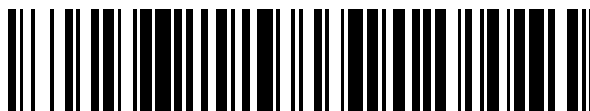


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 498 371**

51 Int. Cl.:

C12N 15/30 (2006.01)

C12N 15/11 (2006.01)

C12N 15/63 (2006.01)

C07K 14/445 (2006.01)

C07K 16/20 (2006.01)

C12N 5/10 (2006.01)

C12Q 1/68 (2006.01)

G01N 33/53 (2006.01)

A61K 31/713 (2006.01)

A61K 39/015 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **08.12.2003 E 03810059 (0)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **04.06.2014 EP 1569950**

54 Título: **Antígenos de Plasmodium falciparum y procedimientos de uso**

30 Prioridad:

06.12.2002 US 431494 P

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

24.09.2014

73 Titular/es:

**EPIMMUNE INC. (50.0%)
5820 Nancy Ridge Drive, Suite 100
San Diego, CA 92121, US y
UNITED STATES GOVERNMENT AS
REPRESENTED BY THE SECRETARY OF THE
NAVY (50.0%)**

72 Inventor/es:

**SETTE, ALESSANDRO;
DOOLAN, DENISE L.;
CARUCCI, DANIEL J.;
SIDNEY, JOHN y
SOUTHWOOD, SCOTT**

74 Agente/Representante:

DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto

ES 2 498 371 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

Antígenos de *Plasmodium falciparum* y procedimientos de uso

Antecedentes de la invención

5 La reciente explosión en la secuenciación genómica ha depositado una riqueza de información en manos de los investigadores. Sin embargo, todavía no hay medios para analizar eficazmente tales datos para identificar qué antígenos entre muchos miles son dianas apropiadas para el desarrollo de vacunas.

Más de 5000 proteínas se expresan durante el ciclo vital del parásito *Plasmodium* spp. Las vacunas de subunidad actualmente en desarrollo se basan en un único o en varios antígenos y pueden, por tanto, provocar una amplitud demasiado estrecha de la respuesta, que no proporciona ni protección óptima ni protección de antecedentes genéticamente diversos. Por el contrario, parece que para duplicar la protección inducida por la vacunación de organismos completos (Good, M.F. & Doolan, D.L. Immune effector mechanisms in malaria. Curr. Opin. Immunol. 11, 412-419 (1999)) se requiere una vacuna contra la malaria que elige como diana un número sin precedentes de proteínas derivadas de parásitos mediante la inclusión de sus epítopes de linfocito T CD8⁺ y CD4⁺ mínimos en una construcción multiepitópica. Sin embargo, los antígenos que median en la protección inducida por organismos completos son ampliamente desconocidos.

Debido a diversos factores, principalmente relacionados con la abundancia de antígenos e inmunodominancia, no todos los posibles antígenos son reconocidos por inmunidad natural (Yewdell JW, Bennink JR. Immunodominance in major histocompatibility complex class I-restricted T lymphocyte responses. Annu. Rev. Immunol. 17, 51-88. (1999)). Se han propuesto diversos enfoques para la identificación de antígenos, que incluyen clonación de la expresión (Kawakami, Y. & Rosenberg, S. A. Immunobiology of human melanoma antigens MART-1 and gp100 and their use for immuno-gene therapy. Int. Rev. Immunol. 14, 173-192 (1997)), elución y secuenciación por espectrometría de masas de péptidos unidos a MHC naturalmente procesados (Rotzschke, O. y col., Isolation and analysis of naturally processed viral peptides as recognized by cytotoxic T cells. Nature 348, 252-254 (1990); van Bleek, G. M. & Nathanson, S. G. Isolation of an endogenously processed immunodominant viral peptide from the class I H-2Kb molecule. Nature 348, 213-216 (1990); Hunt, D. F. y col., Peptides presented to the immune system by the murine class II major histocompatibility complex molecule I-Ad. Science 256, 1817-1820 (1992); Cox, A. L. y col., Identification of a peptide recognized by five melanoma-specific human cytotoxic T cell lines. Science 264, 716-719 (1994)), prueba *in vitro* de conjuntos de péptidos solapantes (Kern., F. y col., Cytomegalovirus (CMV) Phosphoprotein 65 Makes a Large Contribution to Shaping the T Cell Repertoire in CMV-Exposed Individuals. J. Infect. Dis. 185, 1709-1716 (2002)) e inmunogenética inversa (Davenport, M. P. & Hill, A. V. Reverse immunogenetics: from HLA-disease associations to vaccine candidates. Mol. Med. Today 2, 38-45 (1996); Aidoo, M. y col., Identification of conserved antigenic components for a cytotoxic T lymphocyte-inducing vaccine against malaria. Lancet 345, 1003-1007 (1995)). Sin embargo, estos procedimientos conllevan posibles problemas tales como la identificación repetida del mismo epítipo (frecuente/dominante), sesgos al nivel de expansión de poblaciones de linfocitos T y uso de linfocitos T clónicos/oligoclónicos. También tienden a subestimar la complejidad de las respuestas, y no puede analizarse un gran número de posibles dianas en el contexto de múltiples tipos de HLA. Finalmente, ninguno de estos enfoques se presta fácilmente a la sobrecogedora tarea de analizar eficazmente grandes cantidades de datos de la secuencia genómica.

Breve resumen

40 La invención objeto también proporciona novedosos antígenos de *Plasmodium falciparum* que son útiles en aplicaciones terapéuticas y de diagnóstico. En diversos aspectos, la invención objeto proporciona realizaciones tales como:

1) Un polipéptido aislado que comprende:

a) el polipéptido definido como SEC ID N°: 1;

45 b) un fragmento del polipéptido de 1(a) que es un epítipo de péptido que se une a una molécula de anticuerpo, un linfocito B o molécula de HLA e induce una respuesta inmunitaria a SEC ID N°: 1; o

c) una construcción multiepitópica que comprende el polipéptido 1 (a) y al menos un epítipo expuesto en la Tabla 2, 3, 4, 5 ó 6; y/o uno o más polipéptidos seleccionados del grupo que consiste en SEC ID N°: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 y 27.

50 2) Una secuencia de polinucleótidos aislada y/o purificada que codifica un polipéptido como se define en (1) anteriormente.

3) Una composición que comprende un vehículo farmacéuticamente aceptable y un polipéptido como se define en (1) anteriormente.

- 4) Un anticuerpo aislado o fragmento del mismo que se une específicamente al polipéptido como se define en (1) anteriormente.
- 5) Un vector que comprende un promotor operativamente ligado a una secuencia de polinucleótidos como se define en (2) anteriormente.
- 5 6) Una célula huésped transformada por un vector como se define en (5) anteriormente.
- 7) Un chip de ADN que comprende secuencias de polinucleótidos como se definen en (2) anteriormente.
- 8) Uso de un polipéptido como se define en (1) anteriormente, en la fabricación de un medicamento para su uso en el tratamiento de o prevención de enfermedades infecciosas producidas por *P. falciparum* en un paciente.
- 10 9) Uso de un polinucleótido como se define en (2) anteriormente en la fabricación de un medicamento para su uso en el tratamiento o prevención de enfermedades infecciosas producidas por *P. falciparum* en un paciente.
- 10) Un procedimiento *in vitro* de detección de un antígeno de *P. falciparum* que comprende poner en contacto una muestra biológica aislada obtenida de un individuo con un polipéptido como se define en (1) anteriormente y detectar la formación de un complejo de anticuerpo-antígeno o detectar la estimulación de linfocitos T obtenidos del individuo.
- 15 11) Un procedimiento *in vitro* de detección de *P. falciparum* en muestras biológicas que comprende poner en contacto una muestra biológica aislada con el polinucleótido como se define en (2) anteriormente y detectar la hibridación de dichos polinucleótidos aislados con ácidos nucleicos contenidos en dicha muestra.
- 20 12) Un polipéptido de variante que tiene el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o el 99 % de identidad de secuencias con un polipéptido como se define en 1(a) anteriormente, y la misma reactividad serológica o reactividad de linfocitos T que el polipéptido definido como SEC ID N°: 1, para su uso como un medicamento.

Breve descripción de los dibujos y tablas

La Tabla 1 presenta un resumen de reactividades inmunitarias de un panel de 27 antígenos novedosos y cuatro antígenos conocidos.

- 25 Las Tablas 2-6 proporcionan epítopes de péptido de *P. falciparum*.

Breve descripción de las secuencias

Las secuencias ID N°: 1-27 son secuencias de aminoácidos de novedosos antígenos de la malaria.

Divulgación detallada

- 30 La invención objeto proporciona novedosos polinucleótidos de *P. falciparum* aislados y/o purificados y fragmentos de estos novedosos polinucleótidos. Así, la presente invención proporciona secuencias de polinucleótidos aisladas y/o purificadas que comprenden:

- a) una secuencia de polinucleótidos que codifica una secuencia de polipéptidos de SEC ID N°: 1;
- b) una secuencia de polinucleótidos complementaria a una secuencia de polinucleótidos que codifica una secuencia de polipéptidos de SEC ID N°: 1;
- 35 c) una secuencia de polinucleótidos que tiene al menos aproximadamente del 20 % al 99,99 % de identidad con una secuencia de polinucleótidos de (a) o (b);
- d) un fragmento de una secuencia de polinucleótidos según (a) o (b);
- e) una secuencia de polinucleótidos que codifica un polipéptido como se expone en a) anteriormente y al menos uno de los epítopes en la Tabla 2, 3, 4, 5 ó 6, o una secuencia de polinucleótidos que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en SEC ID N°: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 y 27;
- 40 f) una secuencia de polinucleótidos que codifica una variante de un polipéptido (por ejemplo, un polipéptido de variante) de SEC ID N°: 1;
- 45 g) una secuencia de polinucleótidos que codifica un fragmento de polipéptido de un polipéptido de SEC ID N°: 1, en la que el fragmento es un epítope de péptido que se une a una molécula de anticuerpo, un linfocito B o molécula de HLA e induce una respuesta inmunitaria a SEC ID N°: 1.

h) un polipéptido de variante de SEC ID N°: 1, teniendo el polipéptido de variante sustancialmente la misma actividad serológica o reactividad de linfocitos T que el polipéptido de SEC ID N°: 1; o

i) una secuencia de polinucleótidos que codifica una construcción multiepitópica que comprende el polipéptido de (a) anteriormente.

5 “Secuencia de nucleótidos”, “polinucleótido” o “ácido nucleico” pueden usarse indistintamente y se entiende que significan, según la presente invención, tanto un ADN bicatenario, un ADN monocatenario como productos de transcripción de dichos ADN (por ejemplo, moléculas de ARN). Debe también entenderse que la presente invención no se refiere a secuencias de polinucleótidos genómicas de *P. falciparum* en su entorno natural o estado natural. El ácido nucleico, polinucleótido, o secuencias de nucleótidos de la invención, han sido aislados, purificados (o

10 parcialmente purificados), por procedimientos de separación que incluyen, pero no se limitan a, cromatografía de intercambio iónico, cromatografía de exclusión por tamaño molecular, cromatografía de afinidad, o por procedimientos de ingeniería genética tales como amplificación, clonación, subclonación o síntesis química.

Una secuencia de polinucleótidos o polipéptidos homóloga, para los fines de la presente invención, engloba una secuencia que tiene un porcentaje de identidad con las secuencias de polinucleótidos o de polipéptidos, expuestas en el presente documento, de entre al menos (o al menos aproximadamente) del 20,00 % al 99,99 % (ambos

15 incluidos). El intervalo anteriormente mencionado de identidad en porcentaje debe considerarse que incluye, y que proporciona descripción y soporte escrito para, cualquier porcentaje fraccionario, en intervalos del 0,01 %, entre el 20,00 % y, hasta, incluyendo el 99,99 %. Estos porcentajes son puramente estadísticos y diferencias entre dos secuencias de ácidos nucleicos pueden distribuirse aleatoriamente y sobre la longitud de secuencia entera.

20 En diversas realizaciones, secuencias homólogas puede presentar una identidad en porcentaje del 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 o el 99 por ciento con las secuencias de la presente invención. Normalmente, la identidad en porcentaje se calcula con referencia al polipéptido o polinucleótido de longitud

25 completa, nativo y/o que se produce naturalmente (por ejemplo, aquellos polipéptidos expuestos en SEC ID N°: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27 o aquellos expuestos en SEC ID N°: 28-81). Los términos “idéntico” o “identidad” en porcentaje, en el contexto de dos o más secuencias de polinucleótidos o polipéptidos, se refieren a dos o más secuencias o subsecuencias que son las mismas o tienen un porcentaje especificado de residuos de aminoácidos que son los mismos, cuando se comparan y se alinean para la

30 máxima correspondencia sobre una ventana de comparación, como se mide usando un algoritmo de comparación de secuencias o por alineamiento manual e inspección visual. Preferentemente, una sustitución tal se hace según principios de analogía expuestos, por ejemplo, en la solicitud de patente de EE.UU. en tramitación junto con la presente n° de serie 09/260.714 presentada el 1 de marzo de 1999 y 09/226.775 presentada el 6 de enero de 1999 y la solicitud PCT número PCT/US00/19774.

35 Tanto las homologías de secuencias de proteínas como de ácidos nucleicos pueden evaluarse usando cualquiera de la variedad de algoritmos de comparación de secuencias y programas conocidos en la técnica. Tales algoritmos y programas incluyen, pero ni mucho menos se limitan a, TBLASTN, BLASTP, FASTA, TFASTA y CLUSTALW (Pearson y Lipman, 1988, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85(8):2444-2448; Altschul y col., 1990, J. Mol. Biol. 215(3):403-410; Thompson y col., 1994, Nucleic Acids Res. 22(2):4673-4680; Higgins y col., 1996, Methods Enzymol. 266:383-402; Altschul y col., 1990, J. Mol. Biol. 215(3):403-410; Altschul y col., 1993, Nature Genetics 3:266-272). Las comparaciones de secuencias se realizan, normalmente, usando parámetros por defecto proporcionados por el

40 comerciante o usando aquellos parámetros expuestos en las referencias anteriormente identificadas, que se incorporan por este documento por referencia en sus totalidades.

Una secuencia de polinucleótidos “complementaria”, como se usa en el presente documento, generalmente se refiere a una secuencia que se produce a partir del enlace de hidrógeno entre una purina particular y una pirimidina particular en moléculas de ácidos nucleicos bicatenarias (ADN-ADN, ADN-ARN o ARN-ARN). Los principales emparejamientos específicos son guanina con citosina y adenina con timina o uracilo. Una secuencia de polinucleótidos “complementaria” también puede denominarse una secuencia de polinucleótidos “antisentido” o una

45 secuencia “antisentido”.

50 La homología de secuencias e identidad de secuencias también pueden determinarse por estudios de hibridación bajo rigurosidad alta, rigurosidad intermedia y/o rigurosidad baja. Pueden emplearse diversos grados de rigurosidad de la hibridación. Cuanto más intensas sean las condiciones, mayor será la complementariedad que se requiere para la formación del dúplex. La intensidad de las condiciones puede controlarse por temperatura, concentración de sonda, longitud de sonda, fuerza iónica, tiempo y similares. Preferentemente, la hibridación se realiza bajo

55 condiciones de rigurosidad baja, intermedia o alta por técnicas muy conocidas en la técnica, como se describen, por ejemplo, en Keller, G.H., M.M. Manak [1987] DNA Probes, Stockton Press, Nueva York, NY, pág. 169-170.

Por ejemplo, la hibridación de ADN inmovilizado sobre transferencias Southern con sondas específicas de genes marcadas con ³²P puede realizarse mediante procedimientos convencionales (Maniatis y col., [1982] Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York). En general, la hibridación y posteriores

lavados pueden llevarse a cabo bajo condiciones de rigurosidad intermedia a alta que permiten la detección de secuencias diana con homología con la secuencia de polinucleótidos ejemplificada. Para sondas de genes de ADN bicatenario, la hibridación puede llevarse a cabo durante la noche a 20-25 °C por debajo de la temperatura de fusión (T_m) del híbrido de ADN en 6X SSPE, 5X disolución de Denhardt, 0,1 % de SDS, 0,1 mg/ml de ADN desnaturalizado. La temperatura de fusión se describe por la siguiente fórmula (Beltz y col., [1983] *Methods in Enzymology*, R. Wu, L. Grossman y K. Moldave [eds.] Academic Press, Nueva York 100:266-285).

$$T_m = 81,5 \text{ °C} + 16,6 \log[\text{Na}^+] + 0,41(\% \text{ de G+C}) - 0,61(\% \text{ de formamida}) - 600/\text{longitud del dúplex en pares de bases.}$$

Los lavados se llevan a cabo normalmente del siguiente modo:

(1) dos veces a temperatura ambiente durante 15 minutos en 1X SSPE, 0,1 % de SDS (lavado de rigurosidad baja);

(2) una vez a $T_m - 20 \text{ °C}$ durante 15 minutos en 0,2X SSPE, 0,1 % de SDS (lavado de rigurosidad intermedia).

Para sondas de oligonucleótidos, la hibridación puede llevarse a cabo durante la noche a 10-20 °C por debajo de la temperatura de fusión (T_m) del híbrido en 6X SSPE, 5X disolución de Denhardt, 0,1 % de SDS, 0,1 mg/ml de ADN desnaturalizado. La T_m para sondas de oligonucleótidos puede determinarse por la siguiente fórmula:

$$T_m \text{ (°C)} = 2(\text{número de pares de bases T/A}) + 4(\text{número de pares de bases de G/C}) \text{ (Suggs y col., [1981] ICN-UCLA Symp. Dev. Biol. Using Purified Genes, D.D. Brown [ed.], Academic Press, Nueva York, 23:683-693).}$$

Los lavados pueden llevarse a cabo del siguiente modo:

(1) dos veces a temperatura ambiente durante 15 minutos 1X SSPE, 0,1 % de SDS (lavado de rigurosidad baja);

(2) una vez a la temperatura de hibridación durante 15 minutos en 1X SSPE, 0,1 % de SDS (lavado de rigurosidad intermedia).

En general, la sal y/o temperatura pueden alterarse para cambiar la rigurosidad. Con un fragmento de ADN marcado >70 o así de longitud de bases pueden usarse las siguientes condiciones:

Baja: 1 ó 2X SSPE, temperatura ambiente

Baja: 1 ó 2X SSPE, 42 °C

Intermedia: 0,2X o 1X SSPE, 63 °C

Alta: 0,1X SSPE, 65 °C.

A modo de otro ejemplo no limitante, los procedimientos que usan condiciones de alta rigurosidad también pueden realizarse del siguiente modo: La pre-hibridación de filtros que contienen ADN se lleva a cabo durante 8 h a durante la noche a 65 °C en tampón compuesto de 6X SSC, Tris-HCl 50 mM (pH 7,5), EDTA 1 mM, 0,02 % de PVP, 0,02 % de Ficoll, 0,02 % de BSA y 500 µg/ml de ADN de esperma de salmón desnaturalizado. Los filtros se hibridan durante 48 h a 65 °C, la temperatura de hibridación preferida, en mezcla de pre-hibridación que contiene 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón desnaturalizado y $5-20 \times 10^6$ cpm de sonda marcada con ^{32}P . Alternativamente, la etapa de hibridación puede realizarse a 65 °C en presencia de tampón SSC, 1X SSC correspondiente a NaCl 0,15 M y citrato de Na 0,05 M. Posteriormente, los lavados de los filtros pueden hacerse a 37 °C durante 1 h en una disolución que contiene 2X SSC, 0,01 % de PVP, 0,01 % de Ficoll y 0,01 % de BSA, seguido de un lavado en 0,1X SSC a 50 °C durante 45 min. Alternativamente, los lavados de los filtros pueden realizarse en una disolución que contiene 2X SSC y 0,1 % de SDS, o 0,5X SSC y 0,1 % de SDS, o 0,1X SSC y 0,1 % de SDS a 68 °C durante intervalos de 15 minutos. Tras las etapas de lavado, las sondas hibridadas son detectables por autorradiografía. Otras condiciones de alta rigurosidad que pueden usarse son muy conocidas en la técnica y, como se citan en Sambrook y col., 1989, *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, segunda edición, Cold Spring Harbor Press, N.Y., pág. 9,47-9,57; y Ausubel y col., 1989, *Current Protocols in Molecular Biology*, Green Publishing Associates and Wiley Interscience, N.Y., se incorporan en el presente documento en su totalidad.

Otro ejemplo no limitante de procedimientos que usan condiciones de rigurosidad intermedia son las siguientes: Filtros que contienen ADN se hibridan previamente, y luego se hibridan a una temperatura de 60 °C en presencia de 5X tampón SSC y sonda marcada. Posteriormente se realizan lavados de los filtros en una disolución que contiene 2X SSC a 50 °C y las sondas hibridadas son detectables por autorradiografía. Otras condiciones de rigurosidad intermedia que pueden usarse son muy conocidas en la técnica y, como se citan en Sambrook y col., 1989, *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, segunda edición, Cold Spring Harbor Press, N.Y., pág. 9,47-9,57; y Ausubel y col., 1989, *Current Protocols in Molecular Biology*, Green Publishing Associates and Wiley Interscience, N.Y., se incorporan en el presente documento en su totalidad.

La formación y estabilidad del dúplex dependen de la complementariedad sustancial entre las dos cadenas de un híbrido y, como se observa anteriormente, puede tolerarse un cierto grado de desapareamiento. Por tanto, las

secuencias de la sonda de la invención objeto incluyen mutaciones (tanto individuales como múltiples), deleciones, inserciones de las secuencias descritas, y combinaciones de las mismas, en la que dichas mutaciones, inserciones y deleciones permiten la formación de híbridos estables con el polinucleótido diana de interés. Pueden producirse mutaciones, inserciones y deleciones en una secuencia de polinucleótidos dada de muchas formas, y estos procedimientos son conocidos para un experto en la materia. Otros procedimientos pueden llegar a ser conocidos en el futuro.

También es muy conocido en la técnica que las enzimas de restricción puedan usarse para obtener fragmentos funcionales de las secuencias de ADN objeto. Por ejemplo, la exonucleasa *Ba*β1 puede usarse convenientemente para la digestión limitada controlada en el tiempo de ADN (comúnmente denominados procedimientos de "Erase-a-base"). Véase, por ejemplo, Maniatis y col., [1982] *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York; Wei y col., [1983] *J. Biol. Chem.* 258:13006-13512.

La presente invención comprende además fragmentos de las secuencias de polinucleótidos de la presente invención. Se entenderá que fragmentos representativos de las secuencias de polinucleótidos según la invención significa cualquier fragmento de nucleótidos que tenga al menos 8 nucleótidos sucesivos, preferentemente al menos 12 nucleótidos sucesivos, y todavía más preferentemente al menos 15 o al menos 20 nucleótidos sucesivos de la secuencia de la que se deriva. El límite superior para tales fragmentos es el número total de polinucleótidos encontrados en la secuencia de longitud completa (o, en ciertas realizaciones, del marco de lectura abierto (ORF) de longitud completa identificado en el presente documento).

En algunas realizaciones, la invención objeto incluye aquellos fragmentos que pueden hibridarse bajo diversas condiciones de condiciones de rigurosidad (por ejemplo, rigurosidad alta o intermedia o baja) con una secuencia de nucleótidos según la invención; fragmentos que se hibridan con una secuencia de nucleótidos de la invención objeto puede estar, opcionalmente, marcados como se expone más adelante.

Otras realizaciones proporcionan fragmentos de ácido nucleico correspondientes a secuencias de nucleótidos que comprenden marcos de lectura abiertos completos o parciales (secuencias de ORF). También están dentro del alcance de la invención aquellos fragmentos de polinucleótidos que codifican polipéptidos reactivos con anticuerpos encontrados en el suero de individuos infectados por *P. falciparum*. Los fragmentos según la invención objeto pueden obtenerse, por ejemplo, por amplificación específica (por ejemplo, amplificación por PCR), digestión con enzimas de restricción, de secuencias de nucleótidos según la invención. Tales metodologías son muy conocidas en la técnica y se enseñan, por ejemplo, por Sambrook y col., 1989. Los fragmentos de ácido nucleico según la invención también pueden obtenerse por síntesis química según procedimientos muy conocidos para personas expertas en la materia.

La invención objeto también proporciona procedimientos basados en ácidos nucleicos para la identificación de la presencia de un organismo en una muestra. En estas realizaciones variadas, la invención proporciona la detección de ácidos nucleicos en una muestra que comprende poner en contacto una muestra con un ácido nucleico (polinucleótido) de la invención objeto (tal como un ARN, ARNm, ADN, ADNc, u otro ácido nucleico). En una realización preferida, el polinucleótido es una sonda que está, opcionalmente, marcada y se usa en el sistema de detección. Existen muchos procedimientos para la detección de ácidos nucleicos y cualquier procedimiento adecuado para la detección está englobado por la presente invención. Formatos de ensayo típicos que utilizan hibridación de ácidos nucleicos incluyen, y no se limitan a, 1) ensayo de transcripción nuclear, 2) ensayo de transferencia por ranuras, 3) ensayo de transcripción Northern (Alwine, y col., *Proc. Natl. Acad. Sci.* 74:5350), 4) separación de partículas magnéticas, 5) chips de ácido nucleico o ADN, 6) ensayo de transferencia Northern inversa, 7) ensayo de transferencia puntual, 8) hibridación *in situ*, 9) ensayo de protección de RNasa (Melton y col., *Nuc. Acids Res.* 12:7035 y como se describe en el catálogo de 1998 de Ambion, Inc., Austin, Tex.), 10) reacción en cadena de la ligasa, 11) reacción en cadena de la polimerasa (PCR), 12) transcriptasa inversa (RT)-PCR (Berchtold, y col., *Nuc. Acids Res.* 17:453), 13) RT-PCR de expresión diferencial (DDRT-PCR) u otras combinaciones adecuadas de técnicas y ensayos. Marcas adecuadas para su uso en estas metodologías de detección incluyen, y no se limitan a 1) marcas radiactivas, 2) marcas enzimáticas, 3) marcas quimioluminiscentes, 4) marcas fluorescentes, 5) marcas magnéticas, u otras marcas adecuadas, que incluyen aquellas expuestas más adelante. Estas metodologías y marcas son muy conocidas en la técnica y están ampliamente disponibles para el experto. Asimismo, los procedimientos de incorporación de marcas en los ácidos nucleicos también son muy conocidos para el experto.

Así, la invención objeto también proporciona sondas de detección (por ejemplo, fragmentos de las secuencias de polinucleótidos desveladas) para la hibridación con una secuencia diana o el amplicón generado a partir de la secuencia diana. Una sonda de detección tal tendrá ventajosamente como secuencia una secuencia de al menos 8, 9, 10, 11, 12, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95 ó 100 nucleótidos. Sondas o cebadores marcados se marcan con un compuesto radioactivo o con otro tipo de marca como se expone anteriormente. Alternativamente, secuencias de nucleótidos no marcadas pueden usarse directamente como sondas o cebadores; sin embargo, las secuencias se marcan generalmente con un elemento radioactivo (³²P, ³⁵S, ³H, ¹²⁵I) o con una molécula tal como biotina, acetilaminofluoreno, digoxigenina, 5-bromo-desoxiuridina o fluoresceína para proporcionar sondas que pueden usarse en numerosas aplicaciones.

Las secuencias de polinucleótidos según la invención también pueden usarse en sistemas analíticos, tales como chips de ADN. Los chips de ADN y sus usos son muy conocidos en la técnica y (véanse, por ejemplo, las patentes de EE.UU. nº 5.561.071; 5.753.439; 6.214.545; Schena y col., *BioEssays*, 1996, 18:427-031; Bianchi y col., *Clin. Diagn. Virol.*, 1997, 8:199-208) y/o se proporcionan por vendedores comerciales tales como Affymetrix, Inc. (Santa Clara, CA). Además, las secuencias de ácidos nucleicos de la invención objeto pueden usarse como marcadores de peso molecular en procedimientos de análisis de ácidos nucleicos.

La invención objeto también proporciona secuencias de nucleótidos modificadas. Se entenderá que secuencia de nucleótidos modificada significa cualquier secuencia de nucleótidos que ha sido modificada, según técnicas muy conocidas para los expertos en la materia, y que presenta modificaciones en relación con las secuencias de nucleótidos nativas que se producen naturalmente. Un ejemplo no limitante de secuencias de nucleótidos "modificadas" incluye mutaciones en secuencias reguladoras y/o promotoras de una secuencia de polinucleótidos que producen una modificación del nivel de expresión del polipéptido. También se entenderá que una secuencia de nucleótidos "modificada" significa cualquier secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido "modificado" como se define más adelante.

Otro aspecto de la invención proporciona vectores para la clonación y/o la expresión de una secuencia de polinucleótidos enseñada en el presente documento. Los vectores de la presente invención, que incluyen vectores de vacuna, también pueden comprender elementos necesarios para permitir la expresión y/o la secreción de dichas secuencias de nucleótidos en una célula huésped dada. El vector puede contener un promotor, señales para la iniciación y para la terminación de la traducción, además de regiones apropiadas para la regulación de la transcripción. En ciertas realizaciones, los vectores pueden mantenerse establemente en la célula huésped y pueden, opcionalmente, contener secuencias señal que dirigen la secreción de proteína traducida. Estos elementos diferentes se eligen según la célula huésped usada. Los vectores pueden integrarse en el genoma del huésped u, opcionalmente, ser vectores autónomamente replicantes.

La invención objeto también proporciona la expresión de un polipéptido, péptido, derivado o variante codificada por una secuencia de polinucleótidos desvelada en el presente documento que comprende el cultivo de un organismo transformado con un polinucleótido de la invención objeto en condiciones que permiten la expresión del polipéptido, péptido, derivado o análogo y, opcionalmente, recuperar el polipéptido expresado, péptido, derivado o análogo.

Las secuencias de polinucleótidos desveladas también pueden regularse por una segunda secuencia de ácidos nucleicos de manera que la proteína o péptido se exprese en un huésped transformado con la molécula de ADN recombinante. Por ejemplo, la expresión de una proteína o péptido puede controlarse por cualquier elemento promotor/potenciador conocido en la técnica. Los promotores que pueden usarse para controlar la expresión incluyen, pero no se limitan a, el promotor del CMV-IE, la región del promotor temprano del SV40 (Bernoist y Chambon, 1981, *Nature* 290:304-310), un promotor contenido en la repetición terminal larga de 3' del virus del sarcoma de Rous (Yamamoto, y col., 1980, *Cell* 22:787-797), el promotor de timidina cinasa del herpes simple (Wagner y col., 1981, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 78:1441-1445), las secuencias reguladoras del gen de metalotioneína (Brinster y col., 1982, *Nature* 296:39-42); vectores procariotas que contienen promotores tales como el promotor de β -lactamasa (Villa-Kamaroff, y col., 1978, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 75:3727-3731), o el promotor *tac* (DeBoer y col., 1983, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 80:21-25); véase también "Useful proteins from recombinant bacteria" en *Scientific American*, 1980, 242:74-94; vectores de expresión en plantas que comprenden la región promotora de nopalina sintetasa (Herrera-Estrella y col., 1983, *Nature* 303:209-213) o el promotor de ARN del virus del mosaico de la coliflor 35S (Gardner y col., 1981, *Nucl. Acids Res.* 9:2871) y un promotor de la enzima fotosintética ribulosa bifosfato carboxilasa (Herrera-Estrella y col., 1984, *Nature* 310:115-120); elementos promotores de levadura u hongos tales como el promotor de Gal 4, el promotor de ADC (alcohol deshidrogenasa), el promotor de PGK (fosfoglicerol cinasa) y/o el promotor de fosfatasa alcalina.

