	Thr	Arg	Val	Lys	Ala
			420					425					430		
Phe	Val	Gly	Ser	Cys	Pro	Thr	Pro	Gly	Asn	Ser	Cys	Thr	Val	Val	Glu
		435					440					445			

ES 2 490 193 T3

Cys Ala Ala Asn Cys Thr Glu Gly Arg Ala Lys Asn Val Ser Ile Glu
450 455 460

Val Val Arg Val Ala Ala Arg Ser Arg Asn Val Ser Val Ala Leu Ser
465 470 475 480

Ile Gly Arg Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Met Leu Asp Ile Ala Leu
485 490 495

Thr Ala Met Pro Asp Cys Glu Asp Ile Thr Pro Gly Val Phe Met Leu
500 505 510

Ser Val Gly Phe Leu Leu Gly Ser Leu Met Phe Ala Val Gly Ile Tyr
515 520 525

Val Met Leu Arg Gly Ser Cys Val Trp Gly Ser Ala Lys Thr Ser Pro
530 535 540

Glu Ala Ser
545

<210> 81
<211> 1713
5 <212> ADN
<213> Trypanosoma brucei

<220>
10 <221> CDS
<222> (1)..(1713)

<400> 81	
atg tat aat gcc ctg agg tca gca gct ctg gca gtg ggg ttg gtg tta	48
Met Tyr Asn Ala Leu Arg Ser Ala Ala Leu Ala Val Gly Leu Val Leu	
1 5 10 15	
ctg ttt gcc gcc acg cca gca tcc gca act aga gag ggt tcg ttt caa	96
Leu Phe Ala Ala Thr Pro Ala Ser Ala Thr Arg Glu Gly Ser Phe Gln	
20 25 30	
tgc gag aat gtg tgg gat ggc ccg agt acc agt aat gac gtt cag gcg	144
Cys Glu Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Thr Ser Asn Asp Val Gln Ala	
35 40 45	
tgt ata ctc aat gca gag cgc atg cgg tct cag tgg aag ctc ttt gtt	192
Cys Ile Leu Asn Ala Glu Arg Met Arg Ser Gln Trp Lys Leu Phe Val	
50 55 60	
ttg ccg ttt cta agt gct gta ctt ctt gca gta ctg ttg gta agc ttc	240
Leu Pro Phe Leu Ser Ala Val Leu Leu Ala Val Leu Leu Val Ser Phe	
65 70 75 80	

ES 2 490 193 T3

cct ctt gta ttc att tgc tcc ata tgc tgt aac tgt tgc ggc tgt tgt	288
Pro Leu Val Phe Ile Cys Ser Ile Cys Cys Asn Cys Cys Gly Cys Cys	
85 90 95	
ggt gca aac tgc tgt aaa ccg gaa acg aag aag agc agg aat cag gcc	336
Gly Ala Asn Cys Cys Lys Pro Glu Thr Lys Lys Ser Arg Asn Gln Ala	
100 105 110	
cgt tgc tgt ttg tgg ttg tac atc gtg tat gcc cta ctt tgg agc gtt	384
Arg Cys Cys Leu Trp Leu Tyr Ile Val Tyr Ala Leu Leu Trp Ser Val	
115 120 125	
atg gtt ttt ttt ctt atc gta tac ggg act ccg acg gtg acg aag gct	432
Met Val Phe Phe Leu Ile Val Tyr Gly Thr Arg Thr Val Thr Lys Ala	
130 135 140	
ggt cca acg ttc gtc gac gac gca gtc tct gga ccc ttg tgc tac ttt	480
Val Pro Thr Phe Val Asp Asp Ala Val Ser Gly Pro Leu Ser Tyr Phe	
145 150 155 160	
aat caa aca gca gaa agt gta atg gat tac aca tat gac tgg agc tcg	528
Asn Gln Thr Ala Glu Ser Val Met Asp Tyr Thr Tyr Asp Trp Ser Ser	
165 170 175	
ggt gag cgg agg gaa cca ggt gac ttt acg att gac ttc tcc gag ttt	576
Gly Glu Arg Arg Glu Pro Gly Asp Phe Thr Ile Asp Phe Ser Glu Phe	
180 185 190	
tcc agc atg cag aag aag gta atg gaa ggc gtg tcc gca gtc cgt gca	624
Ser Ser Met Gln Lys Lys Val Met Glu Gly Val Ser Ala Val Arg Ala	
195 200 205	
aca gtc ttt gta cac ttt gac aag gtc tcc atc gcg tcc tac gtt gtc	672
Thr Val Phe Val His Phe Asp Lys Val Ser Ile Ala Ser Tyr Val Val	
210 215 220	
gga agc ctt ggt ttc gtt atg gta ctt gtt att ctc cct ttt gcc atg	720
Gly Ser Leu Gly Phe Val Met Val Leu Val Ile Leu Pro Phe Ala Met	
225 230 235 240	
ttc aag tgc tgc att ccg ggg ttt cca ata tgt atc tgc ttc gtc tat	768
Phe Lys Cys Cys Ile Pro Gly Phe Pro Ile Cys Ile Ser Phe Val Tyr	
245 250 255	
tgg att ttt ggt ctt gcc ttc gcc gtg ctc gga ctt ctg ttg acg att	816
Trp Ile Phe Gly Leu Ala Phe Ala Val Leu Gly Leu Leu Leu Thr Ile	
260 265 270	
ctg gcg tac ttc gcc acc ctt acc tgc ggc gaa gtg gag cga cac cat	864
Leu Ala Tyr Phe Ala Thr Leu Thr Cys Gly Glu Val Glu Arg His His	
275 280 285	
ggg ccg gat cca ggg ctg att cag tgg tat gcc gtc cct gtt tgt aaa	912
Gly Arg Asp Pro Gly Leu Ile Gln Trp Tyr Gly Val Pro Val Cys Lys	
290 295 300	
gag ttt ttt aat ttc caa cag tta aac aag gcc att atg gcc gct gag	960
Glu Phe Phe Asn Phe Gln Gln Leu Asn Lys Gly Ile Met Ala Ala Glu	
305 310 315 320	
ttg cag ctg tct cag ggt gtc tgc aag gca gtt cta ccg ttc tgt gac	1008

ES 2 490 193 T3

Leu Gln Leu Ser Gln Gly Val Cys Lys Ala Val Leu Pro Phe Cys Asp
 325 330 335

aga cgt aag ctt cgg ggc ccc ggt ggc gta gtg gat cgt gct gat cct 1056
 Arg Arg Lys Leu Arg Gly Pro Gly Gly Val Val Asp Arg Ala Asp Pro
 340 345 350

cac cct ggt gag aga aac agg ttg ctg cca ccc ggt ggc gaa tat cca 1104
 His Pro Gly Glu Arg Asn Arg Leu Leu Pro Pro Gly Gly Glu Tyr Pro
 355 360 365

aat gaa aag gcc ttg gag aac aca agc cac aaa cac gga aat gtt cct 1152
 Asn Glu Lys Ala Leu Glu Asn Thr Ser His Lys His Gly Asn Val Pro
 370 375 380

cct gca agc gat agg gcg ggg ggt cca ccg cat cca aca cct gtg cgt 1200
 Pro Ala Ser Asp Arg Ala Gly Gly Pro Pro His Pro Thr Pro Val Arg
 385 390 395 400

gac cac tcg ggt ctg cct gga att tcc gag ggg ccg aat ttt ccg gat 1248
 Asp His Ser Gly Leu Pro Gly Ile Ser Glu Gly Pro Asn Phe Pro Asp
 405 410 415

ctt ccc gcg gtc cct gtg cta aac tgt caa gaa gga ttt aca gac gcc 1296
 Leu Pro Ala Val Pro Val Leu Asn Cys Gln Glu Gly Phe Thr Asp Ala
 420 425 430

tcg cag tgt acg acg ttt gat gcg atg tcc gca ctt gtg ttg acg gcg 1344
 Ser Gln Cys Thr Thr Phe Asp Ala Met Ser Ala Leu Val Leu Thr Ala
 435 440 445

gaa gtt aaa ggt tcc tta aac cca tgt gga gag gcc gga aag gcg tgc 1392
 Glu Val Lys Gly Ser Leu Asn Pro Cys Gly Glu Ala Gly Lys Ala Cys
 450 455 460

aac ctt acg gag tgt gcc gcg cgt tgt gaa aac gat caa tta cag gag 1440
 Asn Leu Thr Glu Cys Ala Ala Arg Cys Glu Asn Asp Gln Leu Gln Glu
 465 470 475 480

ctt gcg gtt cgc gca aca agt cag att gag aga gtg cag aac gta acc 1488
 Leu Ala Val Arg Ala Thr Ser Gln Ile Glu Arg Val Gln Asn Val Thr
 485 490 495

atc gcg tgg tcg tat gcc agg ccg cta ctt gag tgc aac ttc gta atc 1536
 Ile Ala Trp Ser Tyr Ala Arg Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Val Ile
 500 505 510

gac aag att gta gag tct cta gaa gca tgc ggg gac atc acg gca gga 1584
 Asp Lys Ile Val Glu Ser Leu Glu Ala Cys Gly Asp Ile Thr Ala Gly
 515 520 525

acg atg gtg ttg ggt gca ggt ttt ttc att ggt gca att gtg ttt ggc 1632
 Thr Met Val Leu Gly Ala Gly Phe Phe Ile Gly Ala Ile Val Phe Gly
 530 535 540

ctc ggt ata tat att atg ctc cgt ggt gct tgc gta tgg ggt gag ata 1680
 Leu Gly Ile Tyr Ile Met Leu Arg Gly Ala Cys Val Trp Gly Glu Ile
 545 550 555 560

ccg atg ttc act agg gat gcg aaa gct tcg tag 1713
 Pro Met Phe Thr Arg Asp Ala Lys Ala Ser
 565 570

5 <210> 82
 <211> 570
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma brucei

<400> 82

ES 2 490 193 T3

Met Tyr Asn Ala Leu Arg Ser Ala Ala Leu Ala Val Gly Leu Val Leu
 1 5 10 15

Leu Phe Ala Ala Thr Pro Ala Ser Ala Thr Arg Glu Gly Ser Phe Gln
 20 25 30

Cys Glu Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Thr Ser Asn Asp Val Gln Ala
 35 40 45

Cys Ile Leu Asn Ala Glu Arg Met Arg Ser Gln Trp Lys Leu Phe Val
 50 55 60

Leu Pro Phe Leu Ser Ala Val Leu Leu Ala Val Leu Leu Val Ser Phe
 65 70 75 80

Pro Leu Val Phe Ile Cys Ser Ile Cys Cys Asn Cys Cys Gly Cys Cys
 85 90 95

Gly Ala Asn Cys Cys Lys Pro Glu Thr Lys Lys Ser Arg Asn Gln Ala
 100 105 110

Arg Cys Cys Leu Trp Leu Tyr Ile Val Tyr Ala Leu Leu Trp Ser Val
 115 120 125

Met Val Phe Phe Leu Ile Val Tyr Gly Thr Arg Thr Val Thr Lys Ala
 130 135 140

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

Asn Gln Thr Ala Glu Ser Val Met Asp Tyr Thr Tyr Asp Trp Ser Ser
 165 170 175

Gly Glu Arg Arg Glu Pro Gly Asp Phe Thr Ile Asp Phe Ser Glu Phe
 180 185 190

Ser Ser Met Gln Lys Lys Val Met Glu Gly Val Ser Ala Val Arg Ala
 195 200 205

ES 2 490 193 T3

Thr Val Phe Val His Phe Asp Lys Val Ser Ile Ala Ser Tyr Val Val
 210 215 220

Gly Ser Leu Gly Phe Val Met Val Leu Val Ile Leu Pro Phe Ala Met
 225 230 235 240

Phe Lys Cys Cys Ile Pro Gly Phe Pro Ile Cys Ile Ser Phe Val Tyr
 245 250 255

Trp Ile Phe Gly Leu Ala Phe Ala Val Leu Gly Leu Leu Leu Thr Ile
 260 265 270

Leu Ala Tyr Phe Ala Thr Leu Thr Cys Gly Glu Val Glu Arg His His
 275 280 285

Gly Arg Asp Pro Gly Leu Ile Gln Trp Tyr Gly Val Pro Val Cys Lys
 290 295 300

Glu Phe Phe Asn Phe Gln Gln Leu Asn Lys Gly Ile Met Ala Ala Glu
 305 310 315 320

Leu Gln Leu Ser Gln Gly Val Cys Lys Ala Val Leu Pro Phe Cys Asp
 325 330 335

Arg Arg Lys Leu Arg Gly Pro Gly Gly Val Val Asp Arg Ala Asp Pro
 340 345 350

His Pro Gly Glu Arg Asn Arg Leu Leu Pro Pro Gly Gly Glu Tyr Pro
 355 360 365

Asn Glu Lys Ala Leu Glu Asn Thr Ser His Lys His Gly Asn Val Pro
 370 375 380

Pro Ala Ser Asp Arg Ala Gly Gly Pro Pro His Pro Thr Pro Val Arg
 385 390 395 400

Asp His Ser Gly Leu Pro Gly Ile Ser Glu Gly Pro Asn Phe Pro Asp
 405 410 415

Leu Pro Ala Val Pro Val Leu Asn Cys Gln Glu Gly Phe Thr Asp Ala
 420 425 430

Ser Gln Cys Thr Thr Phe Asp Ala Met Ser Ala Leu Val Leu Thr Ala
 435 440 445

ES 2 490 193 T3

Glu Val Lys Gly Ser Leu Asn Pro Cys Gly Glu Ala Gly Lys Ala Cys
450 455 460

Asn Leu Thr Glu Cys Ala Ala Arg Cys Glu Asn Asp Gln Leu Gln Glu
465 470 475 480

Leu Ala Val Arg Ala Thr Ser Gln Ile Glu Arg Val Gln Asn Val Thr
485 490 495

Ile Ala Trp Ser Tyr Ala Arg Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Val Ile
500 505 510

Asp Lys Ile Val Glu Ser Leu Glu Ala Cys Gly Asp Ile Thr Ala Gly
515 520 525

Thr Met Val Leu Gly Ala Gly Phe Phe Ile Gly Ala Ile Val Phe Gly
530 535 540

Leu Gly Ile Tyr Ile Met Leu Arg Gly Ala Cys Val Trp Gly Glu Ile
545 550 555 560

Pro Met Phe Thr Arg Asp Ala Lys Ala Ser
565 570

<210> 83

<211> 1329

5 <212> ADN

<213> Trypanosoma cruzi

<220>

<221> CDS

10 <222> (1).. (1329)

<400> 83

atg cgt gag att gtg tgc gtt cag gcc ggc cag tgc ggc aac cag atc 48
Met Arg Glu Ile Val Cys Val Gln Ala Gly Gln Cys Gly Asn Gln Ile
1 5 10 15

ggc tcg aag ttc tgg gag gtg atc agc gac gaa cac ggt gtg gac cca 96
Gly Ser Lys Phe Trp Glu Val Ile Ser Asp Glu His Gly Val Asp Pro
20 25 30

aca gga aca tac cag gcc gat tcg gac ctt cag ctg gag cgc atc aat 144
Thr Gly Thr Tyr Gln Gly Asp Ser Asp Leu Gln Leu Glu Arg Ile Asn
35 40 45

gtg tac ttt gat gag gca acg gcc ggc cgc tac gtg ccc cgt gcg gtg 192
Val Tyr Phe Asp Glu Ala Thr Gly Gly Arg Tyr Val Pro Arg Ala Val
50 55 60

ctt atc gac ctg gag ccc gcc acg atg gac tcc gtg cgc gct ggt cca 240
Leu Ile Asp Leu Glu Pro Gly Thr Met Asp Ser Val Arg Ala Gly Pro

ES 2 490 193 T3

65	70	75	80	
tac ggg cag atc ttc cgc ccg gac aac ttc atc ttt ggt cag tct ggc Tyr Gly Gln Ile Phe Arg Pro Asp Asn Phe Ile Phe Gly Gln Ser Gly	85	90	95	288
gca ggc aac aac tgg gcc cag ggc cac tac acg gag ggc gca gag ctg Ala Gly Asn Asn Trp Ala Gln Gly His Tyr Thr Glu Gly Ala Glu Leu	100	105	110	336
att gat tcc gtg ctg gac gtt tgc cgc aag gag gcg gag agc tgc gac Ile Asp Ser Val Leu Asp Val Cys Arg Lys Glu Ala Glu Ser Cys Asp	115	120	125	384
tgc ctg cag ggc ttc cag atc tgc cac tct ctt ggc ggt ggt acg ggc Cys Leu Gln Gly Phe Gln Ile Cys His Ser Leu Gly Gly Gly Thr Gly	130	135	140	432
tct ggc atg gga act ctg ctc atc tcg aag ctg cgc gag gag tac cca Ser Gly Met Gly Thr Leu Leu Ile Ser Lys Leu Arg Glu Glu Tyr Pro	145	150	155	480
gac cgc atc atg atg acc ttc tcc atc att ccg tcc ccc aag gtg tcc Asp Arg Ile Met Met Thr Phe Ser Ile Ile Pro Ser Pro Lys Val Ser	165	170	175	528
gat acg gtc gtc gag ccg tac aat acg acg ctt tct gtg cat cag ctg Asp Thr Val Val Glu Pro Tyr Asn Thr Thr Leu Ser Val His Gln Leu	180	185	190	576
gtg gaa aac tca gac gaa tcg atg tgt att gac aat gag gct ctg tac Val Glu Asn Ser Asp Glu Ser Met Cys Ile Asp Asn Glu Ala Leu Tyr	195	200	205	624
gac att tgt ttt cgt acg ctg aaa ctg acg act cca acg ttc ggt gat Asp Ile Cys Phe Arg Thr Leu Lys Leu Thr Thr Pro Thr Phe Gly Asp	210	215	220	672
ctg aac cac ttg gtg tcc gcg gtg gtc tcc ggc gtg acc tgc tgc ctg Leu Asn His Leu Val Ser Ala Val Val Ser Gly Val Thr Cys Cys Leu	225	230	235	720
cgc ttc cct ggc cag ctc aac tcc gac ctg cgc aag ctg gcg gtg aac Arg Phe Pro Gly Gln Leu Asn Ser Asp Leu Arg Lys Leu Ala Val Asn	245	250	255	768
ctg gtg ccg ttc cct cgt ctg cac ttc ttc atg atg ggc ttt gcc ccg Leu Val Pro Phe Pro Arg Leu His Phe Phe Met Met Gly Phe Ala Pro	260	265	270	816
ctc acg agc cgc ggc tcg cag cag tac cga ggt ctg tcc gtg cca gag Leu Thr Ser Arg Gly Ser Gln Gln Tyr Arg Gly Leu Ser Val Pro Glu	275	280	285	864
ctg acg cag cag atg ttc gat gca aag aac atg atg cag gct gca gac Leu Thr Gln Gln Met Phe Asp Ala Lys Asn Met Met Gln Ala Ala Asp	290	295	300	912
ccg cgc cac ggt cgc tac ctg acg gcg tct gcg ctc ttc cgc ggc cgc Pro Arg His Gly Arg Tyr Leu Thr Ala Ser Ala Leu Phe Arg Gly Arg	305	310	315	960

ES 2 490 193 T3

atg tcg acg aag gag gtg gac gag cag atg ctc aac gtg cag aac aag 1008
 Met Ser Thr Lys Glu Val Asp Glu Gln Met Leu Asn Val Gln Asn Lys
 325 330 335

aac tcg tcc tac ttc att gag tgg atc ccg aac aac atc aag tcc tcc 1056
 Asn Ser Ser Tyr Phe Ile Glu Trp Ile Pro Asn Asn Ile Lys Ser Ser
 340 345 350

atc tgc gac atc ccg ccc aag ggc ctg aag atg gcc gtc acc ttt gtc 1104
 Ile Cys Asp Ile Pro Pro Lys Gly Leu Lys Met Ala Val Thr Phe Val
 355 360 365

ggc aac aac acc tgc atc cag gag atg ttt cgc cgc gtg ggc gag cag 1152
 Gly Asn Asn Thr Cys Ile Gln Glu Met Phe Arg Arg Val Gly Glu Gln
 370 375 380

ttc acg gcg atg ttc cgc cgc aag gcg ttc ttg cac tgg tac acg ggc 1200
 Phe Thr Ala Met Phe Arg Arg Lys Ala Phe Leu His Trp Tyr Thr Gly
 385 390 395 400

gag ggc atg gac gag atg gag ttc acc gag gcg gag tcc aac atg aac 1248
 Glu Gly Met Asp Glu Met Glu Phe Thr Glu Ala Glu Ser Asn Met Asn
 405 410 415

gat ctt gtg tcg gag tac cag cag tac cag gac gcc acc att gag gag 1296
 Asp Leu Val Ser Glu Tyr Gln Gln Tyr Gln Asp Ala Thr Ile Glu Glu
 420 425 430

gaa ggt gag ttc gac gag gag gag cag tac tag 1329
 Glu Gly Glu Phe Asp Glu Glu Glu Gln Tyr
 435 440

<210> 84
 <211> 442
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

5

<400> 84
 Met Arg Glu Ile Val Cys Val Gln Ala Gly Gln Cys Gly Asn Gln Ile
 1 5 10 15

Gly Ser Lys Phe Trp Glu Val Ile Ser Asp Glu His Gly Val Asp Pro
 20 25 30

Thr Gly Thr Tyr Gln Gly Asp Ser Asp Leu Gln Leu Glu Arg Ile Asn
 35 40 45

Val Tyr Phe Asp Glu Ala Thr Gly Gly Arg Tyr Val Pro Arg Ala Val
 50 55 60

Leu Ile Asp Leu Glu Pro Gly Thr Met Asp Ser Val Arg Ala Gly Pro
 65 70 75 80

ES 2 490 193 T3

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

ES 2 490 193 T3

325 330 335

Asn Ser Ser Tyr Phe Ile Glu Trp Ile Pro Asn Asn Ile Lys Ser Ser
340 345 350

Ile Cys Asp Ile Pro Pro Lys Gly Leu Lys Met Ala Val Thr Phe Val
355 360 365

Gly Asn Asn Thr Cys Ile Gln Glu Met Phe Arg Arg Val Gly Glu Gln
370 375 380

Phe Thr Ala Met Phe Arg Arg Lys Ala Phe Leu His Trp Tyr Thr Gly
385 390 395 400

Glu Gly Met Asp Glu Met Glu Phe Thr Glu Ala Glu Ser Asn Met Asn
405 410 415

Asp Leu Val Ser Glu Tyr Gln Gln Tyr Gln Asp Ala Thr Ile Glu Glu
420 425 430

Glu Gly Glu Phe Asp Glu Glu Glu Gln Tyr
435 440

<210> 85
 <211> 1227
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1227)

<400> 85

atg tac gtc gtg ctt ttt ttc gtt tta tta ctc tcc gtg ctt ggc gtt	48
Met Tyr Val Val Leu Phe Phe Val Leu Leu Leu Ser Val Leu Gly Val	
1 5 10 15	
gat gca gaa gag gag gac gtg agg aga aac gat gag gtg gta gcg cgt	96
Asp Ala Glu Glu Glu Asp Val Arg Arg Asn Asp Glu Val Val Ala Arg	
20 25 30	
ctg cgc gag gag ttg gcg gag gag ggc gtt gag ccg ttg cca gaa ccg	144
Leu Arg Glu Glu Leu Ala Glu Glu Gly Val Glu Pro Leu Pro Glu Pro	
35 40 45	
ccc cga gaa ctt ggt gtt cat gcc gcc tgc gtg agg cac ggc gtg gga	192
Pro Arg Glu Leu Gly Val His Ala Ala Cys Val Arg His Gly Val Gly	
50 55 60	
tgc ccg gac gaa tac gtg gaa ttt ttg gag tcg ctg cag agg acc cca	240
Cys Pro Asp Glu Tyr Val Glu Phe Leu Glu Ser Leu Gln Arg Thr Pro	
65 70 75 80	

ES 2 490 193 T3

cac act ttt ccg gag acg aaa ccg aga aac gat gca atg agt gcg gaa	288
His Thr Phe Pro Glu Thr Lys Pro Arg Asn Asp Ala Met Ser Ala Glu	
85 90 95	
cgg agc gga aat atg cgg cgc caa acg cca ctc cat ggc gct gga gag	336
Arg Ser Gly Asn Met Arg Arg Gln Thr Pro Leu His Gly Ala Gly Glu	
100 105 110	
aga agg gcc tat tca att aag ggc gag gat gct gtt att gag gtt caa	384
Arg Arg Ala Tyr Ser Ile Lys Gly Glu Asp Ala Val Ile Glu Val Gln	
115 120 125	
ctg gag aat atg cgg cgc ctg cgt gat gta atg cgt gag cgg ttg gcc	432
Leu Glu Asn Met Arg Arg Leu Arg Asp Val Met Arg Glu Arg Leu Ala	
130 135 140	
aag cag cag tcg ccc gag caa cag tgg aag tgc aaa gag ttt ttg tgg	480
Lys Gln Gln Ser Pro Glu Gln Gln Trp Lys Cys Lys Glu Phe Leu Trp	
145 150 155 160	
atc agc aga ggg ctg aaa atg gtt gag gcc atg cat tcc gta tta ttg	528
Ile Ser Arg Gly Leu Lys Met Val Glu Ala Met His Ser Val Leu Leu	
165 170 175	
caa aag tac tgg aat ttt gtc atg aat cag ctt ctt cca tgc gtc ctg	576
Gln Lys Tyr Trp Asn Phe Val Met Asn Gln Leu Leu Pro Cys Val Leu	
180 185 190	
ctt gtt ttt gtg aca gtg tgg gtc ttt act ggc aac cgt att ccg cgt	624
Leu Val Phe Val Thr Val Trp Val Phe Thr Gly Asn Arg Ile Pro Arg	
195 200 205	
gag cac ttg cgc agt ctc ctt gcc gat gat ccc gtc cct gtc ttc aat	672
Glu His Leu Arg Ser Leu Leu Ala Asp Asp Pro Val Pro Val Phe Asn	
210 215 220	
gag gtt ata atc cgc cgc aag tcg cca caa tcc gtg gcg cag ctt gtg	720
Glu Val Ile Ile Arg Arg Lys Ser Pro Gln Ser Val Ala Gln Leu Val	
225 230 235 240	
atg gag cgt gaa agc cac aat ttc tcc agt atg gtt gac atc gat gat	768
Met Glu Arg Glu Ser His Asn Phe Ser Ser Met Val Asp Ile Asp Asp	
245 250 255	
ggt agc agc agc ccc tct gcc gtc cct aat ggc ttt gcg aag gaa aaa	816
Gly Ser Ser Ser Pro Ser Ala Val Pro Asn Gly Phe Ala Lys Glu Lys	
260 265 270	
gag gac tcc atg cgg gcg att ata aat tat cgc cgt gat cgt tgg ttt	864
Glu Asp Ser Met Arg Ala Ile Ile Asn Tyr Arg Arg Asp Arg Trp Phe	
275 280 285	
gct acc cgc ttt gcc ctg ctt gag gcg tac cat gag gcc cac att gcg	912
Ala Thr Arg Phe Ala Leu Leu Glu Ala Tyr His Glu Ala His Ile Ala	
290 295 300	
ggg gta gtt ttg aga ctt cgc cta gcg tta agt gca gct gtt ttg ctg	960
Gly Val Val Leu Arg Leu Arg Leu Ala Leu Ser Ala Ala Val Leu Leu	
305 310 315 320	