Los vectores según la invención son, por ejemplo, vectores de origen de plásmido o viral. En una realización específica se usa un vector que comprende un promotor operativamente ligado a una proteína o secuencia de ácidos nucleicos que codifica péptido contenido dentro de las secuencias de polinucleótidos desveladas, uno o más orígenes de replicación y, opcionalmente, uno o más marcadores de selección (por ejemplo, un gen de resistencia a antibióticos). Los vectores de expresión comprenden secuencias reguladoras que controlan la expresión génica, que incluyen expresión génica en una célula huésped deseada. Vectores a modo de ejemplo para la expresión de los polipéptidos de la invención incluyen los vectores plasmídicos tipo pET (Promega) o vectores plasmídicos pBAD (Invitrogen) o aquellos proporcionados en los ejemplos más adelante. Además, los vectores según la invención son útiles para transformar células huésped de manera que clonen o expresen las secuencias de polinucleótidos de la invención.

La invención también engloba las células huésped transformadas por un vector según la invención. Estas células pueden obtenerse introduciendo en células huésped una secuencia de nucleótidos insertada en un vector como se ha definido anteriormente, y luego cultivando dichas células en condiciones que permitan la replicación y/o la expresión de las secuencias de polinucleótidos de la invención objeto.

La célula huésped puede elegirse de sistemas eucariotas o procariotas, tales como, por ejemplo, células bacterianas (Gram negativas o Gram positivas), células de levadura (por ejemplo, *Saccharomyces cerevisiae* o *Pichia pastoris*),

células animales (tales como células de ovario de hámster chino (CHO)), células vegetales y/o células de insecto usando vectores de baculovirus. En algunas realizaciones, las células huésped para la expresión de los polipéptidos incluyen, y no se limitan a, aquellas enseñadas en las patentes de EE.UU. n° 6.319.691, 6.277.375, 5.643.570 ó 5.565.335.

- 5 Además, puede elegirse una cepa de células huésped que modula la expresión de las secuencias insertadas, o modifica y procesa el producto génico en el modo específico deseado. La expresión de ciertos promotores puede elevarse en presencia de ciertos inductores; así, la expresión del polipéptido genéticamente manipulado puede controlarse. Además, diferentes células huésped tienen mecanismos característicos y específicos para el procesamiento y modificación traduccional y postraduccional (por ejemplo, glucosilación, fosforilación) de proteínas.
- 10 Pueden elegirse líneas celulares o sistemas huésped apropiados para garantizar la modificación y procesamiento deseado de la proteína extraña expresada. Por ejemplo, la expresión en un sistema bacteriano puede usarse para producir un producto de proteína de núcleo sin glucosilar. La expresión en levadura producirá un producto glucosilado. La expresión en células de mamífero puede usarse para garantizar la glucosilación "nativa" de una proteína heteróloga. Además, diferentes sistemas de expresión en vector/huésped pueden efectuar reacciones de procesamiento a diferentes grados.
- 15

- La invención objeto también se refiere a novedosas composiciones que pueden emplearse para provocar una respuesta inmunitaria o una respuesta inmunitaria protectora. En este aspecto de la invención, una cantidad de una composición que comprende ADN recombinante o ARNm que codifica un polinucleótido de la invención objeto suficiente para provocar una respuesta inmunitaria o respuesta inmunitaria protectora se administra a un individuo.
- 20 Las secuencias señal pueden delecionarse del ácido nucleico que codifica un antígeno de interés y el individuo puede monitorizarse para la inducción de una respuesta inmunitaria según procedimientos conocidos en la técnica. Una "respuesta inmunitaria protectora" o "respuesta inmunitaria terapéutica" se refiere a una respuesta de CTL (o linfocitos T CD8⁺) y/o HTL (o linfocitos T CD4⁺) a un antígeno que, de alguna forma, previene o al menos detiene parcialmente síntomas de enfermedad, efectos secundarios o progresión. La respuesta inmunitaria también puede
- 25 incluir una respuesta de anticuerpos que se ha facilitado por la estimulación de linfocitos T colaboradores.

- En otra realización, la invención objeto comprende además la administración de vacunas de polinucleótido conjuntamente con un antígeno de polipéptido, o composición del mismo, de la invención. En una realización preferida, el antígeno es el polipéptido que está codificado por el polinucleótido administrado como vacuna de polinucleótido. Como realización particularmente preferida, el antígeno de polipéptido se administra como un refuerzo posterior a la administración inicial de la vacuna de polinucleótido.
- 30

- Otra realización de la invención objeto proporciona la inducción de una respuesta inmunitaria a los novedosos antígenos de *Plasmodium falciparum* desvelados en el presente documento (véase, por ejemplo, los antígenos y péptidos expuestos en las tablas y listado de secuencias adjuntos a la misma) usando una pauta de vacunación de "sensibilización-refuerzo" conocida para aquellos expertos en la materia. En este aspecto de la invención, una vacuna de ADN se administra a un individuo en una cantidad suficiente para "sensibilizar" la respuesta inmunitaria del individuo a condición de que la vacuna de ADN comprenda ácidos nucleicos que codifican los antígenos, construcciones multiepitópicas y/o antígenos de péptido expuestos en el presente documento. La respuesta inmunitaria del individuo se "refuerza" entonces mediante la administración de: 1) uno o una combinación de: un péptido, polipéptido y/o antígeno de polipéptido de longitud completa (por ejemplo, SEC ID N°: 1) de la invención objeto (opcionalmente conjuntamente con una molécula inmunoestimulante y/o un adyuvante); o 2) un vector viral que contiene ácido nucleico que codifica uno, o más, de los mismos antígenos u, opcionalmente, diferentes, construcciones multiepitópicas y/o antígenos de péptido expuestos en las tablas o listado de secuencias de la solicitud objeto. En algunas realizaciones alternativas de la invención, un gen que codifica una molécula inmunoestimulante puede incorporarse en el vector viral usado para "reforzar" la respuesta inmunitaria del individuo.
- 45 Moléculas inmunoestimulantes a modo de ejemplo incluyen, y no se limitan a, IL-1, IL-2, IL-3, IL-4, IL-5, IL-6, IL-7, IL-8, IL-9, IL-10, IL-11, IL-15, IL-16, IL-18, IL-23, IL-24, eritropoyetina, G-CSF, M-CSF, factor de crecimiento derivado de plaquetas (PDGF), MSF, ligando FLT-3, EGF, factores de crecimiento de fibroblastos (FGF; por ejemplo, aFGF (FGF-1), bFGF (FGF-2), FGF-3, FGF-4, FGF-5, FGF-6 o FGF-7), factores de crecimiento similares a la insulina (por ejemplo, IGF-1, IGF-2); factor de crecimiento endotelial vascular (VEGF); interferones (por ejemplo, IFN- γ , IFN- α , IFN- β); factor inhibidor de la leucemia (LIF); factor neurotrófico ciliar (CNTF); oncostatina M; factor de citoblastos (SCF); factores de crecimiento transformantes (por ejemplo, TGF- α , TGF- β 1, TGF- β 1, TGF- β 1) o quimiocinas (tales como, pero no se limitan a, BCA-1/BLC-1, BRAK/Kec, CXCL16, CXCR3, ENA-78/LIX, eotaxina-1, eotaxina-2/MPHF-2, Exodus-2/SLC, fractalquina/neurotactina, GRO α /MGSA, HCC-1, I-TAC, linfotactina/ATAC/SCK MCP-1/MCAF, MCP-3, MCP-4, MDC/STCP-1, ABCD-1, MIP-1 α , MIP-1 β , MIP-2 α /GRO β , MIP-3 α /Exodus/LARC, MIP-3 β /Exodus-3/ELC, MIP-4/PARC/DC-CK1, PF-4, RANTES, SDF1 α , TARC o TECK). Genes que codifican estas moléculas inmunoestimulantes son conocidos para aquellos expertos en la materia y pueden obtenerse secuencias codificantes de una variedad de fuentes, que incluyen diversas bases de datos de patentes, bases de datos públicamente disponibles (tales como las bases de datos de ácidos nucleicos y proteínas encontradas en la Biblioteca Nacional de Medicina o el Laboratorio Europeo de Biología Molecular), la bibliografía científica, o bibliografía científica citada en catálogos producidos por empresas tales como Genzyme, Inc., R&D Systems, Inc. o InvivoGen, Inc. [véanse, por ejemplo, el catálogo de productos de investigación de citocinas de 1995, Genzyme
- 60

Diagnostics, Genzyme Corporation, Cambridge MA; el catálogo de 2002 ó 1995 de R&D Systems, Inc (Mineápolis, MN); o el catálogo de 2002 de InvivoGen, Inc (San Diego, CA).

5 Los procedimientos de introducción de vacunas de ADN en individuos son muy conocidos para el experto. Por ejemplo, puede inyectarse ADN en músculo esquelético u otros tejidos somáticos (por ejemplo, inyección intramuscular). Pueden usarse liposomas catiónicos o dispositivos biológicos, tales como una pistola de genes, para administrar vacunas de ADN. Alternativamente, pueden usarse iontoforesis y otros medios para la transmisión transdérmica para la introducción de vacunas de ADN en un individuo.

10 Vectores virales para su uso en la invención objeto pueden tener una porción del genoma viral delecionada para introducir nuevos genes sin destruir la infectividad del virus. El vector viral de la presente invención es, normalmente, un patógeno no virus. A elección del médico, el vector viral puede seleccionarse de manera que se infecte un tipo de célula específica, tal como células presentadoras de antígeno profesionales (por ejemplo, macrófago o células dendríticas). Alternativamente, puede seleccionarse un vector viral que puede infectar cualquier célula en el individuo. Vectores virales a modo de ejemplo adecuados para su uso en la presente invención incluyen, pero no se limitan a, poxvirus tales como virus de la variolovacuna, avipoxvirus, virus de la viruela aviar, un virus de la variolovacuna altamente atenuado (tal como Ankara o MVA [variolovacuna modificada Ankara]), retrovirus, adenovirus, baculovirus y similares. En una realización preferida, el vector viral es Ankara o MVA.

15 En la técnica se conocen estrategias generales para la construcción de vectores de expresión de virus de la variolovacuna (véase, por ejemplo, Smith y Moss Bio Techniques Nov/Dec, 306-312, 1984; patente de EE.UU. nº 4.738.846). Sutter y Moss (Proc. Nat'l. Acad. Sci U.S.A. 89:10847-10851, 1992) y Sutter y col., (Vaccine, 12(11):1032-40, 1994) desvelan la construcción y uso como vector, un virus Ankara recombinante no replicante (MVA) que puede usarse como vector viral en la presente invención. Otras versiones de la cepa Ankara de la variolovacuna modificada también pueden usarse en la práctica de la invención objeto (tal como la cepa MVA-BN producida por Bavarian Nordic S/A (Copenhague, Dinamarca).

25 Las composiciones que comprenden los polinucleótidos objeto pueden incluir vectores de vacunas de ácidos nucleicos apropiados (plásmidos) que están comercialmente disponibles (por ejemplo, Vical, San Diego, CA) u otros vectores de ácidos nucleicos (plásmidos) que también están comercialmente disponibles (por ejemplo, Valenti, Burlingame, CA). Alternativamente, por la invención objeto se proporcionan composiciones que comprenden vectores virales y polinucleótidos según la invención objeto. Además, las composiciones pueden incluir un vehículo farmacéuticamente aceptable, por ejemplo, solución salina. Los vehículos farmacéuticamente aceptables son muy conocidos en la técnica y también están comercialmente disponibles. Por ejemplo, tales vehículos aceptables se describen en E.W. Martin's Remington's Pharmaceutical Science, Mack Publishing Company, Easton, PA.

La invención objeto también proporciona uno o más polipéptidos aislados que comprenden:

- 35 a) un polipéptido codificado por una secuencia de polinucleótidos según la realización (2) (expuesta anteriormente);
- b) un polipéptido de variante codificado por una secuencia de polinucleótidos que tiene al menos aproximadamente del 20 % al 99,99 % de identidad con un polinucleótido según la realización (2) (como se expone anteriormente);
- 40 c) un fragmento de un polipéptido o un polipéptido de variante, en el que dicho fragmento o variante tiene sustancialmente la misma reactividad serológica o sustancialmente la misma reactividad de linfocitos T que el polipéptido de SEC ID N°: 1;
- o una variante del mismo que tiene el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o el 99 % de identidad con el polipéptido de SEC ID N°: N°: 1;
- 45 d) una construcción multiepitópica que comprende el polipéptido de SEC ID N°: N°: 1 y al menos un epítipo expuesto en las Tablas 2, 3, 4, 5 ó 6 y/o uno o más polipéptidos seleccionados del grupo que consiste en SEC ID N°: N°: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 y 27.

50 El término "péptido" puede usarse indistintamente con "oligopéptido" o "polipéptido" o "epítipo" en la presente memoria descriptiva para designar una serie de residuos, normalmente L-aminoácidos, conectados entre sí, normalmente por enlaces peptídicos entre los grupos α -amino y carboxilo de aminoácidos adyacentes. Los péptidos inductores de CTL preferidos (o linfocitos T CD8⁺) de la invención tienen 13 residuos o menos de longitud y normalmente consisten en entre aproximadamente 8 y aproximadamente 11 residuos (por ejemplo, 8, 9, 10 u 11 residuos), preferentemente 9 ó 10 residuos. Los péptidos inductores de HTL preferidos (o linfocitos T CD4⁺) tienen menos de aproximadamente 50 residuos de longitud y normalmente consisten en entre aproximadamente 6 y aproximadamente 30 residuos, más normalmente entre aproximadamente 12 y 25 (por ejemplo, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 ó 25), y frecuentemente entre aproximadamente 15 y 20 residuos (por ejemplo, 15, 16, 17, 18, 19 ó 20).

Según la invención objeto, un "fragmento" es un polipéptido de al menos 3 aminoácidos consecutivos, preferentemente 4 consecutivos, e incluso más preferentemente 5 consecutivos. En algunas realizaciones, los fragmentos de polipéptidos son reactivos con anticuerpos encontrados en el suero de un individuo. En otras realizaciones, un fragmento es un "epítotope" como se describe arriba. En el contexto de la presente invención, los términos polipéptido, péptido y proteína pueden usarse indistintamente; sin embargo, debe entenderse que la invención no se refiere a los polipéptidos en la forma natural, es decir, no están en su entorno natural, sino que los polipéptidos pueden haber sido aislados u obtenidos por purificación de fuentes naturales, obtenidos de células huésped preparadas por manipulación genética (por ejemplo, los polipéptidos, o fragmentos de los mismos, se producen recombinantemente por células huésped, o por síntesis química). Los polipéptidos según la presente invención también pueden contener aminoácidos no naturales, como se describirá más adelante.

Una "variante" o polipéptido "modificado" (o variante de polipéptido) debe entenderse que designa polipéptidos que presentan, en relación con el polipéptido natural, ciertas modificaciones. Estas modificaciones puede incluir una delección, adición o sustitución de al menos un aminoácido, una truncación, una extensión, una fusión quimérica, una mutación, o polipéptidos que presentan modificaciones postraduccionales. Entre los polipéptidos homólogos, aquellos cuyas secuencias de aminoácidos presentan entre al menos (o al menos aproximadamente) el 20,00 % al 99,99 % (ambos incluidos) de identidad con el polipéptido de longitud completa, nativo o que se produce naturalmente, son otro aspecto de la invención. El intervalo de identidad en porcentaje anteriormente mencionado debe considerarse que incluye, y que proporciona descripción y soporte escrito para, cualquier porcentaje fraccionario, en intervalos del 0,01 %, entre el 20,00 % y, hasta, incluyendo el 99,99 %. Estos porcentajes son puramente estadísticos y diferencias entre dos secuencias de polipéptidos pueden distribuirse aleatoriamente y sobre la longitud entera de la secuencia.

También pueden crearse péptidos de variante (epítotope) alterando la presencia o ausencia de residuos particulares en estas posiciones de anclaje primarias. Tales análogos se usan para modular la afinidad de unión de un péptido que comprende un motivo o supermotivo particular. El término "motivo" se refiere al patrón de residuos en un péptido de longitud definida, normalmente un péptido de aproximadamente 8 a aproximadamente 13 aminoácidos para un motivo de HLA de clase I (por ejemplo, 8, 9, 10, 11, 12 ó 13 aa) y de aproximadamente 6 a aproximadamente 25 aminoácidos para un motivo de HLA de clase II (por ejemplo, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 ó 25 aminoácidos), que es reconocido por una molécula de HLA particular. Los motivos de péptidos son normalmente diferentes para cada proteína codificada por cada alelo de HLA humano y se diferencian en el patrón de los residuos de anclaje primarios y secundarios. Opcionalmente, péptidos o polipéptidos de variante también pueden comprender una o más secuencias de polipéptidos heterólogas (por ejemplo, marcas que facilitan la purificación de los polipéptidos de la invención (véase, por ejemplo, la patente de EE.UU. n° 6.342.362; Altendorf y col., [1999-WWW, 2000] "Structure and Function of the Fo Complex of the ATP Synthase from Escherichia Coli", J. of Experimental Biology 203:19-28, The Co. of Biologists, Ltd., G.B.; Baneyx [1999] "Recombinant Protein Expression in Escherichia coli", Biotechnology 10:411-21, Elsevier Science Ltd.; Eihauer y col., [2001] "The FLAG™ Peptide, a Versatile Fusion Tag for the Purification of Recombinant Proteins", J. Biochem Biophys Methods 49:455-65; Jones y col., [1995] J. Chromatography 707:3-22; Jones y col., [1995] "Current Trends in Molecular Recognition and Bioseparation", J. of Chromatography A. 707:3-22, Elsevier Science B.V.; Margolin [2000] "Green Fluorescent Protein as a Reporter for Macromolecular Localization in Bacterial Cells", Methods 20:62-72, Academic Press; Puig y col., [2001] "The Tandem Affinity Purification (TAP) Method: A General Procedure of Protein Complex Purification", Methods 24:218-29, Academic Press; Sassenfeld [1990] "Engineering Proteins for Purification", TibTech 8:88-93; Sheibani [1999] "Prokaryotic Gene Fusion Expression Systems and Their Use in Structural and Functional Studies of Proteins", Prep. Biochem. & Biotechnol. 29(1):77-90, Marcel Dekker, Inc.; Skerra y col., [1999] "Applications of a Peptide Ligand for Streptavidin: the Strep-tag", Biomolecular Engineering 16:79-86, Elsevier Science, B.V.; Smith [1998] "Cookbook for Eukaryotic Protein Expression: Yeast, Insect, and Plant Expression Systems", The Scientist 12(22):20; Smyth y col., [2000] "Eukaryotic Expression and Purification of Recombinant Extracellular Matrix Proteins Carrying the Strep II Tag", Methods in Molecular Biology, 139:49-57; Unger [1997] "Show Me the Money: Prokaryotic Expression Vectors and Purification Systems", The Scientist 11(17):20, cada uno de los cuales se incorpora por la presente por referencia en sus totalidades), o marcas comercialmente disponibles de vendedores tales como STRATAGENE (La Jolla, CA), NOVAGEN (Madison, WI), QIAGEN, Inc., (Valencia, CA) o InVitrogen (San Diego, CA).

Los polipéptidos de variante pueden, alternativamente, tener el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o el 99 % de identidad con un polipéptido natural de la invención. Normalmente, la identidad en porcentaje se calcula con referencia al polipéptido de longitud completa, nativo y/o que se produce naturalmente (por ejemplo, aquellos polipéptidos expuestos en SEC ID N°: 1).

La nomenclatura usada para describir compuestos de péptido sigue la práctica convencional en la que el grupo amino se presenta a la izquierda (el extremo N) y el grupo carboxilo a la derecha (el extremo C) de cada residuo de aminoácido. Cuando las posiciones del residuo de aminoácido se refieren a un epítotope, están numeradas en una dirección de amino a carboxilo siendo la posición uno la posición más próxima al extremo amino del epítotope, o el péptido o proteína del que puede ser parte. En las fórmulas que representan realizaciones seleccionadas específicas de la presente invención, los grupos del extremo amino y carboxilo, aunque no se muestren específicamente, están en la forma que adoptarían un valor de pH fisiológico, a menos que se especifique de otro modo. En las fórmulas de estructura del aminoácido, cada residuo se representa generalmente por las designaciones convencionales de tres

letras o de una sola letra (por ejemplo, como se expone a continuación). A modo de ejemplo, pueden llevarse a cabo sustituciones de aminoácidos sin producir una modificación sustancial de la actividad biológica de los polipéptidos modificados correspondientes; por ejemplo, la sustitución de leucina con valina o isoleucina, de ácido aspártico con ácido glutámico, de glutamina con asparagina, de arginina con lisina, y similares, las sustituciones inversas pueden realizarse sin modificación sustancial de la actividad biológica de los polipéptidos.

La forma L de un residuo de aminoácido se representa por una sola letra en mayúsculas o una primera letra en mayúsculas de un símbolo de tres letras, y la forma D, para aquellos aminoácidos que tienen formas D, se representan por una única letra en minúsculas o un símbolo de tres letras en minúsculas. La glicina no tiene átomo de carbono asimétrico y se denomina simplemente "Gly" o G. Los símbolos de los aminoácidos son los siguientes: (aminoácido con símbolo de una sola letra; con símbolo de tres letras) A; Ala; Alanina: C; Cys; Cisteína: D; Asp; Ácido aspártico: E; Glu; Ácido glutámico: F; Phe; Fenilalanina: G; Gly; Glicina: H; His; Histidina: I; Ile; Isoleucina: K; Lys; Lisina: L; Leu; Leucina: M; Met; Metionina: N; Asn; Asparagina: P; Pro; Prolina: Q; Gln; Glutamina: R; Arg; Arginina: S; Ser; Serina: T; Thr; Treonina: V; Val; Valina: W; Trp; Triptófano: Y; Tyr; Tirosina.

Las "características químicas" de los aminoácidos se definen como: aromáticos (F, W, Y); alifáticos-hidrófobos (L, I, V, M); polares pequeños (S, T, C); polares grandes (Q, N); ácidos (D, E); básicos (R, H, K); no polares: prolina; alanina; y glicina.

Con el fin de extender la vida de los polipéptidos según la invención, puede ser ventajoso usar aminoácidos no naturales, por ejemplo, en la forma D, o alternativamente análogos de aminoácidos, por ejemplo formas que contienen azufre de aminoácidos en la producción de "polipéptidos de variante". Medios alternativos para aumentar la vida de los polipéptidos también pueden usarse en la práctica de la presente invención. Por ejemplo, los polipéptidos de la invención, y fragmentos de los mismos, pueden modificarse recombinantemente para incluir elementos que aumentan la semivida en plasma o en suero de los polipéptidos de la invención. Estos elementos incluyen, y no se limitan a, regiones constantes de anticuerpos (véase, por ejemplo, la patente de EE.UU. n° 5.565.335), u otros elementos tales como los desvelados en las patentes de EE.UU. n° 6.319.691, 6.277.375 o 5.643.570. Alternativamente, los polinucleótidos y genes de la presente invención pueden fusionarse recombinantemente con elementos, muy conocidos para el experto, que son útiles en la preparación de construcciones inmunogénicas para los fines de formulación de vacunas.

La invención objeto también proporciona fragmentos biológicamente activos (epítopes) de un polipéptido según la invención e incluye aquellos péptidos que pueden provocar una respuesta inmunitaria dirigida contra *P. falciparum*, proporcionando dicha respuesta inmunitaria componentes (linfocitos B, anticuerpos y/o o componentes de la respuesta inmunitaria celular (por ejemplo, linfocitos T colaboradores, citotóxicos y/o supresores)) reactivos con el fragmento biológicamente activo de un polipéptido; el polipéptido intacto, de longitud completa, sin modificar desvelado en el presente documento; o tanto el fragmento biológicamente activo de un polipéptido como los polipéptidos intactos, de longitud completa, sin modificar desvelados en el presente documento.

Los fragmentos, como se describen en el presente documento, pueden obtenerse escindiendo los polipéptidos de la invención con una enzima proteolítica (tal como tripsina, quimotripsina o colagenasa) o con un reactivo químico, tal como bromuro de cianógeno (CNBr). Alternativamente, pueden generarse fragmentos de polipéptidos en un entorno altamente ácido, por ejemplo, a pH 2,5. Tales fragmentos de polipéptidos pueden prepararse igualmente bien por síntesis química o usando huéspedes transformados con un vector de expresión según la invención. Las células huésped transformadas contienen un ácido nucleico, que permite la expresión de estos fragmentos, bajo el control de elementos apropiados para la regulación y/o expresión de los fragmentos de polipéptidos.

En una realización, la invención objeto proporciona procedimientos para provocar una respuesta inmunitaria en un individuo que comprenden la administración de composiciones que comprenden polipéptidos según la invención objeto a un individuo en cantidades suficientes para inducir una respuesta inmunitaria en el individuo. En algunas realizaciones, una "respuesta inmunitaria protectora" o "terapéutica" se induce en el individuo. Una "respuesta inmunitaria protectora" o "respuesta inmunitaria terapéutica" se refiere a un CTL (o linfocito T CD8⁺) y/o un HTL (o linfocito T CD4⁺), y/o una respuesta de anticuerpos a un antígeno derivado de un agente infeccioso o un antígeno de tumor, que de alguna forma previene o detiene al menos parcialmente síntomas de enfermedad, efectos secundarios o progresión. La respuesta inmunitaria protectora también puede incluir una respuesta de anticuerpos que se ha facilitado por la estimulación de linfocitos T colaboradores (o linfocitos T CD4⁺). Procedimientos adicionales de inducción de una respuesta inmunitaria en un individuo se enseñan en la patente de EE.UU. n° 6.419.931. El término CTL puede usarse indistintamente con linfocito(s) T CD8⁺ y el término HTL puede usarse indistintamente con linfocito(s) T CD4⁺ durante toda la solicitud objeto.

El término "individuo" incluye mamíferos que incluyen, y no se limitan a, simios superiores, chimpancés, orangutanes, seres humanos, monos o animales domésticos (mascotas) tales como perros, gatos, cobayas, hámsteres, cerdos panzudos vietnamitas, conejos, hurones, vacas, caballos, cabras y ovejas. En una realización preferida, los procedimientos de inducción de una respuesta inmunitaria contemplada en el presente documento se ponen en práctica en seres humanos.

Otra realización de la invención objeto proporciona procedimientos de inducción de una respuesta inmunitaria en un individuo que comprenden la administración de una composición que comprende polipéptidos codificados por los polinucleótidos de la invención objeto en cantidades suficientes para inducir una respuesta inmunitaria. En algunas realizaciones de la invención, la respuesta inmunitaria proporciona inmunidad protectora. La composición administrada al individuo puede, opcionalmente, contener un adyuvante y puede administrarse de cualquier manera conocida en la técnica para la administración del inmunogén a un sujeto. También pueden formularse composiciones en cualquier vehículo, que incluye, por ejemplo, vehículos farmacéuticamente aceptables tales como aquellos descritos en E.W. Martin's Remington's Pharmaceutical Science, Mack Publishing Company, Easton, PA. En una realización preferida, las composiciones pueden formularse en adyuvante incompleto de Freund.

En diversas realizaciones, la invención objeto proporciona ensayos de diagnóstico basados en formatos de transferencia Western o inmunoensayos convencionales conocidos para el experto. Por ejemplo, los ensayos basados en anticuerpos tales como enzimoimmunoanálisis de adsorción (ELISA), radioinmunoensayos (RIA), ensayos de flujo lateral, ensayos de tiras inmunocromatográficas, ensayos de flujo automatizados y ensayos que utilizan biosensores que contienen anticuerpos pueden emplearse para la detección de los polipéptidos, y fragmentos de los mismos, proporcionados por la invención objeto. Los ensayos y procedimientos para realizar los ensayos son muy conocidos en la técnica y los procedimientos pueden probar muestras biológicas cualitativamente (presencia o ausencia de polipéptido) o cuantitativamente (comparación de una muestra con una curva patrón preparada usando un polipéptido de la invención objeto) para la presencia de uno o más polipéptidos de la invención objeto. Así, la invención objeto proporciona un procedimiento de detección de un polipéptido de *P. falciparum*, o fragmento del mismo, que comprende poner en contacto una muestra con un anticuerpo que se une específicamente a un polipéptido, o fragmento del mismo, de SEC ID N°: 1 y detectar la presencia de un complejo anticuerpo-antígeno.

Los ensayos basados en anticuerpos pueden considerarse que son de cuatro tipos: ensayos de unión directa, ensayos de sándwich, ensayos de competición y ensayos de desplazamiento. En un ensayo de unión directa, tanto el anticuerpo como el antígeno se marcan, y hay un medio de medición del número de complejos formados. En un ensayo de sándwich se mide la formación de un complejo de al menos tres componentes (por ejemplo, anticuerpo-antígeno-anticuerpo). En un ensayo de competición, el antígeno marcado y el antígeno sin marcar compiten por unirse al anticuerpo, y se mide tanto el componente unido como el libre. En un ensayo de desplazamiento, el antígeno marcado se une previamente al anticuerpo, y se mide un cambio en la señal a medida que el antígeno sin marcar desplaza el antígeno marcado unido del receptor.

Pueden realizarse ensayos de flujo lateral según las enseñanzas de la patente de EE.UU. n° 5.712.170 y las referencias citadas en su interior. Los ensayos de desplazamiento e inmunosensores de flujo útiles para llevar a cabo los ensayos de desplazamiento se describen en: (1) Kusterbeck y col., "Antibody-Based Biosensor for Continuous Monitoring", en Biosensor Technology, R. P. Buck y col., eds., Marcel Dekker, N.Y. pág. 345-350 (1990); Kusterbeck y col., "A Continuous Flow Immunoassay for Rapid and Sensitive Detection of Small Molecules", Journal of Immunological Methods, vol. 135, pág. 191-197 (1990); Ligler y col., "Drug Detection Using the Flow Immunosensor", en Biosensor Design and Application, J. Findley y col., eds., American Chemical Society Press, pág. 73-80 (1992); y Ogert y col., "Detection of Cocaine Using the Flow Immunosensor", Analytical Letters, vol. 25, pág. 1999-2019 (1992). Los ensayos de desplazamiento e inmunosensores de flujo también se describen en la patente de EE.UU. n° 5.183.740. El inmunoensayo de desplazamiento, a diferencia de la mayoría de los inmunoensayos competitivos usados para detectar moléculas pequeñas, puede generar una señal positiva con concentración de antígeno creciente. Un aspecto de la invención permite la exclusión de transferencias Western como ensayo de diagnóstico, particularmente cuando la transferencia Western es una selección de lisados de células completas de *P. falciparum*, u organismos relacionados, contra suero inmune de individuos infectados. En otro aspecto de la invención, los ensayos de diagnóstico basados en péptidos o polipéptidos utilizan péptidos o polipéptidos de *P. falciparum* que se han producido tanto por síntesis química de péptidos como por metodologías recombinantes que utilizan células huésped de no *Plasmodium* para la producción de péptidos o polipéptidos.