ES 2 490 193 T3

```

atg ctt tgc tgg act ctt ttc tcc ctc gtg ctg cga gct tcc gag gtg      1008
Met Leu Cys Trp Thr Leu Phe Ser Leu Val Leu Arg Ala Ser Glu Val
                325                      330                      335

cgc aga aac agt gac ggt gga ata ata caa cac cta ttg gtt atg ctc      1056
Arg Arg Asn Ser Asp Gly Gly Ile Ile Gln His Leu Leu Val Met Leu
                340                      345                      350

ttt ccg tca tgg gtg acg acc tct ttc gta ctg tac att ggc tgg tcg      1104
Phe Pro Ser Trp Val Thr Thr Ser Phe Val Leu Tyr Ile Gly Trp Ser
                355                      360                      365

tgg att ggc ggc atg gtg gcg tac gcc gcg tgg gag cta gtg tct act      1152
Trp Ile Gly Gly Met Val Ala Tyr Ala Ala Trp Glu Leu Val Ser Thr
                370                      375                      380

ggg gag gct ctg gtg cgc acg ggt gag cgt gcg gct gct ctt cat gag      1200
Gly Glu Ala Leu Val Arg Thr Gly Glu Arg Ala Ala Ala Leu His Glu
                385                      390                      395                      400

aag att ctg gag cgc tgg tgc ggc tga                                  1227
Lys Ile Leu Glu Arg Trp Cys Gly
                405

```

<210> 86
 <211> 408
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

5

```

<400> 86
Met Tyr Val Val Leu Phe Phe Val Leu Leu Leu Ser Val Leu Gly Val
1                5                10                15

Asp Ala Glu Glu Glu Asp Val Arg Arg Asn Asp Glu Val Val Ala Arg
                20                25                30

Leu Arg Glu Glu Leu Ala Glu Glu Gly Val Glu Pro Leu Pro Glu Pro
                35                40                45

Pro Arg Glu Leu Gly Val His Ala Ala Cys Val Arg His Gly Val Gly
                50                55                60

Cys Pro Asp Glu Tyr Val Glu Phe Leu Glu Ser Leu Gln Arg Thr Pro
65                70                75                80

His Thr Phe Pro Glu Thr Lys Pro Arg Asn Asp Ala Met Ser Ala Glu
                85                90                95

Arg Ser Gly Asn Met Arg Arg Gln Thr Pro Leu His Gly Ala Gly Glu
                100                105                110

Arg Arg Ala Tyr Ser Ile Lys Gly Glu Asp Ala Val Ile Glu Val Gln

```


ES 2 490 193 T3

115	120	125			
Leu 130	Glu Asn Met Arg Arg 135	Leu Arg Asp Val Met Arg 140	Glu Arg Leu Ala		
Lys 145	Gln Gln Ser Pro 150	Glu Gln Gln Trp Lys Cys Lys 155	Glu Phe Leu Trp		
Ile 165	Ser Arg Gly Leu Lys Met Val 170	Glu Ala Met His Ser Val 175	Leu Leu		
Gln 180	Lys Tyr Trp Asn Phe Val Met 185	Asn Gln Leu Leu Pro Cys Val 190	Leu		
Leu 195	Val Phe Val Thr Val Trp Val 200	Phe Thr Gly Asn Arg 205	Ile Pro Arg		
Glu 210	His Leu Arg Ser Leu Leu Ala 215	Asp Asp Pro Val Pro Val Phe 220	Asn		
Glu 225	Val Ile Ile Arg Arg Lys Ser 230	Pro Gln Ser Val Ala Gln Leu 235	Val		
Met 245	Glu Arg Glu Ser His Asn Phe 245	Ser Ser Met Val Asp Ile Asp 255	Asp		
Gly 260	Ser Ser Ser Pro Ser Ala Val 265	Pro Asn Gly Phe Ala Lys Glu 270	Lys		
Glu 275	Asp Ser Met Arg Ala Ile Ile 280	Asn Tyr Arg Arg Asp Arg Trp 285	Phe		
Ala 290	Thr Arg Phe Ala Leu Leu Glu 295	Ala Tyr His Glu Ala His Ile 300	Ala		
Gly 305	Val Val Leu Arg Leu Arg Leu 310	Ala Leu Ser Ala Ala Val Leu 315	Leu		
Met 320	Leu Cys Trp Thr Leu Phe Ser 325	Leu Val Leu Arg Ala Ser Glu 330	Val		
Arg 340	Arg Asn Ser Asp Gly Gly Ile 345	Ile Gln His Leu Leu Val Met 350	Leu		
Phe 355	Pro Ser Trp Val Thr Thr Ser 360	Phe Val Leu Tyr Ile Gly Trp 365	Ser		
Trp 370	Ile Gly Gly Met Val Ala Tyr 375	Ala Ala Trp Glu Leu Val Ser 380	Thr		
Gly 385	Glu Ala Leu Val Arg Thr Gly 390	Glu Arg Ala Ala Ala Leu His 395	Glu		
Lys 405	Ile Leu Glu Arg Trp Cys Gly				

ES 2 490 193 T3

<210> 87
 <211> 1824
 <212> ADN
 <213> Leishmania major

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1824)

10

<400> 87
 atg cag ccg ctt atg gct tac cct ggc ttc ttt cgc ttg act gct gcg 48
 Met Gln Pro Leu Met Ala Tyr Pro Gly Phe Phe Arg Leu Thr Ala Ala
 1 5 10 15
 gcg cgg gtg gcg ctc gtg gcg ttg tgt ctt gct ctc gcc ttc ctg agt 96
 Ala Arg Val Ala Leu Val Ala Leu Cys Leu Ala Leu Ala Phe Leu Ser
 20 25 30
 gtg gcc gct gtt gct gcg cct acc ttc tcc gca tcg gcc aca gcc cag 144
 Val Ala Ala Val Ala Ala Pro Thr Phe Ser Ala Ser Ala Thr Ala Gln
 35 40 45
 cag tat agg gac agg cgc gtc gcg cac ttg cgc gct gct ttg ctc gac 192
 Gln Tyr Arg Asp Arg Arg Val Ala His Leu Arg Ala Ala Leu Leu Asp
 50 55 60
 aag gca ccg tat cat gta ggg gcc cta ccc gat cca ccg ctg gag tgg 240
 Lys Ala Pro Tyr His Val Gly Ala Leu Pro Asp Pro Pro Leu Glu Trp
 65 70 75 80
 ggc ctt cat acg gcg tgc aaa aag ttc ggc cgt ggc tgc ccg gac acc 288
 Gly Leu His Thr Ala Cys Lys Lys Phe Gly Arg Gly Cys Pro Asp Thr
 85 90 95
 tac gta cag ttt ctc gag gag ctc gta gcc tta cta gag ggt gag gtc 336
 Tyr Val Gln Phe Leu Glu Glu Leu Val Ala Leu Leu Glu Gly Glu Val
 100 105 110
 gcc gat gga gac ggt tgc gac gtc gca gcc gcg gtc gca gcg aag agg 384
 Ala Asp Gly Asp Gly Cys Asp Val Ala Gly Ala Val Ala Ala Lys Arg
 115 120 125
 aaa ggg gcg gag cat gcg aca tgc cag gct caa ccg gag ctg gcc agt 432
 Lys Gly Ala Glu His Ala Thr Cys Gln Ala Gln Pro Glu Leu Gly Ser
 130 135 140

ES 2 490 193 T3

atc gcg gtg aca cga gtc gcg tct gtt gtt gag gcc ccc gag cgg tgc Ile Ala Val Thr Arg Val Ala Ser Val Val Glu Ala Pro Glu Arg Cys 145 150 155 160	480
atc aac ggc gtg gac gac ggc gtt gcc gac gct gct gtc tct ctt gcc Ile Asn Gly Val Asp Asp Gly Val Ala Asp Ala Ala Val Ser Leu Ala 165 170 175	528
gca ctc ctg ccg tgc gat ctt cga ctt ccg ctg cag ttg tgc tgg ctg Ala Leu Leu Pro Cys Asp Leu Arg Leu Pro Leu Gln Leu Ser Trp Leu 180 185 190	576
tac gag gcg cgg aag cgt ctt gag aac ctg ctc cat ctc ctt gcc att Tyr Glu Ala Arg Lys Arg Leu Glu Asn Leu Leu His Leu Leu Ala Ile 195 200 205	624
cgc gag tct gag ctc cgc aga gac ggt gtc gcg ccg gcg ccg ttg cag Arg Glu Ser Glu Leu Arg Arg Asp Gly Val Ala Pro Ala Pro Leu Gln 210 215 220	672
cga ctc tac cat gta cca tct gcc gag cac att cac ttg gtg gag gac Arg Leu Tyr His Val Pro Ser Ala Glu His Ile His Leu Val Glu Asp 225 230 235 240	720
cta gac ggc gcc gta acg gcg ccg ctg cac acc gct tgc gct atc gcc Leu Asp Gly Ala Val Thr Ala Arg Leu His Thr Ala Cys Ala Ile Gly 245 250 255	768
tca gcg tgc tgc tgc gcg ccc ctg cca gcg ggg tgg acg ctg cag aag Ser Ala Ser Ser Ser Ala Pro Leu Pro Ala Gly Trp Thr Leu Gln Lys 260 265 270	816
tgg gaa gac gtg tac ggc ttg tgg tgt cga cat gtc gag caa cag cat Trp Glu Asp Val Tyr Gly Leu Trp Cys Arg His Val Glu Gln Gln His 275 280 285	864
cga aat cga cga gat gat agc ttg ggc gca act agc gtg ata gca gca Arg Asn Arg Arg Asp Asp Ser Leu Gly Ala Thr Ser Val Ile Ala Ala 290 295 300	912
tct ccc tcc agc ttg gtg cct ctt cct cgc aag gcg tgg tat tgc gtt Ser Pro Ser Ser Leu Val Pro Leu Pro Arg Lys Ala Trp Tyr Cys Val 305 310 315 320	960
gca ctc cac cac gct acg ctg tac ctg cag ttg ctc gtg ccg gca gat Ala Leu His His Ala Thr Leu Tyr Leu Gln Leu Leu Val Arg Ala Asp 325 330 335	1008
cag ctt ctc gcc tgg gct tgg gac tgg acc ttt tac acc gca gta ccg Gln Leu Leu Ala Trp Ala Trp Asp Trp Thr Phe Tyr Thr Ala Val Pro 340 345 350	1056
agc gcg ttt ctg gtg tgc gtt ctt ctc tgg ctc tgc gtg gga gat gca Ser Ala Phe Leu Val Cys Val Leu Leu Trp Leu Cys Val Gly Asp Ala 355 360 365	1104
tgg aca gaa gcg gct gag gcc ttt gtg gtg aat gcg tcc gcg gtt aca Trp Thr Glu Ala Ala Glu Ala Phe Val Val Asn Ala Ser Ala Val Thr 370 375 380	1152
gct gat gcc gca ggg caa ggc gac ggt gtg gtg aag gag gct agt gcg	1200

ES 2 490 193 T3

Ala	Asp	Ala	Ala	Gly	Gln	Gly	Asp	Gly	Val	Val	Lys	Glu	Ala	Ser	Ala		
385					390					395					400		
agt	agg	gac	acc	aca	cct	agc	gca	aca	ccg	cac	gag	tgt	cgg	ccg	ccc		1248
Ser	Arg	Asp	Thr	Thr	Pro	Ser	Ala	Thr	Pro	His	Glu	Cys	Arg	Pro	Pro		
			405						410					415			
tcg	gcg	acc	aca	gga	tct	ccc	tcg	act	ctg	acc	gcg	agc	tct	gcc	gtg		1296
Ser	Ala	Thr	Thr	Gly	Ser	Pro	Ser	Thr	Leu	Thr	Ala	Ser	Ser	Ala	Val		
			420					425					430				
cgt	ggg	ggc	gaa	gca	gcg	ccg	tcg	ctg	tcc	ccc	atg	gcg	tct	gtc	gcc		1344
Arg	Gly	Gly	Glu	Ala	Ala	Pro	Ser	Leu	Ser	Pro	Met	Ala	Ser	Val	Ala		
		435					440					445					
ctc	gca	gag	ggg	cgg	cgt	gac	acc	ccg	ctg	gca	ggg	tac	ggc	gcg	gtg		1392
Leu	Ala	Glu	Gly	Arg	Arg	Asp	Thr	Pro	Leu	Ala	Gly	Tyr	Gly	Ala	Val		
	450					455					460						
ccc	gcc	tcg	gag	cat	tgc	ccc	cat	caa	cac	caa	gga	cag	ctg	gaa	ggg		1440
Pro	Ala	Ser	Glu	His	Cys	Pro	His	Gln	His	Gln	Gly	Gln	Leu	Glu	Gly		
465					470					475					480		
cag	cag	cag	cgt	cgc	gct	gct	ctg	cta	cgc	cgg	cgt	ttt	gcc	gta	tct		1488
Gln	Gln	Gln	Arg	Arg	Ala	Ala	Leu	Leu	Arg	Arg	Arg	Phe	Ala	Val	Ser		
				485					490					495			
gct	ctc	cat	cgc	tcc	ccg	aca	ctc	ttt	ctt	ctc	aag	tta	cgg	ctg	ctc		1536
Ala	Leu	His	Arg	Ser	Pro	Thr	Leu	Phe	Leu	Leu	Lys	Leu	Arg	Leu	Leu		
			500					505					510				
ctg	tgc	ctc	ctt	gtg	gcg	ggt	caa	ctg	ctg	tgg	agc	ctg	tgg	cgt	gtc		1584
Leu	Cys	Leu	Leu	Val	Ala	Gly	Gln	Leu	Leu	Trp	Ser	Leu	Trp	Arg	Val		
		515					520					525					
ttg	gct	gcc	agc	tat	gac	gtg	acc	gcc	tca	gct	gcc	ccg	ctc	gtg	cag		1632
Leu	Ala	Ala	Ser	Tyr	Asp	Val	Thr	Ala	Ser	Ala	Ala	Pro	Leu	Val	Gln		
	530					535					540						
ttc	ttt	ctc	ccg	tcc	tgg	ctg	ctg	gtg	tgc	ctg	agc	gcg	tat	ctc	gtt		1680
Phe	Phe	Leu	Pro	Ser	Trp	Leu	Leu	Val	Cys	Leu	Ser	Ala	Tyr	Leu	Val		
545					550					555					560		
gtg	cca	ctg	cag	atg	atg	gtg	ctg	ggg	aca	gcg	ttg	aag	ggc	gcc	cta		1728
Val	Pro	Leu	Gln	Met	Met	Val	Leu	Gly	Thr	Ala	Leu	Lys	Gly	Ala	Leu		
				565				570						575			
aac	gcg	cac	gaa	gaa	cta	ctg	tct	ttc	caa	gcc	aag	tgc	gca	gct	gag		1776
Asn	Ala	His	Glu	Glu	Leu	Leu	Ser	Phe	Gln	Ala	Lys	Cys	Ala	Ala	Glu		
			580					585					590				
cag	cgt	gct	ctt	ctg	aac	gct	gct	ggc	gtg	ctt	cca	ttg	ggt	ggc	tga		1824
Gln	Arg	Ala	Leu	Leu	Asn	Ala	Ala	Gly	Val	Leu	Pro	Leu	Gly	Gly			
		595					600						605				

<210> 88
 <211> 607
 5 <212> PRT
 <213> Leishmania major
 <400> 88

ES 2 490 193 T3

Met Gln Pro Leu Met Ala Tyr Pro Gly Phe Phe Arg Leu Thr Ala Ala
 1 5 10 15

Ala Arg Val Ala Leu Val Ala Leu Cys Leu Ala Leu Ala Phe Leu Ser
 20 25 30

Val Ala Ala Val Ala Ala Pro Thr Phe Ser Ala Ser Ala Thr Ala Gln
 35 40 45

Gln Tyr Arg Asp Arg Arg Val Ala His Leu Arg Ala Ala Leu Leu Asp
 50 55 60

Lys Ala Pro Tyr His Val Gly Ala Leu Pro Asp Pro Pro Leu Glu Trp
 65 70 75 80

Gly Leu His Thr Ala Cys Lys Lys Phe Gly Arg Gly Cys Pro Asp Thr
 85 90 95

Tyr Val Gln Phe Leu Glu Glu Leu Val Ala Leu Leu Glu Gly Glu Val
 100 105 110

Ala Asp Gly Asp Gly Cys Asp Val Ala Gly Ala Val Ala Ala Lys Arg
 115 120 125

Lys Gly Ala Glu His Ala Thr Cys Gln Ala Gln Pro Glu Leu Gly Ser
 130 135 140

Ile Ala Val Thr Arg Val Ala Ser Val Val Glu Ala Pro Glu Arg Cys
 145 150 155 160

Ile Asn Gly Val Asp Asp Gly Val Ala Asp Ala Ala Val Ser Leu Ala
 165 170 175

Ala Leu Leu Pro Cys Asp Leu Arg Leu Pro Leu Gln Leu Ser Trp Leu
 180 185 190

Tyr Glu Ala Arg Lys Arg Leu Glu Asn Leu Leu His Leu Leu Ala Ile
 195 200 205

Arg Glu Ser Glu Leu Arg Arg Asp Gly Val Ala Pro Ala Pro Leu Gln
 210 215 220

Arg Leu Tyr His Val Pro Ser Ala Glu His Ile His Leu Val Glu Asp
 225 230 235 240

ES 2 490 193 T3

Leu Asp Gly Ala Val Thr Ala Arg Leu His Thr Ala Cys Ala Ile Gly
 245 250 255

Ser Ala Ser Ser Ser Ala Pro Leu Pro Ala Gly Trp Thr Leu Gln Lys
 260 265 270

Trp Glu Asp Val Tyr Gly Leu Trp Cys Arg His Val Glu Gln Gln His
 275 280 285

Arg Asn Arg Arg Asp Asp Ser Leu Gly Ala Thr Ser Val Ile Ala Ala
 290 295 300

Ser Pro Ser Ser Leu Val Pro Leu Pro Arg Lys Ala Trp Tyr Cys Val
 305 310 315 320

Ala Leu His His Ala Thr Leu Tyr Leu Gln Leu Leu Val Arg Ala Asp
 325 330 335

Gln Leu Leu Ala Trp Ala Trp Asp Trp Thr Phe Tyr Thr Ala Val Pro
 340 345 350

Ser Ala Phe Leu Val Cys Val Leu Leu Trp Leu Cys Val Gly Asp Ala
 355 360 365

Trp Thr Glu Ala Ala Glu Ala Phe Val Val Asn Ala Ser Ala Val Thr
 370 375 380

Ala Asp Ala Ala Gly Gln Gly Asp Gly Val Val Lys Glu Ala Ser Ala
 385 390 395 400

Ser Arg Asp Thr Thr Pro Ser Ala Thr Pro His Glu Cys Arg Pro Pro
 405 410 415

Ser Ala Thr Thr Gly Ser Pro Ser Thr Leu Thr Ala Ser Ser Ala Val
 420 425 430

Arg Gly Gly Glu Ala Ala Pro Ser Leu Ser Pro Met Ala Ser Val Ala
 435 440 445

Leu Ala Glu Gly Arg Arg Asp Thr Pro Leu Ala Gly Tyr Gly Ala Val
 450 455 460

Pro Ala Ser Glu His Cys Pro His Gln His Gln Gly Gln Leu Glu Gly
 465 470 475 480

ES 2 490 193 T3

Gln Gln Gln Arg Arg Ala Ala Leu Leu Arg Arg Arg Phe Ala Val Ser
 485 490 495

Ala Leu His Arg Ser Pro Thr Leu Phe Leu Leu Lys Leu Arg Leu Leu
 500 505 510

Leu Cys Leu Leu Val Ala Gly Gln Leu Leu Trp Ser Leu Trp Arg Val
 515 520 525

Leu Ala Ala Ser Tyr Asp Val Thr Ala Ser Ala Ala Pro Leu Val Gln
 530 535 540

Phe Phe Leu Pro Ser Trp Leu Leu Val Cys Leu Ser Ala Tyr Leu Val
 545 550 555 560

Val Pro Leu Gln Met Met Val Leu Gly Thr Ala Leu Lys Gly Ala Leu
 565 570 575

Asn Ala His Glu Glu Leu Leu Ser Phe Gln Ala Lys Cys Ala Ala Glu
 580 585 590

Gln Arg Ala Leu Leu Asn Ala Ala Gly Val Leu Pro Leu Gly Gly
 595 600 605

<210> 89
 <211> 1812
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania infantum

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1812)

<400> 89
 atg gct tac cct ggc ttc ttt cgc ttg act gct gcg gcc cgg gtg gcg 48
 Met Ala Tyr Pro Gly Phe Phe Arg Leu Thr Ala Ala Ala Arg Val Ala
 1 5 10 15
 ctc atg gcg ttg tgt ctt gct cta gca ctc atc tgc gtg gcc gct gtt 96
 Leu Met Ala Leu Cys Leu Ala Leu Ala Leu Ile Cys Val Ala Ala Val
 20 25 30
 gct gcg cct acc ttc tcc gca tcg tcc gca gcc cag cag tat agg gac 144
 Ala Ala Pro Thr Phe Ser Ala Ser Ser Ala Ala Gln Gln Tyr Arg Asp
 35 40 45
 agg cgc gtc gcg cac ttg cgc gct gct ttg ctc gac aag gca ccg tat 192
 Arg Arg Val Ala His Leu Arg Ala Ala Leu Leu Asp Lys Ala Pro Tyr
 50 55 60
 cat gca gag gcg tta ccc gat ccg cca ctg gag tgg ggc gtt cac acg 240
 His Ala Glu Ala Leu Pro Asp Pro Pro Leu Glu Trp Gly Val His Thr

ES 2 490 193 T3

65	70	75	80	
gcg tgc aag aag ttc ggc cgt ggc tgc ccg gac tgc tac gtt gag ttt Ala Cys Lys Lys Phe Gly Arg Gly Cys Pro Asp Ser Tyr Val Glu Phe 85 90 95				288
ctc gag gag ctc gta gcc tca ctg aag ggt gag gtc gct gat gga gac Leu Glu Glu Leu Val Ala Ser Leu Lys Gly Glu Val Ala Asp Gly Asp 100 105 110				336
ggt cgc gac gtc gca gac gcg gtc gcg gag aag agg aaa ggg acg gag Gly Arg Asp Val Ala Asp Ala Val Ala Glu Lys Arg Lys Gly Thr Glu 115 120 125				384
cat gcg aca tgc cag gct cag acg gag ctg gcc aat aac gcg gcg aca His Ala Thr Cys Gln Ala Gln Thr Glu Leu Gly Asn Asn Ala Ala Thr 130 135 140				432
cga gtc gcg tct gtc gtt gag gcc ccc gag cgg tgc atc agc ggc gtg Arg Val Ala Ser Val Val Glu Ala Pro Glu Arg Cys Ile Ser Gly Val 145 150 155 160				480
gac gac cgc gtt gcc gac gct gct gtc tct ctt gcc gca ctc ctg ccg Asp Asp Arg Val Ala Asp Ala Ala Val Ser Leu Ala Ala Leu Leu Pro 165 170 175				528
ggt gat ctc cga ctt cct ctg cag ttg acg tgg ccg tac gag gcg ccg Gly Asp Leu Arg Leu Pro Leu Gln Leu Thr Trp Pro Tyr Glu Ala Arg 180 185 190				576
aag cgt ctt gag aac ctg ctc cat cta ctt gcc act cgc gag tct gag Lys Arg Leu Glu Asn Leu Leu His Leu Leu Ala Thr Arg Glu Ser Glu 195 200 205				624
ctc cgc aga gac ggt gtc gcg ccg gcg ccg tta cag cga ctc tac cat Leu Arg Arg Asp Gly Val Ala Pro Ala Pro Leu Gln Arg Leu Tyr His 210 215 220				672
gta cca tct gcc gag cac att cac ttg gtg gag gac cta gac ggc gcc Val Pro Ser Ala Glu His Ile His Leu Val Glu Asp Leu Asp Gly Ala 225 230 235 240				720
gta acg gcg ccg ctg cac acc gct tgc gct atc ggc tca gcg tgc tgc Val Thr Ala Arg Leu His Thr Ala Cys Ala Ile Gly Ser Ala Ser Ser 245 250 255				768
tcg gcg cca ctg cca gcg ggg tgg aca ctg caa aag tgg gaa gac atg Ser Ala Pro Leu Pro Ala Gly Trp Thr Leu Gln Lys Trp Glu Asp Met 260 265 270				816
tac ggc ttg tgg tgt cga cat gtc gag caa cag cat caa aat cga cga Tyr Gly Leu Trp Cys Arg His Val Glu Gln Gln His Gln Asn Arg Arg 275 280 285				864
gat gat agc ttg ggc gca act agc gtg ata gca gca cct cca tcc agc Asp Asp Ser Leu Gly Ala Thr Ser Val Ile Ala Ala Pro Pro Ser Ser 290 295 300				912
ttg gtg cct ctt cct cgc aag gca ttg cat tgc act gca ctc cac cac Leu Val Pro Leu Pro Arg Lys Ala Leu His Cys Thr Ala Leu His His 305 310 315 320				960