Otro aspecto de la invención proporciona el uso de péptidos, polipéptidos y construcciones multiepitópicas en ensayos tales como aquellos enseñados en la patente de EE.UU. n° 5.635.363. Brevemente, péptidos, polipéptidos y construcciones multiepitópicas de la invención objeto pueden usarse para formar complejos multiméricos estables que comprenden subunidades preparadas de la proteína del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC) que tienen una población de péptido unida sustancialmente homogénea. El complejo multimérico de MHC-antígeno forma una estructura estable con linfocitos T que reconocen el complejo mediante su receptor de antígeno, permitiendo así el marcado, identificación y separación de linfocitos T específicos. El complejo de unión multimérico tiene la fórmula $(\alpha\text{-}\beta\text{-P})_n$ en la que $n \geq 2$, normalmente $n \geq 4$, y normalmente $n \leq 10$; α es una cadena α de una proteína MHC de clase I o clase II. β es una cadena β (la cadena β de una proteína MHC de clase II o microglobulina β_2 para una proteína MHC de clase I; y P es un antígeno de péptido. El complejo multimérico se une establemente mediante interacciones no covalentes a un receptor de linfocitos T que tiene la especificidad antigénica apropiada. Las proteínas MHC pueden ser de cualquier individuo. De particular interés son las proteínas HLA humanas. Incluidas en las proteínas HLA están las subunidades de clase II HLA-DP α , NLA-DP β , HLA-DQ α , HLA-DQ β , HLA-DR α y HLA-DR β , y las proteínas de clase I HLA-A, HLA-B, HLA-C y β_2 -microglobulina. En una realización preferida, las subunidades de la proteína MHC son una forma soluble de la proteína normalmente unida a la membrana. La

forma soluble se deriva de la forma nativa por delección del dominio transmembrana. Convenientemente, la proteína está truncada, eliminando tanto los dominios citoplásmicos como transmembrana. La proteína puede truncarse por escisión proteolítica, o expresando una forma truncada genéticamente manipulada. Para proteínas de clase I, la forma soluble incluirá el dominio $\alpha 1$, $\alpha 2$ y $\alpha 3$. No se incluirán más de aproximadamente 10, normalmente no más de aproximadamente 5, preferentemente ninguno de los aminoácidos del dominio transmembrana. La delección puede extenderse nada menos que aproximadamente 10 aminoácidos en el dominio $\alpha 3$, preferentemente no se deleccionará ninguno de los aminoácidos del dominio $\alpha 3$. La delección será de forma que no interfiera con la capacidad del dominio de $\alpha 3$ de plegarse en una estructura unida por disulfuro. La cadena β de clase I, β_2 -microglobulina, carece de un dominio transmembrana en su forma nativa, y no necesita estar truncada. Generalmente, no se usarán subunidades de clase II conjuntamente con subunidades de clase I. Las subunidades de clase II solubles incluirán los dominios $\alpha 1$ y $\alpha 2$ para la subunidad α , y los dominios $\beta 1$ y $\beta 2$ para la subunidad β . No se incluirán más de aproximadamente 10, normalmente no más de aproximadamente 5, preferentemente ninguno de los aminoácidos del dominio transmembrana. La delección puede extenderse nada menos que aproximadamente 10 aminoácidos en el dominio $\alpha 2$ o $\beta 2$, preferentemente no se deleccionará ninguno de los aminoácidos del dominio $\beta 2$ o $\beta 2$. La delección será de forma que no interfiera con la capacidad del dominio $\alpha 2$ o $\beta 2$ para plegarse en una estructura unida por disulfuro.

El complejo monomérico (α - β -P) (monómero) está multimerizado. El multímero resultante será estable durante largos periodos de tiempo. Normalmente, no más de aproximadamente el 10 % del multímero se disociará después del almacenamiento a 4 °C durante aproximadamente un día, más normalmente después de aproximadamente una semana. Preferentemente, el multímero se formará uniendo los monómeros a una entidad multivalente mediante sitios de unión específicos sobre la subunidad α o β , como se describe más adelante en detalle. El multímero también puede formarse por reticulación química de los monómeros. Se conocen en la técnica varios reactivos que pueden reticular proteínas, entidades ilustrativas incluyen: hidrazida de azidobenzóilo, N-[4-(p-azidosalicilamino)butil]-3'-[2'-piridilditio]propionamida), suberato de bis-sulfosuccinimidilo, dimetiladipimidato, disuccinimidiltartrato, éster de N-gamma.-maleimidobutiriloxisuccinimida, N-hidroxisulfosuccinimidil-4-azidobenzóilo, [4-azidofenil]-1,3'-ditiopropionato de N-succinimidilo, [4-yodoacetil]aminobenzóilo de N-succinimidilo, glutaraldehído, formaldehído y 4-[N-maleimidometil]ciclohexano-1-carboxilato de succinimidilo.

El sitio de unión para unirse a una entidad multivalente puede producirse naturalmente, o puede introducirse mediante ingeniería genética. El sitio será una unión específica para miembro o un miembro del par de unión específico o uno que se modifica para proporcionar un miembro del par de unión específico, en el que el par complementario tiene una multiplicidad de sitios de unión específica. La unión al miembro de unión complementario puede ser una reacción química, unión de epítipo-receptor o unión de hapteno-receptor en la que el hapteno está ligado a la cadena de subunidad. En una realización preferida, una de las subunidades está fusionada con una secuencia de aminoácidos que proporciona un sitio de reconocimiento para una enzima modificadora. La secuencia de reconocimiento se fusionará normalmente proximal al extremo carboxi de una de la subunidad para evitar el posible impedimento en el sitio de unión al péptido antigénico. Convenientemente, un casete de expresión incluirá la secuencia que codifica el sitio de reconocimiento.

Las enzimas modificadoras de interés incluyen BirA, diversas glicosilasas, transferasa de proteína farnesilo, proteínas cinasas y similares. La subunidad puede hacerse reaccionar con la enzima modificadora en cualquier momento conveniente, normalmente después de la formación del monómero. El grupo introducido por la enzima modificadora, por ejemplo, biotina, azúcar, fosfato, farnesilo, etc., proporciona un miembro del par de unión complementario, o un sitio único para la modificación adicional, tal como reticulación química, biotinilación, etc., que proporcionará un miembro del par de unión complementario. Una estrategia alternativa es introducir un residuo de cisteína sin aparear a la subunidad, introduciendo así un sitio único y químicamente reactivo para la unión. El sitio de unión también puede ser un epítipo que se produce naturalmente o introducido, en el que el componente de unión multivalente será un anticuerpo, por ejemplo, IgG, IgM, etc. Cualquier modificación será en un sitio, por ejemplo, proximal al extremo C, que no interferirá con la unión.

A modo de ejemplo de la formación de multímeros es la introducción de la secuencia de reconocimiento para la enzima BirA, que cataliza la biotinilación del sustrato de proteína. El monómero con una subunidad biotinilada se une entonces a un componente de unión multivalente, por ejemplo, estreptavidina o avidina, al que la biotina se une con afinidad extremadamente alta. La estreptavidina tiene una valencia de 4, proporcionando un multímero de (α - β -P)₄.

El componente de unión multivalente puede estar libre en disolución, o puede unirse a un soporte insoluble. Ejemplos de soportes insolubles adecuados incluyen perlas, por ejemplo, perlas magnéticas, membranas y placas de microtitulación. Éstas se hacen normalmente de vidrio, plástico (por ejemplo, poliestireno), polisacáridos, nailon o nitrocelulosa. La unión a un soporte insoluble es útil cuando el complejo de unión va a usarse para la separación de linfocitos T.

Frecuentemente, el complejo multimérico se marcará, de manera que sea directamente detectable, o se usará conjuntamente con inmunorreactivos marcados secundarios que se unirán específicamente al complejo. En general, la marca tendrá una característica detectable ligera. Marcas preferidas son fluoróforos, tales como isotiocianato de fluoresceína (FITC), rodamina, Texas Red, ficoeritrina y aloficocianina. Otras marcas de interés pueden incluir

colorantes, enzimas, quimioluminiscentes, partículas, radioisótopos, u otro agente directamente o indirectamente detectable. Convenientemente, el componente de unión multivalente tendrá el grupo de marca. Alternativamente, puede usarse una marca de segunda etapa, por ejemplo, anticuerpo marcado dirigido a uno de los constituyentes del péptido, y similares.

- 5 El complejo de unión se usará para detectar y/o separar linfocitos T específicos de antígeno. Los linfocitos T pueden ser de cualquier fuente, normalmente tener la misma especie de origen que el heterodímero de MHC. Los linfocitos T pueden ser de un cultivo *in vitro*, o una muestra fisiológica. En general, las muestras fisiológicas empleadas serán sangre o linfa, pero las muestras también pueden implicar otras fuentes de células, particularmente en las que los linfocitos T pueden ser invasivos. Así, otros sitios de interés son tejidos, o fluidos asociados, como en el cerebro, ganglio linfático, neoplasias, bazo, hígado, riñón, páncreas, amígdalas, timo, articulaciones, líquido sinovial y similares. La muestra puede usarse como se obtiene o puede someterse a modificación, como en el caso de dilución, concentración, o similares. Tratamientos previos puede implicar la eliminación de células por diversas técnicas, que incluyen centrifugación, usando Ficoll-Hypaque, inmunopurificación, separación por afinidad, usando anticuerpos específicos para uno o más marcadores presentes como proteínas de la membrana superficial sobre la superficie de células, o cualquier otra técnica que proporcione enriquecimiento del conjunto o subconjunto de células de interés.

- 10 El complejo de unión se añade a una suspensión que comprende linfocitos T de interés, y se incuba a aproximadamente 4 °C durante un periodo de tiempo suficiente para unir el receptor de la superficie celular disponible. La incubación será normalmente al menos aproximadamente 5 minutos y normalmente inferior a aproximadamente 30 minutos. Se desea tener una concentración suficiente de reactivo de marcado en la mezcla de reacción, de manera que la reacción de marcado no se limite por carecer de reactivo de marcado. La concentración apropiada se determina por valoración. El medio en el que las células se marcan será cualquier medio adecuado como se conoce en la técnica. Si se desean células vivas se elegirá un medio que mantenga la viabilidad de las células. Un medio preferido es solución salina tamponada con fosfato que contiene del 0,1 al 0,5 % de BSA. Diversos medios están comercialmente disponibles y pueden usarse según la naturaleza de las células, que incluyen medio Eagle modificado por Dulbecco (dMEM), solución básica salina de Hank (HBSS), solución salina tamponada con fosfato de Dulbecco (dPBS), RPMI, medio Iscove, PBS con EDTA 5 mM, etc., frecuentemente complementado con suero bovino fetal, BSA, HSA, etc.

- 15 Si se usa un reactivo de marcado de segunda etapa, la suspensión de células puede lavarse y resuspenderse en medio como se ha descrito anteriormente antes de la incubación con el reactivo de segunda etapa. Alternativamente, el reactivo de segunda etapa puede añadirse directamente a la mezcla de reacción.

- 20 Se conocen en la técnica varios procedimientos para la detección y cuantificación de células marcadas. La citometría de flujo es un medio conveniente de enumerar células que son un pequeño porcentaje de la población total. También puede usarse microscopía fluorescente. Pueden usarse diversos inmunoensayos, por ejemplo, ELISA, RIA, etc., para cuantificar el número de células presentes después de unirse a un soporte insoluble.

- 25 También puede usarse citometría de flujo para la separación de un subconjunto marcado de linfocitos T de una mezcla compleja de células. Las células pueden recogerse en cualquier medio apropiado que mantenga la viabilidad de las células, normalmente que tiene un cojín de suero en el fondo del tubo de recogida. Diversos medios están comercialmente disponibles como se ha descrito anteriormente. Las células pueden entonces usarse según convenga.

- 30 Medios alternativos de separación utilizan el complejo de unión unido directamente o indirectamente a un soporte insoluble, por ejemplo, columna, placa de microtitulación, perlas magnéticas, etc. La muestra de células se añade al complejo de unión. El complejo puede unirse al soporte por cualquier medio conveniente. Después de la incubación, el soporte insoluble se lava para eliminar componentes no unidos. Pueden emplearse de uno a seis lavados, con volumen suficiente para lavar minuciosamente células no específicamente unidas presentes en la muestra. Las células deseadas se eluyeron entonces del complejo de unión. En particular, el uso de partículas magnéticas para separar subconjuntos de células de mezclas complejas se describe en Miltenyi y col., (1990) Cytometry 11:231-238.

- 35 El detectar y/o cuantificar linfocitos T específicos en una muestra o fracción de la misma puede llevarse a cabo mediante una variedad de ensayos específicos. En general, el ensayo medirá la unión entre una muestra de paciente, normalmente sangre derivada, generalmente en forma de plasma o suero, y los complejos de unión multiméricos objeto. La muestra de paciente puede usarse directamente, o diluirse según convenga, normalmente aproximadamente 1:10 y normalmente no más de aproximadamente 1:10.000. Pueden realizarse ensayos en cualquier tampón fisiológico, por ejemplo, PBS, solución salina normal, HBSS, dPBS, etc.

- 40 Se realiza un ensayo de sándwich uniendo primero el complejo de unión multimérico a una superficie insoluble o soporte. El complejo de unión multimérico puede unirse a la superficie por cualquier medio conveniente, que depende de la naturaleza de la superficie, tanto directamente como mediante anticuerpos específicos. El modo particular de unión no es crucial, mientras que sea compatible con los reactivos y procedimientos globales de la invención. Pueden unirse a las placas covalentemente o no covalentemente, preferentemente no covalentemente.

Los soportes insolubles pueden ser cualquier composición con la que el complejo de unión multimérico pueda unirse, que se separe fácilmente del material soluble, y que sea de otro modo compatible con el procedimiento global de medición de linfocitos T. La superficie de tales soportes puede ser sólida o porosa y de cualquier forma conveniente. Ejemplos de soportes insolubles adecuados con los que el receptor está unido incluyen perlas, por ejemplo, perlas magnéticas, membranas y placas de microtitulación. Éstos están normalmente hechos de vidrio, plástico (por ejemplo, poliestireno), polisacáridos, nailon o nitrocelulosa. Las placas de microtitulación son especialmente convenientes debido a que pueden llevarse a cabo simultáneamente un gran número de ensayos, usando pequeñas cantidades de reactivos y muestras.

Antes de añadir muestras de paciente o fracciones de las mismas, los sitios de unión no específica sobre el soporte insoluble, es decir, aquellos no ocupados por el complejo de unión multimérico, se bloquean generalmente. Agentes de bloqueo preferidos incluyen proteínas no interferentes tales como albúmina de suero bovino, caseína, gelatina y similares. Entonces se añaden muestras, fracciones o alícuotas de los mismos a soportes ensayables por separado (por ejemplo, pocillos separados de una placa de microtitulación) que contienen complejo de unión multimérico unido al soporte.

Generalmente es suficiente de aproximadamente 0,001 a 1 ml de muestra, diluida o de otro modo, normalmente es suficiente aproximadamente 0,01 ml. Preferentemente, cada muestra y patrón se añadirán a múltiples pocillos de manera que puedan obtenerse valores medios para cada uno. El tiempo de incubación debe ser suficiente para que los linfocitos T se unan al complejo de unión insoluble. Generalmente es suficiente de aproximadamente 0,1 a 3 h, normalmente es suficiente 1 h.

Después de la incubación, el soporte insoluble se lava generalmente de componentes no unidos. Generalmente, un tampón fisiológico diluido a un pH apropiado, generalmente 7-8, se usa como medio de lavado. Pueden emplearse de uno a seis lavados, con volumen suficiente para lavar minuciosamente linfocitos T no específicamente unidos presentes en la muestra.

Después de lavar se aplica una disolución que contiene el segundo receptor específico. El receptor puede ser cualquier compuesto que se una a linfocitos T de paciente con especificidad suficiente de forma que puedan distinguirse de otros componentes presentes. En una realización preferida, los segundos receptores son anticuerpos específicos para antígenos de linfocitos T comunes, tanto sueros monoclonales como policlonales, por ejemplo, anti-thy-1, anti-CD45, etc.

Los anticuerpos específicos de linfocitos T pueden marcarse para facilitar la cuantificación directa o indirecta de la unión. Ejemplos de marcas que permiten la medición directa incluyen radiomarcas tales como ^3H o ^{125}I , agentes fluorescentes, colorantes, perlas, quimioluminiscentes, partículas coloidales y similares. Ejemplos de marcas que permiten la medición indirecta de la unión incluyen enzimas en las que el sustrato puede proporcionar un producto coloreado o fluorescente. Ejemplos de enzimas adecuadas para su uso en conjugados incluyen peroxidasa de rábano picante, fosfatasa alcalina, malato deshidrogenasa y similares. Si no están comercialmente disponibles, tales conjugados de anticuerpo-enzima se producen fácilmente por técnicas conocidas para aquellos expertos en la materia.

Alternativamente, el segundo receptor puede estar sin marcar. En este caso se emplea un compuesto específico del segundo receptor marcado que se une al segundo receptor unido. Un compuesto específico del segundo receptor tal puede marcarse en cualquiera de los modos anteriores. Es posible seleccionar compuestos tales de forma que múltiples compuestos se unan a cada molécula del segundo receptor unido. Ejemplos de pares de segundo receptor/molécula específica de segundo receptor incluyen anticuerpo/anti-anticuerpo y avidina (o estreptavidina)/biotina. Como la señal resultante se amplifica así, esta técnica puede ser ventajosa si solo un pequeño número de células están presentes. Un ejemplo es el uso de un anticuerpo marcado específico para el segundo receptor. Más específicamente, si el segundo receptor es un anticuerpo anti-alotípico de conejo, un anticuerpo dirigido contra la región constante de anticuerpos de conejo proporciona una molécula específica de segundo receptor adecuada. La anti-inmunoglobulina procederá normalmente de cualquier fuente distinta de humano, tal como ovino, roedor, particularmente ratón, o bovino.

El volumen, composición y concentración de la disolución de receptor específico de linfocitos T proporciona unión medible a los linfocitos T ya unidos al sustrato insoluble. Generalmente se usa el mismo volumen que el de la muestra: de aproximadamente 0,001 a 1 ml es suficiente, normalmente aproximadamente 0,1 ml es suficiente. Si se usan ligandos de anticuerpo, la concentración generalmente será aproximadamente 0,1 a 50 $\mu\text{g/ml}$, preferentemente aproximadamente 1 $\mu\text{g/ml}$. La disolución que contiene el segundo receptor está generalmente tamponada en el intervalo de aproximadamente pH 6,5-9,5. La disolución también puede contener una proteína inocua como se describe previamente. El tiempo de incubación debe ser suficiente para que el ligando marcado se una a moléculas disponibles. Generalmente es suficiente de aproximadamente 0,1 a 3 h, normalmente es suficiente 1 h.

Después de que el segundo receptor o conjugado de segundo receptor se haya unido, el soporte insoluble se lava generalmente de nuevo libre del segundo receptor no específicamente unido, esencialmente como se describe para los lavados previos. Después de purificar el material no específicamente unido, la señal producida por el conjugado unido se detecta mediante medios convencionales. Si se usa un conjugado de enzima, se proporciona un sustrato

de enzima apropiado, de manera que se forma un producto detectable. Más específicamente, si una peroxidasa es el conjugado de enzima seleccionado, una combinación de sustrato preferida es H₂O₂ y O-fenilendiamina que da un producto coloreado bajo condiciones de reacción apropiadas. Sustratos apropiados para otros conjugados de enzima tales como los desvelados anteriormente son conocidos para aquellos expertos en la materia. Condiciones de reacción adecuadas, además de medios para detectar los diversos conjugados útiles o sus productos, también son conocidos para aquellos expertos en la materia. Para el producto del sustrato O-fenilendiamina, por ejemplo, la absorbancia de la luz a 490-495 nm se mide convenientemente con un espectrofotómetro.

Generalmente, el número de linfocitos T unidos detectados se comparará con muestras de control de muestras que tienen un contexto de MHC diferente, por ejemplo, linfocitos T de un animal que no expresa la molécula de MHC usada para preparar el complejo de unión.

Un protocolo alternativo es proporcionar reactivo anti-linfocitos T, por ejemplo anti-thy-1, anti-CD45, etc., unido a la superficie insoluble. Después de añadir la muestra y lavar no se añaden linfocitos T específicamente unidos, se añaden uno o una combinación de los complejos de unión objeto, en el que los complejos de unión se marcan de manera que interfieran con la unión a linfocitos T.

Es particularmente conveniente en un entorno clínico realizar los ensayos en un aparato independiente. Varios de tales procedimientos se conocen en la técnica. El aparato empleará generalmente una trayectoria de flujo continuo de un filtro adecuado o membrana, que tiene al menos tres regiones, una región de transporte del fluido, una región de muestra y una región de medición. La región de muestra previene que la transferencia del fluido se ponga en contacto con las otras porciones de la trayectoria de flujo antes de recibir la muestra. Después de que la región de muestra reciba la muestra, se pone en relación de transferencia del fluido con las otras regiones, y la región de transferencia del fluido permite que una disolución de reactivo pase a través de la región de muestra y a la región de medición. La región de medición puede tener unida a ella el complejo de unión multimérico, con un conjugado de una enzima con anticuerpo específico de linfocitos T empleado como reactivo, generalmente añadido a la muestra antes de la aplicación. Alternativamente, el complejo de unión puede conjugarse con una enzima, con anticuerpo específico para linfocito T unido a la región de medición.

La detección de linfocitos T es de interés a propósito de una variedad de condiciones asociadas a la activación de linfocitos T. Tales condiciones incluyen enfermedades autoinmunitarias, por ejemplo, esclerosis múltiple, miastenia grave, artritis reumatoide, diabetes tipo 1, enfermedad de injerto contra el huésped, enfermedad de Graves, etc.; diversas formas de cáncer, por ejemplo, carcinomas, melanomas, sarcomas, linfomas y leucemias. Diversas enfermedades infecciosas tales como aquellas producidas por virus, por ejemplo, VIH-1, hepatitis, virus del herpes, virus entéricos, virus respiratorios, rhabdovirus, rubeola, poxvirus, paramixovirus, morbilivirus, etc., son de interés. Agentes infecciosos de interés también incluyen bacterias, tales como *Pneumococcus*, *Staphylococcus*, *Bacillus*, *Streptococcus*, *Meningococcus*, *Gonococcus*, *Escherichia*, *Klebsiella*, *Proteus*, *Pseudomonas*, *Salmonella*, *Shigella*, *Haemophilus*, *Yersinia*, *Listeria*, *Corynebacterium*, *Vibrio*, *Clostridia*, *Chlamydia*, *Mycobacterium*, *Helicobacter* y *Treponema*; patógenos protozoicos y similares. También pueden monitorizarse respuestas alérgicas asociadas a linfocitos T, por ejemplo, hiperreactividad tipo retardada o hiperreactividad de contacto que implica linfocitos T.

Son de particular interés afecciones que tienen una asociación con un péptido específico o haplotipo de MHC, en las que los complejos de unión objeto pueden usarse para rastrear la respuesta de linfocitos T con respecto al haplotipo y antígeno. Se ha hecho un gran número de asociaciones en estados de enfermedad que sugieren que los haplotipos de MHC específicos, o antígenos de proteína específicos, son responsables de estados de enfermedad.

Fragmentos de polipéptidos, que incluyen fragmentos inmunogénicos, para cada SEC ID N°: 1-27 pueden ser de cualquier longitud de al menos 5 aminoácidos consecutivos a 1 aminoácido inferior a un polipéptido de longitud completa de cualquier SEC ID N°: dada. Así, para SEC ID N°: 1 (usada aquí como ejemplo no limitante), el fragmento de polipéptido puede contener cualquier número de aminoácidos consecutivos de 5 a 1903 (por ejemplo, 5, 6, 7, ... , 1901, 1902, 1903). Por brevedad, los números enteros individuales entre 5 y 1903 no se han reproducido en el presente documento pero, en realidad, se contemplan específicamente. En una realización, los fragmentos inmunogénicos de la invención inducen inmunidad o inmunidad protectora de enfermedad.

La presente invención también proporciona la exclusión de cualquier fragmento individual (de cualquier SEC ID N°: dada) especificada por las posiciones del extremo N al extremo C, secuencia actual, o de cualquier fragmento especificado por tamaño (en residuos de aminoácidos) como se ha descrito anteriormente. Además, cualquier número de fragmentos especificados por las posiciones del extremo N y extremo C, secuencia actual, o por tamaño (en residuos de aminoácidos) como se ha descrito anteriormente, puede excluirse como especie individual. Además, cualquier número de fragmentos especificados por las posiciones del extremo N y extremo C o por tamaño (en residuos de aminoácidos) como se ha descrito anteriormente pueden combinarse para proporcionar un fragmento de polipéptido. Estos tipos de fragmentos pueden incluir, opcionalmente, secuencias de polipéptidos tales como ligadores, descritas más adelante.

Si una reivindicación recita "un polipéptido que comprende SEC ID N°: X, o fragmentos o fragmentos inmunogénicos o epítopes de SEC ID N°: X", el lenguaje "fragmentos o fragmentos inmunogénicos o epítopes de SEC ID N°: X" excluye específicamente subsecuencias idénticas encontradas dentro de otras secuencias de polipéptido o de

proteínas de la técnica anterior que se producen naturalmente más largas que no son idénticas a la secuencia de la que se derivó la secuencia reivindicada. Esto no incluye casos en los que tales subsecuencias sean una parte de una molécula mayor específicamente modificada por la mano del hombre para potenciar la inmunogenicidad de los fragmentos de la invención objeto. Así, fragmentos o fragmentos inmunogénicos o epítopes de SEC ID N°: X excluyen específicamente, y no deben considerarse anticipado, si el fragmento es una subsecuencia de otro péptido, polipéptido o proteína no palúdico que se produce naturalmente de una fuente bacteriana, viral, de reptil, insecto, aviar o de mamífero y se identifica en una búsqueda de bases de datos de secuencias de proteínas.

Los fragmentos o fragmentos inmunogénicos o epítopes de la invención pueden contener adicionalmente ligadores que facilitan la unión de los fragmentos a una molécula de vehículo para la estimulación de una respuesta inmunitaria o fines de diagnóstico. Los ligadores también pueden usarse para unir fragmentos según la invención a matrices de soporte sólido para su uso en protocolos de purificación por afinidad. En este aspecto de la invención, los ligadores excluyen específicamente, y no deben considerarse anticipado, si el fragmento es una subsecuencia de otro péptido, polipéptido o proteína como se identifica en una búsqueda de bases de datos de proteínas de secuencias como se indica en el párrafo precedente. En otras palabras, no se considera que las porciones no idénticas del otro péptido, polipéptido o proteína sean un "ligador" en este aspecto de la invención. Ejemplos no limitantes de "ligadores" adecuados para la práctica de la invención incluyen ligadores químicos (tales como aquellos comercializados por Pierce, Rockford, IL) y péptidos que permiten la conexión del fragmento inmunogénico con una molécula de vehículo (véanse, por ejemplo, los ligadores desvelados en las patentes de EE.UU. n° 6.121.424, 5.843.464, 5.750.352 y 5.990.275). En diversas realizaciones, los ligadores pueden tener hasta 50 aminoácidos de longitud, hasta 40 aminoácidos de longitud, hasta 30 aminoácidos de longitud, hasta 20 aminoácidos de longitud, hasta 10 aminoácidos de longitud, o hasta 5 aminoácidos de longitud. Por supuesto, el ligador puede ser cualquier número de aminoácidos preseleccionado (hasta 50 aminoácidos) de longitud.

En diversas realizaciones, polipéptidos adecuados para su uso en diversos procedimientos desvelados de la invención objeto son como se han definido anteriormente.

Construcciones multiepitópicas

Como se indica arriba, la invención objeto proporciona "construcciones multiepitópicas". Una "construcción multiepitópica" comprende: 1) ácidos nucleicos que codifican epítopes de múltiples polipéptidos (de cualquier longitud) que pueden unirse a una o más moléculas que funcionan en el sistema inmunitario; o 2) polipéptidos que comprenden epítopes de múltiples polipéptidos que pueden unirse a una o más moléculas que funcionan en el sistema inmunitario. Las "construcciones multiepitópicas" pueden contener, opcionalmente, residuos "flanqueantes" o "espaciadores" entre cada epítope. Algunas realizaciones proporcionan "construcciones multiepitópicas" que comprenden una serie del mismo epítope (llamados "homopolímeros"). Otras realizaciones proporcionan "construcciones multiepitópicas" que comprenden una combinación o serie de diferentes epítopes, opcionalmente conectados por residuos "flanqueantes" o "espaciadores" (llamados "heteropolímeros"). En algunas realizaciones, las "construcciones multiepitópicas" pueden excluir polipéptidos de longitud completa de los que se obtienen los epítopes (por ejemplo, los polipéptidos de SEC ID N°: 1). En ciertas realizaciones preferidas, los epítopes usados en la formación de la construcción multiepitópica están seleccionados de aquellos expuestos en la Tabla 2, Tabla 3, Tabla 4, Tabla 5 y/o Tabla 6 y cualquier epítope expuesto en estas Tablas 2-6 puede mezclarse y/o hacerse coincidir con cualquier otro epítope expuesto en cualquiera de las Tablas 2-6 anteriormente mencionadas.

Las construcciones multiepitópicas pueden ser de "afinidad alta" o "afinidad intermedia". Como se usa en el presente documento, "afinidad alta" con respecto a moléculas de clase I de HLA se define como unir con una CI_{50} , o valor de KD, de 50 nM o menos; "afinidad intermedia" con respecto a moléculas de clase I de HLA se define como unir con una CI_{50} o valor de KD de entre aproximadamente 50 y aproximadamente 500 nM. "Afinidad alta" con respecto a unir a moléculas de clase II de HLA se define como unir con una CI_{50} o valor de KD de 100 nM o menos; "afinidad intermedia" con respecto a unir a moléculas de clase II de HLA se define como unir con una CI_{50} o valor de KD de entre aproximadamente 100 y aproximadamente 1000 nM.

Las construcciones multiepitópicas descritas en el presente documento incluyen preferentemente cinco o más, diez o más, quince o más, veinte o más, o veinticinco o más epítopes. Otras realizaciones proporcionan construcciones multiepitópicas que comprenden al menos 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 ó 99 epítopes. Todos los epítopes en una construcción multiepitópica pueden ser de un organismo (por ejemplo, los epítopes se obtienen de *P. falciparum*), o la construcción multiepitópica puede incluir epítopes presentes en dos o más organismos diferentes (por ejemplo, algunos epítopes de *P. falciparum* y algunos epítopes de otro organismo). Adicionalmente, el mismo epítope puede estar presente en una construcción multiepitópica en más de una localización en la construcción. En algunas realizaciones, novedosos epítopes de la invención objeto pueden ligarse a epítopes conocidos de un organismo (por ejemplo, *P. falciparum* u otro organismo).

Una "vacuna multiepitópica" es una vacuna que comprende múltiples epítopes. Una vacuna multiepitópica puede inducir una respuesta inmunitaria y se administra a un individuo en una cantidad suficiente para inducir una

respuesta inmunitaria en el individuo. En algunas realizaciones, la respuesta inmunitaria inducida por la vacuna multiepitópica es una respuesta inmunitaria protectora contra un organismo dado, patógeno o afección patológica (por ejemplo, *P. falciparum*).

5 En ciertas realizaciones, los epítopes de una construcción multiepitópica o los polipéptidos desvelados en el presente documento interactúan con un sitio de unión al antígeno de una molécula de anticuerpo, un HLA de clase I, un receptor de linfocitos T y/o una molécula de HLA de clase II. En ciertas realizaciones preferidas, los epítopes interactúan con una molécula de HLA (por ejemplo, clase I o clase II) o un receptor de linfocitos T. En una realización incluso más preferida, el epítipo interactúa con tanto una molécula de HLA (por ejemplo, clase I o clase II) y un receptor de linfocitos T. En diversas realizaciones, todos los ácidos nucleicos en una construcción multiepitópica pueden codificar epítopes de HLA de clase I o epítopes de HLA de clase II. Construcciones multiepitópicas que comprenden epítopes que interactúan exclusivamente con moléculas de HLA de clase I pueden denominarse “construcciones multiepitópicas de CTL” (o “construcciones multiepitópicas de linfocitos T CD8⁺”). Las construcciones multiepitópicas que comprenden epítopes que interactúan exclusivamente con moléculas de HLA de clase II pueden denominarse “construcciones multiepitópicas de HTL” (o “construcciones multiepitópicas de linfocitos T CD4⁺”). Algunas construcciones multiepitópicas (designadas “construcciones multiepitópicas de TL”) pueden tener un subconjunto de los ácidos nucleicos multiepitópicos que codifican los epítopes de HLA de clase I y otro subconjunto de los ácidos nucleicos multiepitópicos que codifican epítopes de HLA de clase II (por ejemplo, las construcciones estimulan tanto CTL (es decir, linfocitos T CD8⁺) como HTL (es decir, linfocitos T CD4⁺) del sistema inmunitario). Otras construcciones multiepitópicas pueden proporcionar epítopes que interactúan exclusivamente con linfocitos B o moléculas de inmunoglobulina y se designan “construcciones multiepitópicas BL”. Construcciones multiepitópicas que proporcionan epítopes que interactúan con linfocitos B (y/o moléculas de inmunoglobulina) y adicionalmente proporcionan epítopes de HLA de clase I y epítopes de HLA de clase II se designan “construcciones multiepitópicas del sistema inmunitario (SIM)”. En ciertas realizaciones, las construcciones multiepitópicas pueden proporcionar epítopes de clase I o epítopes de clase II (por ejemplo, epítopes de CTL (es decir, linfocitos T CD8⁺) o de HTL (es decir, linfocitos T CD4⁺) y epítopes de BL. El “antígeno leucocitario humano” o “HLA” es una proteína del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC) de clase I o clase II humano (véase, por ejemplo, Stites, y col., IMMUNOLOGY, 8ª ED., Lange Publishing, Los Altos, Calif. (1994)).

Los ácidos nucleicos que codifican el epítipo de CTL (epítipo de clase I) (es decir, epítipo de linfocitos T CD8⁺) proporcionan preferentemente un péptido de epítipo de aproximadamente ocho a aproximadamente trece aminoácidos de longitud (por ejemplo, 8, 9, 10, 11, 12 ó 13), más preferentemente aproximadamente ocho a aproximadamente once aminoácidos de longitud, y lo más preferentemente aproximadamente nueve aminoácidos de longitud. Los ácidos nucleicos de epítopes de HTL (linfocitos T CD4⁺) pueden proporcionar un péptido de epítipo de aproximadamente siete a aproximadamente veintitrés (por ejemplo, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22 ó 23), preferentemente aproximadamente siete a aproximadamente diecisiete (por ejemplo, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16 ó 17), más preferentemente aproximadamente once a aproximadamente quince (por ejemplo, 11, 12, 13, 14 ó 15), y lo más preferentemente aproximadamente trece aminoácidos de longitud.

“Unión degenerada” indica que un péptido está unido por más de una molécula de HLA; un sinónimo es “unión reactiva cruzada”. La “unión reactiva cruzada” también puede usarse para definir la interacción de un antígeno con múltiples poblaciones de anticuerpos. En ciertas realizaciones preferidas, los epítopes desvelados en el presente documento no presentan unión reactiva cruzada o degenerada. Otras realizaciones engloban unión degenerada o reactiva cruzada de antígenos o epítopes.

Con respecto a una secuencia de aminoácidos particular, un “epítipo” es un conjunto de residuos de aminoácidos que participa en el reconocimiento por una inmunoglobulina particular, o en el contexto de linfocitos T, aquellos residuos necesarios para el reconocimiento por proteínas receptoras de linfocitos T y/o receptores del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC). En un entorno del sistema inmunitario, *in vitro* o *in vivo*, un epítipo es las características colectivas de una molécula, tal como estructura de péptido primaria, secundaria y terciaria, y carga, que juntos forman un sitio reconocido por una inmunoglobulina, receptor de linfocitos T o molécula de HLA. Durante toda la presente divulgación, epítipo y péptido se usan frecuentemente indistintamente. Deberá apreciarse, sin embargo, que las moléculas de proteína o péptido aisladas o purificadas superiores a y que comprenden un epítipo de la invención están todavía dentro de los límites de la invención.

Un residuo “flanqueante” o “de enlace” es un residuo que está posicionado próximo a un epítipo. Un residuo flanqueante puede introducirse o insertarse en una posición adyacente al extremo N o el extremo C de un epítipo. Residuos flanqueantes adecuados para su uso en la invención objeto se desvelan, por ejemplo, en la patente de EE.UU. nº 6.419.931, que se incorpora por este documento por referencia en su totalidad, que incluye todas las secuencias, figuras, referencias y tablas.

Un “péptido inmunogénico” o “epítipo de péptido” es un péptido que comprende un motivo o supermotivo específico de alelo de forma que el péptido se una a una molécula de HLA e induzca una respuesta de CTL (o linfocitos T CD8⁺) y/o de HTL (o linfocitos T CD4⁺). Un “péptido inmunogénico” o “epítipo de péptido” también puede ser un péptido que comprende un motivo que se une a moléculas de anticuerpo o linfocitos B encontrados en el sistema inmunitario de un individuo. Así, los péptidos inmunogénicos de la invención pueden unirse a una molécula de anticuerpo, un linfocito B o molécula de HLA apropiada y a partir de aquí inducir una respuesta inmunitaria (por

ejemplo, la inducción de la producción de anticuerpos, una respuesta de linfocitos T citotóxicos o una respuesta de linfocitos T colaboradores) al antígeno del que se deriva el péptido inmunogénico.

El término “residuo” se refiere a un aminoácido o mimético de aminoácido incorporado en un péptido o proteína por un enlace amida o mimético de enlace amida.

5 Un “espaciador” o “ligador” se refiere a una secuencia que se inserta entre dos epítopes en una construcción multiepitópica para prevenir la aparición de epítopes de unión y/o para aumentar la eficiencia de procesamiento. Una construcción multiepitópica puede tener uno o más ácidos nucleicos espaciadores. Un ácido nucleico espaciador puede flanquear cada ácido nucleico del epítope en una construcción, o la relación de ácido nucleico espaciador con respecto a ácido nucleico del epítope puede ser aproximadamente 2 a 10, aproximadamente 5 a 10, aproximadamente 6 a 10, aproximadamente 7 a 10, aproximadamente 8 a 10, o aproximadamente 9 a 10, si se ha determinado una relación de aproximadamente 8 a 10 para dar resultados favorables para algunas construcciones. El ácido nucleico espaciador puede codificar uno o más aminoácidos. Un ácido nucleico espaciador que flanquea un epítope de HLA de clase I en una construcción multiepitópica tiene preferentemente entre uno y aproximadamente ocho aminoácidos de longitud. Un ácido nucleico espaciador que flanquea un epítope de HLA de clase II en una construcción multiepitópica tiene preferentemente más de cinco, seis, siete o más aminoácidos de longitud, y más preferentemente cinco o seis aminoácidos de longitud. El número de espaciadores en una construcción, el número de aminoácidos en un espaciador y la composición de aminoácidos de un espaciador puede seleccionarse para optimizar el procesamiento de epítopes y/o minimizar epítopes de unión. Se prefiere que los espaciadores se seleccionen optimizando concomitantemente el procesamiento de epítopes y motivos de unión. Aminoácidos adecuados para optimizar el procesamiento de epítopes se describen en el presente documento. Por tanto, el espaciamiento de aminoácidos adecuado para minimizar el número de epítopes de unión en una construcción se describe en el presente documento para los HLA de clase I y clase II. Por ejemplo, espaciadores que flanquean los epítopes de HLA de clase II incluyen preferentemente residuos G, P y/o N ya que éstos no son generalmente conocidos por ser residuos de anclaje primario (véase, por ejemplo, el documento PCT/US00/19774). Un espaciador particularmente preferido para flanquear un epítope de HLA de clase II incluye alternar residuos de G y P, por ejemplo, (GP)_n, (PG)_n, (GP)_nG o (PG)_nP, etc., en las que n es un número entero entre uno y diez, preferentemente dos o aproximadamente dos, y en las que un ejemplo específico de un espaciador tal es GPGPG.

En algunas construcciones multiepitópicas es suficiente que cada uno ácido nucleico espaciador codifique la misma secuencia de aminoácidos. En construcciones multiepitópicas que tienen dos ácidos nucleicos espaciadores que codifican la misma secuencia de aminoácidos, los ácidos nucleicos espaciadores que codifican aquellos espaciadores pueden tener las mismas secuencias de nucleótidos o diferentes, en los que secuencias de nucleótidos diferentes pueden preferirse para reducir la probabilidad de acontecimientos de recombinación accidentales cuando la construcción multiepitópica se inserta en células.

En otras construcciones multiepitópicas, uno o más de los ácidos nucleicos espaciadores pueden codificar diferentes secuencias de aminoácidos. Aunque muchos de los ácidos nucleicos espaciadores pueden codificar la misma secuencia de aminoácidos en una construcción multiepitópica, uno, dos, tres, cuatro, cinco o más ácidos nucleicos espaciadores pueden codificar diferentes secuencias de aminoácidos, y es posible que todos los ácidos nucleicos espaciadores en una construcción multiepitópica codifiquen diferentes secuencias de aminoácidos. Los ácidos nucleicos espaciadores pueden optimizarse con respecto a los ácidos nucleicos del epítope que flanquean determinando si una secuencia espaciadora maximizará el procesamiento de epítopes y/o minimizará epítopes de unión, como se describe en el presente documento.

Las construcciones multiepitópicas pueden distinguirse entre sí según si los espaciadores en una construcción optimizan el procesamiento de epítopes o minimizan los epítopes de unión con respecto a otra construcción, y preferentemente, las construcciones pueden distinguirse si una construcción se optimiza concomitantemente para el procesamiento de epítopes y epítopes de unión con respecto a otra. Los procedimientos asistidos por ordenador y procedimientos de laboratorio *in vitro* e *in vivo* para determinar si una construcción se optimiza o no para el procesamiento de epítopes y motivos de unión se describen en el presente documento.

Las construcciones multiepitópicas de la invención también pueden ser “optimizadas”. El término “optimizado” u “optimizar” se refiere a aumentar la inmunogenicidad o antigenicidad de una construcción multiepitópica que tiene al menos un par de epítopes clasificando epítopes para minimizar la aparición de epítopes de unión, insertando residuos flanqueantes que flanquean el extremo C o extremo N de un epítope, e insertando residuos espaciadores para prevenir adicionalmente la aparición de epítopes de unión o para proporcionar un residuo de flanco. Un aumento en la inmunogenicidad o antigenicidad de una construcción multiepitópica optimizada se mide con respecto a una construcción multiepitópica que no se ha construido basándose en los parámetros de optimización y es usando ensayos conocidos para aquellos expertos en la materia, por ejemplo, evaluación de la inmunogenicidad en ratones transgénicos para HLA, ELISPOT, ensayos de liberación de interferón-gamma, tinción de tetrameros, ensayos de liberación de cromosoma y presentación sobre células dendríticas.

La invención objeto también se refiere a anticuerpos que se unen a polipéptidos de la invención. Se contemplan específicamente anticuerpos que son inmuno-específicos para los polipéptidos patógenos expuestos en el presente documento. En diversas realizaciones también se contemplan específicamente anticuerpos que no reaccionan de

forma cruzada con otras proteínas o proteínas palúdicas. Los anticuerpos de la invención objeto puede prepararse usando materiales y procedimientos convencionales conocidos en la técnica (véase, por ejemplo, Monoclonal Antibodies: Principles and Practice, 1983; Monoclonal Hybridoma Antibodies: Techniques and Applications, 1982; Selected Methods in Cellular Immunology, 1980; Immunological Methods, Vol. II, 1981; Practical Immunology, y Kohler y col., [1975] Nature 256:495).

El término “anticuerpo” se usa en el sentido más amplio y específicamente cubre anticuerpos monoclonales (incluyendo anticuerpos monoclonales de longitud completa), anticuerpos policlonales, anticuerpos multiespecíficos (por ejemplo, anticuerpos biespecíficos) y fragmentos de anticuerpos mientras que presenten la actividad biológica deseada, particularmente actividad neutralizante. Los “fragmentos de anticuerpos” comprenden una porción de un anticuerpo de longitud completa, generalmente la región de unión o variable del antígeno del mismo. Ejemplos de fragmentos de anticuerpos incluyen fragmentos Fab, Fab', F(ab')₂ y Fv; diacuerpos; anticuerpos lineales; moléculas de anticuerpo monocatenario; y anticuerpos multi-específicos formados a partir de fragmentos de anticuerpos.

El término “anticuerpo monoclonal”, como se usa en el presente documento, se refiere a un anticuerpo obtenido a partir de una población de anticuerpos sustancialmente homogénea, es decir, los anticuerpos individuales que comprenden la población son idénticos, excepto por posibles mutaciones que se producen naturalmente que pueden estar presentes en cantidades menores. Los anticuerpos monoclonales son altamente específicos, estando dirigidos contra un único sitio antigénico. Además, a diferencia de preparaciones de anticuerpos (policlonales) convencionales que normalmente incluyen diferentes anticuerpos dirigidos contra diferentes determinantes (epítopes), cada anticuerpo monoclonal está dirigido contra un único determinante sobre el antígeno. El modificador “monoclonal” indica el carácter del anticuerpo como se obtiene de una población sustancialmente homogénea de anticuerpos, y no debe interpretarse como que requiera la producción del anticuerpo por cualquier procedimiento particular. Por ejemplo, los anticuerpos monoclonales que van a usarse según la presente invención puede prepararse mediante el procedimiento de hibridoma descrito por primera vez por Kohler y col., [1975] Nature 256: 495, o pueden prepararse mediante procedimientos de ADN recombinante (véase, por ejemplo, la patente de EE.UU. n° 4.816.567). Los “anticuerpos monoclonales” también pueden aislarse de bibliotecas de anticuerpos de fagos usando, por ejemplo, las técnicas descritas en Clackson y col., [1991] Nature 352: 624-628 y Marks y col., [1991] J. Mol. Biol. 222: 581-597.

Los anticuerpos monoclonales descritos en el presente documento incluyen específicamente anticuerpos “quiméricos” (inmunoglobulinas) en los que una porción de la cadena pesada y/o ligera es idéntica a u homóloga a secuencias correspondientes en anticuerpos derivados de una especie particular o que pertenecen a una clase o subclase de anticuerpos particular, mientras que el resto de la(s) cadena(s) es (son) idéntica(s) a u homóloga(s) a secuencias correspondientes en anticuerpos derivados de otras especies o que pertenecen a otra clase o subclase de anticuerpo, además de fragmentos de tales anticuerpos, mientras que presenten la actividad biológica deseada (patente de EE.UU. n° 4.816.567; y Morrison y col., [1984] Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81: 6851-6855). También se incluyen anticuerpos humanizados, tales como aquellos enseñados en las patentes de EE.UU. n° 6.407.213 ó 6.417.337.

Fragmentos de anticuerpos “Fv monocatenario” o “sFv” comprenden los dominios V_H y V_L de un anticuerpo, en los que estos dominios están presentes en una cadena de polipéptido individual. Generalmente, el polipéptido Fv comprende además un ligador de polipéptidos entre los dominios V_H y V_L que permite que el sFv forme la estructura deseada para la unión a antígeno. Para una revisión de sFv véase Pluckthun en The Pharmacology of Monoclonal Antibodies [1994] Vol. 113:269-315, Rosenberg y Moore eds. Springer-Verlag, Nueva York.

El término “diacuerpos” se refiere a pequeños fragmentos de anticuerpos con dos sitios de unión al antígeno, fragmentos que comprenden un dominio variable de la cadena pesada (V_H) conectado a un dominio variable de la cadena ligera (V_L) en la misma cadena de polipéptidos (V_H-V_L). Los diacuerpos se describen más completamente en, por ejemplo, los documentos EP 404.097; WO 93/11161; y Hollinger y col., [1993] Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90: 6444-6448. El término “anticuerpos lineales” se refiere a los anticuerpos descritos en Zapata y col., [1995] Protein Eng. 8(10):1057-1062.

Un anticuerpo “aislado” es uno que se ha identificado y separado y/o recuperado de un componente de su entorno natural. Los componentes contaminantes de su entorno natural son materiales que interferirían con los usos de diagnóstico o terapéuticos para el anticuerpo, y pueden incluir enzimas, hormonas y otros solutos proteináceos o no proteináceos. En realizaciones preferidas, el anticuerpo se purificará (1) a más del 95 % en peso de anticuerpo como se ha determinado por el procedimiento de Lowry, y lo más preferentemente más del 99 % en peso, (2) a un grado suficiente para obtener al menos 15 residuos del extremo N o secuencia de aminoácidos interna por el uso de un secuenciador de taza giratoria, o (3) a homogeneidad por SDS-PAGE bajo condiciones reductoras o no reductoras usando azul de Coomassie o, preferentemente, tinción con plata. El anticuerpo aislado incluye el anticuerpo *in situ* dentro de células recombinantes ya que al menos un componente del entorno natural del anticuerpo no estará presente. Generalmente, sin embargo, el anticuerpo aislado se preparará por al menos una etapa de purificación.

Los términos “que comprende”, “que consiste en” y “que consiste esencialmente en” se definen según su significado convencional. Los términos pueden sustituirse entre sí durante toda la presente solicitud con el fin de conectar el significado específico asociado a cada término. Los términos “aislado” o “biológicamente puro” se refieren al material

que está sustancialmente o esencialmente libre de componentes que normalmente acompañan al material como se encuentra en su estado nativo. Así, péptidos aislados según la invención no contienen preferentemente materiales normalmente asociados a los péptidos en su entorno *in situ*. “Enlace” o “unión” se refiere a cualquier procedimiento conocido en la técnica para conectar funcionalmente péptidos, que incluye, sin limitación, fusión recombinante, enlace covalente, enlace disulfuro, enlace iónico, enlace de hidrógeno y enlace electrostático.

Lo siguiente son ejemplos que ilustran procedimientos para poner en práctica la invención. Estos ejemplos no deben interpretarse como limitantes. Todos los porcentajes son en peso y todas las proporciones de mezclas de disolventes son en volumen, a menos que se indique lo contrario.

En la presente divulgación, los resultados de los “datos de unión” se expresan frecuentemente en términos de “CI₅₀”. La CI₅₀ es la concentración de péptido en un ensayo de unión a la que se observa el 50 % de inhibición de la unión de un péptido de referencia. Dadas las condiciones en las que se realizan los ensayos (es decir, proteínas HLA y concentraciones de péptido marcado limitantes), estos valores se aproximan a valores de KD. Los ensayos para determinar la unión se describen en detalle, por ejemplo, en las publicaciones PCT WO 94/20127 y WO 94/03205. Debe observarse que los valores de CI₅₀ pueden cambiar, frecuentemente espectacularmente, si se varían las condiciones de ensayo, y dependiendo de los reactivos particulares usados (por ejemplo, preparación de HLA, etc.). Por ejemplo, concentraciones excesivas de moléculas de HLA aumentarán la CI₅₀ medida aparente de un ligando dado. Alternativamente, la unión se expresa con respecto a un péptido de referencia. Aunque a medida que un ensayo particular se vuelve más, o menos, sensible las CI₅₀ de los péptidos probados pueden cambiar algo, la unión con respecto al péptido de referencia no cambiará significativamente. Por ejemplo, en un ensayo realizado en condiciones de forma que la CI₅₀ del péptido de referencia aumente 10 veces, los valores de CI₅₀ de los péptidos de prueba también se desplazarán aproximadamente 10 veces. Por tanto, para evitar ambigüedades, la evaluación de si un péptido es un ligante bueno, intermedio, débil o negativo se basa generalmente en su CI₅₀, con respecto a la CI₅₀ de un péptido convencional. La unión también puede determinarse usando otros sistemas de ensayo que incluyen aquellos que usan: células vivas (por ejemplo, Ceppellini y col., Nature 339:392, 1989; Christnick y col., Nature 352:67, 1991; Busch y col., Int. Immunol. 2:443, 1990; Hill y col., J. Immunol. 147:189, 1991; del Guercio y col., J. Immunol. 154:685, 1995), sistemas libres de células usando lisados de detergente (por ejemplo, Cerundolo y col., J. Immunol. 21:2069, 1991), MHC purificado inmovilizado (por ejemplo, Hill y col., J. Immunol. 152, 2890, 1994; Marshall y col., J. Immunol. 152:4946, 1994), sistemas de ELISA (por ejemplo, Reay y col., EMBO J. 11:2829, 1992), resonancia de plasmones superficiales (por ejemplo, Khilko y col., J. Biol. Chem. 268:15425, 1993); ensayos de fase soluble de alto flujo (Hammer y col., J. Exp. Med. 180:2353, 1994) y medición de la estabilización del MHC de clase I o ensamblaje (por ejemplo, Ljunggren y col., Nature 346:476, 1990; Schumacher y col., Cell 62:563, 1990; Townsend y col., Cell 62:285, 1990; Parker y col., J. Immunol. 149:1896, 1992). Los valores predichos de CI₅₀ pueden denominarse valores de PIC y los valores medidos de CI₅₀ pueden denominarse valores de MIC.

Ejemplo 1

A partir de 27 marcos de lectura abiertos definidos por la tecnología multidimensional de identificación de proteínas se identificaron 9 proteínas altamente antigénicas. Estas proteínas altamente antigénicas fueron reconocidas por voluntarios inmunizados con esporozoítos irradiados; los individuos inmunizados con vector vacío (controles) dejaron de reconocer estas proteínas. Varias de estas nueve proteínas fueron más antigénicas que las proteínas previamente bien caracterizadas.

Para identificar y priorizar un conjunto de ORF que representan antígenos potencialmente expresados en el esporozoíto y la fase intrahepática del ciclo de vida del parásito, espectros de EM/EM de secuencias de péptidos generados por tecnología multidimensional de identificación de proteínas (MudPIT) (Washburn, M.P., Wolters, D., & Yates, J.R. 3rd. Large-scale analysis of the yeast proteome by multidimensional protein identification technology. Nat. Biotechnol. 19, 242-247 (2001)) de preparaciones de esporozoítos de *P. falciparum* se barrieron contra la base de datos de la secuencia genómica de *P. falciparum* usando el software SEQUEST™ (Florens, L. y col., A proteomic view of the *Plasmodium falciparum* life cycle. *Enviado*). Se seleccionó un panel de 27 ORF (10 expresados solo en esporozoítos y 17 comunes para las otras fases del ciclo de vida del parásito). Su tamaño osciló entre 96 - 4544 aminoácidos (media 1252), el porcentaje de la proteína cubierto por los péptidos identificados osciló entre el 0,5 - 49,5 % y la frecuencia de reconocimiento del conjunto de datos del proteoma de *P. falciparum* osciló entre coincidencias de 16 péptidos de 6 ejecuciones de esporozoítos diferentes (antígeno 2) con respecto a coincidencias de un solo péptido (antígenos 1, 11, 14, 16, 19 y 25). Cuando se buscó por comparación con la base de datos de *P. falciparum* final usando predicciones de modelos de genes refinadas, y teniendo en cuenta la información de secuencias genómicas de las bases de datos de *Anopheles* (vector) y humanas (huésped), 19 de los 27 antígenos pudieron identificarse usando criterios de selección rigurosos y otros seis pudieron identificarse solo con criterios relajados.

Las secuencias de aminoácidos de los 27 ORF se barrieron con algoritmos PIC de los supertipos HLA-A1, A2, A3/A11, A24 y DR; se identificaron un total de 3241 péptidos (intervalo = 14-435; media = 120 secuencias por antígeno). Se sintetizó un conjunto de 1142 secuencias (intervalo = 13-50; media = 42), seleccionando los 10 anotadores principales por supertipo por antígeno para ORF más grandes. Se sintetizaron conjuntos de control de péptidos de 4 antígenos conocidos (PfCSP, PfSSP2, PfLSA1 y PfEXP1). A continuación, los epítopes predichos se probaron para su capacidad para inducir respuestas inmunitarias de IFN- γ de llamada usando CMSP de voluntarios

inmunizados con esporozoítos de *P. falciparum* irradiados y tanto protegidos (n=4) como no protegidos (n=4) contra la exposición a esporozoítos infecciosos, o voluntarios de control inmunizados con vector vacío en paralelo (n=4) (véase la Tabla 1). Los péptidos se probaron como conjuntos, a 1 µg/ml cada péptido con cada antígeno representado por un conjunto separado, por ELISpot de IFN-γ (Washburn, M.P., Wolters, D., & Yates, J.R 3rd. Large-scale analysis of the yeast proteome by multidimensional protein identification technology. Nat. Biotechnol. 19, 242-247 (2001)). También se incluyeron los epítopes de control positivo y negativo de antígenos bien caracterizados (CMV, gripe, VEB, VIH).

Considerando un índice de estimulación (relación respuesta de prueba/control) > 2,0 como positivo, 19 de los 27 antígenos desconocidos fueron reconocidos por al menos 1 de los 8 voluntarios inmunizados con esporozoítos irradiados, pero no por cualquiera de los 4 controles inmunizados con vector vacío (Tabla 1). Nueve de los 27 antígenos (nº 2, 5, 3, 18, 22, 21, 13, 11, 20) fueron reconocidos por al menos el 50 % de los voluntarios con esporozoítos irradiados en al menos el 25 % de los ensayos, 3 antígenos (nº 1, 12, 17) fueron reconocidos por al menos el 25 % de los voluntarios en al menos el 15 % de los ensayos y 7 antígenos (nº 6, 7, 9, 14, 15, 16, 19) fueron reconocidos por al menos el 10 % de los voluntarios en al menos el 5 % de los ensayos. Ocho de los 27 antígenos desconocidos (nº 4, 8, 10, 23, 24, 25, 26, 27) dejaron de inducir respuestas de IFN-γ de magnitud suficiente para cumplir los criterios de positividad de los inventores. Los conjuntos de epítopes predichos de los antígenos conocidos, PfCSP, PfSSP2, PflSA1 y PfEXP1, también fueron reconocidos por voluntarios con esporozoítos irradiados, aunque la frecuencia de respuesta a aquellos conjuntos fue algo menor que a los conjuntos de péptidos que representan epítopes previamente validados derivados de los mismos antígenos (Doolan, D.L. y col., Degenerate cytotoxic T cell epitopes from *P. falciparum* restricted by multiple HLA-A and HLA-B supertype alleles. Immunity. 7, 97-112 (1997); Doolan, D.L. y col., HLA-DR-promiscuous T cell epitopes from *Plasmodium falciparum* pre-erythrocytic-stage antigens restricted by multiple HLA class II alleles. J Immunol. 165:1123-1137 (2000); Wang, R. y col., Induction of CD4(+) T cell-dependent CD8(+) type 1 responses in humans by a malaria DNA vaccine. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 98, 10817-10822 (2001)) (Tabla 1). Particularmente considerable, la reactividad contra varios de los antígenos recientemente identificados superó enormemente las reactividades observadas contra los 4 antígenos conocidos. Por ejemplo, tanto los antígenos 2 como 5 fueron reconocidos por 7/8 voluntarios con esporozoítos irradiados en 9/16 ensayos, y los antígenos 3 y 18 fueron reconocidos por 6/8 voluntarios con esporozoítos irradiados en 6/16 ensayos.

Los resultados muestran que los conjuntos de péptidos HLA-A2 de los antígenos 2, 5 y 13 y los conjuntos de péptidos HLA-A1 y HLA-DR de los antígenos 2 y 5 son reconocidos por voluntarios con esporozoítos irradiados que expresan los alelos de HLA respectivos, pero no por controles inmunizados con vector vacío. La deconvolución al nivel de epítopes individual está en progreso. Adicionalmente, se ha completado un completo análisis de unión de HLA contra los supertipos A1, A2, A3/11, A24 y DR1 para antígenos seleccionados. Se han identificado varios ligantes degenerados para cada combinación de supertipo/antígeno, y del 50 al 70 % de los péptidos predichos se han identificado como ligantes de HLA degenerados. El análisis posterior también reveló que los resultados de antigenicidad se correlacionaban a un gran grado con los datos proteómicos. Por ejemplo, de los 9 antígenos asociados a alta reactividad inmunitaria, 7 se identificaron por coincidencias de múltiples péptidos en múltiples ejecuciones de MudPIT.

Tabla 1. Resumen de reactividades inmunitarias contra el panel de 27 antígenos putativos y 4 antígenos conocidos.