ES 2 490 193 T3

gcg aca ctg tac ctg cag ctg ctc gtg cgc gca gat cag ctt ctc acc Ala Thr Leu Tyr Leu Gln Leu Leu Val Arg Ala Asp Gln Leu Leu Thr 325 330 335	1008
tgg gct tgg ggc tgg act ttt tac atc gca gta cca agt gcg ttt ctg Trp Ala Trp Gly Trp Thr Phe Tyr Ile Ala Val Pro Ser Ala Phe Leu 340 345 350	1056
gtg tgc gtt ctt ctt tgg ctc tgc gtg gga gat gca tgg aca gaa gcg Val Cys Val Leu Leu Trp Leu Cys Val Gly Asp Ala Trp Thr Glu Ala 355 360 365	1104
gct gag gcc ttc gtg gtg aat gcg tcc gcg gtt aca gct gat gcc gca Ala Glu Ala Phe Val Val Asn Ala Ser Ala Val Thr Ala Asp Ala Ala 370 375 380	1152
ggg caa gac gac ggc gtg gtg aag gag gct agt gcg agt agg ggc acg Gly Gln Asp Asp Gly Val Val Lys Glu Ala Ser Ala Ser Arg Gly Thr 385 390 395 400	1200
aca cct agc gca aca ccg cac gag tgt cgg ccg ccc tcg gcg acc aca Thr Pro Ser Ala Thr Pro His Glu Cys Arg Pro Pro Ser Ala Thr Thr 405 410 415	1248
gga tct ccc tcg act ctg acc gcg agt tct gcc gtg cat ggg gcc gag Gly Ser Pro Ser Thr Leu Thr Ala Ser Ser Ala Val His Gly Ala Glu 420 425 430	1296
gca gcg ccg tcg acg tcc ccc gta acc tct gta gcc ctc gca gag ggg Ala Ala Pro Ser Thr Ser Pro Val Thr Ser Val Ala Leu Ala Glu Gly 435 440 445	1344
cgg cgt gac acc cct ccg gca ggg tac ggc gcg gtg ccc gcc tcg gag Arg Arg Asp Thr Pro Pro Ala Gly Tyr Gly Ala Val Pro Ala Ser Glu 450 455 460	1392
cat tgc ccc cac caa cac caa ggg cag ctc gaa ggg cag ccg cag cgt His Cys Pro His Gln His Gln Gly Gln Leu Glu Gly Gln Arg Gln Arg 465 470 475 480	1440
cgc gct gct ctg cta cgc ccg cgt ttt gct cta tct gct ctc cac cgc Arg Ala Ala Leu Leu Arg Arg Arg Phe Ala Leu Ser Ala Leu His Arg 485 490 495	1488
tcc ccc aca ctc ttt ttc ctc aag tta cgg ctg ctc ctg tgc ctc ctt Ser Pro Thr Leu Phe Phe Leu Lys Leu Arg Leu Leu Leu Cys Leu Leu 500 505 510	1536
gtg gca ggc caa ctg ctg tgg agc ctg tgg cgt gtc tta gct gcc agc Val Ala Gly Gln Leu Leu Trp Ser Leu Trp Arg Val Leu Ala Ala Ser 515 520 525	1584
tat gac gtg acc gcc tca gct gct cca ctt gtg cag ttc ttt ctc ccg Tyr Asp Val Thr Ala Ser Ala Ala Pro Leu Val Gln Phe Phe Leu Pro 530 535 540	1632
tcc tgg ctt ctg ggg tgc ctg agc gtg tat ctc gtt gtg cca ctg cag Ser Trp Leu Leu Gly Cys Leu Ser Val Tyr Leu Val Val Pro Leu Gln 545 550 555 560	1680
atg atg gtg ctg ggg aca cgc ttg aag ggt gcc cta agc gcg cac gaa Met Met Val Leu Gly Thr Ala Leu Lys Gly Ala Leu Ser Ala His Glu 565 570 575	1728
gaa cta ctg tct ttc caa gcc aag tgc gca gct gag cag cgt gct cta Glu Leu Leu Ser Phe Gln Ala Lys Cys Ala Ala Glu Gln Arg Ala Leu 580 585 590	1776
ctg aac gct gct ggc gtg ctt cca ttg ggt ggc taa Leu Asn Ala Ala Gly Val Leu Pro Leu Gly Gly 595 600	1812

ES 2 490 193 T3

<210> 90
 <211> 603
 <212> PRT
 <213> Leishmania infantum

5

<400> 90
 Met Ala Tyr Pro Gly Phe Phe Arg Leu Thr Ala Ala Ala Arg Val Ala
 1 5 10 15
 Leu Met Ala Leu Cys Leu Ala Leu Ala Leu Ile Cys Val Ala Ala Val
 20 25 30
 Ala Ala Pro Thr Phe Ser Ala Ser Ser Ala Ala Gln Gln Tyr Arg Asp
 35 40 45
 Arg Arg Val Ala His Leu Arg Ala Ala Leu Leu Asp Lys Ala Pro Tyr
 50 55 60
 His Ala Glu Ala Leu Pro Asp Pro Pro Leu Glu Trp Gly Val His Thr
 65 70 75 80
 Ala Cys Lys Lys Phe Gly Arg Gly Cys Pro Asp Ser Tyr Val Glu Phe
 85 90 95
 Leu Glu Glu Leu Val Ala Ser Leu Lys Gly Glu Val Ala Asp Gly Asp
 100 105 110
 Gly Arg Asp Val Ala Asp Ala Val Ala Glu Lys Arg Lys Gly Thr Glu
 115 120 125
 His Ala Thr Cys Gln Ala Gln Thr Glu Leu Gly Asn Asn Ala Ala Thr
 130 135 140
 Arg Val Ala Ser Val Val Glu Ala Pro Glu Arg Cys Ile Ser Gly Val
 145 150 155 160
 Asp Asp Arg Val Ala Asp Ala Ala Val Ser Leu Ala Ala Leu Leu Pro

ES 2 490 193 T3

	165	170	175
Gly Asp Leu Arg	Leu Pro Leu Gln	Leu Thr Trp Pro Tyr	Glu Ala Arg
	180	185	190
Lys Arg Leu Glu Asn	Leu Leu His	Leu Leu Ala Thr Arg	Glu Ser Glu
	195	200	205
Leu Arg Arg Asp Gly Val	Ala Pro Ala Pro	Leu Gln Arg	Leu Tyr His
	210	215	220
Val Pro Ser Ala Glu His	Ile His Leu Val	Glu Asp Leu Asp	Gly Ala
	225	230	235
Val Thr Ala Arg Leu His	Thr Ala Cys Ala	Ile Gly Ser Ala	Ser Ser
	245	250	255
Ser Ala Pro Leu Pro	Ala Gly Trp Thr	Leu Gln Lys Trp	Glu Asp Met
	260	265	270
Tyr Gly Leu Trp Cys Arg	His Val Glu Gln	Gln His Gln Asn	Arg Arg
	275	280	285
Asp Asp Ser Leu Gly Ala	Thr Ser Val Ile	Ala Ala Pro Pro	Ser Ser
	290	295	300
Leu Val Pro Leu Pro	Arg Lys Ala Leu	His Cys Thr Ala	Leu His His
	305	310	315
Ala Thr Leu Tyr Leu	Gln Leu Leu Val	Arg Ala Asp Gln	Leu Leu Thr
	325	330	335
Trp Ala Trp Gly Trp	Thr Phe Tyr Ile	Ala Val Pro Ser	Ala Phe Leu
	340	345	350
Val Cys Val Leu Leu	Trp Leu Cys Val	Gly Asp Ala Trp	Thr Glu Ala
	355	360	365
Ala Glu Ala Phe Val	Val Asn Ala Ser	Ala Val Thr Ala	Asp Ala Ala
	370	375	380
Gly Gln Asp Asp Gly	Val Val Lys Glu	Ala Ser Ala Ser	Arg Gly Thr
	385	390	395
Thr Pro Ser Ala Thr	Pro His Glu Cys	Arg Pro Pro Ser	Ala Thr Thr
	405	410	415

ES 2 490 193 T3

Gly Ser Pro Ser Thr Leu Thr Ala Ser Ser Ala Val His Gly Ala Glu
 420 425 430

Ala Ala Pro Ser Thr Ser Pro Val Thr Ser Val Ala Leu Ala Glu Gly
 435 440 445

Arg Arg Asp Thr Pro Pro Ala Gly Tyr Gly Ala Val Pro Ala Ser Glu
 450 455 460

His Cys Pro His Gln His Gln Gly Gln Leu Glu Gly Gln Arg Gln Arg
 465 470 475 480

Arg Ala Ala Leu Leu Arg Arg Arg Phe Ala Leu Ser Ala Leu His Arg
 485 490 495

Ser Pro Thr Leu Phe Phe Leu Lys Leu Arg Leu Leu Leu Cys Leu Leu
 500 505 510

Val Ala Gly Gln Leu Leu Trp Ser Leu Trp Arg Val Leu Ala Ala Ser
 515 520 525

Tyr Asp Val Thr Ala Ser Ala Ala Pro Leu Val Gln Phe Phe Leu Pro
 530 535 540

Ser Trp Leu Leu Gly Cys Leu Ser Val Tyr Leu Val Val Pro Leu Gln
 545 550 555 560

Met Met Val Leu Gly Thr Ala Leu Lys Gly Ala Leu Ser Ala His Glu
 565 570 575

Glu Leu Leu Ser Phe Gln Ala Lys Cys Ala Ala Glu Gln Arg Ala Leu
 580 585 590

Leu Asn Ala Ala Gly Val Leu Pro Leu Gly Gly
 595 600

<210> 91

<211> 1221

5 <212> ADN

<213> Trypanosoma brucei

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(1221)

<400> 91

ES 2 490 193 T3

atg tac caa agc aga aca atg gta tct ttt ttg atg gct gca act ctt Met Tyr Gln Ser Arg Thr Met Val Ser Phe Leu Met Ala Ala Thr Leu 1 5 10 15	48
ttt gcg ttg tat ttg ttt cca ttt ggg gcc cga gga gac gac ccg agg Phe Ala Leu Tyr Leu Phe Pro Phe Gly Ala Arg Gly Asp Asp Pro Arg 20 25 30	96
ccg aac gat aaa tta gtg gag gcc ctg aga gca gag ttt acg tca tct Arg Asn Asp Lys Leu Val Glu Ala Leu Arg Ala Glu Phe Thr Ser Ser 35 40 45	144
ggc ctc gct gca cca ccc gag cca ccg tcc gat ttg ggt gtg cat gcg Gly Leu Ala Ala Pro Pro Glu Pro Pro Ser Asp Leu Gly Val His Ala 50 55 60	192
act tgc gta aag ttt gga ctc gcg tgc tcc gac gcg tat gtg gac ttt Thr Cys Val Lys Phe Gly Leu Ala Cys Ser Asp Ala Tyr Val Asp Phe 65 70 75 80	240
ctt aag gat gaa gtc gca aaa ctg cat ggc act gcc ggt ggg att cct Leu Lys Asp Glu Val Ala Lys Leu His Gly Thr Ala Gly Gly Ile Pro 85 90 95	288
cct tca cag gca gag aag ccg aag cga gtg cca cca acc agt gca ggt Pro Ser Gln Ala Glu Lys Pro Lys Arg Val Pro Pro Thr Ser Ala Gly 100 105 110	336
aag gaa cga cga act ccg aag tcc cca gtg gag gat aac gat ccc acg Lys Glu Arg Arg Thr Pro Lys Ser Pro Val Glu Asp Asn Asp Pro Thr 115 120 125	384
cgt gac gta aaa ctg gag aag cta cag cgt ttg cga aat gtg tat cgt Arg Asp Val Lys Leu Glu Lys Leu Gln Arg Leu Arg Asn Val Tyr Arg 130 135 140	432
gat aaa ttg ctg gag cta cat tcg tca gaa aag agg tgg gaa tgt ttc Asp Lys Leu Leu Glu Leu His Ser Ser Glu Lys Arg Trp Glu Cys Phe 145 150 155 160	480
ttc aca agg att agc agt gta ttg agt tct tta tta ctc tct cat gtt Phe Thr Arg Ile Ser Ser Val Leu Ser Ser Leu Leu Leu Ser His Val 165 170 175	528
tcc tcg ttc gtg ttg tgg ttc tgg act gcc ttt gcg cct cat gtt ccc Ser Ser Phe Val Leu Trp Phe Trp Thr Ala Phe Ala Pro His Val Pro 180 185 190	576
gtt gcc atg ctt ctc atg gcg gta ctt acg tgg gta ttt ttc ggc act Val Ala Met Leu Leu Met Ala Val Leu Thr Trp Val Phe Phe Gly Thr 195 200 205	624
cac atc ccc aac gag cac att tgc tgc ctt cgt gct gcg aga cct gca His Ile Pro Asn Glu His Ile Cys Cys Leu Arg Ala Ala Arg Pro Ala 210 215 220	672
ttc gca atg gat caa ctc ctt gcc cgc agt gcc cct ccg aaa tcg gtt Phe Ala Met Asp Gln Leu Leu Ala Arg Ser Ala Pro Pro Lys Ser Val 225 230 235 240	720
gcg agc ctc gtg att gag cgg gag cgg tgc tct ggt tat gat gat ttc	768

ES 2 490 193 T3

Ala Ser Leu Val Ile Glu Arg Glu Arg Cys Ser Gly Tyr Asp Asp Phe
 245 250 255

ggg gaa ttt aac gac tcc gct acc ggt gct tca gca gag ggg gag gtg 816
 Gly Glu Phe Asn Asp Ser Ala Thr Gly Ala Ser Ala Glu Gly Glu Val
 260 265 270

caa ggg cac gag gtg gaa cgc cgc gat gaa tat tgg gat ctt gtg cgg 864
 Gln Gly His Glu Val Glu Arg Arg Asp Glu Tyr Trp Asp Leu Val Arg
 275 280 285

ttt tcc ctg att gaa cgc tat gac atg tac cac gcg gag gtg ata gtc 912
 Phe Ser Leu Ile Glu Ala Tyr Asp Met Tyr His Ala Glu Val Ile Val
 290 295 300

ttg aag ttg aga ttg gtg ctg agt ctg ttg gca ttg cta atg ctc att 960
 Leu Lys Leu Arg Leu Val Leu Ser Leu Leu Ala Leu Leu Met Leu Ile
 305 310 315 320

tgg agc gtt att tct ctg ccg ctg caa act gtt gat ctg cag aat ggt 1008
 Trp Ser Val Ile Ser Leu Pro Leu Gln Thr Val Asp Leu Gln Asn Gly
 325 330 335

gga ttt gta aag act ctg gtg tcc agt gtt ttg ccg gag tgg gtg ccc 1056
 Gly Phe Val Lys Thr Leu Val Ser Ser Val Leu Pro Glu Trp Val Pro
 340 345 350

gct gtg gcg ggg ctt cac ttt gcg tgg tca tgc gtt ggt gga ttg gtt 1104
 Ala Val Ala Gly Leu His Phe Ala Trp Ser Cys Val Gly Gly Leu Val
 355 360 365

gct ttc gcc tgc tgg gag gtg ttt gcc gct ggc gag atg ctt tgc cgt 1152
 Ala Phe Ala Cys Trp Glu Val Phe Ala Ala Gly Glu Met Leu Cys Arg
 370 375 380

ttg aat gcg cgt tcc gcc acc atg tgc gac agc atc ctt aag gaa tgg 1200
 Leu Asn Ala Arg Ser Ala Thr Met Cys Asp Ser Ile Leu Lys Glu Trp
 385 390 395 400

agt tgg aaa ctt gat gga taa 1221
 Ser Trp Lys Leu Asp Gly
 405

<210> 92

<211> 406

5 <212> PRT

<213> Trypanosoma brucei

<400> 92

Met Tyr Gln Ser Arg Thr Met Val Ser Phe Leu Met Ala Ala Thr Leu
 1 5 10 15

Phe Ala Leu Tyr Leu Phe Pro Phe Gly Ala Arg Gly Asp Asp Pro Arg
 20 25 30

Arg Asn Asp Lys Leu Val Glu Ala Leu Arg Ala Glu Phe Thr Ser Ser
 35 40 45

ES 2 490 193 T3

Gly Leu Ala Ala Pro Pro Glu Pro Pro Ser Asp Leu Gly Val His Ala
50 55 60

Thr Cys Val Lys Phe Gly Leu Ala Cys Ser Asp Ala Tyr Val Asp Phe
65 70 75 80

Leu Lys Asp Glu Val Ala Lys Leu His Gly Thr Ala Gly Gly Ile Pro
85 90 95

Pro Ser Gln Ala Glu Lys Pro Lys Arg Val Pro Pro Thr Ser Ala Gly
100 105 110

Lys Glu Arg Arg Thr Pro Lys Ser Pro Val Glu Asp Asn Asp Pro Thr
115 120 125

Arg Asp Val Lys Leu Glu Lys Leu Gln Arg Leu Arg Asn Val Tyr Arg
130 135 140

Asp Lys Leu Leu Glu Leu His Ser Ser Glu Lys Arg Trp Glu Cys Phe
145 150 155 160

Phe Thr Arg Ile Ser Ser Val Leu Ser Ser Leu Leu Leu Ser His Val
165 170 175

Ser Ser Phe Val Leu Trp Phe Trp Thr Ala Phe Ala Pro His Val Pro
180 185 190

Val Ala Met Leu Leu Met Ala Val Leu Thr Trp Val Phe Phe Gly Thr
195 200 205

His Ile Pro Asn Glu His Ile Cys Cys Leu Arg Ala Ala Arg Pro Ala
210 215 220

Phe Ala Met Asp Gln Leu Leu Ala Arg Ser Ala Pro Pro Lys Ser Val
225 230 235 240

Ala Ser Leu Val Ile Glu Arg Glu Arg Cys Ser Gly Tyr Asp Asp Phe
245 250 255

Gly Glu Phe Asn Asp Ser Ala Thr Gly Ala Ser Ala Glu Gly Glu Val
260 265 270

Gln Gly His Glu Val Glu Arg Arg Asp Glu Tyr Trp Asp Leu Val Arg
275 280 285

ES 2 490 193 T3

Phe Ser Leu Ile Glu Ala Tyr Asp Met Tyr His Ala Glu Val Ile Val
 290 295 300

Leu Lys Leu Arg Leu Val Leu Ser Leu Leu Ala Leu Leu Met Leu Ile
 305 310 315 320

Trp Ser Val Ile Ser Leu Pro Leu Gln Thr Val Asp Leu Gln Asn Gly
 325 330 335

Gly Phe Val Lys Thr Leu Val Ser Ser Val Leu Pro Glu Trp Val Pro
 340 345 350

Ala Val Ala Gly Leu His Phe Ala Trp Ser Cys Val Gly Gly Leu Val
 355 360 365

Ala Phe Ala Cys Trp Glu Val Phe Ala Ala Gly Glu Met Leu Cys Arg
 370 375 380

Leu Asn Ala Arg Ser Ala Thr Met Cys Asp Ser Ile Leu Lys Glu Trp
 385 390 395 400

Ser Trp Lys Leu Asp Gly
 405

<210> 93
 <211> 1488
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosmacruzi

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1488)

<400> 93
 atg ccc tct ggc aaa gca act gcg ctt gca gcg gcg aca ctg ctg gcg 48
 Met Pro Ser Gly Lys Ala Thr Ala Leu Ala Ala Ala Thr Leu Leu Ala
 1 5 10 15
 ctt ctc gtg gtc gcg ccc gcc gtt gca tct gcc cag cgc tca ctc gac 96
 Leu Leu Val Val Ala Pro Ala Val Ala Ser Ala Gln Arg Ser Leu Asp
 20 25 30
 tgc caa aag gtg tgg gat ggc ccc agc atc gac aac gac ttc tta aaa 144
 Cys Gln Lys Val Trp Asp Gly Pro Ser Ile Asp Asn Asp Phe Leu Lys
 35 40 45
 tgc ctg tcc aac acc gac cgc ata aag ggg cag tgg cgc tac ctt gtt 192
 Cys Leu Ser Asn Thr Asp Arg Ile Lys Gly Gln Trp Arg Tyr Leu Val
 50 55 60
 tat ccg ggg gtt tgt gcg ctg ctg ttc gtt gtg act ttg ctg agc ttc 240

ES 2 490 193 T3

Tyr 65	Pro	Gly	Val	Cys	Ala 70	Leu	Leu	Phe	Val	Val 75	Thr	Leu	Leu	Ser	Phe 80	
ccg	ctt	gtt	ttt	ctc	agc	ggt	gtc	tgc	tgt	cgc	tcc	tgc	ggt	cag	ccg	288
Pro	Leu	Val	Phe	Leu 85	Ser	Val	Val	Cys	Cys	Arg	Ser	Cys	Gly	Gln	Pro 95	
aaa	cca	ggg	cgg	agc	agt	gac	gcg	tcc	cgc	tgc	ttt	ctc	tgg	atg	tgg	336
Lys	Pro	Gly	Arg	Ser 100	Ser	Asp	Ala	Ser	Arg	Cys	Phe	Leu	Trp	Met	Trp 110	
gtc	att	tac	gtc	gtg	ctg	tgg	agc	gct	gcc	atg	gct	ggt	ctc	gtg	ata	384
Val	Ile	Tyr	Val	Val 115	Leu	Trp	Ser	Ala	Ala	Met	Ala	Val	Leu	Val	Ile 125	
ttg	ggc	gcc	aag	ctg	ctg	gcg	acg	tcc	gcc	cac	agt	atc	att	gac	aac	432
Leu	Gly	Ala	Lys	Leu 130	Leu	Ala	Thr	Ser	Ala	His	Ser	Ile	Ile	Asp	Asn 140	
acg	ctg	gat	ggt	ccg	ctg	cag	tac	ttc	aat	aac	acg	gct	gag	agg	atc	480
Thr	Leu	Asp	Gly	Pro 145	Leu	Gln	Tyr	Phe	Asn	Asn	Thr	Ala	Glu	Arg	Ile 160	
att	gat	ttc	acg	tcc	aac	tgg	tcc	tcg	ggt	aag	cgt	gag	ccc	ata	cat	528
Ile	Asp	Phe	Thr	Ser 165	Asn	Trp	Ser	Ser	Gly	Lys	Arg	Glu	Pro	Ile	His 175	
tcc	atc	gac	ctg	gac	atc	act	gcc	ttc	acc	aac	atc	agc	acc	aat	gtg	576
Ser	Ile	Asp	Leu	Asp 180	Ile	Thr	Ala	Phe	Thr	Asn	Ile	Ser	Thr	Asn	Val 190	
acc	gat	tta	ctc	atg	gat	gcc	aag	cag	aag	att	tcg	aag	tac	att	gga	624
Thr	Asp	Leu	Leu	Met 195	Asp	Ala	Lys	Gln	Lys	Ile	Ser	Lys	Tyr	Ile	Gly 205	
tgg	gta	ccg	att	gtg	tcg	tac	tgt	gtc	ggt	ggc	gtg	ggt	ggt	gtg	cta	672
Trp	Val	Pro	Ile	Val 210	Ser	Tyr	Cys	Val	Gly	Gly	Val	Gly	Val	Val	Leu 220	
atg	ctt	ctt	gtg	ggt	ttt	ttg	gcc	tgt	tgc	cgc	tgc	ggc	atc	ccg	tgc	720
Met	Leu	Leu	Val	Val 225	Phe	Leu	Ala	Cys	Cys	Arg	Cys	Gly	Ile	Pro	Cys 240	
aca	aca	tat	tta	ttc	tcc	tgc	gtc	tac	tgg	ctc	ttc	ggg	ggt	gtg	ttc	768
Thr	Thr	Tyr	Leu	Phe 245	Ser	Cys	Val	Tyr	Trp	Leu	Phe	Gly	Val	Val	Phe 255	
gca	ctg	ctc	gcg	ggt	gtg	gtg	acg	gtg	ctg	gcg	tat	ctc	tct	tgg	gcc	816
Ala	Leu	Leu	Ala	Val 260	Val	Val	Thr	Val	Leu	Ala	Tyr	Leu	Ser	Trp	Ala 270	
gcc	tgt	ggc	gag	gtg	gag	ctg	cag	caa	caa	cgg	cag	ccg	ggt	gtg	ttc	864
Ala	Cys	Gly	Glu	Val 275	Glu	Leu	Gln	Gln	Gln	Arg	Gln	Pro	Gly	Val	Phe 285	
cag	tgg	tat	ctt	gtg	ccg	tac	tgt	gag	cag	aca	ttt	gac	ttt	gct	gat	912
Gln	Trp	Tyr	Leu	Val 290	Pro	Tyr	Cys	Glu	Gln	Thr	Phe	Asp	Phe	Ala	Asp 300	
atc	aac	agg	gag	gcg	gat	gat	gcg	gag	cgg	cgg	ttc	tcc	aaa	gag	gcg	960
Ile	Asn	Arg	Glu	Ala 295	Asp	Asp	Ala	Glu	Arg	Arg	Phe	Ser	Lys	Glu	Ala	

ES 2 490 193 T3

305	310	315	320	
tgc aaa aat ttg ctc aaa tct tgc gat aac aat acc att tca ttt aag				1008
Cys Lys Asn Leu Leu Lys Ser Cys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Phe Lys	325	330	335	
ccc ttg ctg tgc ggc aac gac atc aca tgc gag gat cag tgc ccc aac				1056
Pro Leu Leu Cys Gly Asn Asp Ile Thr Ser Glu Asp Gln Cys Pro Asn	340	345	350	
ttt ggc acc atg gcc agc gtg ctg agt gct acc cgg atc aaa gct ttc				1104
Phe Gly Thr Met Ala Ser Val Leu Ser Ala Thr Arg Ile Lys Ala Phe	355	360	365	
aca atg gcg tgt ccc gtg gcg ggc gaa tgc tgc acg ctg ttt gag tgc				1152
Thr Met Ala Cys Pro Val Ala Gly Glu Ser Cys Thr Leu Phe Glu Cys	370	375	380	
gcc gcc aac tgc acc aac aca gac gtc aaa gca gtg gcg tca ggg att				1200
Ala Ala Asn Cys Thr Asn Thr Asp Val Lys Ala Val Ala Ser Gly Ile	385	390	400	
ctg cag ctt gcg gcg cag gca agc aat gcg agc att gct ctg tgc tac				1248
Leu Gln Leu Ala Ala Gln Ala Ser Asn Ala Ser Ile Ala Leu Ser Tyr	405	410	415	
gcc agg ccg ttg ctc gac tgc aat ttt gtg gtg gac aag ctt ctg gga				1296
Ala Arg Pro Leu Leu Asp Cys Asn Phe Val Val Asp Lys Leu Leu Gly	420	425	430	
gcc atg agt gac tgc aac gaa ctg aag gcg ggg acc ctg atg ctt ggc				1344
Ala Met Ser Asp Cys Asn Glu Leu Lys Ala Gly Thr Leu Met Leu Gly	435	440	445	
act ggc ttc ttt gtt ggg gga ctg atg ttc ggt ctg gcc atc tac atc				1392
Thr Gly Phe Phe Val Gly Gly Leu Met Phe Gly Leu Ala Ile Tyr Ile	450	455	460	
atg ttc cgc ggc tcc tgc att tgg gac gcc cgg ttc atc aaa cag ggt				1440
Met Phe Arg Gly Ser Cys Ile Trp Asp Ala Arg Phe Ile Lys Gln Gly	465	470	480	
acg agc cct cgt gcc tta aat ggg tca ggg tgc gta aat gct gcc tag				1488
Thr Ser Pro Arg Gly Leu Asn Gly Ser Gly Ser Val Asn Ala Ala	485	490	495	

<210> 94
 <211> 495
 5 <212> PRT
 <213> Trypanosmacruzi

<400> 94
 Met Pro Ser Gly Lys Ala Thr Ala Leu Ala Ala Ala Thr Leu Leu Ala
 1 5 10 15
 Leu Leu Val Val Ala Pro Ala Val Ala Ser Ala Gln Arg Ser Leu Asp
 20 25 30

ES 2 490 193 T3

Cys Gln Lys Val Trp Asp Gly Pro Ser Ile Asp Asn Asp Phe Leu Lys
 35 40 45

Cys Leu Ser Asn Thr Asp Arg Ile Lys Gly Gln Trp Arg Tyr Leu Val
 50 55 60

Tyr Pro Gly Val Cys Ala Leu Leu Phe Val Val Thr Leu Leu Ser Phe
 65 70 75 80

Pro Leu Val Phe Leu Ser Val Val Cys Cys Arg Ser Cys Gly Gln Pro
 85 90 95

Lys Pro Gly Arg Ser Ser Asp Ala Ser Arg Cys Phe Leu Trp Met Trp
 100 105 110

Val Ile Tyr Val Val Leu Trp Ser Ala Ala Met Ala Val Leu Val Ile
 115 120 125

Leu Gly Ala Lys Leu Leu Ala Thr Ser Ala His Ser Ile Ile Asp Asn
 130 135 140

Thr Leu Asp Gly Pro Leu Gln Tyr Phe Asn Asn Thr Ala Glu Arg Ile
 145 150 155 160

Ile Asp Phe Thr Ser Asn Trp Ser Ser Gly Lys Arg Glu Pro Ile His
 165 170 175

Ser Ile Asp Leu Asp Ile Thr Ala Phe Thr Asn Ile Ser Thr Asn Val
 180 185 190

Thr Asp Leu Leu Met Asp Ala Lys Gln Lys Ile Ser Lys Tyr Ile Gly
 195 200 205

Trp Val Pro Ile Val Ser Tyr Cys Val Gly Gly Val Gly Val Val Leu
 210 215 220

Met Leu Leu Val Val Phe Leu Ala Cys Cys Arg Cys Gly Ile Pro Cys
 225 230 235 240

Thr Thr Tyr Leu Phe Ser Cys Val Tyr Trp Leu Phe Gly Val Val Phe
 245 250 255

Ala Leu Leu Ala Val Val Val Thr Val Leu Ala Tyr Leu Ser Trp Ala
 260 265 270

ES 2 490 193 T3

Ala Cys Gly Glu Val Glu Leu Gln Gln Gln Arg Gln Pro Gly Val Phe
 275 280 285

Gln Trp Tyr Leu Val Pro Tyr Cys Glu Gln Thr Phe Asp Phe Ala Asp
 290 295 300

Ile Asn Arg Glu Ala Asp Asp Ala Glu Arg Arg Phe Ser Lys Glu Ala
 305 310 315 320

Cys Lys Asn Leu Leu Lys Ser Cys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Phe Lys
 325 330 335

Pro Leu Leu Cys Gly Asn Asp Ile Thr Ser Glu Asp Gln Cys Pro Asn
 340 345 350

Phe Gly Thr Met Ala Ser Val Leu Ser Ala Thr Arg Ile Lys Ala Phe
 355 360 365

Thr Met Ala Cys Pro Val Ala Gly Glu Ser Cys Thr Leu Phe Glu Cys
 370 375 380

Ala Ala Asn Cys Thr Asn Thr Asp Val Lys Ala Val Ala Ser Gly Ile
 385 390 395 400

Leu Gln Leu Ala Ala Gln Ala Ser Asn Ala Ser Ile Ala Leu Ser Tyr
 405 410 415

Ala Arg Pro Leu Leu Asp Cys Asn Phe Val Val Asp Lys Leu Leu Gly
 420 425 430

Ala Met Ser Asp Cys Asn Glu Leu Lys Ala Gly Thr Leu Met Leu Gly
 435 440 445

Thr Gly Phe Phe Val Gly Gly Leu Met Phe Gly Leu Ala Ile Tyr Ile
 450 455 460

Met Phe Arg Gly Ser Cys Ile Trp Asp Ala Arg Phe Ile Lys Gln Gly
 465 470 475 480

Thr Ser Pro Arg Gly Leu Asn Gly Ser Gly Ser Val Asn Ala Ala
 485 490 495

<210> 95
 <211> 1647
 5 <212> ADN
 <213> Leishmania major

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1647)

<400> 95

ES 2 490 193 T3

atg	gtg	tgt	ccc	ttc	tcc	tgc	ccg	ccc	ctc	ccc	gcc	ccc	tct	ctc	aac	48
Met	Val	Cys	Pro	Phe	Ser	Cys	Pro	Pro	Leu	Pro	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	
1			5						10					15		
tcg	tcc	cac	ctc	tca	ttg	ccg	aag	aag	cag	cgg	tta	aca	gcg	cgc	gcg	96
Ser	Ser	His	Leu	Ser	Leu	Pro	Lys	Lys	Gln	Arg	Leu	Thr	Ala	Arg	Ala	
			20					25					30			
cac	aca	ccg	aca	cac	aaa	atg	gcc	aag	aca	acg	ctt	ctc	gtg	tgc	gct	144
His	Thr	Pro	Thr	His	Lys	Met	Ala	Lys	Thr	Thr	Leu	Leu	Val	Cys	Ala	
		35					40					45				
ctg	ctc	gcc	ctc	gtc	atg	tgc	ctg	gca	gcg	aca	gcc	gtc	tcg	gcg	cag	192
Leu	Leu	Ala	Leu	Val	Met	Cys	Leu	Ala	Ala	Thr	Ala	Val	Ser	Ala	Gln	
		50				55					60					
cag	tcg	ctg	gcg	tgc	caa	atg	gtg	tgg	caa	gct	ccg	tcc	cct	aac	aac	240
Gln	Ser	Leu	Ala	Cys	Gln	Met	Val	Trp	Gln	Ala	Pro	Ser	Pro	Asn	Asn	
65					70					75					80	
agc	ctg	ctg	gag	tgc	ctg	ggg	aac	acg	gat	cgc	atc	cgg	tct	cag	tgg	288
Ser	Leu	Leu	Glu	Cys	Leu	Gly	Asn	Thr	Asp	Arg	Ile	Arg	Ser	Gln	Trp	
				85					90					95		
ccc	tac	tac	ctg	tat	ccc	gcc	ttc	gct	gcg	ctc	atc	ttc	atc	ttt	acg	336
Pro	Tyr	Tyr	Leu	Tyr	Pro	Ala	Phe	Ala	Ala	Leu	Ile	Phe	Ile	Phe	Thr	
			100					105					110			
gtg	att	ggg	ctg	ccg	att	ctg	ttc	tgc	tgc	cac	tgc	tgc	agc	tgc	tgc	384
Val	Ile	Gly	Leu	Pro	Ile	Leu	Phe	Cys	Cys	His	Cys	Cys	Ser	Cys	Cys	
		115					120					125				
gag	gcg	tat	gtg	aag	ccg	aag	gcg	gag	acg	gac	ctc	ggc	ggt	gcc	cgc	432
Glu	Ala	Tyr	Val	Lys	Pro	Lys	Ala	Glu	Thr	Asp	Leu	Gly	Val	Ala	Arg	
		130				135					140					
tgc	tgc	cta	tgg	atg	ctg	atc	gtg	att	tcg	gtg	ctt	gtg	gcg	tgc	ggc	480
Cys	Cys	Leu	Trp	Met	Leu	Ile	Val	Ile	Ser	Val	Leu	Val	Ala	Cys	Gly	
145					150					155					160	
gtg	tgc	gtg	ctg	ctg	gtg	tat	ggc	tcc	gtc	tta	ctg	gag	cag	gca	gcc	528
Val	Cys	Val	Leu	Leu	Val	Tyr	Gly	Ser	Val	Leu	Leu	Glu	Gln	Ala	Ala	
				165					170					175		
acg	caa	att	atc	cat	gac	acc	gag	tat	cgc	acg	ctt	aat	tac	ttc	aac	576
Thr	Gln	Ile	Ile	His	Asp	Thr	Glu	Tyr	Arg	Thr	Leu	Asn	Tyr	Phe	Asn	
			180					185					190			
gac	atc	cgt	gcg	aac	atc	acg	atg	ctg	ctg	aca	aac	tac	agc	gcg	gac	624
Asp	Ile	Arg	Ala	Asn	Ile	Thr	Met	Leu	Leu	Thr	Asn	Tyr	Ser	Ala	Asp	
		195					200					205				
cca	ccg	ata	cca	ccg	tcg	atc	gac	ctt	agg	acc	ttt	gac	gct	gtg	aac	672
Pro	Pro	Ile	Pro	Pro	Ser	Ile	Asp	Leu	Arg	Thr	Phe	Asp	Ala	Val	Asn	
		210				215						220				

ES 2 490 193 T3

gat gat att acc cac tac gtg cat ctg gcg cgc aac aac tac ctc cag	720
Asp Asp Ile Thr His Tyr Val His Leu Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Gln	
225 230 235 240	
tac ttc cgc gct gcc gag att gtg gtg tgc tgt gtc gcc agc gtg ggt	768
Tyr Phe Arg Ala Ala Glu Ile Val Val Cys Cys Val Gly Ser Val Gly	
245 250 255	
gtt ttc ctg atg ctg tgc atg ctg gtt ttt gtg ctg tgc cgt tgc aat	816
Val Phe Leu Met Leu Cys Met Leu Val Phe Val Leu Cys Arg Cys Asn	
260 265 270	
ggg atc tgc ccg att gcg tgg agc tgc ctg tac ttc gtg ttc gcg ctt	864
Gly Ile Cys Pro Ile Ala Trp Ser Cys Leu Tyr Phe Val Phe Ala Leu	
275 280 285	
gca ttt gcg ttg ctt gcg gtg ttg ttc acg ata tgc atc tac gtg ctg	912
Ala Phe Ala Leu Leu Ala Val Leu Phe Thr Ile Cys Ile Tyr Val Leu	
290 295 300	
tcc gct gcc tgc gcc gag gtg gcc ctc cag cgt ggt cgt gag cct gcc	960
Ser Ala Gly Cys Gly Glu Val Gly Leu Gln Arg Gly Arg Glu Pro Gly	
305 310 315 320	
gtc ttc cag tgg tac ctg gtg ccg tgg tgc gag aag cag ttc aac ttc	1008
Val Phe Gln Trp Tyr Leu Val Pro Trp Cys Glu Lys Gln Phe Asn Phe	
325 330 335	
caa gcg ctg cgg gct cag gtg cag agc cag gag cag cag gtc tcg cag	1056
Gln Ala Leu Arg Ala Gln Val Gln Ser Gln Glu Gln Gln Val Ser Gln	
340 345 350	
agc gcc tgc gcg gag ctc ttg aac ttc tgt gac aac gat ccg cat tac	1104
Ser Ala Cys Ala Glu Leu Leu Asn Phe Cys Asp Asn Asp Pro His Tyr	
355 360 365	
tcg ttg gag act aaa aac cac atc ttc atg tgc gcc aac agc atc acc	1152
Ser Leu Glu Thr Lys Asn His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr	
370 375 380	
gat aag agc cag tgc gac tcg ctg gac gac gtg gtg gac gtt gtt ctg	1200
Asp Lys Ser Gln Cys Asp Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu	
385 390 395 400	
agc aca tac gtg aag ccg atg ctg acg aac acg ctg tgt gcc aac cag	1248
Ser Thr Tyr Val Lys Pro Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln	
405 410 415	
acg gcc atg gag tac ctg gag aag tgt aca gtg agg ttg tgc tca tcg	1296
Thr Gly Met Glu Tyr Leu Glu Lys Cys Thr Val Arg Leu Cys Ser Ser	
420 425 430	
cgg tgt gta aac tac gaa gcg ctg gat ctg cat gcc agg acg tac gcc	1344
Arg Cys Val Asn Tyr Glu Ala Leu Asp Leu His Ala Arg Thr Tyr Ala	
435 440 445	
att caa att ttg cag gct gcc gac ttt gct gcg aat gcg agc act gcg	1392
Ile Gln Ile Leu Gln Ala Ala Asp Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala	
450 455 460	

ES 2 490 193 T3

ctg tcg tac gtg tgg ccg ctg ctg gac tgc aac ttc atc att gac aag 1440
 Leu Ser Tyr Val Trp Pro Leu Leu Asp Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys
 465 470 475 480

atc gcc aac aca gtc gag acg cag agc tac aac agc agc ttc acc acg 1488
 Ile Ala Asn Thr Val Glu Thr Gln Ser Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr
 485 490 495

cag agc gaa tat gtc cgc agc tgc tct gcg gtc cgc act tcc tct gtg 1536
 Gln Ser Glu Tyr Val Arg Ser Cys Ser Ala Val Arg Thr Ser Ser Val
 500 505 510

atg ctg ggt acc ggg ttc ttt gtc ggg gcg ctc atg ttc att gtc ggc 1584
 Met Leu Gly Thr Gly Phe Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Val Gly
 515 520 525

att tat gtc ata cat cgc ggt tcg cgg atc acg gtg cca gtg aac aaa 1632
 Ile Tyr Val Ile His Arg Gly Ser Arg Ile Thr Val Pro Val Asn Lys
 530 535 540

gag aag gat ttc tga 1647
 Glu Lys Asp Phe
 545

<210> 96
 <211> 548
 <212> PRT
 <213> Leishmania major

5

<400> 96
 Met Val Cys Pro Phe Ser Cys Pro Pro Leu Pro Ala Pro Ser Leu Asn
 1 5 10 15

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

His Thr Pro Thr His Lys Met Ala Lys Thr Thr Leu Leu Val Cys Ala
 35 40 45

Leu Leu Ala Leu Val Met Cys Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala Gln
 50 55 60

Gln Ser Leu Ala Cys Gln Met Val Trp Gln Ala Pro Ser Pro Asn Asn
 65 70 75 80

Ser Leu Leu Glu Cys Leu Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp
 85 90 95

Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro Ala Phe Ala Ala Leu Ile Phe Ile Phe Thr
 100 105 110

Val Ile Gly Leu Pro Ile Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys

ES 2 490 193 T3

115 120 125

Glu Ala Tyr Val Lys Pro Lys Ala Glu Thr Asp Leu Gly Val Ala Arg
130 135 140

Cys Cys Leu Trp Met Leu Ile Val Ile Ser Val Leu Val Ala Cys Gly
145 150 155 160

Val Cys Val Leu Leu Val Tyr Gly Ser Val Leu Leu Glu Gln Ala Ala
165 170 175

Thr Gln Ile Ile His Asp Thr Glu Tyr Arg Thr Leu Asn Tyr Phe Asn
180 185 190

Asp Ile Arg Ala Asn Ile Thr Met Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Ala Asp
195 200 205

Pro Pro Ile Pro Pro Ser Ile Asp Leu Arg Thr Phe Asp Ala Val Asn
210 215 220

Asp Asp Ile Thr His Tyr Val His Leu Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Gln
225 230 235 240

Tyr Phe Arg Ala Ala Glu Ile Val Val Cys Cys Val Gly Ser Val Gly
245 250 255

Val Phe Leu Met Leu Cys Met Leu Val Phe Val Leu Cys Arg Cys Asn
260 265 270

Gly Ile Cys Pro Ile Ala Trp Ser Cys Leu Tyr Phe Val Phe Ala Leu
275 280 285

Ala Phe Ala Leu Leu Ala Val Leu Phe Thr Ile Cys Ile Tyr Val Leu
290 295 300

Ser Ala Gly Cys Gly Glu Val Gly Leu Gln Arg Gly Arg Glu Pro Gly
305 310 315 320

Val Phe Gln Trp Tyr Leu Val Pro Trp Cys Glu Lys Gln Phe Asn Phe
325 330 335

Gln Ala Leu Arg Ala Gln Val Gln Ser Glu Glu Gln Gln Val Ser Gln
340 345 350

Ser Ala Cys Ala Glu Leu Leu Asn Phe Cys Asp Asn Asp Pro His Tyr
355 360 365

ES 2 490 193 T3

Ser Leu Glu Thr Lys Asn His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr
 370 375 380

Asp Lys Ser Gln Cys Asp Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu
 385 390 395 400

Ser Thr Tyr Val Lys Pro Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln
 405 410 415

Thr Gly Met Glu Tyr Leu Glu Lys Cys Thr Val Arg Leu Cys Ser Ser
 420 425 430

Arg Cys Val Asn Tyr Glu Ala Leu Asp Leu His Ala Arg Thr Tyr Ala
 435 440 445

Ile Gln Ile Leu Gln Ala Ala Asp Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala
 450 455 460

Leu Ser Tyr Val Trp Pro Leu Leu Asp Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys
 465 470 475 480

Ile Ala Asn Thr Val Glu Thr Gln Ser Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr
 485 490 495

Gln Ser Glu Tyr Val Arg Ser Cys Ser Ala Val Arg Thr Ser Ser Val
 500 505 510

Met Leu Gly Thr Gly Phe Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Val Gly
 515 520 525

Ile Tyr Val Ile His Arg Gly Ser Arg Ile Thr Val Pro Val Asn Lys
 530 535 540

Glu Lys Asp Phe
 545

<210> 97

<211> 1590

5 <212> ADN

<213> Leishmania infantum

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(1590)

<400> 97

ES 2 490 193 T3

atg gcc aaa aca gcg ctt ctc gtg ggc gct ctg ctc gcc ctc gtc atg	48
Met Ala Lys Thr Ala Leu Leu Val Gly Ala Leu Leu Ala Leu Val Met	
1 5 10 15	
tgc ctg gcg gcg acg gcc gtc tcg gcg cag cgg tcg ctg gag tgt caa	96
Cys Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala Gln Arg Ser Leu Glu Cys Gln	
20 25 30	
atg gtg tgg caa ggt cct tcc tct aac aac agc ctg ctg gag tgc ctg	144
Met Val Trp Gln Gly Pro Ser Ser Asn Asn Ser Leu Leu Glu Cys Leu	
35 40 45	
ggg aac acg gat cgc atc cgg tcc cag tgg ccc tac tac ctg tat ccc	192
Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro	
50 55 60	
gcc ttc gct gcg ctc gtg ttc atc ttc acg gtg att ggg ctg ccg att	240
Ala Phe Ala Ala Leu Val Phe Ile Phe Thr Val Ile Gly Leu Pro Ile	
65 70 75 80	
ctg ttc tgc tgc cac tgc tgc agc tgc tgc gag gcg tat gtg aag ccg	288
Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys Glu Ala Tyr Val Lys Pro	
85 90 95	
aag gcg gag acg gac ctc ggc gtt gcc cgc tgc tgc cta tgg atg tgg	336
Lys Ala Glu Thr Asp Leu Gly Val Ala Arg Cys Cys Leu Trp Met Trp	
100 105 110	
atc gtg att tcg gtg ctt gtg gcg tgc ggc gtg tgc gtg ctg ctg gtg	384
Ile Val Ile Ser Val Leu Val Ala Cys Gly Val Cys Val Leu Leu Val	
115 120 125	
tat ggc tcc gtc tta ctg gag cag gca gcc aaa caa att atc cac gac	432
Tyr Gly Ser Val Leu Leu Glu Gln Ala Ala Lys Gln Ile Ile His Asp	
130 135 140	
acc gag tat cgc acg ctt gat tac ttc aac gac acc cgt gcg aac atc	480
Thr Glu Tyr Arg Thr Leu Asp Tyr Phe Asn Asp Thr Arg Ala Asn Ile	
145 150 155 160	
gcg atg ctg ctg aca aac tac agc gcg gac cca ccg aca cca ccg tca	528
Ala Met Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Ala Asp Pro Pro Thr Pro Pro Ser	
165 170 175	
atc gac ctt agc gcc ttt gac gcc gtg aac gat aat gtt acc tac tac	576
Ile Asp Leu Ser Ala Phe Asp Ala Val Asn Asp Asn Val Thr Tyr Tyr	
180 185 190	
gtg cac ctg gcg cgc aac aac tac ctc aag tac ttc cgc gct gcc gag	624
Val His Leu Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Lys Tyr Phe Arg Ala Ala Glu	
195 200 205	
att gtg gtc tgc tgc gtc ggc agc gtc ggt gtt ttc ctg atg ctg tgc	672
Ile Val Val Cys Cys Val Gly Ser Val Gly Val Phe Leu Met Leu Cys	
210 215 220	
atg ctg atc ttt gcg ctg tgc cgt tgc agt ggg atc tgc ccg att gtg	720
Met Leu Ile Phe Ala Leu Cys Arg Cys Ser Gly Ile Cys Pro Ile Val	
225 230 235 240	
tgg agc tgc ctg tac ttc gtg ttc gcg ctt gca ttt gcg ttg ctt gcg	768

ES 2 490 193 T3

Trp	Ser	Cys	Leu	Tyr	Phe	Val	Phe	Ala	Leu	Ala	Phe	Ala	Leu	Leu	Ala		
				245					250					255			
gtg	ctg	ttc	acg	ata	tgc	atc	tac	gtg	atg	tcc	gcc	ggc	tgc	ggc	gag		816
Val	Leu	Phe	Thr	Ile	Cys	Ile	Tyr	Val	Met	Ser	Ala	Gly	Cys	Gly	Glu		
			260					265					270				
gtg	gac	ctc	cag	tac	agc	cgt	gag	cct	ggc	gtc	ttt	cag	tgg	tac	ctg		864
Val	Asp	Leu	Gln	Tyr	Ser	Arg	Glu	Pro	Gly	Val	Phe	Gln	Trp	Tyr	Leu		
		275					280					285					
gtg	ccg	tgg	tgc	gag	aag	cag	ttc	gac	ttc	cag	gcg	ctg	cgg	gct	cag		912
Val	Pro	Trp	Cys	Glu	Lys	Gln	Phe	Asp	Phe	Gln	Ala	Leu	Arg	Ala	Gln		
	290					295					300						
gtg	cag	agc	cag	gag	cag	cag	gtc	tcg	cag	agc	gcc	tgc	ggg	gcg	ctc		960
Val	Gln	Ser	Gln	Glu	Gln	Gln	Val	Ser	Gln	Ser	Ala	Cys	Gly	Ala	Leu		
305				310						315					320		
ttg	aac	ttc	tgt	gac	aac	gat	ccg	aat	tac	tcg	ttg	gag	aat	aaa	aac		1008
Leu	Asn	Phe	Cys	Asp	Asn	Asp	Pro	Asn	Tyr	Ser	Leu	Glu	Asn	Lys	Asn		
				325					330					335			
cac	atc	ttc	atg	tgc	ggc	aac	agc	atc	acc	gac	aaa	agc	cag	tgc	aac		1056
His	Ile	Phe	Met	Cys	Gly	Asn	Ser	Ile	Thr	Asp	Lys	Ser	Gln	Cys	Asn		
			340					345					350				
tcg	ctg	gac	gac	gtg	gtg	gac	gtt	gtt	ctg	agc	aca	tac	gtg	aag	ccg		1104
Ser	Leu	Asp	Asp	Val	Val	Asp	Val	Val	Leu	Ser	Thr	Tyr	Val	Lys	Pro		
		355					360					365					
atg	ctg	acg	aac	acg	cta	tgt	gcc	aac	cag	acg	ggc	atg	gag	tac	ctg		1152
Met	Leu	Thr	Asn	Thr	Leu	Cys	Ala	Asn	Gln	Thr	Gly	Met	Glu	Tyr	Leu		
	370					375					380						
gag	aag	tgt	acg	ttg	atc	tcc	tgc	gca	tcg	cgg	tgt	gtg	gac	tac	caa		1200
Glu	Lys	Cys	Thr	Leu	Ile	Ser	Cys	Ala	Ser	Arg	Cys	Val	Asp	Tyr	Gln		
385					390					395					400		
ttc	ccg	ccc	ctg	cat	gcc	agg	aca	gaa	gcc	att	caa	att	ctg	cag	gct		1248
Phe	Pro	Pro	Leu	His	Ala	Arg	Thr	Glu	Ala	Ile	Gln	Ile	Leu	Gln	Ala		
				405					410					415			
gcc	aac	ttt	gct	gcg	aat	gcg	agc	act	gcg	ctg	tca	tac	gtg	tgg	ccg		1296
Ala	Asn	Phe	Ala	Ala	Asn	Ala	Ser	Thr	Ala	Leu	Ser	Tyr	Val	Trp	Pro		
			420					425					430				
ctg	ctg	gag	tgc	aac	ttc	atc	att	gac	aag	att	gcc	aac	aca	gtc	gag		1344
Leu	Leu	Glu	Cys	Asn	Phe	Ile	Ile	Asp	Lys	Ile	Ala	Asn	Thr	Val	Glu		
		435					440					445					
acg	cgg	aac	tac	aac	agc	agc	ttc	acc	acg	cag	agc	gat	tat	gtg	cgc		1392
Thr	Arg	Asn	Tyr	Asn	Ser	Ser	Phe	Thr	Thr	Gln	Ser	Asp	Tyr	Val	Arg		
	450					455					460						
agc	tgc	tct	gcg	gtc	cgc	gta	tcc	tcg	gtg	atg	ctg	ggt	acc	ggt	ttc		1440
Ser	Cys	Ser	Ala	Val	Arg	Val	Ser	Ser	Val	Met	Leu	Gly	Thr	Gly	Phe		
465					470					475					480		
ttt	gtc	ggg	gcg	ctc	atg	ttc	atc	ctc	ggc	att	cac	gtc	atg	cat	cgc		1488
Phe	Val	Gly	Ala	Leu	Met	Phe	Ile	Leu	Gly	Ile	His	Val	Met	His	Arg		
				485					490					495			
ggt	gcg	ttt	atc	tgg	gct	gcc	ggc	aag	gag	aat	gat	gcg	gtg	cag	aag		1536
Gly	Ala	Phe	Ile	Trp	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Asn	Asp	Ala	Val	Gln	Lys		
			500					505					510				
aag	gat	ggt	tca	cca	cct	ggc	aat	gcc	gtc	tcg	tca	ccc	ctg	aga	aca		1584
Lys	Asp	Val	Ser	Pro	Pro	Gly	Asn	Ala	Val	Ser	Ser	Pro	Leu	Arg	Thr		
		515					520					525					
cct	taa																1590
Pro																	