Antígeno	INMUNIZADOS CON ESPOROZOÍTOS IRRADIADOS						INMUNIZADOS CON VECTOR VACÍO	
	nº de vol que responden	% de vol que responden	nº de ensayos	% de ensayos	Responden a SI	Responden a SFC	nº de vol que responden	nº de ensayos
1	3	37,5	3	18,75	2,5	59,3	0	0
2	8	100	9	56,25	2,9	110,4	0	0
3	6	75	6	37,5	2,6	119,1	0	0
4	0	-	-	-	-	-	0	0
5	7	87,5	9	56,25	2,8	101,8	0	0
6	1	12,5	1	6,25	2,4	88,3	0	0
7	1	12,5	1	6,25	2,1	43,3	0	0
8	0	-	-	-	-	-	0	0
9	2	25	2	12,5	2,5	32,0	0	0

ES 2 498 371 T3

Antígeno	INMUNIZADOS CON ESPOROZOÍTOS IRRADIADOS						INMUNIZADOS CON VECTOR VACÍO	
	nº de vol que responden	% de vol que responden	nº de ensayos	% de ensayos	Responden a SI	Responden a SFC	nº de vol que responden	nº de ensayos
10	0	-	-	-	-	-	0	0
11	4	50	4	25	3,1	81,3	0	0
12	3	37,5	3	18,75	2,2	48,2	0	0
13	4	50	5	31,25	2,9	92,2	0	0
14	1	12,5	1	6,25	2,2	55,3	0	0
15	2	25	2	12,5	2,5	28,8	0	0
16	2	25	2	12,5	2,2	27,2	0	0
17	3	37,5	3	18,75	2,4	57,6	0	0
18	6	75	6	37,5	2,2	58,4	0	0
19	2	25	2	12,5	2,7	31,3	0	0
20	4	50	4	25	2,5	74,8	0	0
21	4	50	5	31,25	2,3	48,2	0	0
22	5	62,5	5	31,25	2,9	108,4	0	0
23	0	-	-	-	-	-	0	0
24	0	-	-	-	-	-	0	0
25	0	-	-	-	-	-	0	0
26	0	-	-	-	-	-	0	0
27	0	-	-	-	-	-	0	0
DESCONOCIDOS TOTALES	1-8	44,7	3,8	24,0	2,5	66,6		
“ALTO”	4-8	66,7	5,9	36,8	2,7	88,3		
“INTERMEDIO”	3	37,5	3,0	18,8	2,4	55,0		
“BAJO”	1-2	19,6	1,6	9,8	2,4	43,8		
Intervalo	1-8	112,5-100	1-9	6,25-56,25	2,1-3,1	27,2-110,4		
Intervalo predicho de CONOCIDOS (a 1 ug/ml)	1,4 1-3	17,2 12,5-37,5	1,4 1-3	8,6 6,25-18,75	2,9 2,0-3,4	57,3 30,5-137,4		
Intervalo validado de CONOCIDOS (a 1 ug/ml)	4,0 3-5	50,0 37,5-62,5	3,8 3-6	23,4 18,75-37,5	3,5 3,5-3,6	64,0 46,6-91,4		
Intervalo de CONOCIDOS TOTALES (a 1 ug/ml)	2,3 1-5	28,1 12,5-62,5	2,2 1-6	13,5 6,25-37,5	3,2 2,0-3,6	60,0 30,5-137,4		

ES 2 498 371 T3

Antígeno	INMUNIZADOS CON ESPOROZOÍTOS IRRADIADOS						INMUNIZADOS CON VECTOR VACÍO	
	nº de vol que responden	% de vol que responden	nº de ensayos	% de ensayos	Responden a SI	Responden a SFC	nº de vol que responden	nº de ensayos
CONOCIDOS TOTALES (a 10 ug/ml)	4-8	81,3	7,8	60,9	11,1	588,2		
CMV/VEB/Gripe	7	87,5	12,0	50,0	4,0	59,0	4	100

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
331.t00003	Cromosoma 10		216	98,0038	KTNKWEDIY	9	15,962	1000000,0	1475,7	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10		790	98,0039	KSIYIFYTY	9	10,624	1000000,0	34,6	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10		986	98,0040	GTFTFQNMV	9	6,439	1000000,0	51,0	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10		1298	98,0041	CNDGNILYY	9	5,246	1000000,0	1000000,0	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10		1379	98,0042	YFECIMKLY	9	8,786	1000000,0	39035,2	242,6
331.t00003	Cromosoma 10		1389	98,0043	VYEGKLLKY	9	18,802	1000000,0	1000000,0	1753,1
331.t00003	Cromosoma 10		1650	98,0001	VVDLFCGVGY	10	9,498	1000000,0	153,7	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10		1770	98,0044	FSSINTYDY	9	4,161	1000000,0	4680,1	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10		1803	98,0045	VSNVEDSNY	9	18,299	1000000,0	11308,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10		1831	98,0046	NSNYNKKLY	9	19,200	1000000,0	4533,0	1000000,0
18.000811	Crom 12 Cántigo 18		182	98,0047	KVSDEIWNY	9	6,117	1000000,0	40,5	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			92	98,0048	ISGEGLIY	9	4,901	1000000,0	2464,4	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			215	98,0002	FVEDSSSFLY	10	8,740	1000000,0	445,2	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			384	98,0049	DSDSSNVLY	9	7,960	1000000,0	22156,1	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			561	98,0050	SQDVFIIEY	9	6,978	1000000,0	117,2	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			1028	98,0051	NSMFHIIMY	9	4,429	1000000,0	243,3	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			1093	98,0052	SSYNLFEEY	9	6,022	1000000,0	82,2	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			1258	98,0053	SSGKTFICY	9	2,145	1000000,0	264,3	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			1340	98,0054	ILENILLSY	9	3,307	1000000,0	8368,7	1000000,0
MY924Fc3.p1t1			1439	98,0055	FSDLILYVY	9	2,218	1000000,0	4308,8	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	N° de acceso	Posición	N° de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
MY924Fc3.p1t1										
MP03001	MAL3P2.11	CAB38998	2318	98,0056	HIENILLYK	9	2,560	1000000,0	10911,0	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	CAB38998	14	98,0057	FVEALFQEY	9	1,370	1000000,0	698,4	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	CAB38998	310	98,0058	PSDKHIKEY	9	18,149	1000000,0	150075,4	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11		38	98,0059	IMNHLMTLY	9	9,966	1000000,0	224,2	1019,1
1369.t00001	Cromosoma 11		149	98,0060	LIENELMNY	9	18,117	1000000,0	15763,1	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11		182	98,0061	NVDQQNDMY	9	6,934	1000000,0	6419,6	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11		309	98,0062	SSFFMNRFY	9	17,546	1000000,0	48,4	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11		342	98,0063	NHEQKLSEY	9	16,912	1000000,0	1000000,0	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11		347	98,0003	LSEYYDXDIY	10	18,838	1000000,0	3608,2	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11		363	98,0064	QEEQKYYIY	9	19,642	1000000,0	1000000,0	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		313	98,0065	DSQNELTNY	9	19,647	1000000,0	97274,6	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		441	98,0004	FSFFFSLIDY	10	1,491	1000000,0	319,3	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		480	98,0066	CHEMKAIFY	9	15,998	1000000,0	1000000,0	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		548	98,0067	MFSSIFYNY	9	6,908	1000000,0	1357,8	2826,7
699.t00001	Cromosoma 11		749	98,0068	NSLILLNLY	9	11,791	1000000,0	4626,8	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		859	98,0069	YIDNDINIY	9	12,867	1000000,0	52350,4	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		919	98,0070	EEDKTYELY	9	13,159	1000000,0	1000000,0	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		922	98,0071	KTYELYQKY	9	7,495	1000000,0	22,4	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		1013	98,0072	CTHISYYKY	9	14,092	1000000,0	406,1	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11		1046	98,0005	FVDEEGEQLY	10	6,559	1000000,0	5771,7	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
M13Hg2.q1t3			8	98,0073	NSLYNKIEY	9	19,553	1000000,0	3889,9	1000000,0
M13Hg2.q1t3			46	98,0006	YSSASESNFY	10	12,363	1000000,0	5058,0	1000000,0
M13Hg2.q1t3			49	98,0074	ASESNFYKY	9	1,848	1000000,0	630,5	1000000,0
M13Hg2.q1t3			196	98,0075	ASGKLFSLY	9	2,466	1000000,0	266,9	1000000,0
M13Hg2.q1t3			237	98,0076	GSNKVSVDWY	9	16,782	1000000,0	1646,1	1000000,0
M13Hg2.q1t3			511	98,0007	FQDNYLKLDY	10	7,493	1000000,0	19742,1	1000000,0
M13Hg2.q1t3			597	98,0008	FFDYNSQYYY	10	19,854	1000000,0	2749,2	1043,1
M13Hg2.q1t3			597	98,0077	FFDYNSQYY	9	11,735	1000000,0	3766,2	160,3
M13Hg2.q1t3			699	98,0078	MLEQKLSNY	9	1,204	1000000,0	13925,8	1000000,0
M13Hg2.q1t3			882	98,0079	NSFNNSNIY	9	16,821	1000000,0	3231,6	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			8	98,0080	CSSTKDLNY	9	2,097	1000000,0	16168,9	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			263	98,0081	YDDDKYNY	9	7,997	1000000,0	98918,2	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			638	98,0082	GTYGNMENEY	9	2,825	1000000,0	209,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			690	98,0083	FTYYSCKNY	9	6,979	1000000,0	257,7	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			1022	98,0084	YDERNTLVY	9	5,181	1000000,0	47876,1	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			1387	98,0085	STDDSKNVY	9	4,783	1000000,0	2220,4	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			1451	98,0086	FSSDNKNLY	9	2,622	1000000,0	56737,7	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			1508	98,0009	YLDNELTINY	10	6,162	1000000,0	7177,6	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			1709	98,0087	STTSLNYHY	9	7,670	1000000,0	19,1	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6			1907	98,0088	GLDLKMTLY	9	2,747	1000000,0	5170,0	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
571.t00003	Cromosoma 11		1044	98,0010	YTFQNNDFY	10	2,179	1000000,0	93,5	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		1080	98,0089	HTNKNKTSIY	9	4,189	1000000,0	1677,3	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		1710	98,0090	FVDPNKYIY	9	2,171	1000000,0	6898,3	1000000,0
371.t00003	Cromosoma 11		1827	98,0011	NVEAYHNDNY	10	5,835	1000000,0	1804,6	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		1858	98,0091	YSNNSHAEY	9	7,282	1000000,0	662,3	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		1905	98,0092	LTNSSYIY	9	7,415	1000000,0	186,2	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		2211	98,0093	SSSIYNQNY	9	6,330	1000000,0	318,5	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		2476	98,0094	GSYGTFLKY	9	1,127	1000000,0	151,7	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		2532	99,0095	DIDKTVLHY	9	4,678	1000000,0	10960,5	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11		2571	98,0012	FNDTQKKGTY	10	7,668	1000000,0	1000000,0	1000000,0
MP03072	PFC0450w	CAA15614	95	98,0013	LSASDEYEYQY	10	14,664	1000000,0	11938,7	1000000,0
MP03072	PFC0450w	CAA15614	96	98,0096	SASDEYEYQY	9	16,603	1000000,0	163,8	1000000,0
43.t00001	Cromosoma 14		13	98,0014	FQAAESNERY	10	13,667	1000000,0	5804,6	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14		14	98,0097	QAAESNERY	9	7,537	1000000,0	4581,2	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14		81	98,0015	ELEASISGKY	10	17,550	1000000,0	30954,5	1000000,0
43.t00001	Cromosoma 14		82	98,0098	LEASISGKY	9	18,208	1000000,0	1000000,0	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14		188	98,0099	NLALLYGEY	9	12,836	1000000,0	4104,6	1000000,0
MP03137	PFC0700c	CAB11150	14	98,0100	SSPLFNNFY	9	20,002	1000000,0	464,0	1000000,0
MP03137	PFC0700c	CAB11150	69	98,0101	LNEQLIYTY	9	10,436	1000000,0	1000000,0	1000000,0
MP03137	PFC0700c	CAB11150	145	98,0102	QNADKNFLY	9	10,234	1000000,0	1000000,0	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
MP03137	PFC0700c	CAB11150	255	98,0016	FVSSIFISFY	10	10,460	1000000,0	44,6	1000000,0
MP03137	PFC0700c	CAB11150	256	98,0103	VSSIFISFY	9	15,732	1000000,0	544,5	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		112	98,0104	YSYVEPLRY	9	4,229	1000000,0	560,9	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		250	98,0017	KSNNIIPLLY	10	8,533	1000000,0	967,3	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		467	98,0105	SSSDEENLY	9	8,006	1000000,0	2243,6	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		468	98,0106	SSDEENLYY	9	6,105	1000000,0	64,6	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		607	98,0107	KSNMNNLY	9	6,927	1000000,0	923,1	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		626	98,0108	FYDKRFIFY	9	4,639	1000000,0	1000000,0	18,3
12.t00018	Cromosoma 14		696	98,0018	NVEKNFLLYY	10	7,724	1000000,0	328,7	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		696	98,0109	NVEKNFLLY	9	0,789	1000000,0	1330,7	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14		949	98,0110	KMDSFLNVY	9	6,016	1000000,0	1384,3	151,9
12.t00018	Cromosoma 14		1042	98,0111	NSLIEFLFY	9	9,105	1000000,0	774,9	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1			80	98,0112	ATYKNGNIY	9	3,423	1000000,0	290,6	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2			226	98,0113	DEEKIFVKY	9	18,436	1000000,0	1000000,0	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			86	98,0114	HTSNDSGSY	9	7,801	1000000,0	10632,6	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			136	98,0019	FSFTVGEGKY	10	4,464	1000000,0	4191,1	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			186	98,0115	ETNNNLFIY	9	3,940	1000000,0	574,3	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			319	98,0116	HVSKHAFEY	9	3,473	1000000,0	286,4	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			387	98,0117	MSGYSSNNY	9	4,983	1000000,0	1178,7	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			460	98,0118	FMESAFVNY	9	2,609	1000000,0	3568,1	1208,1

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
mal_BL50c8.p1ca_5			650	98,0119	RSPCSHKLY	9	6,243	1000000,0	805,6	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			679	98,0020	FTGENNIERY	10	13,909	1000000,0	1908,1	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			777	98,0120	NMLMLKADY	9	15,648	1000000,0	6774,7	1000000,0
mal_BL50c8.p1ca_5			880	98,0121	VSSKPANEY	9	15,176	1000000,0	3405,9	1000000,0
M13S8h6.p1t_3_3			57	98,0122	ITYSFTVSY	9	10,960	1000000,0	25,1	1000000,0
M13S8h6.p1t_3			233	98,0123	LVETLDNLY	9	3,907	1000000,0	24044,7	1000000,0
M13S8h6.p1t_3			235	98,0124	ETLDNLYLY	9	2,901	1000000,0	801,6	1000000,0
M13S8h6.p1t_3			295	98,0125	LSAKYYISY	9	4,669	1000000,0	635,7	1000000,0
M13S8h6.p1t_3			551	98,0126	HSDIHLNLY	9	1,423	1000000,0	5008,9	1000000,0
M13S8h6.p1t_3_3			676	98,0021	FTSPVNIKEY	10	10,972	1000000,0	1911,2	1000000,0
M13S8h6.p1t_3			746	98,0127	YSSYSSPKY	9	5,286	1000000,0	6184,9	1000000,0
M13S8h6.p1t_3			898	98,0128	GMERNKTKY	9	7,244	1000000,0	88038,7	24764,5
M13S8h6.p1t_3			1268	98,0129	YSNIDSGKY	9	11,517	1000000,0	14325,6	1000000,0
M13S8h6.p1t_3			1488	98,0130	LIDLSCIHY	9	3,960	1000000,0	1722,8	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		297	98,0131	CSDSSLNIY	9	2,643	1000000,0	44436,7	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		381	98,0132	VSFDDNENY	9	7,080	1000000,0	824,4	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		465	98,0022	YTDIIIRY	10	1,851	1000000,0	1716,6	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		575	98,0023	LSNIRKPLFY	10	5,132	1000000,0	3669,8	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		741	98,0133	NVDANYCKY	9	3,822	1000000,0	813,1	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		1021	98,0134	CVEKNNMSY	9	6,497	1000000,0	33246,6	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
585.t00002	Cromosoma 11		1161	98,0135	SSDGKKSEY	9	5,530	1000000,0	8369,5	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		1219	98,0136	RSNNFFFSY	9	6,117	1000000,0	11,9	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		1361	98,0024	FTMVYEKIKY	10	2,669	1000000,0	726,8	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11		1739	98,0137	NVDIFLHY	9	3,691	1000000,0	42,6	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		387	98,0138	SSNEIHNFY	9	7,488	1000000,0	19,5	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		1065	98,0139	GTKLNRTKY	9	6,438	1000000,0	9805,4	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		1583	98,0025	ATVSRAGIVY	10	9,716	1000000,0	351,9	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		1833	98,0140	YTLSSGTKY	9	4,847	1000000,0	1878,1	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		2309	98,0141	VSEKEQQLY	9	6,585	1000000,0	56024,7	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		2426	98,0142	VWDFERLRY	9	3,185	1000000,0	457,2	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		2778	98,0143	FIDLYKQMY	9	5,792	1000000,0	14889,5	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		3445	98,0144	IVDITNVNY	9	6,389	1000000,0	1065,1	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		4163	98,0145	LEDVKKILY	9	9,183	1000000,0	1000000,0	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		4267	98,0146	SLDIPDIAY	9	9,566	1000000,0	1095,4	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		26	98,0147	SSCQNSLNY	9	1,030	1000000,0	86,7	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		183	98,0148	KSDITNLNY	9	4,923	1000000,0	947,1	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		304	98,0149	ETNNGDLKY	9	6,392	1000000,0	6561,2	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		430	99,0150	LSEDNKNRY	9	7,171	1000000,0	178412,8	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		1018	98,0026	LLDLRKNGLY	10	3,696	1000000,0	12286,3	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		1412	98,0027	GVDKSLKIMY	10	8,185	1000000,0	3010,4	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
599.t00001	Cromosoma 11		1427	98,0151	YTPTNKEMY	9	6,553	1000000,0	73406,9	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		1516	98,0028	ESANDSTNYY	10	6,672	1000000,0	2007,1	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		1662	98,0152	LSNSITVSY	9	9,278	1000000,0	771,6	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11		1902	98,0153	GTTQSNNIY	9	3,444	1000000,0	4003,2	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		27	98,0154	SDDEIIIIY	9	11,359	1000000,0	1265,6	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		41	98,0155	ISSNGKLNLY	9	6,926	1000000,0	2877,4	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		60	98,0156	GSIQNAYLY	9	2,697	1000000,0	389,5	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		381	99,0157	GTMRNRRKKY	9	1,998	1000000,0	249,1	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		707	98,0158	KSKLLKYNLY	9	15,958	1000000,0	419,1	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		725	98,0159	NVEDTNMLY	9	9,314	1000000,0	3255,4	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1065	98,0029	NTDNKDVLY	10	6,923	1000000,0	6127,0	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1253	98,0160	HTITISQKY	9	3,528	1000000,0	4947,2	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1257	98,0161	ISQKYTSSY	9	13,157	1000000,0	5019,1	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1336	98,0030	KTFHRILAVY	10	13,836	1000000,0	85,1	1000000,0
PIR2	T28161		228	98,0162	KTNGAEERY	9	8,691	1000000,0	326,3	1000000,0
PIR2	T28161		293	99,0163	GTVPTNLDY	9	3,979	1000000,0	793,4	1000000,0
PIR2	T28161		403	98,0031	ESSQNSPKNY	10	8,536	1000000,0	24883,8	1000000,0
PIR2	T28161		639	98,0032	QTDFFQGWGHY	10	2,601	1000000,0	1349,4	1000000,0
PIR2	T28161		899	98,0164	EADFIKKMY	9	9,348	1000000,0	113941,0	1000000,0
PIR2	T28161		917	98,0165	ATICRAMKY	9	5,412	1000000,0	112,4	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
PIR2	T28161		1192	98,0033	KTDEQYNENY	10	5,386	1000000,0	1911,8	1000000,0
PIR2	T28161		1201	98,0034	YTFKNPPPPQY	10	8,064	1000000,0	918,8	1000000,0
PIR2	T28161		1884	98,0166	WLEYFLDDY	9	8,602	1000000,0	35096,0	1000000,0
PIR2	T28161		2221	98,0167	ITSSSESEY	9	9,299	1000000,0	1168,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		45	98,0168	YVDIGSNIY	9	3,352	1000000,0	18704,2	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		457	98,0169	DTCKNIWNY	9	3,842	1000000,0	878,3	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		563	98,0170	LSQGKKNITY	9	10,561	1000000,0	40514,9	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		928	98,0171	NIDCVISPY	9	8,449	1000000,0	3464,1	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		953	98,0172	NMDNLLFTY	9	5,144	1000000,0	413,3	6464,5
55.t00004	Cromosoma 14		1105	98,0035	FVDHNYNYNY	10	6,601	1000000,0	687,9	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		1261	98,0173	HSKENQKQY	9	3,798	1000000,0	41445,3	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		1339	98,0174	VSEGYTSTY	9	7,735	1000000,0	4760,1	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14		1358	98,0175	FMQSQNGMY	9	8,455	1000000,0	21913,6	2720,6
55.t00004	Cromosoma 14		1537	98,0036	NSYNDLINY	10	12,536	1000000,0	1846,9	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14		27	98,0176	STGINEENY	9	6,590	1000000,0	838,9	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14		44	98,0177	MNETVFLDY	9	5,456	1000000,0	1000000,0	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14		77	98,0178	LTSKVVDI'Y	9	6,496	1000000,0	616,6	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14		10	98,0179	KHDALTYMY	9	23,541	1000000,0	1000000,0	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14		14	98,0180	LYMYCVVY	9	10,044	1000000,0	20,3	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		201	98,0181	NIDINDLGY	9	10,069	1000000,0	23874,2	1000000,0

Tabla 2:

Péptidos del supertipo A1 derivados de Pf con PIC <20nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
674.t00001	Cromosoma 11		260	98,0182	ISSNQFNYY	9	6,099	1000000,0	1000000,0	2575,9	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		400	98,0183	DIEPLISSY	9	14,646	1000000,0	1000000,0	183727,1	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		453	98,0037	VTNDSINNY	10	17,920	1000000,0	1000000,0	1310,7	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		772	98,0184	ESGKNMEHY	9	8,198	1000000,0	1000000,0	75390,5	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		868	98,0185	LKDFDMLLY	9	12,047	1000000,0	1000000,0	1000000,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		936	98,0186	YIDVEDDDY	9	13,870	1000000,0	1000000,0	377275,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		1001	98,0187	DMDDNYLY	9	3,056	1000000,0	1000000,0	2478,6	45380,9
674.t00001	Cromosoma 11		1224	98,0188	YGDNNKDCY	9	19,772	1000000,0	1000000,0	368191,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11		1239	98,0189	IYDFNNSY	9	17,735	1000000,0	1000000,0	1000000,0	365,4

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	PIC				
						AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
331.t00003	Cromosoma 10		10	98,0206	FYKKKRNVL	9	67134,0	1000000,0	1000000,0	1,708
331.t00003	Cromosoma 10		110	98,0207	VYEINKNEF	9	84,1	1000000,0	1000000,0	2,011
331.t00003	Cromosoma 10		604	98,0208	FFVWGHDMF	9	221,0	1000000,0	1000000,0	3,642
331.t00003	Cromosoma 10		684	98,0209	VYNIKENFW	9	123239,4	1000000,0	1000000,0	2,687
331.t00001	Cromosoma 10		1108	98,0210	KYNLCHNML	9	147073,6	1000000,0	1000000,0	0,324
331.t00003	Cromosoma 10		1268	98,0211	FYVPIKKKL	9	172677,3	1000000,0	1000000,0	2,705
331.t00003	Cromosoma 10		1365	98,0212	KYEIIGNIL	9	89209,4	1000000,0	1000000,0	1,961
331.t00003	Cromosoma 10		1449	98,0213	FWLAIKDIF	9	173,9	1000000,0	1000000,0	1,093
331.t00003	Cromosoma 10		1515	98,0214	LYRRRKNLF	9	113,5	1000000,0	1000000,0	1,220
331.t00003	Cromosoma 10		1704	98,0215	IYIKQNSF	9	111,6	1000000,0	1000000,0	0,256
18.000811	Chr12Contig18		5	98,0190	LFVCLIFHF	10	672,3	1000000,0	1000000,0	19,783
18.000811	Chr12Contig18		8	98,0191	CFLIFHFFLF	10	1385,7	1000000,0	1000000,0	18,444
18.000811	Chr12Contig18		8	98,0216	CFUFHFFL	9	106491,6	1000000,0	1000000,0	0,321
18.000811	Chr12Contig18		11	98,0217	IFHFFLL	9	33306,2	1000000,0	1000000,0	38,527
18.000811	Crom12 Cónfigo18		13	98,0192	HFFLLLYIL	10	1000000,0	1000000,0	1000000,0	35,659
18.000811	Crom12 Cónfigo18		13	98,0218	HFFLLLYI	9	24845,8	1000000,0	1000000,0	26,159
18.000811	Crom12 Cónfigo18		14	98,0219	FFLLLYIL	9	62569,1	1000000,0	1000000,0	32,471
18.000811	Crom12 Cónfigo18		19	98,0220	LYILFLVKM	9	90645,8	1000000,0	1000000,0	63,051
18.000811	Crom12 Cónfigo18		41	98,0221	VFLVFSNVL	9	178682,3	1000000,0	1000000,0	5,555

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
18.000811	Crom12 C3ntigo18		160	98,0222	TYGIIVPVL	9	123562,9	1000000,0	1000000,0	3,015
MY924Fe3.p1t1			153	98,0223	FFNVFNIF	9	45,6	1000000,0	1000000,0	0,470
MY924Fe3.p1t1			1412	98,0224	FYSWLQNVL	9	83170,3	1000000,0	1000000,0	2,428
MY924Fe3.p1t1			1435	98,0225	FYERFSDLI	9	46149,1	1000000,0	1000000,0	0,625
MY924Fe3.p1t1			1534	98,0226	VYLIQNNYI	9	615175,4	1000000,0	1000000,0	0,632
MY924Fe3.p1t1			1557	98,0227	NYMKNSFYI	9	24802,7	1000000,0	1000000,0	2,200
MY924Fe3.p1t1			1800	98,0228	VYCNVYVEI	9	160654,7	1000000,0	1000000,0	3,071
MY924Fe3.p1t1			1839	98,0229	HYEVLPHYKF	9	14,6	1000000,0	1000000,0	2,621
MY924Fe3.p1t1			1846	98,0230	KFTIIVESL	9	181796,5	1000000,0	1000000,0	1,946
MY924Fe3.p1t1			2159	98,0231	FMTRAHFHI	9	9020,6	52,2	1000000,0	1,435
MY924Fe3.p1t1			2380	98,0232	FYKSKVIII	9	53263,7	1000000,0	1000000,0	0,928
MP03001	MAL3P2.11	CAB38998	11	98,0233	SFLFVEALF	9	80,3	1000000,0	1000000,0	53,045
MP03001	MAL3P2.11	CAB38998	54	98,0234	YYGKQENWY	9	73,1	1000000,0	1000000,0	49,750
MP03001	MAL3P2.11	CAB38998	369	98,0235	KMEKCSSVF	9	34,0	1000000,0	1000000,0	39,989
MP03001	MAL3P2.11	CAB38998	376	98,0236	VFNVNSSI	9	231723,3	1000000,0	1000000,0	82,506
1369.t00001	Cromosoma 11		34	98,0237	NYMKIMNHL	9	37582,2	1000000,0	1000000,0	4,875
1369.t00001	Cromosoma 11		225	98,0193	SYKSSKRDKF	10	1632,7	1000000,0	1000000,0	46,746
1369.t00001	Cromosoma 11		264	98,0238	TYKKKNNHI	9	90904,7	1000000,0	1000000,0	12,042
1369.t00001	Cromosoma 11		277	98,0239	VYYNILIVL	9	59837,4	1000000,0	1000000,0	11,637
1369.t00001	Cromosoma 11		285	98,0240	LYLFLNQHI	9	56431,2	1000000,0	1000000,0	5,598

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
1369.t00001	Cromosoma 11		310	98,0241	SFFMNRFYI	9	56480,3	1000000,0	1000000,0	80,940
1369.t00001	Cromosoma 11		316	98,0242	FYITTRYKY	9	45,2	1000000,0	1000000,0	3,968
1369.t00001	Cromosoma 11		328	98,0243	KYINFINFI	9	289163,4	1000000,0	1000000,0	0,095
1369.t00001	Cromosoma 11		331	98,0244	NFINFIKVL	9	610070,5	1000000,0	1000000,0	37,188
1369.t00001	Cromosoma 11		380	98,0245	KYEALIKLL	9	105887,8	1000000,0	1000000,0	9,605
699.t00001	Cromosoma 11		443	98,0246	FFFSLIDYF	9	118,9	1000000,0	1000000,0	1,331
699.t00001	Cromosoma 11		460	98,0247	KYNIKVCCEL	9	98354,1	1000000,0	1000000,0	0,429
699.t00001	Cromosoma 11		487	98,0248	FYLYISFLL	9	34312,8	1000000,0	1000000,0	0,417
699.t00001	Cromosoma 11		664	98,0249	FYTNNANLL	9	42910,8	1000000,0	1000000,0	0,639
699.t00001	Cromosoma 11		766	98,0250	EYNPSFFYL	9	22929,4	1000000,0	1000000,0	1,772
699.t00001	Cromosoma 11		845	98,0251	SFIIFKNIF	9	249,9	1000000,0	1000000,0	3,449
699.t00001	Cromosoma 11		881	98,0252	LYMNFLEKI	9	34148,2	1000000,0	1000000,0	4,363
699.t00001	Cromosoma 11		929	98,0253	KYLIIILLYI	9	93640,1	1000000,0	1000000,0	1,034
699.t00001	Cromosoma 11		1020	98,0254	KYIYIYIYI	9	215740,5	1000000,0	1000000,0	0,296
699.t00001	Cromosoma 11		1024	98,0255	IYIYIFYL	9	52331,1	1000000,0	1000000,0	2,300
M13Hg2.q1t3			135	98,0256	IYINKLSFF	9	67,4	1000000,0	1000000,0	3,329
M13Hg2.q1t3			142	98,0257	FFSIKDELF	9	27,2	1000000,0	1000000,0	14,276
M13Hg2.q1t3			156	98,0258	EFLKNNSYF	9	164,9	1000000,0	1000000,0	20,204
M13Hg2.q1t3			163	98,0259	YFNIIQQKI	9	45274,1	1000000,0	1000000,0	13,888
M13Hg2.q1t3			244	98,0260	WYCSACNFL	9	56993,5	1000000,0	1000000,0	7,339