ES 2 490 193 T3

<210> 98

<211> 529

<212> PRT

5 <213> Leishmania infantum

<400> 98

Met Ala Lys Thr Ala Leu Leu Val Gly Ala Leu Leu Ala Leu Val Met
1 5 10 15

Cys Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala Gln Arg Ser Leu Glu Cys Gln
20 25 30

Met Val Trp Gln Gly Pro Ser Ser Asn Asn Ser Leu Leu Glu Cys Leu
35 40 45

Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro
50 55 60

Ala Phe Ala Ala Leu Val Phe Ile Phe Thr Val Ile Gly Leu Pro Ile
65 70 75 80

Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys Glu Ala Tyr Val Lys Pro
85 90 95

Lys Ala Glu Thr Asp Leu Gly Val Ala Arg Cys Cys Leu Trp Met Trp
100 105 110

Ile Val Ile Ser Val Leu Val Ala Cys Gly Val Cys Val Leu Leu Val
115 120 125

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

Thr Glu Tyr Arg Thr Leu Asp Tyr Phe Asn Asp Thr Arg Ala Asn Ile
145 150 155 160

ES 2 490 193 T3

Ala Met Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Ala Asp Pro Pro Thr Pro Pro Ser
 165 170 175

Ile Asp Leu Ser Ala Phe Asp Ala Val Asn Asp Asn Val Thr Tyr Tyr
 180 185 190

Val His Leu Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Lys Tyr Phe Arg Ala Ala Glu
 195 200 205

Ile Val Val Cys Cys Val Gly Ser Val Gly Val Phe Leu Met Leu Cys
 210 215 220

Met Leu Ile Phe Ala Leu Cys Arg Cys Ser Gly Ile Cys Pro Ile Val
 225 230 235 240

Trp Ser Cys Leu Tyr Phe Val Phe Ala Leu Ala Phe Ala Leu Leu Ala
 245 250 255

Val Leu Phe Thr Ile Cys Ile Tyr Val Met Ser Ala Gly Cys Gly Glu
 260 265 270

Val Asp Leu Gln Tyr Ser Arg Glu Pro Gly Val Phe Gln Trp Tyr Leu
 275 280 285

Val Pro Trp Cys Glu Lys Gln Phe Asp Phe Gln Ala Leu Arg Ala Gln
 290 295 300

Val Gln Ser Gln Glu Gln Gln Val Ser Gln Ser Ala Cys Gly Ala Leu
 305 310 315 320

Leu Asn Phe Cys Asp Asn Asp Pro Asn Tyr Ser Leu Glu Asn Lys Asn
 325 330 335

His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr Asp Lys Ser Gln Cys Asn
 340 345 350

Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu Ser Thr Tyr Val Lys Pro
 355 360 365

Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln Thr Gly Met Glu Tyr Leu
 370 375 380

Glu Lys Cys Thr Leu Ile Ser Cys Ala Ser Arg Cys Val Asp Tyr Gln
 385 390 395 400

ES 2 490 193 T3

Phe Pro Pro Leu His Ala Arg Thr Glu Ala Ile Gln Ile Leu Gln Ala
 405 410 415

Ala Asn Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala Leu Ser Tyr Val Trp Pro
 420 425 430

Leu Leu Glu Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys Ile Ala Asn Thr Val Glu
 435 440 445

Thr Arg Asn Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr Gln Ser Asp Tyr Val Arg
 450 455 460

Ser Cys Ser Ala Val Arg Val Ser Ser Val Met Leu Gly Thr Gly Phe
 465 470 475 480

Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Leu Gly Ile His Val Met His Arg
 485 490 495

Gly Ala Phe Ile Trp Ala Ala Gly Lys Glu Asn Asp Ala Val Gln Lys
 500 505 510

Lys Asp Val Ser Pro Pro Gly Asn Ala Val Ser Ser Pro Leu Arg Thr
 515 520 525

Pro

<210> 99
 <211> 1644
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1644)

<400> 99
 atg tcc tcc gtt acc act ggc agc tct ttc tat gct gca gtg tta ttg 48
 Met Ser Ser Val Thr Thr Gly Ser Ser Phe Tyr Ala Ala Val Leu Leu
 1 5 10 15

gtg ctg ttg tta aca gtt acg caa tgc gga aac tcc aag ttt cca aat 96
 Val Leu Leu Leu Thr Val Thr Gln Cys Gly Asn Ser Lys Phe Pro Asn
 20 25 30

ctt cac tgt gac aat gtc tgg gat ggg ccc agt gct cga aat gac cct 144
 Leu His Cys Asp Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Ala Arg Asn Asp Pro
 35 40 45

ctt acg tgc att atg gat acc gac cgt atc tta gcg cag tgg cgt atg 192
 Leu Thr Cys Ile Met Asp Thr Asp Arg Ile Leu Ala Gln Trp Arg Met

ES 2 490 193 T3

50	55	60	
tta gca atg cct gct ctc tgt gct ttc ctt ttc gtg gct gtg tta att Leu Ala Met Pro Ala Leu Cys Ala Phe Leu Phe Val Ala Val Leu Ile 65 70 75 80			240
gct ttc ccc ata tct tgc ttt ctt aca tgc ctg tgt tcc tcc cgt tgc Ala Phe Pro Ile Ser Cys Phe Leu Thr Cys Leu Cys Ser Ser Arg Cys 85 90 95			288
aag cct tcc tct aag gac gga ggt aag gaa caa cgt tgc tgc ctt tgg Lys Pro Ser Ser Lys Asp Gly Gly Lys Glu Gln Arg Cys Cys Leu Trp 100 105 110			336
atg tgg att atg ttt gct tta ata tgg gct ttt ggt gtt gct gca ttt Met Trp Ile Met Phe Ala Leu Ile Trp Ala Phe Gly Val Ala Ala Phe 115 120 125			384
gtg ttc ttt ggg gtg aag cag ttg tgg gca acc tca aat tat ttt ctc Val Phe Phe Gly Val Lys Gln Leu Trp Ala Thr Ser Asn Tyr Phe Leu 130 135 140			432
gat gta aca ttg atg aat ccg ttg aat gtt gtg aac tgc act gcg gaa Asp Val Thr Leu Met Asn Pro Leu Asn Val Val Asn Cys Thr Ala Glu 145 150 155 160			480
aaa gtt att gat ttt gcg tct aac tgg acc tct gga aat aga gag cca Lys Val Ile Asp Phe Ala Ser Asn Trp Thr Ser Gly Asn Arg Glu Pro 165 170 175			528
tac gct gat ggt gtt gat gtg agc ttc ttc tal gal ata tgc gaa aac Tyr Ala Asp Gly Val Asp Val Ser Phe Phe Tyr Asp Ile Ser Glu Asn 180 185 190			576
gcc gtt cgt gtt gtt gaa atg ttg aga ggt aga gcg gga gat tat att Ala Val Arg Val Val Glu Met Leu Arg Gly Arg Ala Gly Asp Tyr Ile 195 200 205			624
aag ttg tta cct gtt gtt tct tat gcg gtg ggt tcc gta tgt att gcg Lys Leu Leu Pro Val Val Ser Tyr Ala Val Gly Ser Val Cys Ile Ala 210 215 220			672
ttg atg gct ccg atg gtt att ctt gct tgc tgt cgc cga ggt cct ttg Leu Met Ala Pro Met Val Ile Leu Ala Cys Cys Arg Arg Gly Pro Leu 225 230 235 240			720
ata gtg ccc gaa tgc ttc gct tgt gca tat ttc gtt ttc ggg ctt gtt Ile Val Pro Glu Cys Phe Ala Cys Ala Tyr Phe Val Phe Gly Leu Val 245 250 255			768
ttt tca gtt ggc ggt gct gtt ttg ttc ctg ttg agc tat gct tct tca Phe Ser Val Gly Gly Ala Val Leu Phe Leu Leu Ser Tyr Ala Ser Ser 260 265 270			816
tct gtg tgt ggc gag att gca ctt cac cgt gag cga aag cct ggc att Ser Val Cys Gly Glu Ile Ala Leu His Arg Glu Arg Lys Pro Gly Ile 275 280 285			864
atc cag tgg tac gga atc cca tta tgc aat agc aag ttt cgc cct gat Ile Gln Trp Tyr Gly Ile Pro Leu Cys Asn Ser Lys Phe Arg Pro Asp 290 295 300			912

ES 2 490 193 T3

gct att aac aag aaa gtg aca gac gcg gag att ggc att tgt agg gag 960
Ala Ile Asn Lys Lys Val Thr Asp Ala Glu Ile Gly Ile Cys Arg Glu
305 310 315 320

gct tgc aat tat ttg ctt gat aac tgt gat aat ctg gat atg cgt ggc 1008
Ala Cys Asn Tyr Leu Leu Asp Asn Cys Asp Asn Leu Asp Met Arg Gly
325 330 335

cca agt atg agt cgt ttt tcg gga tca agt gta tct tat gat ggt tat 1056
Pro Ser Met Ser Arg Phe Ser Gly Ser Ser Val Ser Tyr Asp Gly Tyr
340 345 350

gtg cct tct ggt tac ctc aaa gac aga aac ggt aag ccg aac acg cga 1104
Val Pro Ser Gly Tyr Leu Lys Asp Arg Asn Gly Lys Pro Asn Thr Arg
355 360 365

tct agc gac ata tcc cct gac gcc cct gct tct ttc ata gca agt ggg 1152
Ser Ser Asp Ile Ser Pro Asp Ala Pro Ala Ser Phe Ile Ala Ser Gly
370 375 380

ttt gta agt cat gcg gca gct agg aat gtg ggt ggt act ttt ccc gtg 1200
Phe Val Ser His Ala Ala Ala Arg Asn Val Gly Gly Thr Phe Pro Val
385 390 395 400

aag gtt ctg act tgt gga aag aat atc acc tca tcc gat gag tgt cca 1248
Lys Val Leu Thr Cys Gly Lys Asn Ile Thr Ser Ser Asp Glu Cys Pro
405 410 415

aac ttt ggc atc aca gca aca gta ctg gag gac aca cgg gtg aag gcc 1296
Asn Phe Gly Ile Thr Ala Thr Val Leu Glu Asp Thr Arg Val Lys Ala
420 425 430

ttc gtt ggt tca tgc cct act ccc gga aat tct tgc acg gta gtg gag 1344
Phe Val Gly Ser Cys Pro Thr Pro Gly Asn Ser Cys Thr Val Val Glu
435 440 445

tgt gcg gcc aat tgt acg gag gcc agg gca aag aac gtc tct atc gaa 1392
Cys Ala Ala Asn Cys Thr Glu Gly Arg Ala Lys Asn Val Ser Ile Glu
450 455 460

gtc gta cgt gtg gct gca cgg tcg cgt aac gtc agt gtt gca ctt tca 1440
Val Val Arg Val Ala Ala Arg Ser Arg Asn Val Ser Val Ala Leu Ser
465 470 475 480

ata ggt cga ccg ctg ctg gaa tgt aat ttt atg ctc gac att gcg cta 1488
Ile Gly Arg Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Met Leu Asp Ile Ala Leu
485 490 495

act gcc atg ccg gac tgt gaa gat ata acg ccg ggt gtc ttc atg ctt 1536
Thr Ala Met Pro Asp Cys Glu Asp Ile Thr Pro Gly Val Phe Met Leu
500 505 510

tcc gtc ggg ttt ctc ctt gga agt ctg atg ttt gcg gtc ggg att tat 1584
Ser Val Gly Phe Leu Leu Gly Ser Leu Met Phe Ala Val Gly Ile Tyr
515 520 525

gtc atg ctc cgt ggt tct tgt gtt tgg ggt agt gcc aag acc tcg ccg 1632
Val Met Leu Arg Gly Ser Cys Val Trp Gly Ser Ala Lys Thr Ser Pro
530 535 540

gag gct tct taa 1644
Glu Ala Ser
545

5

<210> 100
<211> 547
<212> PRT
<213> Trypanosoma brucei
<400> 100

ES 2 490 193 T3

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

Val Leu Leu Leu Thr Val Thr Gln Cys Gly Asn Ser Lys Phe Pro Asn
 20 25 30

Leu His Cys Asp Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Ala Arg Asn Asp Pro
 35 40 45

Leu Thr Cys Ile Met Asp Thr Asp Arg Ile Leu Ala Gln Trp Arg Met
 50 55 60

Leu Ala Met Pro Ala Leu Cys Ala Phe Leu Phe Val Ala Val Leu Ile
 65 70 75 80

Ala Phe Pro Ile Ser Cys Phe Leu Thr Cys Leu Cys Ser Ser Arg Cys
 85 90 95

Lys Pro Ser Ser Lys Asp Gly Gly Lys Glu Gln Arg Cys Cys Leu Trp
 100 105 110

Met Trp Ile Met Phe Ala Leu Ile Trp Ala Phe Gly Val Ala Ala Phe
 115 120 125

Val Phe Phe Gly Val Lys Gln Leu Trp Ala Thr Ser Asn Tyr Phe Leu
 130 135 140

Asp Val Thr Leu Met Asn Pro Leu Asn Val Val Asn Cys Thr Ala Glu
 145 150 155 160

Lys Val Ile Asp Phe Ala Ser Asn Trp Thr Ser Gly Asn Arg Glu Pro
 165 170 175

Tyr Ala Asp Gly Val Asp Val Ser Phe Phe Tyr Asp Ile Ser Glu Asn
 180 185 190

Ala Val Arg Val Val Glu Met Leu Arg Gly Arg Ala Gly Asp Tyr Ile

ES 2 490 193 T3

195	200	205																			
Lys	Leu	Leu	Pro	Val	Val	Ser	Tyr	Ala	Val	Gly	Ser	Val	Cys	Ile	Ala						
210						215						220									
Leu	Met	Ala	Pro	Met	Val	Ile	Leu	Ala	Cys	Cys	Arg	Arg	Gly	Pro	Leu						
225						230						235									
Ile	Val	Pro	Glu	Cys	Phe	Ala	Cys	Ala	Tyr	Phe	Val	Phe	Gly	Leu	Val						
				245						250						255					
Phe	Ser	Val	Gly	Gly	Ala	Val	Leu	Phe	Leu	Leu	Ser	Tyr	Ala	Ser	Ser						
			260						265						270						
Ser	Val	Cys	Gly	Glu	Ile	Ala	Leu	His	Arg	Glu	Arg	Lys	Pro	Gly	Ile						
			275						280						285						
Ile	Gln	Trp	Tyr	Gly	Ile	Pro	Leu	Cys	Asn	Ser	Lys	Phe	Arg	Pro	Asp						
290						295						300									
Ala	Ile	Asn	Lys	Lys	Val	Thr	Asp	Ala	Glu	Ile	Gly	Ile	Cys	Arg	Glu						
305						310						315									
Ala	Cys	Asn	Tyr	Leu	Leu	Asp	Asn	Cys	Asp	Asn	Leu	Asp	Met	Arg	Gly						
				325						330						335					
Pro	Ser	Met	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ser	Val	Ser	Tyr	Asp	Gly	Tyr						
			340						345						350						
Val	Pro	Ser	Gly	Tyr	Leu	Lys	Asp	Arg	Asn	Gly	Lys	Pro	Asn	Thr	Arg						
			355						360						365						
Ser	Ser	Asp	Ile	Ser	Pro	Asp	Ala	Pro	Ala	Ser	Phe	Ile	Ala	Ser	Gly						
370						375						380									
Phe	Val	Ser	His	Ala	Ala	Ala	Arg	Asn	Val	Gly	Gly	Thr	Phe	Pro	Val						
385						390						395									
Lys	Val	Leu	Thr	Cys	Gly	Lys	Asn	Ile	Thr	Ser	Ser	Asp	Glu	Cys	Pro						
				405						410						415					
Asn	Phe	Gly	Ile	Thr	Ala	Thr	Val	Leu	Glu	Asp	Thr	Arg	Val	Lys	Ala						
			420						425						430						
Phe	Val	Gly	Ser	Cys	Pro	Thr	Pro	Gly	Asn	Ser	Cys	Thr	Val	Val	Glu						
			435						440						445						

ES 2 490 193 T3

Cys Ala Ala Asn Cys Thr Glu Gly Arg Ala Lys Asn Val Ser Ile Glu
 450 455 460

Val Val Arg Val Ala Ala Arg Ser Arg Asn Val Ser Val Ala Leu Ser
 465 470 475 480

Ile Gly Arg Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Met Leu Asp Ile Ala Leu
 485 490 495

Thr Ala Met Pro Asp Cys Glu Asp Ile Thr Pro Gly Val Phe Met Leu
 500 505 510

Ser Val Gly Phe Leu Leu Gly Ser Leu Met Phe Ala Val Gly Ile Tyr
 515 520 525

Val Met Leu Arg Gly Ser Cys Val Trp Gly Ser Ala Lys Thr Ser Pro
 530 535 540

Glu Ala Ser
 545

<210> 101
 <211> 1713
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma brucei

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1713)

<400> 101
 atg tat aat gcc ctg agg tca gca gct ctg gca gtg ggg ttg gtg tta 48
 Met Tyr Asn Ala Leu Arg Ser Ala Ala Leu Ala Val Gly Leu Val Leu
 1 5 10 15

ctg ttt gcc gcc acg cca gca tcc gca act aga gag ggt tcg ttt caa 96
 Leu Phe Ala Ala Thr Pro Ala Ser Ala Thr Arg Glu Gly Ser Phe Gln
 20 25 30

tgc gag aat gtg tgg gat ggc ccg agt acc agt aat gac gtt cag gcg 144
 Cys Glu Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Thr Ser Asn Asp Val Gln Ala
 35 40 45

tgt ata ctc aat gca gag cgc atg cgg tct cag tgg aag ctc ttt gtt 192
 Cys Ile Leu Asn Ala Glu Arg Met Arg Ser Gln Trp Lys Leu Phe Val
 50 55 60

ttg ccg ttt cta agt gct gta ctt ctt gca gta ctg ttg gta agc ttc 240
 Leu Pro Phe Leu Ser Ala Val Leu Leu Ala Val Leu Leu Val Ser Phe
 65 70 75 80

ES 2 490 193 T3

cct ctt gta ttc att tgc tcc ata tgc tgt aac tgt tgc ggc tgt tgt Pro Leu Val Phe Ile Cys Ser Ile Cys Cys Asn Cys Cys Gly Cys Cys 85 90 95	288
ggg gca aac tgc tgt aaa ccg gaa acg aag aag agc agg aat cag gcc Gly Ala Asn Cys Cys Lys Pro Glu Thr Lys Lys Ser Arg Asn Gln Ala 100 105 110	336
cgt tgc tgt ttg tgg ttg tac atc gtg tat gcc cta ctt tgg agc gtt Arg Cys Cys Leu Trp Leu Tyr Ile Val Tyr Ala Leu Leu Trp Ser Val 115 120 125	384
atg gtt ttt ttt ctt atc gta tac ggg act ccg acg gtg acg aag gct Met Val Phe Phe Leu Ile Val Tyr Gly Thr Arg Thr Val Thr Lys Ala 130 135 140	432
ggt cca acg ttc gtc gac gac gca gtc tct gga ccc ttg tcg tac ttt Val Pro Thr Phe Val Asp Asp Ala Val Ser Gly Pro Leu Ser Tyr Phe 145 150 155 160	480
aat caa aca gca gaa agt gta atg gat tac aca tat gac tgg agc tcg Asn Gln Thr Ala Glu Ser Val Met Asp Tyr Thr Tyr Asp Trp Ser Ser 165 170 175	528
ggt gag cgg agg gaa cca ggt gac ttt acg att gac ttc tcc gag ttt Gly Glu Arg Arg Glu Pro Gly Asp Phe Thr Ile Asp Phe Ser Glu Phe 180 185 190	576
tcc agc atg cag aag aag gta atg gaa ggc gtg tcc gca gtc cgt gca Ser Ser Met Gln Lys Lys Val Met Glu Gly Val Ser Ala Val Arg Ala 195 200 205	624
aca gtc ttt gta cac ttt gac aag gtc tcc atc gcg tcc tac gtt gtc Thr Val Phe Val His Phe Asp Lys Val Ser Ile Ala Ser Tyr Val Val 210 215 220	672
gga agc ctt ggt ttc gtt atg gta ctt gtt att ctc cct ttt gcc atg Gly Ser Leu Gly Phe Val Met Val Leu Val Ile Leu Pro Phe Ala Met 225 230 235 240	720
ttc aag tgc tgc att ccg ggg ttt cca ata tgt atc tcg ttc gtc tat Phe Lys Cys Cys Ile Pro Gly Phe Pro Ile Cys Ile Ser Phe Val Tyr 245 250 255	768
tgg att ttt ggt ctt gcc ttc gcc gtg ctc gga ctt ctg ttg acg att Trp Ile Phe Gly Leu Ala Phe Ala Val Leu Gly Leu Leu Leu Thr Ile 260 265 270	816
ctg gcg tac ttc gcc acc ctt acc tgc ggc gaa gtg gag cga cac cat Leu Ala Tyr Phe Ala Thr Leu Thr Cys Gly Glu Val Glu Arg His His 275 280 285	864
ggg ccg gat cca ggg ctg att cag tgg tat ggc gtc cct gtt tgt aaa Gly Arg Asp Pro Gly Leu Ile Gln Trp Tyr Gly Val Pro Val Cys Lys 290 295 300	912
gag ttt ttt aat ttc caa cag tta aac aag gcc att atg gcc gct gag Glu Phe Phe Asn Phe Gln Gln Leu Asn Lys Gly Ile Met Ala Ala Glu 305 310 315 320	960
ttg cag ctg tct cag ggt gtc tgc aag gca gtt cta ccg ttc tgt gac	1008

ES 2 490 193 T3

Leu	Gln	Leu	Ser	Gln	Gly	Val	Cys	Lys	Ala	Val	Leu	Pro	Phe	Cys	Asp	
				325					330					335		
aga	cgt	aag	ctt	cgg	ggc	ccc	ggt	ggc	gta	gtg	gat	cgt	gct	gat	cct	1056
Arg	Arg	Lys	Leu	Arg	Gly	Pro	Gly	Gly	Val	Val	Asp	Arg	Ala	Asp	Pro	
			340					345					350			
cac	cct	ggt	gag	aga	aac	agg	ttg	ctg	cca	ccc	ggt	ggc	gaa	tat	cca	1104
His	Pro	Gly	Glu	Arg	Asn	Arg	Leu	Leu	Pro	Pro	Gly	Gly	Glu	Tyr	Pro	
			355				360					365				
aat	gaa	aag	gcc	ttg	gag	aac	aca	agc	cac	aaa	cac	gga	aat	gtt	cct	1152
Asn	Glu	Lys	Ala	Leu	Glu	Asn	Thr	Ser	His	Lys	His	Gly	Asn	Val	Pro	
	370					375					380					
cct	gca	agc	gat	agg	gcg	ggg	ggt	cca	ccg	cat	cca	aca	cct	gtg	cgt	1200
Pro	Ala	Ser	Asp	Arg	Ala	Gly	Gly	Pro	Pro	His	Pro	Thr	Pro	Val	Arg	
	385				390					395					400	
gac	cac	tcg	ggt	ctg	cct	gga	att	tcc	gag	ggg	ccg	aat	ttt	ccg	gat	1248
Asp	His	Ser	Gly	Leu	Pro	Gly	Ile	Ser	Glu	Gly	Pro	Asn	Phe	Pro	Asp	
				405				410						415		
ctt	ccc	gcg	gtc	cct	gtg	cta	aac	tgt	caa	gaa	gga	ttt	aca	gac	gcc	1296
Leu	Pro	Ala	Val	Pro	Val	Leu	Asn	Cys	Gln	Glu	Gly	Phe	Thr	Asp	Ala	
			420					425					430			
tcg	cag	tgt	acg	acg	ttt	gat	gcg	atg	tcc	gca	ctt	gtg	ttg	acg	gcg	1344
Ser	Gln	Cys	Thr	Thr	Phe	Asp	Ala	Met	Ser	Ala	Leu	Val	Leu	Thr	Ala	
		435					440					445				
gaa	gtt	aaa	ggt	tcc	tta	aac	cca	tgt	gga	gag	gcc	gga	aag	gcg	tgc	1392
Glu	Val	Lys	Gly	Ser	Leu	Asn	Pro	Cys	Gly	Glu	Ala	Gly	Lys	Ala	Cys	
	450					455					460					
aac	ctt	acg	gag	tgt	gcc	gcg	cgt	tgt	gaa	aac	gat	caa	tta	cag	gag	1440
Asn	Leu	Thr	Glu	Cys	Ala	Ala	Arg	Cys	Glu	Asn	Asp	Gln	Leu	Gln	Glu	
	465				470					475					480	
ctt	gcg	gtt	cgc	gca	aca	agt	cag	att	gag	aga	gtg	cag	aac	gta	acc	1488
Leu	Ala	Val	Arg	Ala	Thr	Ser	Gln	Ile	Glu	Arg	Val	Gln	Asn	Val	Thr	
				485					490					495		
atc	gcg	tgg	tcg	tat	gcc	agg	ccg	cta	ctt	gag	tgc	aac	ttc	gta	atc	1536
Ile	Ala	Trp	Ser	Tyr	Ala	Arg	Pro	Leu	Leu	Glu	Cys	Asn	Phe	Val	Ile	
			500					505					510			
gac	aag	att	gta	gag	tct	cta	gaa	gca	tgc	ggg	gac	atc	acg	gca	gga	1584
Asp	Lys	Ile	Val	Glu	Ser	Leu	Glu	Ala	Cys	Gly	Asp	Ile	Thr	Ala	Gly	
		515					520					525				
acg	atg	gcg	ttg	ggt	gca	ggg	ttt	ttc	att	ggt	gca	att	gtg	ttt	ggc	1632
Thr	Met	Val	Leu	Gly	Ala	Gly	Phe	Phe	Ile	Gly	Ala	Ile	Val	Phe	Gly	
		530				535					540					
ctc	ggt	ata	tat	att	atg	ctc	cgt	ggt	gct	tgc	gta	tgg	ggt	gag	ata	1680
Leu	Gly	Ile	Tyr	Ile	Met	Leu	Arg	Gly	Ala	Cys	Val	Trp	Gly	Glu	Ile	
	545				550					555					560	
ccg	atg	ttc	act	agg	gat	gcg	aaa	gct	tcg	tag						1713
Pro	Met	Phe	Thr	Arg	Asp	Ala	Lys	Ala	Ser							
	565				570											

- <210> 102
- 5 <211> 570
- <212> PRT
- <213> Trypanosoma brucei
- <400> 102

ES 2 490 193 T3

Met Tyr Asn Ala Leu Arg Ser Ala Ala Leu Ala Val Gly Leu Val Leu
 1 5 10 15

Leu Phe Ala Ala Thr Pro Ala Ser Ala Thr Arg Glu Gly Ser Phe Gln
 20 25 30

Cys Glu Asn Val Trp Asp Gly Pro Ser Thr Ser Asn Asp Val Gln Ala
 35 40 45

Cys Ile Leu Asn Ala Glu Arg Met Arg Ser Gln Trp Lys Leu Phe Val
 50 55 60

Leu Pro Phe Leu Ser Ala Val Leu Leu Ala Val Leu Leu Val Ser Phe
 65 70 75 80

Pro Leu Val Phe Ile Cys Ser Ile Cys Cys Asn Cys Cys Gly Cys Cys
 85 90 95

Gly Ala Asn Cys Cys Lys Pro Glu Thr Lys Lys Ser Arg Asn Gln Ala
 100 105 110

Arg Cys Cys Leu Trp Leu Tyr Ile Val Tyr Ala Leu Leu Trp Ser Val
 115 120 125

Met Val Phe Phe Leu Ile Val Tyr Gly Thr Arg Thr Val Thr Lys Ala
 130 135 140

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

Asn Gln Thr Ala Glu Ser Val Met Asp Tyr Thr Tyr Asp Trp Ser Ser
 165 170 175

Gly Glu Arg Arg Glu Pro Gly Asp Phe Thr Ile Asp Phe Ser Glu Phe
 180 185 190

Ser Ser Met Gln Lys Lys Val Met Glu Gly Val Ser Ala Val Arg Ala
 195 200 205

ES 2 490 193 T3

Thr Val Phe Val His Phe Asp Lys Val Ser Ile Ala Ser Tyr Val Val
 210 215 220

Gly Ser Leu Gly Phe Val Met Val Leu Val Ile Leu Pro Phe Ala Met
 225 230 235 240

Phe Lys Cys Cys Ile Pro Gly Phe Pro Ile Cys Ile Ser Phe Val Tyr
 245 250 255

Trp Ile Phe Gly Leu Ala Phe Ala Val Leu Gly Leu Leu Leu Thr Ile
 260 265 270

Leu Ala Tyr Phe Ala Thr Leu Thr Cys Gly Glu Val Glu Arg His His
 275 280 285

Gly Arg Asp Pro Gly Leu Ile Gln Trp Tyr Gly Val Pro Val Cys Lys
 290 295 300

Glu Phe Phe Asn Phe Gln Gln Leu Asn Lys Gly Ile Met Ala Ala Glu
 305 310 315 320

Leu Gln Leu Ser Gln Gly Val Cys Lys Ala Val Leu Pro Phe Cys Asp
 325 330 335

Arg Arg Lys Leu Arg Gly Pro Gly Gly Val Val Asp Arg Ala Asp Pro
 340 345 350

His Pro Gly Glu Arg Asn Arg Leu Leu Pro Pro Gly Gly Glu Tyr Pro
 355 360 365

Asn Glu Lys Ala Leu Glu Asn Thr Ser His Lys His Gly Asn Val Pro
 370 375 380

Pro Ala Ser Asp Arg Ala Gly Gly Pro Pro His Pro Thr Pro Val Arg
 385 390 395 400

Asp His Ser Gly Leu Pro Gly Ile Ser Glu Gly Pro Asn Phe Pro Asp
 405 410 415

Leu Pro Ala Val Pro Val Leu Asn Cys Gln Glu Gly Phe Thr Asp Ala
 420 425 430

Ser Gln Cys Thr Thr Phe Asp Ala Met Ser Ala Leu Val Leu Thr Ala
 435 440 445

ES 2 490 193 T3

Glu Val Lys Gly Ser Leu Asn Pro Cys Gly Glu Ala Gly Lys Ala Cys
 450 455 460

Asn Leu Thr Glu Cys Ala Ala Arg Cys Glu Asn Asp Gln Leu Gln Glu
 465 470 475 480

Leu Ala Val Arg Ala Thr Ser Gln Ile Glu Arg Val Gln Asn Val Thr
 485 490 495

Ile Ala Trp Ser Tyr Ala Arg Pro Leu Leu Glu Cys Asn Phe Val Ile
 500 505 510

Asp Lys Ile Val Glu Ser Leu Glu Ala Cys Gly Asp Ile Thr Ala Gly
 515 520 525

Thr Met Val Leu Gly Ala Gly Phe Phe Ile Gly Ala Ile Val Phe Gly
 530 535 540

Leu Gly Ile Tyr Ile Met Leu Arg Gly Ala Cys Val Trp Gly Glu Ile
 545 550 555 560

Pro Met Phe Thr Arg Asp Ala Lys Ala Ser
 565 570

<210> 103
 <211> 735
 5 <212> ADN
 <213> Trypanosoma cruzi

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(735)

<400> 103
 atg cgg tgg att ttt ttg tta ctt gcc gta ctg agt gtg ttg aag ccg 48
 Met Arg Trp Ile Phe Leu Leu Leu Ala Val Leu Ser Val Leu Lys Pro
 1 5 10 15
 aca gat gca act ccc gat cct ctg gag cat gcc atg gga ctg aac tac 96
 Thr Asp Ala Thr Pro Asp Pro Leu Glu His Ala Met Gly Leu Asn Tyr
 20 25 30
 aag gtt gcc ttt tct cag aag ccc cca ccg cgg ggg ctt agc aag gaa 144
 Lys Val Ala Phe Ser Gln Lys Pro Pro Pro Arg Gly Leu Ser Lys Glu
 35 40 45
 caa tat tac tca atg cgt ctt aga aat gga tct ttt ttt gtg tgt gtc 192
 Gln Tyr Tyr Ser Met Arg Leu Arg Asn Gly Ser Phe Phe Val Cys Val
 50 55 60
 ttg ccg gag gtg cta tta gag cag ccg agc tcc gcg gca ctt ttt gaa 240
 Leu Pro Glu Val Leu Leu Glu Gln Arg Ser Ser Ala Ala Leu Phe Glu

ES 2 490 193 T3

65		70		75		80	
gca aac agt gaa gtt cca gtg aaa ttt att gag cgc att cat gaa cgg							288
Ala Asn Ser Glu Val Pro Val Lys Phe Ile Glu Arg Ile His Glu Arg							
		85		90		95	
ttt aaa aaa gta tgt att aat tta ctt gag ggg tgg tgg acg tat cgg							336
Phe Lys Lys Val Cys Ile Asn Leu Leu Glu Gly Trp Trp Thr Tyr Arg							
		100		105		110	
ctc tgt tgg aat gat gcg ata gtg caa gtg cac ttg ccg aca gtg att							384
Leu Cys Trp Asn Asp Ala Ile Val Gln Val His Leu Pro Thr Val Ile							
		115		120		125	
tta agc gat ggg gta ttg ttg aca aca gag ccg cag ggg cca cag aca							432
Leu Ser Asp Gly Val Leu Thr Thr Glu Pro Gln Gly Pro Gln Thr							
		130		135		140	
caa ttc ctt ctt gga aca tct cca tcg aag gat gat tta aac ttt cgt							480
Gln Phe Leu Leu Gly Thr Ser Pro Ser Lys Asp Asp Leu Asn Phe Arg							
		145		150		155	160
tac ggt gtg gat gcc ctt gga aat cgt tac atc ttc aca aaa tat cca							528
Tyr Gly Val Asp Ala Leu Gly Asn Arg Tyr Ile Phe Thr Lys Tyr Pro							
		165		170		175	
aac ggc gaa gtc tgc gac ctc aca aat gca cca aga gaa acg gaa gtt							576
Asn Gly Glu Val Cys Asp Leu Thr Asn Ala Pro Arg Glu Thr Glu Val							
		180		185		190	
cgc ctg tat tgt gca cgt gat aat gag gag gaa aag atg aca tta cgc							624
Arg Leu Tyr Cys Ala Arg Asp Asn Glu Glu Glu Lys Met Thr Leu Arg							
		195		200		205	
gag gtg gag gtt tgt cgt tat gtg gtg agt ttg acc tcg aga cat gcc							672
Glu Val Glu Val Cys Arg Tyr Val Val Ser Leu Thr Ser Arg His Ala							
		210		215		220	
tgc att cag gaa ctg cag caa gaa gta acg cag aga aca att aca tgc							720
Cys Ile Gln Glu Leu Gln Gln Glu Val Thr Gln Arg Thr Ile Thr Cys							
		225		230		235	240
cac gaa ctt gtc taa							735
His Glu Leu Val							

<210> 104
 <211> 244
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma cruzi

5

<400> 104
 Met Arg Trp Ile Phe Leu Leu Leu Ala Val Leu Ser Val Leu Lys Pro
 1 5 10 15
 Thr Asp Ala Thr Pro Asp Pro Leu Glu His Ala Met Gly Leu Asn Tyr
 20 25 30

ES 2 490 193 T3

Lys Val Ala Phe Ser Gln Lys Pro Pro Pro Arg Gly Leu Ser Lys Glu
35 40 45

Gln Tyr Tyr Ser Met Arg Leu Arg Asn Gly Ser Phe Phe Val Cys Val
50 55 60

Leu Pro Glu Val Leu Leu Glu Gln Arg Ser Ser Ala Ala Leu Phe Glu
65 70 75 80

Ala Asn Ser Glu Val Pro Val Lys Phe Ile Glu Arg Ile His Glu Arg
85 90 95

Phe Lys Lys Val Cys Ile Asn Leu Leu Glu Gly Trp Trp Thr Tyr Arg
100 105 110

Leu Cys Trp Asn Asp Ala Ile Val Gln Val His Leu Pro Thr Val Ile
115 120 125

Leu Ser Asp Gly Val Leu Leu Thr Thr Glu Pro Gln Gly Pro Gln Thr
130 135 140

Gln Phe Leu Leu Gly Thr Ser Pro Ser Lys Asp Asp Leu Asn Phe Arg
145 150 155 160

Tyr Gly Val Asp Ala Leu Gly Asn Arg Tyr Ile Phe Thr Lys Tyr Pro
165 170 175

Asn Gly Glu Val Cys Asp Leu Thr Asn Ala Pro Arg Glu Thr Glu Val
180 185 190

Arg Leu Tyr Cys Ala Arg Asp Asn Glu Glu Glu Lys Met Thr Leu Arg
195 200 205

Glu Val Glu Val Cys Arg Tyr Val Val Ser Leu Thr Ser Arg His Ala
210 215 220

Cys Ile Gln Glu Leu Gln Gln Glu Val Thr Gln Arg Thr Ile Thr Cys
225 230 235 240

His Glu Leu Val

-
- <210> 105
 - <211> 738
 - 5 <212> ADN
 - <213> Leishmania major

 - <220>
 - <221> CDS
 - 10 <222> (1).. (738)

 - <400> 105

ES 2 490 193 T3

atg ggg cgc cgc agt ggc tgt gtg ttg tgg ctt gct gcc gca gcg ttg 48
Met Gly Arg Arg Ser Gly Cys Val Leu Trp Leu Ala Ala Ala Ala Leu
1 5 10 15

gcc att ttt aca ctt cag ctg cgt agc gct gtc gca gcg ccg atg gat 96
Ala Ile Phe Thr Leu Gln Leu Arg Ser Ala Val Ala Ala Pro Met Asp
20 25 30

ctt tcc aat cct gta gag cgc aat cat ttt ctt tta tta gca ccc tac 144
Leu Ser Asn Pro Val Glu Arg Asn His Phe Leu Leu Leu Ala Pro Tyr
35 40 45

ggg gtt cgt cat cga tca ggc gcc aac gct cac gga gaa aac aca gcg 192
Gly Val Arg His Arg Ser Gly Ala Asn Ala His Gly Glu Asn Thr Ala
50 55 60

cga tat gtg cag ctg agc aac ggc tct cga ttt gtg tgc gac aca acg 240
Arg Tyr Val Gln Leu Ser Asn Gly Ser Arg Phe Val Cys Asp Thr Thr
65 70 75 80

ggc aca aag cgc cgc gat ccc ctc gac gcc aaa aac tac ccg ctg cga 288
Gly Thr Lys Arg Arg Asp Pro Leu Asp Ala Lys Asn Tyr Pro Leu Arg
85 90 95

cat caa atg gag tcc ttg atg acc ttt atg cgg ggt tcc gac cat ccg 336
His Gln Met Glu Ser Leu Met Thr Phe Met Arg Gly Ser Asp His Pro
100 105 110

tgc gtg cac tac gca gag gag agc tac gtg aca gtc tac tgc tgg gac 384
Cys Val His Tyr Ala Glu Glu Ser Tyr Val Thr Val Tyr Cys Trp Asp
115 120 125

aac gag gtg cgc gag gat gct ctt tca gag aac aag gcc tcc tcc ctg 432
Asn Glu Val Arg Glu Asp Ala Leu Ser Glu Asn Lys Ala Ser Ser Leu
130 135 140

ggg agg cgg cgg acc gac gga cct caa atg tac tgg gcc tcc aac gac 480
Gly Arg Arg Arg Thr Asp Gly Pro Gln Met Tyr Trp Ala Ser Asn Asp
145 150 155 160

gcg ttc ggc cgg tac gcc gca acc gtc tac gga gat ggt gac gag tgt 528
Ala Phe Gly Arg Tyr Ala Ala Thr Val Tyr Gly Asp Gly Asp Glu Cys
165 170 175

ccg tac gac aag gga cgc cgc ata gag aca gag gtg cgc ttc tac tgc 576
Pro Tyr Asp Lys Gly Arg Arg Ile Glu Thr Glu Val Arg Phe Tyr Cys
180 185 190

cgg tac tcc gag ttc gag aac ccg att ccg tac atg agt atc cac gag 624
Arg Tyr Ser Glu Phe Glu Asn Pro Ile Pro Tyr Met Ser Ile His Glu
195 200 205

tcg tcg cag tgc cgc tat atg ctg cgc ctt ctg tca agt aag ttc tgt 672
Ser Ser Gln Cys Arg Tyr Met Leu Arg Leu Leu Ser Ser Lys Phe Cys
210 215 220

tcc gtg cac cag cta gat cac cca agc gag gag gag acg gtg cag tgc 720
Ser Val His Gln Leu Asp His Pro Ser Glu Glu Thr Val Gln Cys
225 230 235 240

cag atg ttg gct gat tag 738
Gln Met Leu Ala Asp
245

5 <210> 106
<211> 245
<212> PRT
<213> Leishmania major

ES 2 490 193 T3

<400> 106

Met Gly Arg Arg Ser Gly Cys Val Leu Trp Leu Ala Ala Ala Ala Leu
 1 5 10 15

Ala Ile Phe Thr Leu Gln Leu Arg Ser Ala Val Ala Ala Pro Met Asp
 20 25 30

Leu Ser Asn Pro Val Glu Arg Asn His Phe Leu Leu Leu Ala Pro Tyr
 35 40 45

Gly Val Arg His Arg Ser Gly Ala Asn Ala His Gly Glu Asn Thr Ala
 50 55 60

Arg Tyr Val Gln Leu Ser Asn Gly Ser Arg Phe Val Cys Asp Thr Thr
 65 70 75 80

Gly Thr Lys Arg Arg Asp Pro Leu Asp Ala Lys Asn Tyr Pro Leu Arg
 85 90 95

His Gln Met Glu Ser Leu Met Thr Phe Met Arg Gly Ser Asp His Pro
 100 105 110

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

Asn Glu Val Arg Glu Asp Ala Leu Ser Glu Asn Lys Ala Ser Ser Leu
 130 135 140

Gly Arg Arg Arg Thr Asp Gly Pro Gln Met Tyr Trp Ala Ser Asn Asp
 145 150 155 160

Ala Phe Gly Arg Tyr Ala Ala Thr Val Tyr Gly Asp Gly Asp Glu Cys
 165 170 175
 Pro Tyr Asp Lys Gly Arg Arg Ile Glu Thr Glu Val Arg Phe Tyr Cys
 180 185 190

Arg Tyr Ser Glu Phe Glu Asn Pro Ile Pro Tyr Met Ser Ile His Glu
 195 200 205

Ser Ser Gln Cys Arg Tyr Met Leu Arg Leu Leu Ser Ser Lys Phe Cys
 210 215 220

Ser Val His Gln Leu Asp His Pro Ser Glu Glu Glu Thr Val Gln Cys
 225 230 235 240

Gln Met Leu Ala Asp
 245

- 5 <210> 107
- <211> 738
- <212> ADN
- <213> Leishmania infantum

- 10 <220>
- <221> CDS
- <222> (1)..(738)

ES 2 490 193 T3

<400> 107

atg ggg tgc cgc agt agc tgt atg ctg tgg ctt gct gtc gca gct ttg	48
Met Gly Cys Arg Ser Ser Cys Met Leu Trp Leu Ala Val Ala Ala Leu	
1 5 10 15	
gcc gtt ttg aca ctt cag ctg cgt agc gct gcc gca gcg ccc atg gat	96
Ala Val Leu Thr Leu Gln Leu Arg Ser Ala Ala Ala Pro Met Asp	
20 25 30	
ctt tcc aac cct gtc gag cac aat cat ttt ctt ctg tta gca ccc tat	144
Leu Ser Asn Pro Val Glu His Asn His Phe Leu Leu Leu Ala Pro Tyr	
35 40 45	
ggc gct agt cat cga tgc ggc acc ggc gct gac ggg gaa aac aca gcg	192
Gly Ala Ser His Arg Ser Gly Thr Gly Ala Asp Gly Glu Asn Thr Ala	
50 55 60	
cga tat gtg cag ctg agc aac ggc tct cga ttt gtg tgc gag acc gcg	240
Arg Tyr Val Gln Leu Ser Asn Gly Ser Arg Phe Val Cys Glu Thr Ala	
65 70 75 80	
agc aca agg cgc cgt gag ccc ctc gac gcc aaa agc tac cca ctg cga	288
Ser Thr Arg Arg Arg Glu Pro Leu Asp Ala Lys Ser Tyr Pro Leu Arg	
85 90 95	
cat caa atg gag tcc ttg atg acc gtt atg cgg cgt tcc gac cat ccg	336
His Gln Met Glu Ser Leu Met Thr Val Met Arg Arg Ser Asp His Pro	
100 105 110	
tgc gtg cac tac gca gag gag aac tac gtg acg gtc tac tgc tgg gac	384
Cys Val His Tyr Ala Glu Glu Asn Tyr Val Thr Val Tyr Cys Trp Asp	
115 120 125	
aac gag gtg cgc gag gat gct ctt tca gaa aac aaa ggc cgc tcc ctg	432
Asn Glu Val Arg Glu Asp Ala Leu Ser Glu Asn Lys Gly Arg Ser Leu	
130 135 140	
ggg agg cgg cgg atc gac gga cct caa atc tac tgg acc tcc aac gac	480
Gly Arg Arg Arg Ile Asp Gly Pro Gln Ile Tyr Trp Thr Ser Asn Asp	
145 150 155 160	
gcg ttc ggc cgg tac gtc gca acc gtc tac ggc gac ggt gac gag tgc	528
Ala Phe Gly Arg Tyr Val Ala Thr Val Tyr Gly Asp Gly Asp Glu Cys	
165 170 175	
ccc tac gac aag gga cgc cgc ata gag acg gag gtg cgc ttc cac tgc	576
Pro Tyr Asp Lys Gly Arg Arg Ile Glu Thr Glu Val Arg Phe His Cys	
180 185 190	
cgg tac tcc gag ttc gag aac ccg att ccg tac atg agt ctt cac gag	624
Arg Tyr Ser Glu Phe Glu Asn Pro Ile Pro Tyr Met Ser Leu His Glu	
195 200 205	
tgc tgc cag tgc cgc tat atg ctg cgc ctt ctg tca agt aag ttc tgt	672
Ser Ser Gln Cys Arg Tyr Met Leu Arg Leu Leu Ser Ser Lys Phe Cys	
210 215 220	
tcc gtg ccc cag ctg gat cac cca agc gag gag gag acg gtg cgg tgc	720
Ser Val Pro Gln Leu Asp His Pro Ser Glu Glu Glu Thr Val Arg Cys	
225 230 235 240	
cag atg ttg gat gat tag	738
Gln Met Leu Asp Asp	
245	

5

<210> 108

<211> 245

<212> PRT

ES 2 490 193 T3

<213> Leishmania infantum

<400> 108

Met	Gly	Cys	Arg	Ser	Ser	Cys	Met	Leu	Trp	Leu	Ala	Val	Ala	Ala	Leu
1				5					10						15
Ala	Val	Leu	Thr	Leu	Gln	Leu	Arg	Ser	Ala	Ala	Ala	Ala	Pro	Met	Asp
			20					25						30	
Leu	Ser	Asn	Pro	Val	Glu	His	Asn	His	Phe	Leu	Leu	Leu	Ala	Pro	Tyr
		35					40					45			
Gly	Ala	Ser	His	Arg	Ser	Gly	Thr	Gly	Ala	Asp	Gly	Glu	Asn	Thr	Ala
	50					55					60				
Arg	Tyr	Val	Gln	Leu	Ser	Asn	Gly	Ser	Arg	Phe	Val	Cys	Glu	Thr	Ala
65					70					75					80
Ser	Thr	Arg	Arg	Arg	Glu	Pro	Leu	Asp	Ala	Lys	Ser	Tyr	Pro	Leu	Arg
				85					90						95
His	Gln	Met	Glu	Ser	Leu	Met	Thr	Val	Met	Arg	Arg	Ser	Asp	His	Pro
			100					105					110		
Cys	Val	His	Tyr	Ala	Glu	Glu	Asn	Tyr	Val	Thr	Val	Tyr	Cys	Trp	Asp
		115					120					125			
Asn	Glu	Val	Arg	Glu	Asp	Ala	Leu	Ser	Glu	Asn	Lys	Gly	Arg	Ser	Leu
	130					135					140				
Gly	Arg	Arg	Arg	Ile	Asp	Gly	Pro	Gln	Ile	Tyr	Trp	Thr	Ser	Asn	Asp
145					150					155					160
Ala	Phe	Gly	Arg	Tyr	Val	Ala	Thr	Val	Tyr	Gly	Asp	Gly	Asp	Glu	Cys
				165					170					175	
Pro	Tyr	Asp	Lys	Gly	Arg	Arg	Ile	Glu	Thr	Glu	Val	Arg	Phe	His	Cys
			180					185					190		
Arg	Tyr	Ser	Glu	Phe	Glu	Asn	Pro	Ile	Pro	Tyr	Met	Ser	Leu	His	Glu
	195						200					205			
Ser	Ser	Gln	Cys	Arg	Tyr	Met	Leu	Arg	Leu	Leu	Ser	Ser	Lys	Phe	Cys
	210					215					220				
Ser	Val	Pro	Gln	Leu	Asp	His	Pro	Ser	Glu	Glu	Glu	Thr	Val	Arg	Cys
225					230					235					240
Gln	Met	Leu	Asp	Asp											
				245											

5

<210> 109

<211> 789

<212> ADN

10 <213> Trypanosoma brucei

<220>

ES 2 490 193 T3

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 109

5	atg tat gcg act cgt gct aag gtg ctg ttg ttc cgg tta gcg act ttc Met Tyr Ala Thr Arg Ala Lys Val Leu Leu Phe Arg Leu Ala Thr Phe 1 5 10 15	48
	gtg ctt gtg tct gtt gtg cgt ggc caa gag gaa gtc act gaa cac aaa Val Leu Val Ser Val Val Arg Gly Gln Glu Glu Val Thr Glu His Lys 20 25 30	96
	tac aac atc gtg ttc tct cgc gac cca gtc ccc agt gga cta agt gag Tyr Asn Ile Val Phe Ser Arg Asp Pro Val Pro Ser Gly Leu Ser Glu 35 40 45	144
	gaa cag tac tat cca atg cgg ctt agc aac ggt tgc gcc tac ttg tgc Glu Gln Tyr Tyr Pro Met Arg Leu Ser Asn Gly Ser Ala Tyr Leu Cys 50 55 60	192
	gtg ctg cct gac att act gtc gaa gag aag aag aca ctt cag gcc gag Val Leu Pro Asp Ile Thr Val Glu Glu Lys Lys Thr Leu Gln Ala Glu 65 70 75 80	240
	gac agt gaa cta gat gtt ccg ctc tcc tta gaa cat gtg gct gtg gtt Asp Ser Glu Leu Asp Val Pro Leu Ser Leu Glu His Val Ala Val Val 85 90 95	288
	aac aga gcg ctg aag aac atg tgc tac acg atg gag gaa tgc tgg tgg Asn Arg Ala Leu Lys Asn Met Cys Tyr Thr Met Glu Glu Ser Trp Trp 100 105 110	336
	acg tac cga tta tgt tgg ggg tca ggt gtg gag cag ttt cac cgt tct Thr Tyr Arg Leu Cys Trp Gly Ser Gly Val Glu Gln Phe His Arg Ser 115 120 125	384
	gcg gtt gcc ggg gat agc aaa tgc aat gct ccg aag caa atg aaa gag Ala Val Ala Gly Asp Ser Lys Ser Asn Ala Pro Lys Gln Met Lys Glu 130 135 140	432
	gac ccg cac ttc gtg ttg gga gtg gcc cca cct gcg gac gtg ttg gac Asp Pro His Phe Val Leu Gly Val Ala Pro Pro Ala Asp Val Leu Asp 145 150 155 160	480
	ttg cgc tac gcc gtg aac aca aaa ggc ttg cga tat att tac acc ata Leu Arg Tyr Gly Val Asn Thr Lys Gly Leu Arg Tyr Ile Tyr Thr Ile 165 170 175	528
	tac agc gat ggt tta acg tgt gat ctc aca caa ctc ccc cgg aca acg Tyr Ser Asp Gly Leu Thr Cys Asp Leu Thr Gln Leu Pro Arg Thr Thr 180 185 190	576
	gag gtg cag ttg tac tgc gca cgc gag ggc gaa ggt aac agt cca act Glu Val Gln Leu Tyr Cys Ala Arg Glu Gly Glu Gly Asn Ser Pro Thr 195 200 205	624
	atg cgt gtg cga gag gca gaa gtg tgt cgc tac atc gtt agt tta aca Met Arg Val Arg Glu Ala Glu Val Cys Arg Tyr Ile Val Ser Leu Thr 210 215 220	672
	gcc aaa gag gtg tgt cta cta ggg ttg aag gaa att caa cag cgg tat Ala Lys Glu Val Cys Leu Leu Gly Leu Lys Glu Ile Gln Gln Arg Tyr 225 230 235 240	720
	ggt gtg att acg tgt cat gaa aca aaa ccc acg aac aca gta gat tgg Gly Val Ile Thr Cys His Glu Thr Lys Pro Thr Asn Thr Val Asp Trp 245 250 255	768
	aac aat aaa caa cag ggt tag Asn Asn Lys Gln Gln Gly 260	789