ES 2 498 371 T3

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
M13Hg2.q1t3			296	98,0261	LYLINKNL	9	150801,1	1000000,0	1000000,0	28,854
M13Hg2.q1t3			345	98,0262	TYKDANNI	9	71978,1	1000000,0	1000000,0	29,035
M13Hg2.q1t3			521	98,0263	VYEKEQYF	9	103,6	1000000,0	1000000,0	3,963
M13Hg2.q1t3			553	98,0194	PYFNFFVNYF	10	185,8	1000000,0	1000000,0	33,503
M13Hg2-q1t3			889	98,0264	IYNNNEHI	9	77962,6	1000000,0	1000000,0	24,919
Mal_5L10c4.q1t6			78	98,0265	EYNKYNEYF	9	90,4	1000000,0	1000000,0	3,130
Mal_5L10c4.q1t6			137	98,0266	NYVNNNVF	9	220,5	1000000,0	1000000,0	3,441
Mal_5L10c4.q1t6			321	98,0267	KYPIKYCEL	9	183114,8	1000000,0	1000000,0	0,364
Mal_5L10c4.q1t6			416	98,0268	AYHDLKLF	9	66,8	1000000,0	1000000,0	4,671
Mal_5L10c4.q1t6			533	98,0269	KYISSVNYF	9	194,8	1000000,0	1000000,0	0,018
Mal_3L10c4.q1t6			773	98,0270	KYDWWFNSF	9	34,0	1000000,0	1000000,0	0,374
Mal_5L10c4.q1t6			1183	98,0271	HYVIKYYI	9	133499,1	1000000,0	1000000,0	1,507
Mal_5L10c4.q1t6			1259	98,0272	LYLHIKLF	9	72,0	1000000,0	1000000,0	0,343
Mal_5L10c4.q1t6			1323	98,0273	YYRTNYGYI	9	165642,6	1000000,0	1000000,0	4,072
Mal_5L10c4.q1t6			2054	98,0274	KYLRYHSQL	9	421667,1	1000000,0	1000000,0	0,655
571.t00003	Cromosoma 11		74	98,0275	FYIDKCIHF	9	23,2	1000000,0	1000000,0	0,120
571.t00003	Cromosoma 11		162	98,0276	FVTNYYQSF	9	48,3	1000000,0	1000000,0	0,186
571.t00003	Cromosoma 11		177	98,0277	PYINQTNIF	9	228,9	1000000,0	1000000,0	0,527
571.t00003	Cromosoma 11		807	98,0278	NYPNNANHI	9	176667,0	1000000,0	1000000,0	3,103
571.t00003	Cromosoma 11		834	98,0279	TYNNFHNSY	9	52,4	1000000,0	1000000,0	0,776

ES 2 498 371 T3

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
571.t00003	Cromosoma 11		1917	98,0280	YMNNTYSF	9	7,7	1000000,0	1000000,0	2,132
571.t00003	Cromosoma 11		2026	98,0281	KYTEGATNF	9	74,8	1000000,0	1000000,0	1,964
571.t00003	Cromosoma 11		2450	98,0282	FYISIIDII	9	150563,0	1000000,0	1000000,0	1,632
571.t00003	Cromosoma 11		2540	98,0283	YYKEHISEF	9	96,3	1000000,0	1000000,0	3,143
571.t00003	Cromosoma 11		2914	98,0284	YYNRANNEI	9	46291,4	1000000,0	1000000,0	3,342
MP03072	PFC0450w	CAA15614	17	98,0285	AFLITFLM	9	37258,4	1000000,0	1000000,0	17,525
MP03072	PFC0450w	CAA15614	53	98,0195	LYVIFLVLLF	10	174,0	1000000,0	1000000,0	16,581
MP03072	PFC0450w	CAA15614	53	98,0286	LYVIFLVLL	9	107336,6	1000000,0	1000000,0	5,089
MP03072	PFC0450w	CAA 15614	86	98,0287	KYVQLASTY	9	63,1	1000000,0	1000000,0	70,547
45.t00001	Cromosoma 14		21	98,0196	RYQDPQNYEL	10	1000000,0	1000000,0	1000000,0	46,471
45.t00001	Cromosoma 14		40	98,0288	IYFDGNSW	9	97026,0	1000000,0	1000000,0	15,493
45.t00001	Cromosoma 14		94	98,0289	VYRHCEYIL	9	560574,8	1000000,0	1000000,0	27,538
45.t00001	Cromosoma 14		135	98,0290	TWKPTIFLL	9	34068,5	1000000,0	1000000,0	26,741
45.t00001	Cromosoma 14		168	98,0291	SYKVNCINF	9	25,3	1000000,0	1000000,0	63,592
45.t00001	Cromosoma 14		216	98,0292	KYNYFIHFF	9	39,1	1000000,0	1000000,0	0,380
45.t00001	Cromosoma 14		218	98,0293	NYFIHFTW	9	95820,5	1000000,0	1000000,0	2,156
45.t00001	Cromosoma 14		222	98,0294	HFFWTGTMF	9	17,4	1000000,0	1000000,0	6,418
45.t00001	Cromosoma 14		229	98,0295	MFVPKYFEL	9	57423,3	1000000,0	1000000,0	28,589
45.t00001	Cromosoma 14		295	98,0296	YTIIQDQL	9	334935,0	1000000,0	1000000,0	9,774
MP03137	PFC0700c	CAB11150	3	98,0197	DFFLKSKFNI	10	1000000,0	1000000,0	1000000,0	79,527

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	PIC				
						AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
MP03137	PFC0700c	CAB11150	4	98,0297	FFLKSKFNI	9	80470,7	1000000,0	1000000,0	10,043
MP03137	PFC0700c	CAB11150	9	98,0298	KFNILSSPL	9	275819,0	1000000,0	1000000,0	48,661
MP03137	PFC0700c	CAB11150	61	98,0299	RMTSLKNEL	9	45471,5	1089,6	1000000,0	30,292
MP03137	PFC0700c	CAB11150	77	98,0300	YNNFNINNY	9	29,9	1000000,0	1000000,0	2,802
MP03137	PFC0700c	CAB11150	87	98,0301	YYNKSTEKL	9	25069,1	1000000,0	1000000,0	6,131
MP03137	PFC0700c	CAB11150	109	98,0302	EYEPTANLL	9	29899,8	1000000,0	1000000,0	9,359
12:100018	Cromosoma 14		479	98,0303	PYEEVENYF	9	118,2	1000000,0	1000000,0	3,525
12:100018	Cromosoma 14		506	98,0304	KFILHMTLL	9	418744,3	1000000,0	1000000,0	7,942
12:100018	Cromosoma 14		544	98,0305	NFLNIYASL	9	309896,9	1000000,0	1000000,0	7,653
12:100018	Cromosoma 14		594	98,0306	VWKKLIEYF	9	120,2	1000000,0	1000000,0	7,058
12:100018	Cromosoma 14		614	98,0307	LYVSMYIPF	9	113,5	1000000,0	1000000,0	6,679
12:100018	Cromosoma 14		618	98,0308	MYIPFIKFF	9	62,3	1000000,0	1000000,0	2,663
12:100018	Cromosoma 14		625	98,0309	KFYDKRFIF	9	53,3	1000000,0	1000000,0	1,395
12:100018	Cromosoma 14		675	98,0310	IYNNYHNNF	9	27,2	1000000,0	1000000,0	0,737
12:100018	Cromosoma 14		678	98,0311	MYHNNFSYF	9	61,8	1000000,0	1000000,0	5,105
12:100018	Cromosoma 14		815	98,0312	KYDITKCLI	9	86746,4	1000000,0	1000000,0	2,983
mal_BU121g9.q1c1			61	98,0313	GYFKRIFKL	9	39278,5	1000000,0	1000000,0	64,889
mal_BU121g9.q1c1			81	98,0314	TYKNGNIYI	9	240142,1	1000000,0	1000000,0	20,110
mal_BU121g9.q1c1			87	98,0313	IYIYIYI	9	133656,3	1000000,0	1000000,0	2,246
mal_BU121g9.q1c1			89	98,0198	IYIYIYFL	10	1000000,0	1000000,0	1000000,0	72,026

ES 2 498 371 T3

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
mal_BU121g9.q1c1			89	98,0316	IYIYIYF	9	89,8	1000000,0	1000000,0	0,543
mal_9A57b11.q1t2			75	98,0317	IFKNDNNTF	9	290,7	1000000,0	1000000,0	11,568
mal_9A57b11.q1t2			103	98,0318	KYGNICHHI	9	61693,1	1000000,0	1000000,0	4,552
mal_9A57b11.q1t2			139	98,0319	QYTDIPSLI	9	41835,9	1000000,0	1000000,0	24,727
mal_9A57b11.q1t2			159	98,0320	VFCYEFYFIF	9	98,9	1000000,0	1000000,0	69,226
mal_9A57b11.q1t2			161	99,0199	CYEFYFIDIF	10	811,1	1000000,0	1000000,0	61,974
mal_9A57b11.q1t2			161	98,0321	CYEFYFIDI	9	32300,1	1000000,0	1000000,0	79,659
mal_9A57b11.q1t2			171	98,0322	KYARNILSL	9	27927,9	1000000,0	1000000,0	3,398
mal_9A57b11.q1t2			230	98,0323	IFVKYLPLF	9	68,2	1000000,0	1000000,0	30,518
mal_9A57b11.q1t2			233	98,0324	KYLPLFLMM	9	16925,5	1000000,0	1000000,0	15,776
mal_9A57b11.q1t2			237	98,0325	LFLMMEHSF	9	51,0	1000000,0	1000000,0	70,804
mal_BL50e8.p1ca_5			116	98,0326	QYSNYFDYL	9	103941,7	1000000,0	1000000,0	17,499
mal_BL50e8.p1ca_5			184	98,0327	PYETNNLNF	9	37,2	1000000,0	1000000,0	4,367
mal_BL50e8.p1ca_5			341	98,0328	YYSRRVEKI	9	33168,4	1000000,0	1000000,0	6,349
mal_BL50e8.p1ca_5			555	98,0329	KFKWIQDNL	9	453346,6	1000000,0	1000000,0	30,007
mal_BL50e8.p1ca_5			687	98,0200	RYVGLGSFHF	10	1143,3	1000000,0	1000000,0	33,267
mal_BL50e8.p1C_5			768	98,0330	TYKMYPEF	9	68,2	1000000,0	1000000,0	7,746
mal_BL50e8.p1ca_5			771	98,0331	MYPPEFNTL	9	37286,8	1000000,0	1000000,0	14,291
mal_BL50e8.p1ca_5			827	98,0332	KYCIGSTYF	9	184,3	1000000,0	1000000,0	0,261
mal_BL50e8.p1ca_5			833	98,0333	TYFLRQVSI	9	163533,3	1000000,0	1000000,0	31,623

Tabla 3:
Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
mal_BL50e8.p1ca_5			857	98,0334	KYSARLHPI	9	52609,1	1000000,0	1000000,0	33,171
M13S8h6.p1t_3			152	98,0335	FYLKKKFLF	9	30,5	1000000,0	1000000,0	0,091
M13S8h6.p1t_3			298	98,0336	KYYISYKVL	9	328554,4	1000000,0	1000000,0	3,468
M13S8h6.p1t_3			321	98,0337	KYINKNISL	9	213679,4	1000000,0	1000000,0	0,395
M13S8h6.p1t_3			380	98,0338	KYLKEDNTF	9	189,5	1000000,0	1000000,0	2,580
M13S8h6.p1t_3			753	98,0339	KYGDNENNF	9	50,4	1000000,0	1000000,0	2,048
M13S8h6.p1t_3			1208	98,0340	VFTKINLNF	9	55,7	1000000,0	1000000,0	4,101
M13S8h6.p1t_3			1438	98,0341	IWLIRSIYL	9	175087,7	1000000,0	1000000,0	2,659
M13S8h6.p1t_3			1444	98,0342	IYLFIIITY	9	153399,4	1000000,0	1000000,0	4,385
M13S8h6.p1t_3			1536	98,0343	FFFVFFYIF	9	26,2	1000000,0	1000000,0	0,631
M13S8h6.p1t_3			1541	98,0344	FYIFLIYSF	9	60,5	1000000,0	1000000,0	0,315
585.t00002	Cromosoma 11		1	98,0345	MYIFFFILF	9	12,6	1000000,0	1000000,0	1,911
585.t00002	Cromosoma 11		11	98,0346	FYVMSTYTF	9	45,7	1000000,0	1000000,0	0,144
585.t00002	Cromosoma 11		512	98,0347	RYCTKCFLW	9	31357,1	1000000,0	1000000,0	1,726
585.t00002	Cromosoma 11		605	98,0348	VYAKNIPLW	9	36459,4	1000000,0	1000000,0	1,882
585.t00002	Cromosoma 11		663	98,0349	FFCFFISL	9	35177,1	1000000,0	1000000,0	1,436
585.t00002	Cromosoma 11		681	98,0350	PYYKKKNLF	9	53,3	1000000,0	1000000,0	2,732
585.t00002	Cromosoma 11		1378	98,0351	FYTLVNILI	9	40959,2	1000000,0	1000000,0	2,113
585.t00002	Cromosoma 11		1419	98,0352	YFIIRSYEL	9	135598,6	1000000,0	1000000,0	2,721
585.t00002	Cromosoma 11		1483	98,0353	KYICLTCAF	9	30,1	1000000,0	1000000,0	0,435

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
585.t00002	Cromosoma 11		1752	98,0354	KYDLFNNFI	9	83062,5	1000000,0	1000000,0	1,355
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		1202	98,0355	KYKDMAKIF	9	215,2	1000000,0	1000000,0	0,315
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		1599	98,0356	GYRPFYISW	9	83421,5	1000000,0	1000000,0	3,292
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		1621	98,0357	LYAIFNKLF	9	57,9	1000000,0	1000000,0	0,212
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		1631	98,0358	FYLDKIQIL	9	36632,3	1000000,0	1000000,0	0,942
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		2272	98,0359	RMEDKTFSL	9	8870,6	143,4	1000000,0	4,349
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		2702	98,0360	IYNCVTINW	9	10684,6	1000000,0	1000000,0	2,727
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		3109	98,0361	RWTDDSNF	9	60,4	1000000,0	1000000,0	1,600
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		3735	98,0362	FFYDILNVI	9	40209,1	1000000,0	1000000,0	5,095
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		3968	98,0363	KYRKIIYSL	9	215862,1	1000000,0	1000000,0	0,665
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4		4515	98,0364	KYFIFRIHL	9	114989,5	1000000,0	1000000,0	0,325
599.t00001	Cromosoma 11		8	98,0365	KYLTINFFI	9	160943,0	1000000,0	1000000,0	0,123
599.t00001	Cromosoma 11		14	98,0366	FFILLTLVF	9	30,5	1000000,0	1000000,0	3,495
599.t00001	Cromosoma 11		24	98,0367	KYSSCQNSL	9	213208,8	1000000,0	1000000,0	0,906
599.t00001	Cromosoma 11		955	98,0368	KFIEHINEF	9	278,8	1000000,0	1000000,0	1,175
599.t00001	Cromosoma 11		1118	98,0369	KYIELNDLI	9	231736,4	1000000,0	1000000,0	1,464
599.t00001	Cromosoma 11		1194	98,0370	PYSNVTVVI	9	97127,6	1000000,0	1000000,0	1,861
599.t00001	Cromosoma 11		1434	98,0371	MYDILNAYF	9	42,0	1000000,0	1000000,0	1,204
599.t00001	Cromosoma 11		1769	98,0372	HYMNTIF	9	38,3	1000000,0	1000000,0	1,389
599.t00001	Cromosoma 11		1929	98,0373	FFKYIISYF	9	126,1	1000000,0	1000000,0	3,000

Tabla 3:
Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
599:t00001	Cromosoma 11		1943	98,0374	KYLNDNDNYL	9	679247,8	1000000,0	1000000,0	0,368
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		67	98,0375	LYKSIFKAF	9	52,5	1000000,0	1000000,0	21,749
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		107	98,0376	SYRIVNAGF	9	268,7	1000000,0	1000000,0	7,480
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		319	98,0377	KYTFRSLSI	9	63496,4	1000000,0	1000000,0	7,958
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		388	98,0378	KYKNDNRNI	9	401700,0	1000000,0	1000000,0	6,170
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		612	98,0379	SYYNKNIF	9	105,6	1000000,0	1000000,0	13,043
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1042	98,0380	FMKNNTTLF	9	11,7	1000000,0	1000000,0	2,141
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1123	98,0381	HYVMINNL	9	52910,4	1000000,0	1000000,0	3,607
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1163	98,0382	FLLFFSIFI	9	69264,3	1000000,0	1000000,0	2,646
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1249	98,0383	RYFLHTITI	9	101443,4	1000000,0	1000000,0	2,834
MP01072	M1045c5.p1c.C_6		1260	98,0384	KYTSSYDSL	9	230897,9	1000000,0	1000000,0	1,533
PIR2	T28161		243	98,0385	YYKLREDWW	9	283854,6	1000000,0	1000000,0	8,617
PIR2	T28161		304	98,0386	QYLRWFEEW	9	35188,7	1000000,0	1000000,0	14,859
PIR2	T28161		628	98,0387	HWTQIKKHF	9	30,8	1000000,0	1000000,0	11,497
PIR2	T28161		647	98,0388	HYFVLETVL	9	65432,8	1000000,0	1000000,0	12,976
PIR2	T28161		833	98,0389	RWMDTAGFI	9	32693,4	1000000,0	1000000,0	6,822
PIR2	T28161		848	98,0201	IYMPRRQHF	10	391,2	1000000,0	1000000,0	14,666
PIR2	T28161		1024	98,0390	RWMTEWAEW	9	39609,0	1000000,0	1000000,0	3,877
PIR2	T28161		1574	98,0391	KYQYDKVKL	9	515925,0	1000000,0	1000000,0	6,877
PIR2	T28161		1681	98,0392	KYCRFYKRW	9	239673,9	1000000,0	1000000,0	3,433

Tabla 3:
Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
PIR2	T28161		1887	98,0393	YFLDDYNKI	9	114991,6	1000000,0	1000000,0	7,588
55.t00004	Cromosoma 14		223	98,0394	KYELRKTSI	9	226076,9	1000000,0	1000000,0	3,213
55.t00004	Cromosoma 14		339	98,0395	MYKKNKVDPL	9	208222,7	1000000,0	1000000,0	31,490
55.t00004	Cromosoma 14		455	98,0396	YYDTCKNIW	9	80910,8	1000000,0	1000000,0	11,820
55.t00004	Cromosoma 14		686	98,0397	KYINMMSFI	9	317672,0	1000000,0	1000000,0	1,757
55.t00004	Cromosoma 14		896	98,0398	LYPWKENKF	9	99,5	1000000,0	1000000,0	6,128
55.t00004	Cromosoma 14		973	98,0399	KWNVFNNSI	9	191824,8	1000000,0	1000000,0	0,536
55.t00004	Cromosoma 14		1027	98,0400	KFKIINSYI	9	648818,6	1000000,0	1000000,0	2,246
55.t00004	Cromosoma 14		1123	98,0401	NYAYDNIEL	9	113781,7	1000000,0	1000000,0	8,937
55.t00004	Cromosoma 14		1155	98,0402	IYTSTNNII	9	105468,3	1000000,0	1000000,0	7,723
55.t00004	Cromosoma 14		1268	98,0403	KYTYNINNL	9	65476,9	1000000,0	1000000,0	7,681
13.t00011	Cromosoma 14		68	98,0202	RYNVINHIYL	10	1000000,0	1000000,0	1000000,0	74,419
13.t00011	Cromosoma 14		68	98,0404	RYNVINHIY	9	26,0	1000000,0	1000000,0	55,779
13.t00011	Cromosoma 14		84	98,0405	TYNLYTPTL	9	75416,9	1000000,0	1000000,0	7,874
13.t00011	Cromosoma 14		96	98,0203	RFRVFKDYSF	10	3387,1	1000000,0	1000000,0	29,344
13.t00011	Cromosoma 14		99	98,0406	VFKDYSFFI	9	99598,3	1000000,0	1000000,0	7373
13.t00011	Cromosoma 14		105	98,0407	FFIDEVKKI	9	230004,2	1000000,0	1000000,0	12,686
37.t00002	Cromosoma 14		20	98,0408	VYYDNYESL	9	72350,5	1000000,0	1000000,0	10,652
674.t00001	Cromosoma 11		68	98,0409	RFVEKIYYL	9	228887,0	1000000,0	1000000,0	8,045
674.t00001	Cromosoma 11		114	98,0410	IYINVQKNL	9	306183,0	1000000,0	1000000,0	14,033

Tabla 3:

Péptidos del supertipo A24 derivados de Pf con PIC <100nM

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Nº de acceso	Posición	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101 PIC	A*0201	A*1101	A*2402 PIC
674.t00001	Cromosoma 11		140	98,0411	KFYFFKEF	9	92,8	1000000,0	1000000,0	14,487
674.t00001	Cromosoma 11		141	98,0204	FYYFKEFLL	10	1000000,0	1000000,0	1000000,0	13,628
674.t00001	Cromosoma 11		141	98,0412	FYYFKEFL	9	104311,6	1000000,0	1000000,0	1,300
674.t00001	Cromosoma 11		418	98,0413	TYIPDKKLL	9	209801,1	1000000,0	1000000,0	17,181
674.t00001	Cromosoma 11		461	98,0414	NLYNKYYI	9	288938,1	1000000,0	1000000,0	5,750
674.t00001	Cromosoma 11		579	98,0415	NFKEQHLLF	9	72,4	1000000,0	1000000,0	38,780
674.t00001	Cromosoma 11		649	98,0416	HYINNKHNL	9	41447,1	1000000,0	1000000,0	10,887
674.t00001	Cromosoma 11		800	98,0417	LYREHSREL	9	274526,6	1000000,0	1000000,0	38,601
674.t00001	Cromosoma 11		1095	98,0418	NYINNIYL	9	268777,1	1000000,0	1000000,0	3,259
674.t00001	Cromosoma 11		1117	98,0419	NYNQKENSF	9	40,2	1000000,0	1000000,0	27,868
674.t00001	Cromosoma 11		1396	98,0205	QYKVKIKPVF	10	5076,8	1000000,0	1000000,0	42,788

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

											PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402			
331.t00003	Cromosoma 10	105		99,0042	LIYPCVYEI	9	38050,5	43,8	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	598		99,0043	NMNVQNFFV	9	50979,5	35,3	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	605		99,0044	FWGHDMMFM	9	25516,6	18,5	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	660		99,0045	QLDDKFAFI	9	3138,5	43,0	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	950		99,0046	CLINHFFM	9	63467,3	65,7	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	957		99,0047	FMLVGGINI	9	11445,4	72,5	1000000,0	399,0			
331.t00003	Cromosoma 10	1007		99,0048	YIIGGGCTV	9	19833,9	77,9	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	1016		99,0049	FTFGSFFDV	9	2705,2	14,1	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	1847		99,0050	NLSFAQYTL	9	22775,6	52,7	1000000,0	1000000,0			
331.t00003	Cromosoma 10	1889		99,0051	RMYYHVVDI	9	47589,4	49,4	1000000,0	890,2			
18.000811	Crom12 Cántigo18	2		99,0001	VLRFVCFU	10	1000000,0	72,4	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	9		99,0002	FLIFHFFLFL	10	1000000,0	10,9	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	10		99,0003	LIFHFFLFL	10	1000000,0	29,1	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	15		99,0004	FLFLYLILFL	10	404264,4	19,6	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	32		99,0005	RLPVICSFLV	10	1000000,0	99,3	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	35		99,0006	VICSFLVFLV	10	1000000,0	71,5	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	39		99,0007	FLVFLVFSNV	10	1000000,0	45,6	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	10		99,0052	LIFHFFLFL	9	8592,7	9,8	1000000,0	1000000,0			
18.000811	Crom12 Cántigo18	17		99,0053	FLLYLFLV	9	6742,1	1,9	1000000,0	1000000,0			

ES 2 498 371 T3

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402
18.000811	Crom12 Cóntigo18	35		99,0054	VICSFLVFL	9	43080,6	76,0	1000000,0	1000000,0
18.000811	Crom12 Cóntigo18	159		99,0055	ATYGIIIPV	9	18077,0	45,4	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		222		99,0008	FLYAFNKYYV	10	538964,2	15,2	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		127		99,0056	NMISVVYYI	9	97099,2	14,5	1000000,0	8,2
MY924Fe3.p1t1		299		99,0057	SLCFYFLLL	9	2719,7	20,9	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		470		99,0058	ILFLHNYLL	9	31359,3	26,7	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		512		99,0059	YLDVYNFLL	9	4353,0	7,2	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1209		99,0060	FQLYYMYYL	9	91212,8	4,0	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1267		99,0061	YVMDKVLRL	9	984,8	45,3	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		2260		99,0062	LLFILSHFI	9	11073,4	23,7	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		2326		99,0063	YLVNYCLVV	9	16842,3	10,9	1000000,0	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		2395		99,0064	KIYVCIIYYL	9	157982,7	39,3	1000000,0	1000000,0
MP03001	MA13P2.11	6	CAB389 98	99,0009	ILSVSSFLFV	10	1000000,0	94,9	1000000,0	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	386	CAB389 98	99,0010	LIMVLSFLFL	10	1000000,0	38,4	1000000,0	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	318	CAB389 98	99,0065	YLNKIQNSL	9	13496,2	78,4	1000000,0	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	387	CAB389 98	99,0066	IMVLSFLFL	9	8739,3	36,0	1000000,0	2608,6
1369.t00001	Cromosoma 11	60		99,0011	VQMMIMIKFM	10	1000000,0	96,6	1000000,0	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	62		99,0012	MMIMIKFMGV	10	1000000,0	47,1	1000000,0	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	9		99,0067	KIYKIIWI	9	56576,0	72,2	1000000,0	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	23		99,0068	YMIKLLKI	9	4324,7	52,7	1000000,0	788,9

ES 2 498 371 T3

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402		
1369.t00001	Cromosoma 11	42		99,0069	LMTLYQIQV	9	32880,1	41,7	1000000,0	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	68		99,0070	FMGVYIMI	9	10136,0	91,9	1000000,0	58,6		
1369.t00001	Cromosoma 11	280		99,0071	NILIVLYL	9	117610,0	42,8	1000000,0	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	312		99,0072	FMNRFYIT	9	14073,8	47,8	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	488		99,0013	YLYISFLLLI	10	311433,0	34,2	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	1025		99,0014	YIYIFYLFI	10	1000000,0	19,8	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	408		99,0073	LLDDYHFET	9	5923,7	39,5	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	488		99,0074	YLYISFLLLI	9	2547,9	11,2	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	572		99,0075	FLTLTVYPI	9	22535,9	28,3	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	651		99,0076	FIIEILELL	9	15575,2	47,0	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	782		99,0077	LLYNHITSI	9	62668,0	50,4	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	882		99,0078	YMNFLKFIV	9	14215,9	50,3	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	1033		99,0079	FYIWLHLI	9	6243,9	15,6	1000000,0	1000000,0		
699.t00001	Cromosoma 11	1039		99,0080	HLIIFIFV	9	6908,2	11,5	1000000,0	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		576		99,0015	FLMWSSQIII	10	96042,7	91,8	1000000,0	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		96		99,0081	ILLSRFIFI	9	11278,3	22,9	1000000,0	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		508		99,0082	YLNFDQNYL	9	34942,8	80,6	1000000,0	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		551		99,0083	NIPYFNFFV	9	86593,7	41,8	1000000,0	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		558		99,0084	FVNYFEAVV	9	15474,4	100,0	1000000,0	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		569		99,0085	NIHCYTYFL	9	27934,2	25,6	1000000,0	1000000,0		

ES 2 498 371 T3

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402
M13Hg2.q1t3		576		99,0086	FLMWSSQII	9	5275,5	31,9	1000000,0	1000000,0
M13Hg2.q1t3		577		99,0087	LMWSSQIII	9	15320,6	46,4	1000000,0	614,0
M13Hg2.q1t3		723		99,0088	ILNKISSFV	9	17591,1	89,9	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		334		99,0089	FVFFIKNV	9	13366,7	53,5	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		366		99,0090	IQICKLYHV	9	8534,4	35,2	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		534		99,0091	YISSVNYFL	9	25585,7	24,2	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1205		99,0092	YLFQLVQSL	9	4424,1	26,3	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1240		99,0093	SIIFYWFLL	9	13813,9	27,2	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1260		99,0094	YLHIKFLI	9	46175,4	47,6	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1596		99,0095	ILDDSFNFV	9	8148,9	41,5	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1629		99,0096	FLPEQSYVL	9	36294,8	55,0	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1890		99,0097	HLVIQIYV	9	52344,4	36,6	1000000,0	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		2106		99,0098	FLSVINASV	9	15607,8	17,1	1000000,0	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	105		99,0016	ILYPSLMPYV	10	1000000,0	81,0	1000000,0	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	2443		99,0017	YLFQKVKFYI	10	821413,1	47,5	1000000,0	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	68		99,0099	KLINTNFYI	9	109718,5	49,2	1000000,0	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	92		99,0100	KTFIYSNFL	9	34260,6	95,5	1000000,0	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	109		99,0101	SLMPYVECI	9	3307,6	80,4	1000000,0	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	163		99,0102	YTNYYQSFI	9	14053,9	63,6	1000000,0	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	1224		99,0103	FQWEKSNKI	9	17731,1	88,1	1000000,0	1000000,0

ES 2 498 371 T3

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402		
571.t00003	Cromosoma 11	1330		99,0104	FLIKLNNEI	9	32980,5	73,6	1000000,0	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1478		99,0105	YMYTNYLNM	9	5105,1	65,8	1000000,0	4545,4		
571.t00003	Cromosoma 11	2286		99,0106	FQGEYVSNL	9	28240,4	61,4	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	7	CAA15614	99,0018	ILILIDAASV	10	1000000,0	88,5	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	19	CAA15614	99,0019	LLITFLMIL	10	1000000,0	82,3	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	46	CAA15614	99,0020	ALVVAIILYV	10	599232,7	38,0	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	50	CAA15614	99,0021	AIILYVIFLV	10	1000000,0	58,1	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	52	CAA15614	99,0022	ILYVIFLVLL	10	1000000,0	33,8	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	54	CAA15614	99,0023	YVIFLVLLFI	10	656413,8	20,3	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	57	CAA15614	99,0024	FLVLLFIYKA	10	139,6	80,7	498,9	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	18	CAA15614	99,0107	FLLITFLMI	9	5377,9	28,0	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	47	CAA15614	99,0108	LVAIILYV	9	17753,4	20,8	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	50	CAA15614	99,0109	AIILYVIFL	9	35558,1	23,3	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	51	CAA15614	99,0110	IILYVIFLV	9	29081,2	23,4	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	52	CAA15614	99,0111	ILYVIFLVL	9	4626,7	49,4	1000000,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	55	CAA15614	99,0112	VIFLVLLFI	9	17063,1	28,6	1000000,0	1000000,0		
45.t00001	Cromosoma 14	22		99,0113	YQDPQNYEL	9	17446,7	62,2	1000000,0	1000000,0		
45.t00001	Cromosoma 14	134		99,0114	KTWKPTIFL	9	18939,7	82,8	1000000,0	1000000,0		
45.t00001	Cromosoma 14	142		99,0115	LLNESNIFL	9	13381,3	66,8	1000000,0	1000000,0		
45.t00001	Cromosoma 14	220		99,0116	FIHFTWGT	9	54429,1	69,2	1000000,0	1000000,0		