<210> 110

ES 2 490 193 T3

<211> 262
 <212> PRT
 <213> Trypanosoma brucei

5 <400> 110
 Met Tyr Ala Thr Arg Ala Lys Val Leu Leu Phe Arg Leu Ala Thr Phe
 1 5 10 15
 Val Leu Val Ser Val Val Arg Gly Gln Glu Glu Val Thr Glu His Lys
 20 25 30
 Tyr Asn Ile Val Phe Ser Arg Asp Pro Val Pro Ser Gly Leu Ser Glu
 35 40 45
 Glu Gln Tyr Tyr Pro Met Arg Leu Ser Asn Gly Ser Ala Tyr Leu Cys
 50 55 60
 Val Leu Pro Asp Ile Thr Val Glu Glu Lys Lys Thr Leu Gln Ala Glu
 65 70 75 80
 Asp Ser Glu Leu Asp Val Pro Leu Ser Leu Glu His Val Ala Val Val
 85 90 95
 Asn Arg Ala Leu Lys Asn Met Cys Tyr Thr Met Glu Glu Ser Trp Trp
 100 105 110
 Thr Tyr Arg Leu Cys Trp Gly Ser Gly Val Glu Gln Phe His Arg Ser
 115 120 125
 Ala Val Ala Gly Asp Ser Lys Ser Asn Ala Pro Lys Gln Met Lys Glu
 130 135 140
 Asp Pro His Phe Val Leu Gly Val Ala Pro Pro Ala Asp Val Leu Asp
 145 150 155 160
 Leu Arg Tyr Gly Val Asn Thr Lys Gly Leu Arg Tyr Ile Tyr Thr Ile
 165 170 175
 Tyr Ser Asp Gly Leu Thr Cys Asp Leu Thr Gln Leu Pro Arg Thr Thr
 180 185 190
 Glu Val Gln Leu Tyr Cys Ala Arg Glu Gly Glu Gly Asn Ser Pro Thr
 195 200 205
 Met Arg Val Arg Glu Ala Glu Val Cys Arg Tyr Ile Val Ser Leu Thr
 210 215 220
 Ala Lys Glu Val Cys Leu Leu Gly Leu Lys Glu Ile Gln Gln Arg Tyr
 225 230 235 240
 Gly Val Ile Thr Cys His Glu Thr Lys Pro Thr Asn Thr Val Asp Trp
 245 250 255
 Asn Asn Lys Gln Gln Gly
 260

ES 2 490 193 T3

<210> 111
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 5
 <220>
 <223> Péptido señal
 <400> 111
 Met Leu Ser Leu Ala Glu Val Cys Leu Cys Cys Pro Ala Val Arg Gly
 1 5 10 15
 Val
 <210> 112
 <211> 20
 <212> PRT
 15 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Péptido señal
 20 <400> 112
 Met Arg Trp Ile Phe Leu Leu Leu Ala Val Leu Ser Val Leu Lys Pro
 1 5 10 15
 Thr Asp Ala Thr
 20
 <210> 113
 <211> 31
 25 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Péptido señal
 30 <400> 113
 Met Ile Val Leu Asn Gly Ile Ser Glu Glu Gln Lys Lys Leu Ala Val
 1 5 10 15
 Val Gly Ala Ala Ala Ala Phe Phe Ser Ser Ala Val Thr Ala Ala
 20 25 30
 <210> 114
 35 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 40 <223> Péptido señal
 <400> 114
 Met Phe Pro Ala Gln Glu Phe Leu Arg Tyr Ser Met Lys Ser Leu Leu
 1 5 10 15
 Leu Ala Ser Ser Leu Ala Val Ala Ala Gly Trp Ala Tyr
 20 25
 45 <210> 115
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

ES 2 490 193 T3

<220>
 <223> Péptido señal

5 <400> 115
 Met Arg Arg Thr Leu Phe Cys Leu Ser Thr Leu Val Lys Ile Gly Arg
 1 5 10 15

Gly Ala

<210> 116
 <211> 28
 10 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Péptido señal

15 <400> 116
 Met Pro Ser Gly Lys Ala Thr Ala Leu Ala Ala Ala Thr Leu Leu Ala
 1 5 10 15
 Leu Leu Val Val Ala Pro Ala Val Ala Ser Ala Gln
 20 25

20 <210> 117
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

25 <220>
 <223> Péptido señal

<400> 117
 Met Arg Thr Ser Ser Ala Val Ser Phe Phe Leu Leu Ala Val Ala Ala
 1 5 10 15

Val Leu Phe Ser Pro Phe Val Ala Asp Ala Phe
 20 25

30 <210> 118
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

35 <220>
 <223> Péptido señal

<400> 118
 Met Ser Ala Lys Ala Ser Arg Arg Cys Asn Arg Leu Ile Val Leu Phe
 1 5 10 15

Ser Ser Ile Asn Gly Val Thr Ala Trp
 20 25

40 <210> 119
 <211> 25
 <212> PRT
 45 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Péptido señal

50 <400> 119

ES 2 490 193 T3

Met Ser Val Lys Ala Ser Arg Arg Cys Asn Arg Leu Ile Val Leu Phe
 1 5 10 15

Ser Ser Ile Asn Asp Val Thr Ala Trp
 20 25

5 <210> 120
 <211> 32
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

10 <220>
 <223> Péptido señal

<400> 120
 Met Ile His Thr Ala Arg Lys Lys Gln Phe Gly Leu Ser Ala Leu Ala
 1 5 10 15

Leu Phe Val Leu Leu Leu Phe Leu Leu Val Cys Ile Thr Leu Gly Leu
 20 25 30

15 <210> 121
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

20 <220>
 <223> Péptido señal

<400> 121
 Met Lys Gln Lys Met Arg Arg Lys Phe Cys Asp Val Leu Phe Pro Leu
 1 5 10 15

Leu Leu Val Phe Leu Leu Thr Thr Met Glu Pro Val Thr Ala Glu
 20 25 30

25 <210> 122
 <211> 43
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

30 <220>
 <223> Péptido señal

<400> 122
 Met Tyr Ser Cys Leu Ser Leu Arg Leu Leu Val Gly Gly Gly Met Gly
 1 5 10 15

Phe Ala Ser Arg Arg Arg Ala Ala Met Val Leu Ser Leu Leu Val Phe
 20 25 30

35 Leu Leu Val Val Pro Cys Gly Val Phe Ser Gln
 35 40

<210> 123
 <211> 19
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

40 <220>
 <223> Péptido señal

ES 2 490 193 T3

<400> 123
 Met Tyr Val Val Leu Phe Phe Val Leu Leu Leu Ser Val Leu Gly Val
 1 5 10 15

Asp Ala Glu

5 <210> 124
 <211> 39
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

10 <220>
 <223> cebador oligonucleotídico

<400> 124
 catgagctta ctagtatgtt gtctctggca gaagtgtg 39

15 <210> 125
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

20 <220>
 <223> cebador oligonucleotídico

<400> 125
 acggtgccca aaggcgtgta 20

25 <210> 126
 <211> 55
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

30 <220>
 <223> cebador oligonucleotídico

<400> 126
 cacacggaag cttcaatga tgatgatgat gatggcgacc aaacctagcc ataag 55

40 <210> 127
 <211> 39
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> cebador oligonucleotídico

45 <400> 127
 ctgggggaat tcatgcggtg gattttttg ttactgcc 39

<210> 128
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> cebador oligonucleotídico

55 <400> 128
 ccgatacgtc caccaccct c 21

60 <210> 129
 <211> 56
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
5	<400> 129 cgtcggaagc ttctagtgat ggtggtggtg atggacaagt tcgtggcatg taattg	56
	<210> 130 <211> 39 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
10		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
15	<400> 130 acacggacta gtatgattgt attgaatgga atttctgag	39
	<210> 131 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
20		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
25	<400> 131 ctaatagtcc gaagtcgtg cg	22
	<210> 132 <211> 53 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
35	<400> 132 ctacacaagc ttttagtgat ggtgatggtg atggctgctc ctccacaccg tgc	53
40	<210> 133 <211> 38 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
50	<400> 133 ctgataggca ctagtatggt tccggcgcag gaattcct	38
	<210> 134 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
55		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
60	<400> 134 ccccttcag gtgaccatta caagag	26
	<210> 135 <211> 55 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
65		

	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
5	<400> 135 gccgtcaagc ttttagtggt ggtggtggtg atgctccgct cccaactca aacga	55
	<210> 136 <211> 39 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
10		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
15	<400> 136 ctgataggca ctagtatgcg tcgcacttta tttgtctg	39
	<210> 137 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
20		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
25	<400> 137 ctctccaact cgtacggcga	20
	<210> 138 <211> 59 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
35	<400> 138 ctgcaggcaa gcttctaag gtggtgatgg tgatggtatg ataccggcat caagtcccc	59
40	<210> 139 <211> 35 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
50	<400> 139 cgactcact agtatgcct ctggcaaagc aactg	35
	<210> 140 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
55		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
60	<400> 140 tcactgctcc gcctggttt c	21
	<210> 141 <211> 54 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
65		

	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
5	<400> 141 cgctccctcg agttagtggt gatggtggtg atgggcagca ttaccgacc ctga	54
	<210> 142 <211> 36 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
10		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
15	<400> 142 gctcagccaa gcttatgcbc acttctctg ccgtgt	36
	<210> 143 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
20		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
25	<400> 143 atcggggagt tttgtgcagg ttgag	25
	<210> 144 <211> 58 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
35	<400> 144 gtggctctct cgagtagtg atggtggtgg tgatggtcga cttaatgct cgcgtata	58
40	<210> 145 <211> 37 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
50	<400> 145 ctgcccagta ctagtatgct tgctaaagcc tcacggc	37
	<210> 146 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
55		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
60	<400> 146 tccaggtagt cacccattcc gtg	23
	<210> 147 <211> 54 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
65		

	<220>		
	<223>	cebador oligonucleotidico	
5	<400>	147 ctcagccaag cttttaatga tgatgatgat ggtgctgtct cgctcacag tgct	54
	<210>	148	
	<211>	38	
10	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	cebador oligonucleotidico	
15	<400>	148 ctgcgctgga ctagtatgct tgttaaagcc tcacggcg	38
	<210>	149	
	<211>	22	
20	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
25	<223>	cebador oligonucleotidico	
	<400>	149 ccattccgtg accgccgtag ac	22
30	<210>	150	
	<211>	53	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
35	<220>		
	<223>	cebador oligonucleotidico	
	<400>	150 ctcgtaagc ttttaatgat gatgatgatg gtgctgtctc gcctcacagt gct	53
40	<210>	151	
	<211>	39	
	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	
45	<220>		
	<223>	cebador oligonucleotidico	
	<400>	151 ctcgctgga ttcattgctg gggatgatg tgtatttgc	39
50	<210>	152	
	<211>	22	
	<212>	ADN	
55	<213>	Secuencia artificial	
	<220>		
	<223>	cebador oligonucleotidico	
60	<400>	152 cgccaacaac gtagttgcca ag	22
	<210>	153	
	<211>	54	
65	<212>	ADN	
	<213>	Secuencia artificial	

	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
5	<400> 153 acggacctcg agttagtgat ggtggtggtg atgcttggtg agtttgagc ggcg	54
	<210> 154 <211> 39 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
10		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
15	<400> 154 cgcgggacta gtatgaaaca aaaaatgcga cgcaaattg	39
	<210> 155 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
20		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
25	<400> 155 gtgaggatgg ggaacaaaa gagtc	25
	<210> 156 <211> 57 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
35	<400> 156 cagccaagct tctagtgatg gtgatgatga tggacattct tcttcttgt aaagtag	57
40	<210> 157 <211> 37 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
50	<400> 157 cgcggcacta gtatgtattc atgtttgtcg ctgaggc	37
	<210> 158 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
55		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
60	<400> 158 gcagcaacgg caacaaagag c	21
	<210> 159 <211> 54 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
65		

	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
5	<400> 159 catggcaagc ttttagtgat ggtggtggg atgctcctct ctgggttcc ttcg	54
	<210> 160 <211> 37 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
10		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
15	<400> 160 cgcgccacta gtatgtacgt cgtgctttt ttcggtt	37
	<210> 161 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
20		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
25	<400> 161 cgcatattc cgctccgttc c	21
	<210> 162 <211> 55 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
35	<400> 162 agcagtcaa gcttttagtg atggtgatga tgatggccgc accagcgctc cagaa	55
40	<210> 163 <211> 37 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
45		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
50	<400> 163 gggtgccact agtatgctg agattgtgtg cgttcag	37
	<210> 164 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
55		
	<220> <223> cebador oligonucleotidico	
60	<400> 164 ggcggaaga tctgccgta tg	22
	<210> 165 <211> 57 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
65		

	<220> <223> cebador oligonucleotídico	
5	<400> 165 agcgctcaag cttttagtga tgggtggtgt gatggtactg ctctctctcg tcgaact	57
	<210> 166 <211> 34 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
10		
	<220> <223> cebador oligonucleotídico	
15	<400> 166 catgaccact agtatggcca aaacagcgct tctc	34
	<210> 167 <211> 55 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
20		
	<220> <223> cebador oligonucleotídico	
25	<400> 167 gcagtccaag cttttagtga tggatgatgat gatgaggtgt tctcaggggt gacga	55
	<210> 168 <211> 34 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
30		
	<220> <223> cebador oligonucleotídico	
35	<400> 168 catgctcgac tagtatgggg tgccgcagta gctg	34
	<210> 169 <211> 56 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
40		
	<220> <223> cebador oligonucleotídico	
45	<400> 169 gcagtccaag cttttaatga tgatggtgt gatgatcatc caacatctgg caccgc	56
	<210> 170 <211> 29 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
50		
	<220> <223> cebador oligonucleotídico	
55	<400> 170 atgattgaac aagatggatt gcacgcagg	29
	<210> 171 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia artificial	
60		
	<220> <223> cebador oligonucleotídico	
65		

ES 2 490 193 T3

<220>

<223> cebador oligonucleotidico

5 <400> 171
tcagaagaac tegtcaagaa

20

<210> 172

<211> 1593

10 <212> ADN

<213> Leishmania major

<220>

<221> CDS

15 <222> (1)..(1593)

<400> 172

atg gcc aag aca acg ctt ctc gtg tgc gct ctg ctc gcc ctc gtc atg 48
Met Ala Lys Thr Thr Leu Leu Val Cys Ala Leu Leu Ala Leu Val Met
1 5 10 15

tgc ctg gca gcg aca gcc gtc tcg gcg cag cag tcg ctg gcg tgc caa 96
Cys Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala Gln Gln Ser Leu Ala Cys Gln
20 25 30

atg gtg tgg caa gct ccg tcc cct aac aac agc ctg ctg gag tgc ctg 144
Met Val Trp Gln Ala Pro Ser Pro Asn Asn Ser Leu Leu Glu Cys Leu
35 40 45

ES 2 490 193 T3

ggg aac acg gat cgc atc cgg tct cag tgg ccc tac tac ctg tat ccc Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro 50 55 60	192
gcc ttc gct gcg ctc atc ttc atc ttt acg gtg att ggg ctg ccg att Ala Phe Ala Ala Leu Ile Phe Ile Phe Thr Val Ile Gly Leu Pro Ile 65 70 75 80	240
ctg ttc tgc tgc cac tgc tgc agc tgc tgc gag gcg tat gtg aag ccg Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys Glu Ala Tyr Val Lys Pro 85 90 95	288
aag gcg gag acg gac ctc ggc gtt gcc cgc tgc tgc cta tgg atg ctg Lys Ala Glu Thr Asp Leu Gly Val Ala Arg Cys Cys Leu Trp Met Leu 100 105 110	336
atc gtg att tcg gtg ctt gtg gcg tgc ggc gtg tgc gtg ctg ctg gtg Ile Val Ile Ser Val Leu Val Ala Cys Gly Val Cys Val Leu Leu Val 115 120 125	384
tat gcc tcc gtc tta ctg gag cag gca gcc acg caa att atc cat gac Tyr Gly Ser Val Leu Leu Glu Gln Ala Ala Thr Gln Ile Ile His Asp 130 135 140	432
acc gag tat cgc acg ctt gat tac ttc aac gac atc cgt gcg aac atc Thr Glu Tyr Arg Thr Leu Asp Tyr Phe Asn Asp Ile Arg Ala Asn Ile 145 150 155 160	480
acg atg ctg ctg aca aac tac agc gcg gac cca ccg ata cca ccg tcg Thr Met Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Ala Asp Pro Pro Ile Pro Pro Ser 165 170 175	528
atc gac ctt agg acc ttt gac gct gtg aac gat gat att acc cac tac Ile Asp Leu Arg Thr Phe Asp Ala Val Asn Asp Asp Ile Thr His Tyr 180 185 190	576
gtg cat gtg gcg cgc aac aac tac ctc cag tac ttc cgc gct gcc gag Val His Val Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Gln Tyr Phe Arg Ala Ala Glu 195 200 205	624
att gtg gcg tgc tgt gtc ggc agc gtg ggt gtt ttc ctg atg ctg tgc Ile Val Ala Cys Cys Val Gly Ser Val Gly Val Phe Leu Met Leu Cys 210 215 220	672
atg ctg gtt ttt gcg ctg tgc cgt tgc aat ggg atc tgc ccg att gcg Met Leu Val Phe Ala Leu Cys Arg Cys Asn Gly Ile Cys Pro Ile Ala 225 230 235 240	720
tgg agc tgc ctg tac ttc gtg ttc gcg ctt gca ttt gcg ttg ctt gcg Trp Ser Cys Leu Tyr Phe Val Phe Ala Leu Ala Phe Ala Leu Leu Ala 245 250 255	768
gtg ttg ttc acg ata tgc atc tac gtg ctg tcc gct gcc tgc gcc gag Val Leu Phe Thr Ile Cys Ile Tyr Val Leu Ser Ala Gly Cys Gly Glu 260 265 270	816
gtg gcc ctc cag cat ggt cgt gag cct gcc gtc ttc cag tgg tac ctg Val Gly Leu Gln His Gly Arg Glu Pro Gly Val Phe Gln Trp Tyr Leu 275 280 285	864

ES 2 490 193 T3

gtg ccg tgg tgc gag aag gag ttc aac ttc caa gcg ctg cgg gct cag 912
Val Pro Trp Cys Glu Lys Glu Phe Asn Phe Gln Ala Leu Arg Ala Gln
290 295 300

gtg cag agc cag gag cag cag gtc tcg cag agc gcc tgc gcg gag ctc 960
Val Gln Ser Gln Glu Gln Gln Val Ser Gln Ser Ala Cys Ala Glu Leu
305 310 315 320

ttg aac ttc tgt gac aac gat ccg cat tac tcg ttg gag act aaa aac 1008
Leu Asn Phe Cys Asp Asn Asp Pro His Tyr Ser Leu Glu Thr Lys Asn
325 330 335

cac atc ttc atg tgc ggc aac agc atc acc gat aag agc cag tgc gac 1056
His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr Asp Lys Ser Gln Cys Asp
340 345 350

tcg ctg gac gac gtg gtg gac gtt gtt ctg agc aca tac gtg aag ccg 1104
Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu Ser Thr Tyr Val Lys Pro
355 360 365

atg ctg acg aac acg cta tgt gcc aac cag acg ggc atg gag tac ctg 1152
Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln Thr Gly Met Glu Tyr Leu
370 375 380

gag aag tgt acg ctg atc tcc tgc tca tcg cgg tgt gta aac tac aaa 1200
Glu Lys Cys Thr Leu Ile Ser Cys Ser Ser Arg Cys Val Asn Tyr Lys
385 390 395 400

ttc ccg gcc ctg gat gcc agg acg tac gcc att caa att ttg cag gct 1248
Phe Pro Ala Leu Asp Ala Arg Thr Tyr Ala Ile Gln Ile Leu Gln Ala
405 410 415

gcc gac ttt gct gcg aat gcg agc act gcg ctg tcg tac gtg tgg ccg 1296
Ala Asp Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala Leu Ser Tyr Val Trp Pro
420 425 430

ctg ctg gac tgc aac ttc atc att gac aag atc gcc aac aca gtc gag 1344
Leu Leu Asp Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys Ile Ala Asn Thr Val Glu
435 440 445

acg cag agc tac aac agc agc ttc acc acg cag agc gaa tat gtc cgc 1392
Thr Gln Ser Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr Gln Ser Glu Tyr Val Arg
450 455 460

agc tgc tct gcg gtc cgc act tcc tct gtg atg ctg ggt acc ggg ttc 1440
Ser Cys Ser Ala Val Arg Thr Ser Ser Val Met Leu Gly Thr Gly Phe
465 470 475 480

ttt gtc ggg gcg ctc atg ttc att ctc ggc att cac gtc atg cat cgt 1488
Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Leu Gly Ile His Val Met His Arg
485 490 495

ggt gcg ttt atc tgg gct gcc gcc aag aag aac ggt gca gtg cag aaa 1536
Gly Ala Phe Ile Trp Ala Ala Gly Lys Lys Asn Gly Ala Val Gln Lys
500 505 510

acg aag gat gtt tca cca ccg gac aat gct gcc tcg tcg aat ccg cga 1584
Thr Lys Asp Val Ser Pro Pro Asp Asn Ala Ala Ser Ser Asn Pro Arg
515 520 525

aca cct taa 1593
Thr Pro
530

- 5 <210> 173
<211> 530
<212> PRT
<213> Leishmania major
<400> 173

ES 2 490 193 T3

Met Ala Lys Thr Thr Leu Leu Val Cys Ala Leu Leu Ala Leu Val Met
 1 5 10 15

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

Met Val Trp Gln Ala Pro Ser Pro Asn Asn Ser Leu Leu Glu Cys Leu
 35 40 45

Gly Asn Thr Asp Arg Ile Arg Ser Gln Trp Pro Tyr Tyr Leu Tyr Pro
 50 55 60

Ala Phe Ala Ala Leu Ile Phe Ile Phe Thr Val Ile Gly Leu Pro Ile
 65 70 75 80

Leu Phe Cys Cys His Cys Cys Ser Cys Cys Glu Ala Tyr Val Lys Pro
 85 90 95

Lys Ala Glu Thr Asp Leu Gly Val Ala Arg Cys Cys Leu Trp Met Leu
 100 105 110

Ile Val Ile Ser Val Leu Val Ala Cys Gly Val Cys Val Leu Leu Val
 115 120 125

Tyr Gly Ser Val Leu Leu Glu Gln Ala Ala Thr Gln Ile Ile His Asp
 130 135 140

Thr Glu Tyr Arg Thr Leu Asp Tyr Phe Asn Asp Ile Arg Ala Asn Ile
 145 150 155 160

Thr Met Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Ala Asp Pro Pro Ile Pro Pro Ser
 165 170 175

Ile Asp Leu Arg Thr Phe Asp Ala Val Asn Asp Asp Ile Thr His Tyr
 180 185 190

Val His Val Ala Arg Asn Asn Tyr Leu Gln Tyr Phe Arg Ala Ala Glu
 195 200 205

ES 2 490 193 T3

Ile Val Ala Cys Cys Val Gly Ser Val Gly Val Phe Leu Met Leu Cys
 210 215 220

Met Leu Val Phe Ala Leu Cys Arg Cys Asn Gly Ile Cys Pro Ile Ala
 225 230 235 240

Trp Ser Cys Leu Tyr Phe Val Phe Ala Leu Ala Phe Ala Leu Leu Ala
 245 250 255

Val Leu Phe Thr Ile Cys Ile Tyr Val Leu Ser Ala Gly Cys Gly Glu
 260 265 270

Val Gly Leu Gln His Gly Arg Glu Pro Gly Val Phe Gln Trp Tyr Leu
 275 280 285

Val Pro Trp Cys Glu Lys Glu Phe Asn Phe Gln Ala Leu Arg Ala Gln
 290 295 300

Val Gln Ser Gln Glu Gln Gln Val Ser Gln Ser Ala Cys Ala Glu Leu
 305 310 315 320

Leu Asn Phe Cys Asp Asn Asp Pro His Tyr Ser Leu Glu Thr Lys Asn
 325 330 335

His Ile Phe Met Cys Gly Asn Ser Ile Thr Asp Lys Ser Gln Cys Asp
 340 345 350

Ser Leu Asp Asp Val Val Asp Val Val Leu Ser Thr Tyr Val Lys Pro
 355 360 365

Met Leu Thr Asn Thr Leu Cys Ala Asn Gln Thr Gly Met Glu Tyr Leu
 370 375 380

Glu Lys Cys Thr Leu Ile Ser Cys Ser Ser Arg Cys Val Asn Tyr Lys
 385 390 395 400

Phe Pro Ala Leu Asp Ala Arg Thr Tyr Ala Ile Gln Ile Leu Gln Ala
 405 410 415

Ala Asp Phe Ala Ala Asn Ala Ser Thr Ala Leu Ser Tyr Val Trp Pro
 420 425 430

Leu Leu Asp Cys Asn Phe Ile Ile Asp Lys Ile Ala Asn Thr Val Glu
 435 440 445

ES 2 490 193 T3

Thr Gln Ser Tyr Asn Ser Ser Phe Thr Thr Gln Ser Glu Tyr Val Arg
450 455 460

Ser Cys Ser Ala Val Arg Thr Ser Ser Val Met Leu Gly Thr Gly Phe
465 470 475 480

Phe Val Gly Ala Leu Met Phe Ile Leu Gly Ile His Val Met His Arg
485 490 495

Gly Ala Phe Ile Trp Ala Ala Gly Lys Lys Asn Gly Ala Val Gln Lys
500 505 510

Thr Lys Asp Val Ser Pro Pro Asp Asn Ala Ala Ser Ser Asn Pro Arg
515 520 525

Thr Pro
530

REIVINDICACIONES

1. Procedimiento de diagnóstico *in vitro* para la detección de la presencia o ausencia de anticuerpos indicativos de la enfermedad de Chagas que se unen a un polipéptido segregado conservado, aislado o purificado, que consiste en la SEC. ID. nº 86 para formar un inmunocomplejo, que comprende las etapas siguientes:
- 5 a. poner en contacto dicho polipéptido con una muestra biológica durante un tiempo y en condiciones suficientes para formar un inmunocomplejo; y
 - 10 b. detectar la presencia o ausencia del inmunocomplejo formado en a).
2. Procedimiento de diagnóstico *in vitro* para la detección de la presencia o ausencia de polipéptidos indicadores de la enfermedad de Chagas que se unen a un anticuerpo obtenido por inmunización de un animal con un polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86 para formar un inmunocomplejo, que comprende las etapas siguientes:
- 15 a. poner en contacto dicho anticuerpo con una muestra biológica durante un tiempo y en condiciones suficientes para formar un inmunocomplejo; y
 - 20 b. detectar la presencia o ausencia del inmunocomplejo formado en a).
3. Procedimiento según la reivindicación 1 o 2, en el que el polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86 se ha identificado mediante un procedimiento que comprende las siguientes etapas:
- 25 a. analizar un supuesto polipéptido conservado a partir de especies parasitarias de protozoos para determinar si dicho polipéptido tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
 - 30 b. buscar un ortólogo, en miembros de la familia relacionados, de dicho polipéptido, presentando dicho ortólogo un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
 - 35 c. analizar dicho ortólogo para determinar si dicho ortólogo tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
 - 40 d. seleccionar el polipéptido conservado y su correspondiente ortólogo que tiene un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
 - 45 e. clonar los genes que codifican el polipéptido seleccionado en la etapa d) mediante un vector de expresión,
 - f. transfectar células replicativas de protozoos parásitos,
 - g. cultivar *in vitro* dichas células en las condiciones de pH y temperatura que se encuentran en la naturaleza en un anfitrión infectado por una cepa parasitaria de protozoo,
 - 50 h. analizar la presencia de polipéptidos segregados en las células proliferantes parasitarias de protozoos, e
 - i. identificar dichos polipéptidos segregados mediante un procedimiento de identificación de proteínas.
4. Procedimiento según la reivindicación 1 o 2, en el que el polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86 ha sido identificado mediante un procedimiento para identificar polipéptidos conservados de parásitos tripanosomátidos que son segregados por la ruta secretora dependiente del retículo endoplásmico/aparato de Golgi, comprendiendo dicho procedimiento las siguientes etapas:
- 55 a. analizar un supuesto polipéptido conservado de un parásito tripanosomátido para determinar si dicho polipéptido tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
 - 60 b. buscar un ortólogo, en miembros de la familia relacionados, de dicho polipéptido identificado con un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
 - c. analizar dicho ortólogo para determinar si dicho ortólogo tiene un péptido señal de secreción en el terminal N y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,
 - 65 d. seleccionar el polipéptido conservado y su correspondiente ortólogo que tiene un péptido señal de secreción y un punto de corte justo detrás de dicho péptido señal,

- 5
- e. clonar los genes que codifican el polipéptido seleccionado en la etapa d) mediante un vector de expresión,
 - f. transfectar las células replicativas de tripanosomátido en la fase de promastigotes,
 - g. cultivar *in vitro* dichas células en las condiciones de pH y temperatura que se encuentran en la naturaleza en una célula anfitriona infectada por una cepa de tripanosomátido,
 - h. recoger células replicativas transfectadas obtenidas en la etapa g),
 - i. incubar dichas células en un medio exento de suero durante un periodo de 1 a 10 horas, preferentemente durante un periodo de 5 a 6 horas, a una temperatura comprendida entre 25 y 27°C,
 - j. analizar la presencia de polipéptidos segregados por dichas células, e
 - k. identificar dichos polipéptidos segregados mediante un procedimiento de identificación de proteínas.

10

5. Procedimiento para detectar la presencia o ausencia de estimulación linfocítica en un paciente que se sospecha que padece la enfermedad de Chagas, que comprende las etapas siguientes:

- 20
- a. poner en contacto los linfocitos T contenidos en una muestra obtenida de dicho paciente con un polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86; y
 - b. detectar la presencia o ausencia de una respuesta proliferativa de dichos linfocitos T a dicho polipéptido.

25

6. Utilización de un kit de diagnóstico para la detección de la presencia o ausencia de anticuerpos indicativos de la enfermedad de Chagas, comprendiendo dicho kit de diagnóstico:

- 30
- a. un polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86;
 - b. un reactivo para detectar el inmunocomplejo polipéptido-anticuerpo; opcionalmente, una muestra biológica de referencia que carece de anticuerpos que se unen inmunológicamente con dicho péptido; y
 - c. opcionalmente, una muestra comparativa que comprende anticuerpos que pueden unirse específicamente a dicho péptido;
- 35

en la que dichos polipéptido, reactivo, muestra biológica de referencia y muestra comparativa están presentes en una cantidad suficiente para llevar a cabo dicha detección.

40

7. Utilización de un kit de diagnóstico para la detección de la presencia o ausencia de polipéptidos indicadores de la enfermedad de Chagas, comprendiendo dicho kit de diagnóstico:

- 45
- a. un anticuerpo obtenido por inmunización de un animal con un polipéptido segregado conservado, aislado o purificado que consiste en la SEC. ID. nº 86;
 - b. un reactivo para detectar el inmunocomplejo polipéptido-anticuerpo; y
 - c. opcionalmente, una muestra biológica de referencia que carece de polipéptidos que se unen inmunológicamente a dicho anticuerpo; y
 - d. opcionalmente, una muestra comparativa que comprende polipéptidos que pueden unirse específicamente a dicho anticuerpo;
- 50

55

en la que dichos anticuerpo, reactivo, muestra biológica de referencia y muestra comparativa están presentes en una cantidad suficiente para llevar a cabo dicha detección.

FIGURA 1
Genes de *T. cruzi* seleccionados por análisis mediante simulación informática

N° de registro de GeneDB de <i>T. cruzi</i>	Ortólogo N° de registro			Valor P		Secuencia de péptido señal
	<i>L. major</i>	<i>L. infantum</i>	<i>T. brucei</i>	Spp	CSP	
Tc00.1047053506417.30 SEC ID NO 1	LmjF22.0225 SEQ ID NO 3	LinJ23.0260 SEQ ID NO 5	Tb927.8.2180 SEC ID NO 7	0,937	0,917	MLSLAEVCLCCPAVRGV SEC ID NO 111
Tc00.1047053506155.99 SEC ID NO 103	LmjF36.5220 SEQ ID NO105	LinJ36.5780 SEQ ID NO 107	Tb11.01.2470 SEC ID NO 109	0,984	0,962	MRWIFLLAVLSVLKPTDAT SEC ID NO 112
Tc00.1047053506467.29 SEC ID NO 9	LmjF26.2000 SEQ ID NO 11	LinJ26.1970 SEQ ID NO 13	Tb09.160.1070 SEC ID NO 15	0,811	0,7711	MIVLNGISEQKLVVGGAAAFFSSAVTAA SEC ID NO 113
Tc00.1047053511901.30 SEC ID NO 17	LmjF24.2160 SEQ ID NO 19	LinJ24.1550 SEQ ID NO 21	Tb927.8.6080 SEC ID NO 23	0,989	0,898	MPPAQEFLRYSMKSLASSLAVAAGWAY SEC ID NO 114
Tc00.1047053511871.30 SEC ID NO25	LmjF25.1010 SEQ ID NO 27	LinJ25.1040 SEQ ID NO 29	Tb927.3.950 SEC ID NO 31	0,979	0,958	MRRTLFCLSTLVKIGRGA SEC ID NO 115
Tc00.1047053505789.10 SEC ID NO 93	LmjF19.0540 SEQ ID NO 172 LmjF19.0570 SEQ ID NO 95	LinJ19.0410 SEQ ID NO 97	Tb927.8.6700 SEC ID NO 99 Tb11.39.0005 SEC ID NO 101	1,000	0,768	MPSGKATALAAATLLALLVVAPAVASAQ SEC ID NO 116
Tc00.1047053509669.70 SEC ID NO 33	LmjF29.1600 SEQ ID NO 35	LinJ29.1910 SEQ ID NO 37	Tb927.3.4190 SEC ID NO 39	0,999	0,980	MRTSSAVSFLLAVAAVLFSPFVADAF SEC ID NO 117
Tc00.1047053507765.20 SEC ID NO 41	LmjF11.0720 SEQ ID NO 43	LinJ11.0730 SEQ ID NO 45	Tb11.02.4400 SEC ID NO 47	0,993	0,986	MSAKASRRRCNRLIVLFSSINGVTAW SEC ID NO 118
Tc00.1047053510101.470 SEC ID NO 49	LmjF11.0720 SEQ ID NO 51	LinJ11.0730 SEQ ID NO 53	Tb11.02.4400 SEC ID NO 55	0,931	0,919	MSVKASRRRCNRLIVLFSSINDVTAW SEC ID NO 119
Tc00.1047053510443.30 SEC ID NO 57	LmjF30.3150 SEQ ID NO 59	LinJ30.4200 SEQ ID NO 61	Tb927.6.4500 SEC ID NO 61	0,903	0,838	MIHTARKKQFGLSALALFVLLLLFLLVCITLGL SEC ID NO 120
Tc00.1047053507999.50 SEC ID NO 65	LmjF36.5570 SEQ ID NO 67	LinJ36.6060 SEQ ID NO 69	Tb10.6k15.1130 SEC ID NO 71	0,981	0,931	MKQKMRKFCDVLPFLLLVFLLLTMEPVTAE SEC ID NO 121
Tc00.1047053509835.30 SEC ID NO 73	LmjF19.0540 SEQ ID NO 172 LmjF19.0570 SEQ ID NO 75	LinJ19.0410 SEQ ID NO 77	Tb927.8.6700 SEC ID NO 79 Tb11.39.0005 SEC ID NO 81	0,866	0,803	MYSCLSLRLLVGGMGFASRRRAAMVLSLLVFLLVVPCGVFSQ SEC ID NO 122
Tc00.1047053509999.10 SEC ID NO 85	LmjF29.1200 SEQ ID NO 87	LinJ29.1440 SEQ ID NO 89	Tb927.3.3820 SEC ID NO 91	1,000	0,952	MYVVLFFVLLLSVLGVDAE SEC ID NO 123

FIGURA 3
ID génica de genes y cebadores ortólogos de *L. infantum* utilizados para clonación

ID génica	Secuencias de cebadores	Tamaños de productos (pb) de F/R	PM (kDa)
LinJ19.0410 SEC ID NO 77	F CATGACCACTAGTATGGCCAAACAGCGTCTTC (SEC ID NO 166) R GCAGTCCAAGC7TTTAGTGATGGTGTGATGATGAGGGTGTTCACAGGGGTGACGA (SEC ID NO 167)	1590	58,4
LinJ36.5780 SEC ID NO 107	F CATGCTCGACTAGTATGGGGTGCC GCAGTAGCTG (SEC ID NO 168) R GCAGTCCAAGC7TTAATGATGATGGTGGTGTGATCATCCAACATCTGGCACCGC (SEC ID NO 169)	738	28

FIGURA 4

Análisis de la expresión de proteínas potencialmente segregadas durante el ciclo vital de *T. cruzi*

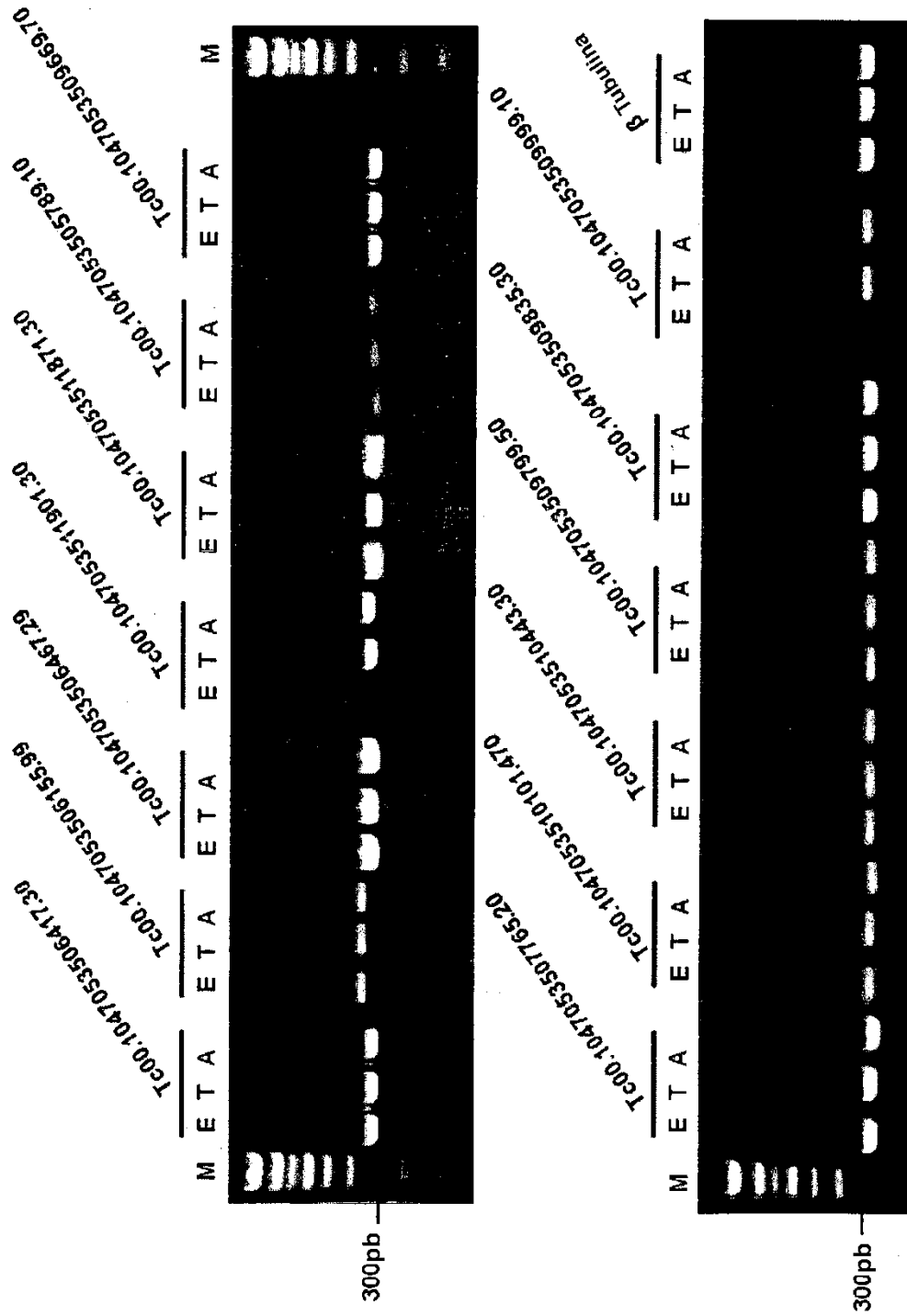


FIGURA 5
Análisis por RCP en promastigotes de *L. infantum* transfectados con episomas

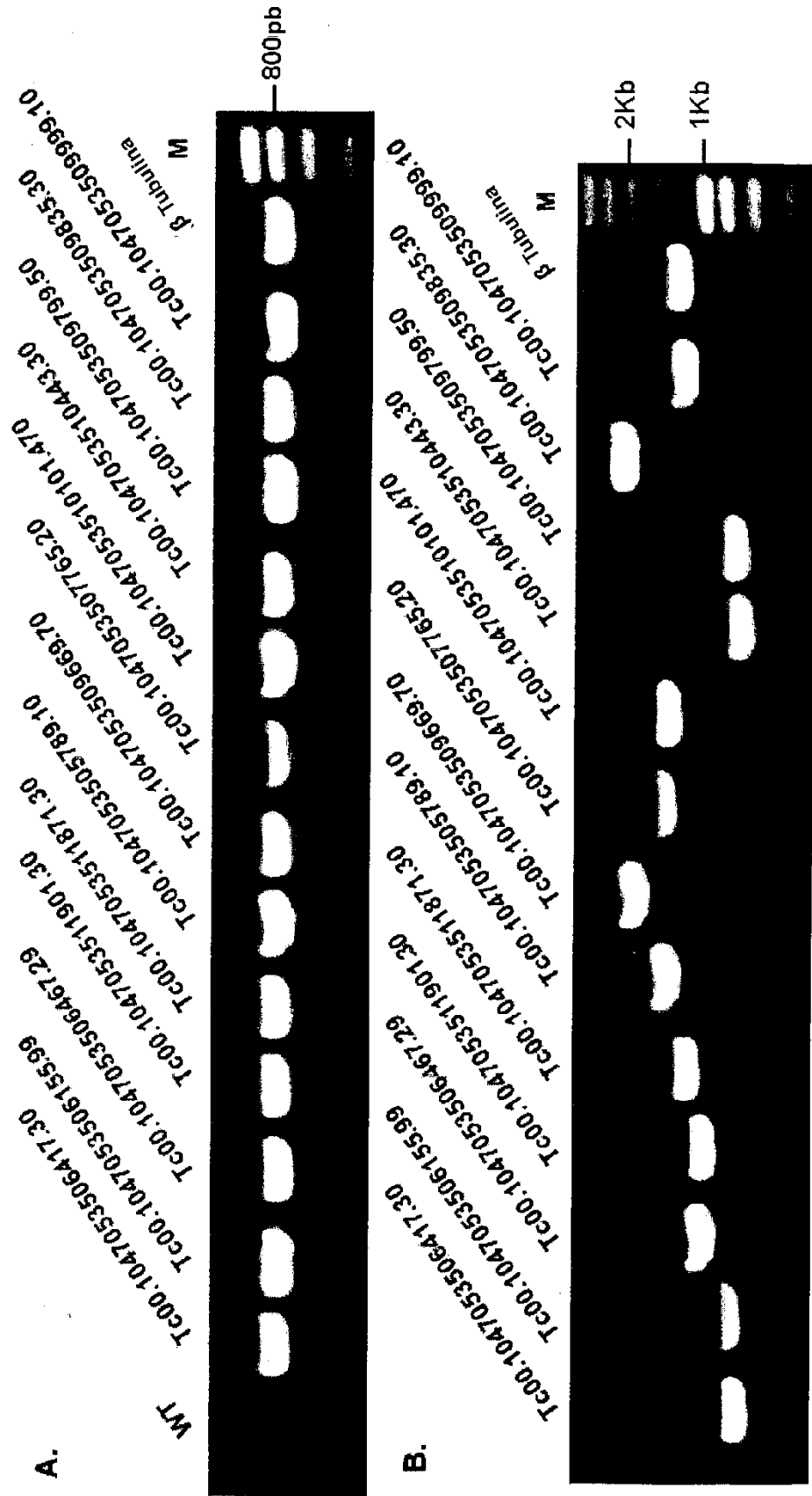


FIGURA 6
 Expresión de proteínas en promastigotes de *L. infantum* transfectados con episomas durante la fase exponencial de desarrollo

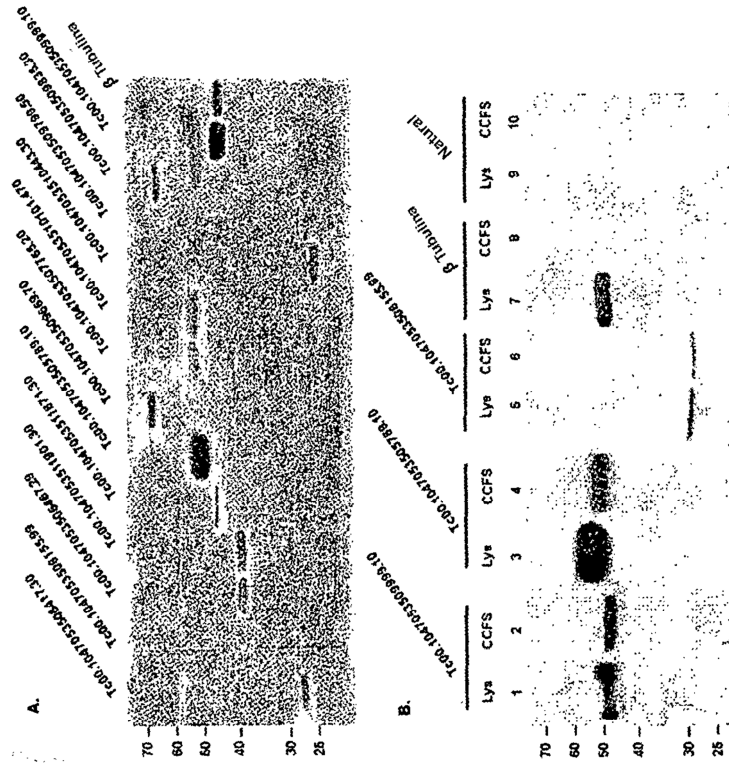


FIGURA 7
Expresión homóloga de proteínas segregadas en promastigotes de *L. infantum* transfectados con episomas

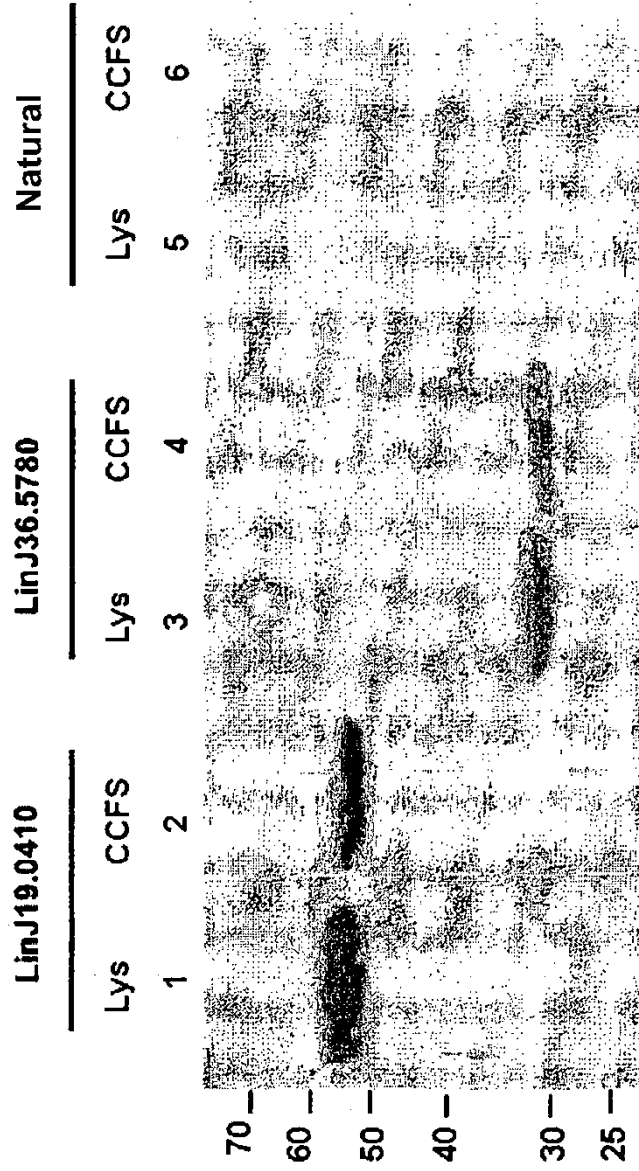


FIGURA 9

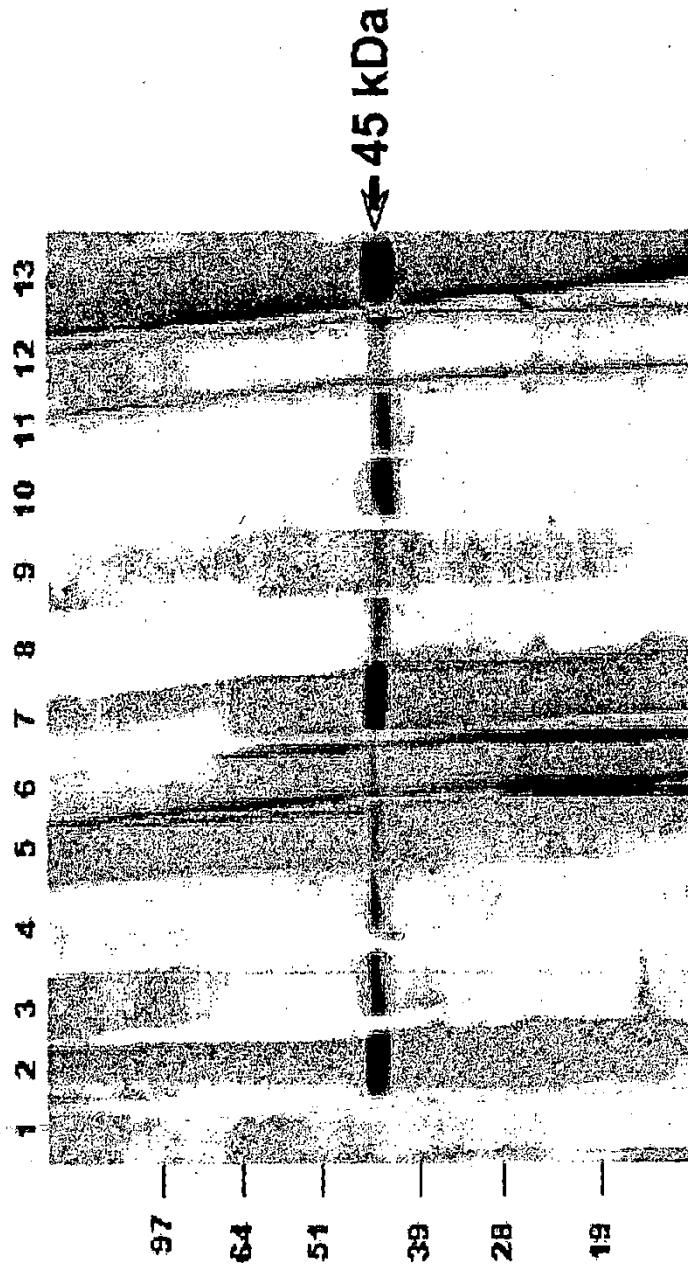


FIGURA 8