ES 2 498 371 T3

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402		
MP03137	PFC0700c	180	CAB111 50	99,0117	VLFQMMNV	9	71815,8	72,3	1000000,0	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	251	CAB111 50	99,0118	NQMIFVSSI	9	39082,0	99,1	1000000,0	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	253	CAB111 50	99,0119	MIFVSSIFI	9	17820,1	95,9	1000000,0	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	258	CAB111 50	99,0120	SIFISFYLI	9	13357,1	72,3	1000000,0	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	293	CAB111 50	99,0121	RLFEEELGI	9	22704,6	90,4	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	870		99,0025	YLCLYNGLLL	10	294216,7	79,1	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	1018		99,0026	YLLFFREKFL	10	1000000,0	57,8	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	597		99,0122	KLIEYFLNM	9	8556,1	30,0	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	615		99,0123	YVSMYIPFI	9	7367,7	57,9	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	870		99,0124	YLCLYNGLL	9	12899,1	68,8	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	893		99,0125	NISSIFYI	9	94922,9	77,9	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	907		99,0126	YLYDNYSHL	9	11094,9	55,2	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	953		99,0127	FLNVYENFL	9	23398,0	34,3	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	1037		99,0128	LIFGYNLSI	9	26493,2	50,1	1000000,0	1000000,0		
12:100018	Cromosoma 14	1047		99,0129	FLFYGCREV	9	24096,2	30,4	1000000,0	1000000,0		
mal_BU121g9.q1c1		90		99,0130	YIYIYFL	9	32096,6	3,8	1000000,0	1000000,0		
mal_BU121g9.q1c1		92		99,0131	YIYIFLQI	9	15022,6	13,6	1000000,0	1000000,0		
mal_9A57b11.q1t2		138		99,0132	KQYTDIPSL	9	184531,0	81,9	1000000,0	1000000,0		
mal_9A57b11.q1t2		158		99,0133	KVFCYEYFI	9	10650,1	18,0	1000000,0	1000000,0		
mal_9A57b11.q1t2		165		99,0134	FIFDIFKYA	9	21,1	20,2	44,0	1000000,0		

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402		
mal_BL50e8.p1ca_5		6		99,0027	ALLSFLVVLV	10	1000000,0	42,5	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		65		99,0028	RQINFMETFV	10	1000000,0	54,6	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		4		99,0135	FVALLSFLV	9	3130,0	26,0	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		7		99,0136	LLSFLVVLV	9	11579,5	36,2	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		192		99,0137	FYNWVLQT	9	30528,1	55,9	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		349		99,0138	ILIRALLSL	9	8963,2	44,4	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		353		99,0139	ALLSLDFSL	9	22110,4	36,6	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		562		99,0140	NLFGGGFYI	9	22065,3	23,4	1000000,0	1000000,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		779		99,0141	LMLKADYFI	9	22456,0	21,9	1000000,0	444,0		
mal_BL50e8.p1ca_5		973		99,0142	NIYTHSVYV	9	245555,5	53,7	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		7		99,0143	FVLACVLLI	9	10293,7	14,2	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		23		99,0144	ATSTFFFFL	9	3703,8	20,0	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		34		99,0145	FLLICGFCl	9	23058,3	21,3	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		55		99,0146	VLITYSFTV	9	35516,3	7,8	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		61		99,0147	FTVSYIFFM	9	18627,5	9,0	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		77		99,0148	LLVCISILL	9	4378,4	24,2	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		1447		99,0149	FIITYWII	9	50315,1	20,9	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		1469		99,0150	KMMWTFIL	9	13621,2	14,7	1000000,0	35,6		
M13S8h6.p1t_3		1538		99,0151	FVFFYIFLI	9	5681,7	3,2	1000000,0	1000000,0		
M13S8h6.p1t_3		1582		99,0152	YLDRIQFLV	9	3212,4	6,0	1000000,0	1000000,0		

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402		
585.t00002	Cromosoma 11	651		99,0029	VLSPFSLIFV	10	236320,1	33,8	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	1380		99,0030	TLVNILILFL	10	1000000,0	25,5	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	1406		99,0031	FVFFRFLFFV	10	132657,2	16,7	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	6		99,0153	FILFYFYVM	9	18702,2	16,8	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	17		99,0154	YTFCFLPVL	9	3159,4	24,6	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	643		99,0155	WLFFFDLVV	9	13858,2	39,1	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	661		99,0156	HLLFCIFFI	9	13336,6	6,4	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	1386		99,0157	ILFLICYSI	9	18185,7	17,8	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	1399		99,0158	YMFSYIPFV	9	20964,1	1,1	1000000,0	1000000,0		
585.t00002	Cromosoma 11	1507		99,0159	YILFILFFI	9	12765,9	4,2	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1387		99,0032	LHDDVLLFL	10	1000000,0	32,2	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	270		99,0160	FVSFYKFEV	9	10792,4	28,2	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	811		99,0161	MLWCSMESV	9	5755,3	27,5	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	924		99,0162	KLFDAINYL	9	35603,1	20,5	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1648		99,0163	FVMDITDSI	9	4215,8	44,1	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1853		99,0164	MLYSIVWGL	9	18338,7	24,8	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	2301		99,0165	NIYFSYFYV	9	68948,8	41,1	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	2548		99,0166	FILEHVNSI	9	80628,8	42,2	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	3057		99,0167	SLLKAQLFV	9	12372,4	15,7	1000000,0	1000000,0		
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	4419		99,0168	SLDEVVLYT	9	8137,8	46,3	1000000,0	1000000,0		

ES 2 498 371 T3

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402		
599.t00001	Cromosoma 11	1069		99,0033	HLMHIIIVFI	10	1000000,0	56,9	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1341		99,0034	FLSDYTTCSV	10	93945,4	72,2	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1458		99,0035	FLRNYVWIFI	10	615882,5	83,6	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	9		99,0169	YLTINFFIL	9	4373,8	64,1	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	883		99,0170	NMNDIENFV	9	32886,3	78,0	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1013		99,0171	FIHDILLDL	9	11903,4	46,8	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1034		99,0172	NQYAYDLKI	9	38604,8	81,2	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1718		99,0173	GLGGLLFI	9	5216,8	74,2	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1770		99,0174	YIMNNTIFT	9	4444,5	75,2	1000000,0	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1914		99,0175	HLFNFSNFV	9	16629,7	25,5	1000000,0	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1138		99,0036	YLIRNILMSI	10	819635,3	75,5	1000000,0	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	66		99,0176	YLYKSIFKA	9	6,2	29,5	1755,3	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	82		99,0177	YLDFYEFVCV	9	5138,7	6,7	1000000,0	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1161		99,0178	KIFFLFFSI	9	19713,1	22,7	1000000,0	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1281		99,0179	KLNEINILL	9	15599,8	69,4	1000000,0	1000000,0		
PIR2	T28161	577		99,0037	FLMFWVAHML	10	60152,9	33,4	1000000,0	1000000,0		
PIR2	T28161	142		99,0180	LLAEVCYAA	9	9,8	35,1	4774,0	1000000,0		
PIR2	T28161	369		99,0181	CLYVCDPYV	9	78244,5	58,0	1000000,0	1000000,0		
PIR2	T28161	577		99,0182	FLMFWVAHM	9	3061,0	5,7	1000000,0	1000000,0		
PIR2	T28161	642		99,0183	FGWGHYFV	9	53546,0	13,8	1000000,0	1000000,0		

ES 2 498 371 T3

Tabla 4:

Péptidos del supertipo A2 derivados de Pf con PIC <100nM

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201PIC	A*1101	A*2402
PIR2	T28161	888		99,0184	FLGDVLF AA	9	6,7	8,3	2549,7	1000000,0
PIR2	T28161	892		99,6183	VLFAANYEA	9	25,8	20,9	100,0	1000000,0
PIR2	T28161	1098		99,0186	YLQAQT TAA	9	26,9	64,0	17290,2	1000000,0
PIR2	T28161	1461		99,0187	FLRQMFY TL	9	8779,8	60,8	1000000,0	1000000,0
PIR2	T28161	2149		99,0188	FAAFTYFY L	9	11639,0	45,5	1000000,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	1358		99,0038	F MD SQNGMYI	10	26503,4	87,2	1000000,0	4109,6
55.t00004	Cromosoma 14	1542		99,0039	SLINYNKYFV	10	1000000,0	43,5	1000000,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	84		99,0189	FVVAQLYEL	9	27995,5	19,7	1000000,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	480		99,0190	K T FFFFSNV	9	10931,8	72,4	1000000,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	1098		99,0191	I I NSDDYFV	9	58940,8	86,9	1000000,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	1364		99,0192	GMYILPQYV	9	18253,9	74,7	1000000,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	89		99,0040	ELVEFIFLL	10	1000000,0	97,4	1000000,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	281		99,0041	FLYKDVLM DI	10	358012,1	30,4	1000000,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	89		99,0193	ELVEFIFLL	9	21771,0	47,1	1000000,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1102		99,0194	YLNKANPNI	9	12319,8	91,3	1000000,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1353		99,0105	FLQYRIPHM	9	33178,8	81,0	1000000,0	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1430		99,0196	YIVDIFCKI	9	11720,4	48,5	1000000,0	1000000,0

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	
331.t00003	Cromosoma 10	354	99,0197	99,0197	KFEPIIHVK	10	1000000,0	1000000,0	26,5	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	5	99,0294	99,0294	KTMDTFYKK	9	2654,1	1000000,0	0,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	208	99,0295	99,0295	SFFDVSKKK	9	130857,6	1000000,0	16,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	435	99,0296	99,0296	LSQLVHFYK	9	29656,2	1000000,0	0,6	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	779	99,0297	99,0297	SVFVRRYIK	9	18991,0	1000000,0	0,7	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	988	99,0298	99,0298	FTFQNMYYR	9	5834,2	1000000,0	22,0	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1324	99,0299	99,0299	SQNSNTFLK	9	10099,5	1000000,0	0,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1337	99,0300	99,0300	ILFHKFLNK	9	3064,6	1000000,0	2,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1521	99,0301	99,0301	NLFDENFCR	9	30418,9	1000000,0	165,9	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1551	99,0302	99,0302	ALYEKVHGK	9	9346,6	1000000,0	4,4	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	17	99,0198	99,0198	FLYLFLVK	10	1000000,0	1000000,0	82,1	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	43	99,0199	99,0199	LVFSNVLCFR	10	365585,5	1000000,0	14,5	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	80	99,0200	99,0200	AFLESQSMNK	10	1000000,0	1000000,0	65,8	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	112	99,0201	99,0201	TFLESSFDIK	10	1000000,0	1000000,0	323,9	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	116	99,0202	99,0202	SSFEDIKSEVK	10	1000000,0	1000000,0	34,1	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	18	99,0303	99,0303	LLYLFLVK	9	5498,6	1000000,0	10,1	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	129	99,0304	99,0304	KSMKELIK	9	5942,8	1000000,0	12,7	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	166	99,0305	99,0305	PVLTSLFNK	9	10202,9	1000000,0	10,1	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1262	99,0203	99,0203	TFICYVMDK	10	1000000,0	1000000,0	23,0	1000000,0

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
MY924Fe3.p1t1		155		99,0306	NVFNIFEK	9	10371,8	1000000,0	0,2	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		220		99,0307	SSFLYAFNK	9	12434,3	1000000,0	0,1	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1030		99,0308	MFHIIMYTK	9	208352,1	1000000,0	18,2	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1181		99,0309	SLDDIYKYK	9	22644,9	1000000,0	2,9	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1613		99,0310	KVVVKNLKYK	9	34654,1	1000000,0	09	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1853		99,0311	SLFRLGFVK	9	10283,0	1000000,0	0,2	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		2012		99,0312	SLFFNSLYY	9	4,6	1000000,0	2,6	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		2238		99,0313	ITFEKNYYR	9	21591,6	1000000,0	1,5	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		2285		99,0314	SQYEENKSK	9	139775,3	1000000,0	39,1	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	57	CAB38998	99,0204	KQENWYSLKK	10	1000000,0	1000000,0	50,6	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	335	CAB38998	99,0205	VTCGNGIQVR	10	1000000,0	1000000,0	170,6	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	17	CAB38998	99,0315	ALFQEYQCY	9	3,4	1000000,0	72,7	1000000,0
MP03001	MAL3P2.11	57	CAB38998	99,0316	KQENWYSLK	9	44996,2	1000000,0	173,7	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	44		99,0206	TLYQIQVMKR	10	1000000,0	1000000,0	52,0	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	58		99,0207	KQVQMMIMIK	10	1000000,0	1000000,0	8,7	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	70		99,0208	GVYIMIISK	10	1000000,0	1000000,0	10,6	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	158		99,0209	ELFDKDTFFK	10	1000000,0	1000000,0	14,2	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	18		99,0317	KTMNNYMIK	9	16730,1	1000000,0	1,1	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	159		99,0318	LFDKDTFFK	9	32977,1	1000000,0	126,3	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	287		99,0319	YLFNQHIKK	9	21347,4	1000000,0	8,2	1000000,0

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	
1369.t00001	Cromosoma 11	307		99,0320	MQSSFFMNR	9	12685,3	1000000,0	25,4	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	315		99,0321	RFYITTRYK	9	258367,4	1000000,0	21,4	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	319		99,0322	TTRYKYLNK	9	10429,2	1000000,0	4,5	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	464		99,0210	KVCELLGYYK	10	1000000,0	1000000,0	1,1	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	492		99,0211	SFLLLVFSK	10	1000000,0	1000000,0	21,9	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	623		99,0212	KLLYKMNYLK	10	1000000,0	1000000,0	15,0	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	764		99,0213	TLEWPSFFY	10	91,9	1000000,0	219,0	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	782		99,0214	LLYNHITSIK	10	1000000,0	1000000,0	12,1	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	878		99,0215	LFYLYMNFVK	10	1000000,0	1000000,0	8,2	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	386		99,0323	KQNIPIYIY	9	57,8	1000000,0	175,4	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	507		99,0324	KTNIFFKKK	9	23058,6	1000000,0	1,5	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	734		99,0325	IVNDLGIFY	9	2,4	1000000,0	16,6	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	769		99,0326	PSFFYLSFK	9	22074,6	1000000,0	20,1	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		15		99,0216	ILLIRPMLVK	10	1000000,0	1000000,0	95,1	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		29		99,0217	LVKLRPMLVK	10	1000000,0	1000000,0	22,3	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		36		99,0218	LVKLGPILVK	10	1000000,0	1000000,0	15,0	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		16		99,0327	LLIRPMLVK	9	29115,0	1000000,0	16,1	1000000,0
M13Hg2.q1t3		97		99,0219	LLSRFIFYK	10	1000000,0	1000000,0	12,9	1000000,0
M13Hg2.q1t3		267		99,0220	KTSDAKLVDK	10	543207,5	1000000,0	21,8	1000000,0
M13Hg2.q1t3		277		99,0221	ETSTISTFIK	10	714638,7	1000000,0	21,8	1000000,0

ES 2 498 371 T3

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
M13Hg2.q1t3		406		99,0222	IFFSYNPFHK	10	1000000,0	1000000,0	18,5	1000000,0
M13Hg2.q1t3		528		99,0223	YFFNCIQMAK	10	1000000,0	1000000,0	48,6	1000000,0
M13Hg2.q1t3		9		99,0328	SLYNKIEYR	9	32837,9	1000000,0	36,8	1000000,0
M13Hg2.q1t3		48		99,0329	SASESNFYK	9	17208,3	1000000,0	0,2	1000000,0
M13Hg2.q1t3		216		99,0330	ISYIFPLFK	9	12671,6	1000000,0	2,2	1000000,0
M13Hg2.q1t3		420		99,0331	SQNYENINK	9	36248,0	1000000,0	3,6	1000000,0
M13Hg2.q1t3		661		99,0332	SLMDASKNK	9	5327,4	1000000,0	3,2	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		21		99,0333	KLGFVVCYK	9	42997,2	1000000,0	3,5	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		36		99,0334	SFKNKILQK	9	139254,7	1000000,0	14,9	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		56		99,0335	KFMYLRKKK	9	74875,0	1000000,0	33,4	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		381		99,0336	KQIIFEALK	9	120283,5	1000000,0	38,9	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		519		99,0337	ETFYKELYK	9	14646,9	1000000,0	1,2	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		537		99,0338	SVNYFLLER	9	4574,8	1000000,0	0,4	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		724		99,0339	ILNFLNFNK	9	12039,7	1000000,0	2,7	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		897		99,0340	NTCSKEIYK	9	26259,6	1000000,0	4,6	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1316		99,0341	KLRNFLFYY	9	34,8	1000000,0	27,7	1000000,0
Mal_5L10c4.q1t6		1722		99,0342	CSNNNIFYK	9	16887,2	1000000,0	2,7	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	1059		99,0224	MQYNHDNIYK	10	1000000,0	1000000,0	6,8	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	2438		99,0225	SFSMLYLF GK	10	1000000,0	1000000,0	20,1	1000000,0
571.t00003	Cromosoma 11	675		99,0343	ALNPKYQNH	9	4302,1	1000000,0	149,6	1000000,0

ES 2498371 t3

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201 PIC	A*1101 PIC	A*2402		
571.t00003	Cromosoma 11	749		99,0344	TLNSFQHNIK	9	9140,5	1000000,0	4,0	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1220		99,0345	KINEFQWEK	9	55899,8	1000000,0	0,3	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1368		99,0346	RSDYFHNTK	9	15625,8	1000000,0	5,2	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1429		99,0347	STNSQQLIK	9	14992,1	1000000,0	1,1	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1552		99,0348	KFMTPTTLK	9	54389,6	1000000,0	8,1	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1684		99,0349	TTNSTPHFK	9	5905,8	1000000,0	3,8	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	2509		99,0350	KLMETRFSK	9	8313,3	1000000,0	2,8	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	36	CAA15614	99,0226	SQAHRENGKK	10	1000000,0	1000000,0	109,2	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	45	CAA15614	99,0227	KALVVAILLY	10	220,1	1000000,0	237,1	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	55	CAA15614	99,0228	VIFLVLLFIY	10	137,2	1000000,0	61,8	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	56	CAA15614	99,0229	IFLVLLFIYK	10	1000000,0	1000000,0	44,3	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	58	CAA15614	99,0230	LVLFIYKAY	10	371,7	1000000,0	207,5	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	59	CAA15614	99,0231	VLLFIYKAYK	10	1000000,0	1000000,0	31,2	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	61	CAA15614	99,0232	LFYKAYKNK	10	1000000,0	1000000,0	434,4	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	72	CAA15614	99,0233	KLYTNFFMKK	10	1000000,0	1000000,0	5,8	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	92	CAA15614	99,0234	STYLSASDEY	10	57,2	1000000,0	85,1	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	36	CAA15614	99,0351	SQAHRENGK	9	65339,9	1000000,0	230,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	46	CAA15614	99,0352	ALVVAILLY	9	6,0	1000000,0	95,4	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	57	CAA15614	99,0353	FLVLLFIYK	9	14940,5	1000000,0	5,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	58	CAA15614	99,0354	LVLFIYKA	9	13,1	102,2	132,5	1000000,0		

ES 249837113

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
MP03072	PFC0450w	60	CAA15614	99,0355	LLFIYKAYK	9	59055,3	100000,0	9,6	1000000,0
MP03072	PFC0450w	62	CAA15614	99,0356	FIYKAYKNK	9	35013,8	1000000,0	22,0	1000000,0
MP03072	PFC0450w	72	CAA15614	99,0357	KLYTNFFMK	9	7491,5	1000000,0	2,3	1000000,0
MP03072	PFC0450w	74	CAA15614	99,0358	YTNFFMKKR	9	18478,3	1000000,0	48,4	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	50		99,0235	ALERLLSLKK	10	1000000,0	1000000,0	149,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	109		99,0236	KILKIPVTK	10	1000000,0	1000000,0	30,2	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	128		99,0237	RLPLLPKTWK	10	1000000,0	1000000,0	19,6	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	147		99,0238	NIFRFIPDK	10	1000000,0	1000000,0	24,9	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	161		99,0239	SQVSNDSYK	10	1000000,0	1000000,0	36,0	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	197		99,0240	QQNQESKIMK	10	928526,9	1000000,0	431,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	249		99,0241	IALLIIPPK	10	1000000,0	1000000,0	19,3	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	374		99,0242	SQDLACIFDA	10	226,7	389,1	400,3	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	34		99,0359	AVIFTPIYY	9	7,6	1000000,0	4,7	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	50		99,0360	ALERLLSLK	9	6245,7	1000000,0	55,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	85		99,0361	SISGKYDIK	9	29562,3	1000000,0	25,1	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	101		99,0362	ILCIEGEQK	9	51943,1	1000000,0	162,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	126		99,0363	EQRLPLLPK	9	66848,0	1000000,0	244,3	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	148		99,0364	IFLRFIPDK	9	170326,8	1000000,0	112,0	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	250		99,0365	IALLIIPPK	9	47443,5	1000000,0	25,2	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	270		99,0366	PVVCSEMEYK	9	20870,3	1000000,0	23,1	1000000,0

ES 249837113

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
45.t00001	Cromosoma 14	271		99,0367	VVCSMEYKK	9	24792,5	1000000,0	8,3	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	308		99,0368	FSYDLRLNK	9	5228,9	1000000,0	13,4	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	323		99,0369	HLNIPIGFK	9	25082,0	1000000,0	98,3	1000000,0
MP03137	PFC0700c	14	CAB11150	99,0243	SSPLFNNFYK	10	1000000,0	1000000,0	0,5	1000000,0
MP03137	PFC0700c	151	CAB11150	99,0244	FLYLLKKNK	10	1000000,0	1000000,0	139,2	1000000,0
MP03137	PFC0700c	183	CAB11150	99,0245	LQMMNVNLQK	10	1000000,0	1000000,0	83,6	1000000,0
MP03137	PFC0700c	195	CAB11150	99,0246	LTNHLINTPK	10	427675,0	1000000,0	20,8	1000000,0
MP03137	PFC0700c	259	CAB11150	99,0247	IFISFYLINK	10	1000000,0	1000000,0	102,0	1000000,0
MP03137	PFC0700c	293	CAB11150	99,0248	RLFEESLGIR	10	923199,1	1000000,0	420,0	1000000,0
MP03137	PFC0700c	16	CAB11150	99,0370	PLFNNFYKR	9	11760,5	1000000,0	383,0	1000000,0
MP03137	PFC0700c	141	CAB11150	99,0371	YQNFQNAKD	9	40121,5	1000000,0	637,4	1000000,0
MP03137	PFC0700c	184	CAB11150	99,0372	QMMNVNLQK	9	17662,1	1000000,0	1,4	1000000,0
MP03137	PFC0700c	222	CAB11150	99,0373	AVSEIQNNK	9	6991,0	1000000,0	3,1	1000000,0
MP03137	PFC0700c	236	CAB11150	99,0374	GTMYILLKK	9	986,2	1000000,0	0,5	1000000,0
MP03137	PFC0700c	260	CAB11150	99,0375	FISFYLINK	9	7376,0	1000000,0	12,2	1000000,0
MP03137	PFC0700c	264	CAB11150	99,0376	YLINKHWQR	9	39562,3	1000000,0	41,6	1000000,0
MP03137	PFC0700c	273	CAB11150	99,0377	ALKISQLQK	9	37884,8	1000000,0	5,1	1000000,0
MP03137	PFC0700c	282	CAB11150	99,0378	KINSNFKLK	9	5732,3	1000000,0	1,0	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	89		99,0249	QLKHFFNSNK	10	1000000,0	1000000,0	33,3	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	615		99,0250	YVSMYIPFIK	10	301060,0	1000000,0	2,6	1000000,0

ES 2 498 371 T3

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
12.t00018	Cromosoma 14	671	99,0251	99,0251	VLFYINMYH	10	900700,0	1000000,0	13,6	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	705	99,0252	99,0252	YTYIFFNYDK	10	742244,6	1000000,0	2,1	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	1140	99,0253	99,0253	SFFTTYSYWK	10	1000000,0	1000000,0	5,7	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	195	99,0379	99,0379	STSNKHNR	9	6609,8	1000000,0	3,8	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	687	99,0380	99,0380	SQCNDYYIK	9	95255,3	1000000,0	6,3	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	896	99,0381	99,0381	SSIFYIKNK	9	41588,3	1000000,0	8,4	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	1020	99,0382	99,0382	LFFREKFLK	9	89243,3	1000000,0	14,3	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	1160	99,0383	99,0383	ILDNVSFLK	9	7621,1	1000000,0	21,0	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		10	99,0254	99,0254	ILVDIPGFK	10	1000000,0	1000000,0	55,0	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		45	99,0255	99,0255	ETYGDSLVLH	10	453286,5	1000000,0	386,1	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		59	99,0256	99,0256	EVGYFKRIFK	10	1000000,0	1000000,0	20,4	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		11	99,0384	99,0384	LVDIPGFK	9	13172,2	1000000,0	26,7	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		30	99,0385	99,0385	GMLTVAGPR	9	34761,5	1000000,0	326,1	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		39	99,0386	99,0386	SQTELFETY	9	6,7	1000000,0	254,2	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		48	99,0387	99,0387	GDSLVLHAK	9	19504,9	1000000,0	306,8	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		50	99,0388	99,0388	SLVLHAKER	9	133501,5	1000000,0	487,4	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		60	99,0389	99,0389	VGYFKRIFK	9	44416,3	1000000,0	27,9	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		86	99,0390	99,0390	NIYYIYY	9	40,2	1000000,0	322,7	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		88	99,0391	99,0391	YIYYIYY	9	16,2	1000000,0	310,0	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		31	99,0237	99,0237	SSFNCDIANK	10	1000000,0	1000000,0	8,4	1000000,0

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
mal_9A57b11.q1t2		49		99,0258	SMGVFCLKEK	10	1000000,0	1000000,0	24,6	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		119		99,0259	HIVKNRIYNK	10	1000000,0	1000000,0	51,7	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		128		99,0260	KLKLNKIIIRK	10	1000000,0	1000000,0	64,9	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		165		99,0261	FIFDIFKYAR	10	1000000,0	1000000,0	148,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		202		99,0262	AQKALSNLHK	10	1000000,0	1000000,0	113,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		208		99,0263	NLHKSWLQYK	10	507559,4	1000000,0	199,6	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		234		99,0264	YLPLFLMMEH	10	1000000,0	1000000,0	147,3	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		32		99,0392	SFNCDIANK	9	27329,1	1000000,0	35,4	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		62		99,0393	KINKKYNNK	9	40379,4	1000000,0	56,4	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		95		99,0394	ILNNKELFK	9	13663,7	1000000,0	29,6	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		120		99,0395	IVKNRIYNK	9	25949,5	1000000,0	17,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		154		99,0396	LINSKVFCY	9	6,1	1000000,0	113,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		183		99,0397	RQKEFYPIK	9	127059,4	1000000,0	38,7	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		9		99,0265	SFLVWLVFNK	10	1000000,0	1000000,0	33,6	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		152		99,0266	STYMTPSAIK	10	1000000,0	1000000,0	2,8	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		656		99,0267	KLYGEFTMINK	10	1000000,0	1000000,0	1,3	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		907		99,0268	GVYYIFVYLR	10	1000000,0	1000000,0	3,7	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		115		99,0398	SQYSNYFDY	9	11,0	1000000,0	15,2	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		361		99,0399	LFITYFQQK	9	90294,9	1000000,0	50,9	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		409		99,0400	ATSWDEYPK	9	44148,4	1000000,0	0,8	1000000,0

ES 2 498 371 T3

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
mal_BL50e8.p1ca_5		752		99,0401	ASFAAHENK	9	11256,9	1000000,0	0,2	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		780		99,0402	MLKADYFIR	9	35923,9	1000000,0	61,1	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		819		99,0403	VLNPVTIPK	9	14931,7	1000000,0	5,6	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		63		99,0269	VSYIFFMSFK	10	1000000,0	1000000,0	0,4	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		937		99,0270	MQKYFLHISK	10	1000000,0	1000000,0	37,5	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		25		99,0404	STFFFFLSR	9	3848,4	1000000,0	0,1	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		84		99,0405	LLLTFGVYY	9	22,7	1000000,0	157,5	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		157		99,0406	KFLFRYKQK	9	941796,8	1000000,0	16,1	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		394		99,0407	KVFIKGGK	9	43309,1	1000000,0	3,8	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		1449		99,0408	ITYWILK	9	6990,4	1000000,0	1,6	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		1534		99,0409	KFFFFVFFY	9	51,8	1000000,0	3,5	2,2
M13S8h6.p1t_3		1655		99,0410	KLLQKLISK	9	8661,9	1000000,0	53,4	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		1703		99,0411	ILNILKLAK	9	21447,1	1000000,0	55,0	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	193		99,0412	SQNNFSKIK	9	90378,2	1000000,0	9,1	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	300		99,0413	SSLNIYNTK	9	46908,8	1000000,0	5,2	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	529		99,0414	KLFNYKFFK	9	60297,3	1000000,0	1,0	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	572		99,0415	LTFLSNIRK	9	13099,9	1000000,0	1,3	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	616		99,0416	KFFYIFHYK	9	49030,6	1000000,0	0,2	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	1415		99,0417	VTCSYFIIR	9	6831,4	1000000,0	16,8	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	1487		99,0418	LTCAFKIYK	9	25752,8	1000000,0	0,3	1000000,0

ES 2 498 371 13

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
585.t0002	Cromosoma 11	1508		99,0419	ILFILFFIK	9	9492,2	1000000,0	1,2	1000000,0
585.t0002	Cromosoma 11	1541		99,0420	NLYFFIHR	9	13239,8	1000000,0	59,3	1000000,0
585.t0002	Cromosoma 11	1742		99,0421	IFLHYFVK	9	118461,5	1000000,0	7,6	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	4294		99,0271	QVFFLQEMER	10	544655,4	1000000,0	27,6	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	272		99,0422	SFYKFEVEK	9	193104,9	1000000,0	16,1	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	325		99,0423	KTFREHFLK	9	17344,2	1000000,0	0,022	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	992		99,0424	VSNSSQLFK	9	13528,2	1000000,0	5,1	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1397		99,0425	SLLNDVFPK	9	67376,3	1000000,0	1,2	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1627		99,0426	KLFIYLDK	9	25288,3	1000000,0	0,67	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1664		99,0427	LLNSQIIQY	9	18,6	1000000,0	160,0	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	2115		99,0428	FQGFYFLDK	9	6204,2	1000000,0	44,3	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	2412		99,0429	NTFSFSWMK	9	16414,9	1000000,0	0,20	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	4500		99,0430	MFYNCVYK	9	327575,1	1000000,0	10,3	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	723		99,0272	NLLRHAIFYK	10	1000000,0	1000000,0	7,4	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	1288		99,0273	SSYGYNIYFK	10	1000000,0	1000000,0	0,3	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	1451		99,0274	RTVNEYFLR	10	1000000,0	1000000,0	25,4	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	16		99,0431	ILLTLVFQK	9	46527,3	1000000,0	2,9	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	28		99,0432	CQNSLNYSK	9	38238,7	1000000,0	63,2	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	211		99,0433	IVNINTELNK	9	9493,8	1000000,0	3,6	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	776		99,0434	TLFSQNLFY	9	10,5	1000000,0	75,0	1000000,0

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
599.t00001	Cromosoma 11	1320		99,0435	TFYESVFTR	9	63945,9	1000000,0	27,9	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11	1370		99,0436	YFFEEFFNK	9	19717,0	1000000,0	4,6	1000000,0
599.t00001	Cromosoma 11	1903		99,0437	TTQSNNIYK	9	20011,8	1000000,0	2,1	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1451		99,0275	SLFYFTSNGK	10	1000000,0	1000000,0	8,0	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	46		99,0438	KLNYDNFEK	9	48443,0	1000000,0	3,4	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	327		99,0439	ILCDDGIYR	9	19413,7	1000000,0	65,3	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	359		99,0440	KVADVFLQH	9	6428,6	1000000,0	4,4	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	419		99,0441	STSFLFLRK	9	2370,1	1000000,0	0,2	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	421		99,0442	SFLFLRKQK	9	408258,6	1000000,0	12,7	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	558		99,0443	SFFSSCENK	9	55537,2	1000000,0	17,7	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	609		99,0444	AQSSYIYNK	9	18056,8	1000000,0	2,5	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1027		99,0445	MSAKYLYHK	9	5370,6	1000000,0	8,8	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1047		99,0446	TTLFSHFNK	9	10524,0	1000000,0	0,2	1000000,0
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1215		99,0447	SVYYNTMLR	9	9856,9	1000000,0	1,2	1000000,0
PIR2	T28161	1124		99,0276	VVNFLELYK	10	408697,6	1000000,0	3,5	1000000,0
PIR2	T28161	1403		99,0277	TFFLWDRYKK	10	1000000,0	1000000,0	9,0	1000000,0
PIR2	T28161	108		99,0448	SVGACAPYR	9	59804,6	1000000,0	2,1	1000000,0
PIR2	T28161	204		99,0449	KQLEDNLRK	9	87893,1	1000000,0	16,9	1000000,0
PIR2	T28161	758		99,0450	KVASNMHHK	9	6948,7	1000000,0	1,6	1000000,0
PIR2	T28161	760		99,0451	ASNIMHKKK	9	32965,2	1000000,0	4,3	1000000,0

ES 2 498 371 13

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
PIR2	T28161	838		99,0452	AGFISNTYK	9	154161,8	1000000,0	2,2	1000000,0
PIR2	T28161	965		99,0453	ILAFKEIYK	9	14274,3	1000000,0	12,6	1000000,0
PIR2	T28161	1879		99,0454	ALFKRWLEY	9	3,4	1000000,0	27,4	1000000,0
PIR2	T28161	2151		99,0455	AFTYFYLKK	9	40565,6	1000000,0	1,6	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	483		99,0278	FFFSNVNKK	10	409139,5	1000000,0	408,4	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	564		99,0279	SQGGKNTYLK	10	1000000,0	1000000,0	13,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	976		99,0280	VFNNSIILEK	10	1000000,0	1000000,0	372,4	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	1338		99,0281	SVSEGYTSTY	10	67,8	1000000,0	33,5	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	229		99,0456	TSICKYWIK	9	8242,3	1000000,0	14,6	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	263		99,0457	TTICKHWKK	9	4558,7	1000000,0	1,7	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	537		99,0458	KVTNVHIYK	9	41321,8	1000000,0	0,2	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	866		99,0459	ITNMNINR	9	5371,8	1000000,0	37,6	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	909		99,0460	MLNIYKINK	9	17179,3	1000000,0	13,6	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	1030		99,0461	IINSYIDYK	9	84561,6	1000000,0	2,0	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	1141		99,0462	NLYTYVVNK	9	45076,1	1000000,0	54,8	1000000,0
55.t00004	Cromosoma 14	1665		99,0463	KMIYSIFIK	9	42191,9	1000000,0	4,1	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	8		99,0282	ISMDKSLFFK	10	1000000,0	1000000,0	16,7	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	47		99,0283	TVFLDYVKGK	10	1000000,0	1000000,0	7,8	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	59		99,0284	DVYKETNMNR	10	1000000,0	1000000,0	64,9	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	117		99,0285	KLKKS TICNK	10	1000000,0	1000000,0	59,9	1000000,0

ES 249837113

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
13.t00011	Cromosoma 14	9		99,0464	SMDKSLFFK	9	4208,2	1000000,0	3,5	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	12		99,0465	KSLFFKSLK	9	64105,1	1000000,0	17,4	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	48		99,0466	VFLDYVKGK	9	347222,4	1000000,0	216,7	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	93		99,0467	KVKRFRVFK	9	52490,3	1000000,0	3,3	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	104		99,0468	SFFIDEVKK	9	352606,0	1000000,0	37,8	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	112		99,0469	KIYENKLLK	9	30696,4	1000000,0	14,5	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	13		99,0286	ALTYMYCVYY	10	249,1	1000000,0	112,8	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	31		99,0287	SQISIFCNLR	10	1000000,0	1000000,0	226,6	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	32		99,0288	QISIFCNLRR	10	301919,5	1000000,0	80,8	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	62		99,0289	VCNNETYNYK	10	1000000,0	1000000,0	186,8	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	71		99,0290	KAHEENDKVK	10	1000000,0	1000000,0	956,7	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	13		99,0470	ALTYMYCVY	9	9,1	1000000,0	279,6	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	32		99,0471	QISIFCNLR	9	26897,2	1000000,0	855,0	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	33		99,0472	ISIFCNLRR	9	37287,9	1000000,0	255,9	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	61		99,0473	NVCNNETY	9	25,3	1000000,0	514,9	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	90		99,0291	LVEFIFLLK	10	304423,1	1000000,0	13,7	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	218		99,0292	SVFYNKEIHK	10	9935003	1000000,0	4,5	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	867		99,0293	SLKDFDMILLY	10	199,3	1000000,0	214,4	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	64		99,0474	NVDRFVEK	9	13728,8	1000000,0	11,8	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	662		99,0475	TLSNSLPQK	9	36834,4	1000000,0	47,0	1000000,0

Tabla 5:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivo en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	PIC		
								A*0201 PIC	A*1101 PIC	A*2402
674.t00001	Cromosoma 11	673		99,0476	YQINNFHFK	9	12103,7	1000000,0	59,8	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	689		99,0477	NLTINNFQK	9	59129,2	1000000,0	40,3	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1035		99,0478	KFNRDMLQK	9	254779,4	1000000,0	1,9	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1126		99,0479	NQSDFLLLK	9	8015,9	1000000,0	15,2	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1256		99,0480	SFHHFNIDK	9	178323,3	1000000,0	26,2	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1288		99,0481	KSKELLQK	9	27230,7	1000000,0	4,4	1000000,0

ES 2 498 371 T3

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	
331.t00003	Cromosoma 10	354		99,0197	KFEPIIHVK	10	1000000,0	1000000,0	26,5	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	5		99,0294	KTMDTFYKK	9	2654,1	1000000,0	0,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	208		99,0295	SFFDVSKKK	9	130857,6	1000000,0	16,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	435		99,0296	LSQLVHFYK	9	29656,2	1000000,0	0,6	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	779		99,0297	SVFVRRYIK	9	18991,0	1000000,0	0,7	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	988		99,0298	FTFQNMYYR	9	5834,2	1000000,0	22,0	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1324		99,0299	SQNSNTFLK	9	10099,5	1000000,0	0,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1337		99,0300	ILFHKFLNK	9	3064,6	1000000,0	2,4	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1521		99,0301	NLFDENFCR	9	30418,9	1000000,0	165,9	1000000,0
331.t00003	Cromosoma 10	1551		99,0302	ALYEKVH GK	9	9346,6	1000000,0	4,4	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	17		99,0198	FLYLFLVK	10	1000000,0	1000000,0	82,1	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	43		99,0199	LVFSNVLCFR	10	365585,5	1000000,0	14,5	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	80		99,0200	AFLESQSMNK	10	1000000,0	1000000,0	65,8	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	112		99,0201	TFLESSFDIK	10	1000000,0	1000000,0	323,9	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	116		99,0202	SSFDIKSEVK	10	1000000,0	1000000,0	34,1	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	18		99,0303	LLYLFLVK	9	5498,6	1000000,0	10,1	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	129		99,0304	KSMKELIK	9	5942,8	1000000,0	12,7	1000000,0
18.000811	Crom12 Cónfigo18	166		99,0305	PVLTSLFNK	9	10202,9	1000000,0	10,1	1000000,0
MY924Fe3.p1t1		1262		99,0203	TFICYVMDK	10	1000000,0	1000000,0	23,0	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402		
MY924Fe3.p1t1		155		99,0306	NVFNIFEK	9	10371,8	1000000,0	0,2	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		220		99,0307	SSFLYAFNK	9	12434,3	1000000,0	0,1	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		1030		99,0308	MFHIIMYTK	9	208352,1	1000000,0	18,2	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		1181		99,0309	SLDDIYKYK	9	22644,9	1000000,0	2,9	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		1613		99,0310	KVVVKNLKYK	9	34654,1	1000000,0	09	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		1853		99,0311	SLFRLGFVK	9	10283,0	1000000,0	0,2	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		2012		99,0312	SLFFNSLYY	9	4,6	1000000,0	2,6	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		2238		99,0313	ITFEKNYYR	9	21591,6	1000000,0	1,5	1000000,0		
MY924Fe3.p1t1		2285		99,0314	SQYEENKSK	9	139775,3	1000000,0	39,1	1000000,0		
MP03001	MAL3P2.11	57	CAB38998	99,0204	KQENWYSLKK	10	1000000,0	1000000,0	50,6	1000000,0		
MP03001	MAL3P2.11	335	CAB38998	99,0205	VTCGNGIQVR	10	1000000,0	1000000,0	170,6	1000000,0		
MP03001	MAL3P2.11	17	CAB38998	99,0315	ALFQEQCY	9	3,4	1000000,0	72,7	1000000,0		
MP03001	MAL3P2.11	57	CAB38998	99,0316	KQENWYSLK	9	44996,2	1000000,0	173,7	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	44		99,0206	TLYQIQVMKR	10	1000000,0	1000000,0	52,0	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	58		99,0207	KQVQMMIMIK	10	1000000,0	1000000,0	8,7	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	70		99,0208	GVYIMIISK	10	1000000,0	1000000,0	10,6	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	158		99,0209	ELFDKDTFFK	10	1000000,0	1000000,0	14,2	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	18		99,0317	KTMNNYMIK	9	16730,1	1000000,0	1,1	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	159		99,0318	LFDKDTFFK	9	32977,1	1000000,0	126,3	1000000,0		
1369.t00001	Cromosoma 11	287		99,0319	YLFNQHIKK	9	21347,4	1000000,0	8,2	1000000,0		

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
1369.t00001	Cromosoma 11	307		99,0320	MQSSFFMNR	9	12685,3	1000000,0	25,4	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	315		99,0321	RFYITTRYK	9	258367,4	1000000,0	21,4	1000000,0
1369.t00001	Cromosoma 11	319		99,0322	TTRYKYLNK	9	10429,2	1000000,0	4,5	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	464		99,0210	KVCELLGYYK	10	1000000,0	1000000,0	1,1	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	492		99,0211	SFLLLVFSK	10	1000000,0	1000000,0	21,9	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	623		99,0212	KLLYKMNYLK	10	1000000,0	1000000,0	15,0	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	764		99,0213	TLEWPSFFY	10	91,9	1000000,0	219,0	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	782		99,0214	LLYNHITSIK	10	1000000,0	1000000,0	12,1	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	878		99,0215	LFYLYMNFLK	10	1000000,0	1000000,0	8,2	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	386		99,0323	KQNIPIYIY	9	57,8	1000000,0	175,4	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	507		99,0324	KTNIFFKVK	9	23058,6	1000000,0	1,5	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	734		99,0325	IVNDLGIFY	9	2,4	1000000,0	16,6	1000000,0
699.t00001	Cromosoma 11	769		99,0326	PSFFYLSFK	9	22074,6	1000000,0	20,1	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		15		99,0216	ILLIRPMLVK	10	1000000,0	1000000,0	95,1	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		29		99,0217	LVKLRPMLVK	10	1000000,0	1000000,0	22,3	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		36		99,0218	LVKLGPILVK	10	1000000,0	1000000,0	15,0	1000000,0
ma_4T2c4.p1t1		16		99,0327	LLIRPMLVK	9	29115,0	1000000,0	16,1	1000000,0
M13Hg2.q1t3		97		99,0219	LLSRFIFYK	10	1000000,0	1000000,0	12,9	1000000,0
M13Hg2.q1t3		267		99,0220	KTSDAKLVDK	10	543207,5	1000000,0	21,8	1000000,0
M13Hg2.q1t3		277		99,0221	ETSTISTFIK	10	714638,7	1000000,0	21,8	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402		
M13Hg2.q1t3		406		99,0222	IFFSYNPFHK	10	1000000,0	1000000,0	18,5	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		528		99,0223	YFFNCIQMAK	10	1000000,0	1000000,0	48,6	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		9		99,0328	SLYNKIEYR	9	32837,9	1000000,0	36,8	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		48		99,0329	SASESNFYK	9	17208,3	1000000,0	0,2	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		216		99,0330	ISYIFPLFK	9	12671,6	1000000,0	2,2	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		420		99,0331	SQNYENINK	9	36248,0	1000000,0	3,6	1000000,0		
M13Hg2.q1t3		661		99,0332	SLMDASKNK	9	5327,4	1000000,0	3,2	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		21		99,0333	KLGFVFCYK	9	42997,2	1000000,0	3,5	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		36		99,0334	SFKNKILQK	9	139254,7	1000000,0	14,9	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		56		99,0335	KFMYLRKKK	9	74875,0	1000000,0	33,4	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		381		99,0336	KQIIFEALK	9	120283,5	1000000,0	38,9	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		519		99,0337	ETFYKELYK	9	14646,9	1000000,0	1,2	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		537		99,0338	SVNYFLLER	9	4574,8	1000000,0	0,4	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		724		99,0339	ILNFLNFNK	9	12039,7	1000000,0	2,7	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		897		99,0340	NTCSKEIYK	9	26259,6	1000000,0	4,6	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		1316		99,0341	KLRNFLFYY	9	34,8	1000000,0	27,7	1000000,0		
Mal_5L10c4.q1t6		1722		99,0342	CSNNNIFYK	9	16887,2	1000000,0	2,7	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1059		99,0224	MQYNHDNIYK	10	1000000,0	1000000,0	6,8	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	2438		99,0225	SFSMLYLF GK	10	1000000,0	1000000,0	20,1	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	675		99,0343	ALNPKYQNH	9	4302,1	1000000,0	149,6	1000000,0		

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201 PIC	A*1101 PIC	A*2402		
571.t00003	Cromosoma 11	749		99,0344	TLNSFQHNIK	9	9140,5	1000000,0	4,0	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1220		99,0345	KINEFQWEK	9	55899,8	1000000,0	0,3	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1368		99,0346	RSDYFHNTK	9	15625,8	1000000,0	5,2	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1429		99,0347	STNSQQLIK	9	14992,1	1000000,0	1,1	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1552		99,0348	KFMTPTTLK	9	54389,6	1000000,0	8,1	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	1684		99,0349	TTNSTPHFK	9	5905,8	1000000,0	3,8	1000000,0		
571.t00003	Cromosoma 11	2509		99,0350	KLMETRFSK	9	8313,3	1000000,0	2,8	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	36	CAA15614	99,0226	SQAHRENGKK	10	1000000,0	1000000,0	109,2	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	45	CAA15614	99,0227	KALVVAILLY	10	220,1	1000000,0	237,1	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	55	CAA15614	99,0228	VIFLVLLFIY	10	137,2	1000000,0	61,8	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	56	CAA15614	99,0229	IFLVLLFIYK	10	1000000,0	1000000,0	44,3	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	58	CAA15614	99,0230	LVLFFIYKAY	10	371,7	1000000,0	207,5	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	59	CAA15614	99,0231	VLLFIYKAYK	10	1000000,0	1000000,0	31,2	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	61	CAA15614	99,0232	LFYKAYKNK	10	1000000,0	1000000,0	434,4	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	72	CAA15614	99,0233	KLYTNTFFMKK	10	1000000,0	1000000,0	5,8	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	92	CAA15614	99,0234	STYLSASDEY	10	57,2	1000000,0	85,1	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	36	CAA15614	99,0351	SQAHRENGK	9	65339,9	1000000,0	230,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	46	CAA15614	99,0352	ALVVAILLY	9	6,0	1000000,0	95,4	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	57	CAA15614	99,0353	FLVLLFIYK	9	14940,5	1000000,0	5,0	1000000,0		
MP03072	PFC0450w	58	CAA15614	99,0354	LVLFFIYKA	9	13,1	102,2	132,5	1000000,0		

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
MP03072	PFC0450w	60	CAA15614	99,0355	LLFIYKAYK	9	59055,3	100000,0	9,6	1000000,0
MP03072	PFC0450w	62	CAA15614	99,0356	FIYKAYKNK	9	35013,8	1000000,0	22,0	1000000,0
MP03072	PFC0450w	72	CAA15614	99,0357	KLYTNFFMK	9	7491,5	1000000,0	2,3	1000000,0
MP03072	PFC0450w	74	CAA15614	99,0358	YTNFFMKKR	9	18478,3	1000000,0	48,4	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	50		99,0235	ALERLLSLKK	10	1000000,0	1000000,0	149,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	109		99,0236	KILKIPVTK	10	1000000,0	1000000,0	30,2	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	128		99,0237	RLPLLPKTWK	10	1000000,0	1000000,0	19,6	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	147		99,0238	NIFRFIPDK	10	1000000,0	1000000,0	24,9	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	161		99,0239	SQVSNDSYK	10	1000000,0	1000000,0	36,0	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	197		99,0240	QQNQESKIMK	10	928526,9	1000000,0	431,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	249		99,0241	IALLIIPPK	10	1000000,0	1000000,0	19,3	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	374		99,0242	SQDLACIFDA	10	226,7	389,1	400,3	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	34		99,0359	AVIFTPIYY	9	7,6	1000000,0	4,7	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	50		99,0360	ALERLLSLK	9	6245,7	1000000,0	55,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	85		99,0361	SISGKYDIK	9	29562,3	1000000,0	25,1	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	101		99,0362	ILCIEGEQK	9	51943,1	1000000,0	162,5	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	126		99,0363	EQRLPLLPK	9	66848,0	1000000,0	244,3	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	148		99,0364	IFLRFIPDK	9	170326,8	1000000,0	112,0	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	250		99,0365	IALLIIPPK	9	47443,5	1000000,0	25,2	1000000,0
45.t00001	Cromosoma 14	270		99,0366	PVVCSEMEYK	9	20870,3	1000000,0	23,1	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402		
45.t00001	Cromosoma 14	271		99,0367	VVCSMEYKK	9	24792,5	1000000,0	8,3	1000000,0		
45.t00001	Cromosoma 14	308		99,0368	FSYDLRLNK	9	5228,9	1000000,0	13,4	1000000,0		
45.t00001	Cromosoma 14	323		99,0369	HLNIPIGFK	9	25082,0	1000000,0	98,3	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	14	CAB11150	99,0243	SSPLFNNFYK	10	1000000,0	1000000,0	0,5	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	151	CAB11150	99,0244	FLYLLKKNK	10	1000000,0	1000000,0	139,2	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	183	CAB11150	99,0245	LQMMNVNLQK	10	1000000,0	1000000,0	83,6	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	195	CAB11150	99,0246	LTNHLINTPK	10	427675,0	1000000,0	20,8	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	259	CAB11150	99,0247	IFISFYLINK	10	1000000,0	1000000,0	102,0	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	293	CAB11150	99,0248	RLFEESLGIR	10	923199,1	1000000,0	420,0	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	16	CAB11150	99,0370	PLFNIFYKR	9	11760,5	1000000,0	383,0	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	141	CAB11150	99,0371	YQNFQNAK	9	40121,5	1000000,0	637,4	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	184	CAB11150	99,0372	QMMNVNLQK	9	17662,1	1000000,0	1,4	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	222	CAB11150	99,0373	AVSEIQNNK	9	6991,0	1000000,0	3,1	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	236	CAB11150	99,0374	GTMVILLKK	9	986,2	1000000,0	0,5	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	260	CAB11150	99,0375	FISFYLINK	9	7376,0	1000000,0	12,2	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	264	CAB11150	99,0376	YLINKHWQR	9	39562,3	1000000,0	41,6	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	273	CAB11150	99,0377	ALKISQLQK	9	37884,8	1000000,0	5,1	1000000,0		
MP03137	PFC0700c	282	CAB11150	99,0378	KINSNFKK	9	5732,3	1000000,0	1,0	1000000,0		
12.t00018	Cromosoma 14	89		99,0249	QLKHFNSNK	10	1000000,0	1000000,0	33,3	1000000,0		
12.t00018	Cromosoma 14	615		99,0250	YVSMYIPFK	10	301060,0	1000000,0	2,6	1000000,0		

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
12.t00018	Cromosoma 14	671		99,0251	VLFYINMYH	10	900700,0	1000000,0	13,6	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	705		99,0252	YTYIFFNYDK	10	742244,6	1000000,0	2,1	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	1140		99,0253	SFFTTYSYWK	10	1000000,0	1000000,0	5,7	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	195		99,0379	STSNKHNR	9	6609,8	1000000,0	3,8	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	687		99,0380	SQCNDYYIK	9	95255,3	1000000,0	6,3	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	896		99,0381	SSIFYKKNK	9	41588,3	1000000,0	8,4	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	1020		99,0382	LFREKFLK	9	89243,3	1000000,0	14,3	1000000,0
12.t00018	Cromosoma 14	1160		99,0383	ILDNVSFLK	9	7621,1	1000000,0	21,0	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		10		99,0254	ILVDIPGFK	10	1000000,0	1000000,0	55,0	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		45		99,0255	ETYGDSLVLH	10	453286,5	1000000,0	386,1	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		59		99,0256	EVGYFKRIFK	10	1000000,0	1000000,0	20,4	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		11		99,0384	LVDIPGFK	9	13172,2	1000000,0	26,7	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		30		99,0385	GMLTVAGPR	9	34761,5	1000000,0	326,1	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		39		99,0386	SQTELFETY	9	6,7	1000000,0	254,2	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		48		99,0387	GDSLVLHAK	9	19504,9	1000000,0	306,8	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		50		99,0388	SLVLHAKER	9	133501,5	1000000,0	487,4	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		60		99,0389	VGYFKRIFK	9	44416,3	1000000,0	27,9	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		86		99,0390	NIYYIYY	9	40,2	1000000,0	322,7	1000000,0
mal_BU121g9.q1c1		88		99,0391	YIYYIYY	9	16,2	1000000,0	310,0	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		31		99,0237	SSFNCDIANK	10	1000000,0	1000000,0	8,4	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201 PIC	A*1101 PIC	A*2402
mal_9A57b11.q1t2		49		99,0258	SMGVFCLKEK	10	1000000,0	1000000,0	24,6	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		119		99,0259	HIVKNRIYNK	10	1000000,0	1000000,0	51,7	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		128		99,0260	KLKLNKIIIRK	10	1000000,0	1000000,0	64,9	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		165		99,0261	FIFDIFKYAR	10	1000000,0	1000000,0	148,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		202		99,0262	AQKALSNLHK	10	1000000,0	1000000,0	113,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		208		99,0263	NLHKSWLQYK	10	507559,4	1000000,0	199,6	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		234		99,0264	YLPLFLMMEH	10	1000000,0	1000000,0	147,3	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		32		99,0392	SFNCDIANK	9	27329,1	1000000,0	35,4	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		62		99,0393	KINKKYNKK	9	40379,4	1000000,0	56,4	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		95		99,0394	ILNNKELFK	9	13663,7	1000000,0	29,6	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		120		99,0395	IVKNRIYNK	9	25949,5	1000000,0	17,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		154		99,0396	LINSKVFCY	9	6,1	1000000,0	113,8	1000000,0
mal_9A57b11.q1t2		183		99,0397	RQKEFYPIK	9	127059,4	1000000,0	38,7	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		9		99,0265	SFLVVLVFNK	10	1000000,0	1000000,0	33,6	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		152		99,0266	STYMTPSAIK	10	1000000,0	1000000,0	2,8	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		656		99,0267	KLYGEFTMINK	10	1000000,0	1000000,0	1,3	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		907		99,0268	GVYYIFVYLR	10	1000000,0	1000000,0	3,7	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		115		99,0398	SQYSNYFDY	9	11,0	1000000,0	15,2	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		361		99,0399	LFITYFQQK	9	90294,9	1000000,0	50,9	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		409		99,0400	ATSWDEYPK	9	44148,4	1000000,0	0,8	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201 PIC	A*1101 PIC	A*2402
mal_BL50e8.p1ca_5		752		99,0401	ASFAAHENK	9	11256,9	1000000,0	0,2	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		780		99,0402	MLKADYFIR	9	35923,9	1000000,0	61,1	1000000,0
mal_BL50e8.p1ca_5		819		99,0403	VLNPVTIPK	9	14931,7	1000000,0	5,6	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		63		99,0269	VSYIFFMSFK	10	1000000,0	1000000,0	0,4	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		937		99,0270	MQKYFLHISK	10	1000000,0	1000000,0	37,5	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		25		99,0404	STFFFFLSR	9	3848,4	1000000,0	0,1	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		84		99,0405	LLLTFGVYY	9	22,7	1000000,0	157,5	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		157		99,0406	KFLFRYKQK	9	941796,8	1000000,0	16,1	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		394		99,0407	KVFIKGGK	9	43309,1	1000000,0	3,8	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		1449		99,0408	ITYWILK	9	6990,4	1000000,0	1,6	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		1534		99,0409	KFFFFVFFY	9	51,8	1000000,0	3,5	2,2
M13S8h6.p1t_3		1655		99,0410	KLLQKLISK	9	8661,9	1000000,0	53,4	1000000,0
M13S8h6.p1t_3		1703		99,0411	ILNILKLAK	9	21447,1	1000000,0	55,0	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	193		99,0412	SQNNFSKIK	9	90378,2	1000000,0	9,1	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	300		99,0413	SSLNIYNTK	9	46908,8	1000000,0	5,2	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	529		99,0414	KLFNYKFFK	9	60297,3	1000000,0	1,0	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	572		99,0415	LTFLSNIRK	9	13099,9	1000000,0	1,3	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	616		99,0416	KFFYIFHYK	9	49030,6	1000000,0	0,2	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	1415		99,0417	VTCSYFIIR	9	6831,4	1000000,0	16,8	1000000,0
585.t00002	Cromosoma 11	1487		99,0418	LTCAFKIYK	9	25752,8	1000000,0	0,3	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402
585.t0002	Cromosoma 11	1508		99,0419	ILFILFFIK	9	9492,2	1000000,0	1,2	1000000,0
585.t0002	Cromosoma 11	1541		99,0420	NLYFFIHR	9	13239,8	1000000,0	59,3	1000000,0
585.t0002	Cromosoma 11	1742		99,0421	IFLHYFVK	9	118461,5	1000000,0	7,6	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	4294		99,0271	QVFFLQEMER	10	544655,4	1000000,0	27,6	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	272		99,0422	SFYKFEVEK	9	193104,9	1000000,0	16,1	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	325		99,0423	KTFREHFLK	9	17344,2	1000000,0	0,22	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	992		99,0424	VSNSSQLFK	9	13528,2	1000000,0	5,1	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1397		99,0425	SLLNDVFPK	9	67376,3	1000000,0	1,2	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1627		99,0426	KLFIYLDK	9	25288,3	1000000,0	0,67	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	1664		99,0427	LLNSQIIQY	9	18,6	1000000,0	160,0	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	2115		99,0428	FQGFYFLDK	9	6204,2	1000000,0	44,3	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	2412		99,0429	NTFSFSWMK	9	16414,9	1000000,0	0,20	1000000,0
1223.t00015	mal_9A21f9.q1t_4	4500		99,0430	MFYNCVPYK	9	327575,1	1000000,0	10,3	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	723		99,0272	NLLRHAIFYK	10	1000000,0	1000000,0	7,4	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	1288		99,0273	SSYGYNIYFK	10	1000000,0	1000000,0	0,3	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	1451		99,0274	RTVNEYFLR	10	1000000,0	1000000,0	25,4	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	16		99,0431	ILLTLVFQK	9	46527,3	1000000,0	2,9	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	28		99,0432	CQNSLNYSK	9	38238,7	1000000,0	63,2	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	211		99,0433	IVNINTELNK	9	9493,8	1000000,0	3,6	1000000,0
599.t0001	Cromosoma 11	776		99,0434	TLFSQNLFY	9	10,5	1000000,0	75,0	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402		
599.t00001	Cromosoma 11	1320		99,0435	TFYESVFTR	9	63945,9	1000000,0	27,9	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1370		99,0436	YFFEEFFNK	9	19717,0	1000000,0	4,6	1000000,0		
599.t00001	Cromosoma 11	1903		99,0437	TTQSNNIYK	9	20011,8	1000000,0	2,1	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1451		99,0275	SLFYFTSNGK	10	1000000,0	1000000,0	8,0	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	46		99,0438	KLNYDNFEK	9	48443,0	1000000,0	3,4	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	327		99,0439	ILCDDGIYR	9	19413,7	1000000,0	65,3	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	359		99,0440	KVADVFLQH	9	6428,6	1000000,0	4,4	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	419		99,0441	STSFLLRK	9	2370,1	1000000,0	0,2	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	421		99,0442	SFLLRKQK	9	408258,6	1000000,0	12,7	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	558		99,0443	SFFSSCENK	9	55537,2	1000000,0	17,7	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	609		99,0444	AQSSYIYNK	9	18056,8	1000000,0	2,5	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1027		99,0445	MSAKYLYHK	9	5370,6	1000000,0	8,8	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1047		99,0446	TTLFSHFNK	9	10524,0	1000000,0	0,2	1000000,0		
MP01072	M1045c5.p1c.C_6	1215		99,0447	SVYYNTMLR	9	9856,9	1000000,0	1,2	1000000,0		
PIR2	T28161	1124		99,0276	VVNFLELYK	10	408697,6	1000000,0	3,5	1000000,0		
PIR2	T28161	1403		99,0277	TFFLWDRYKK	10	1000000,0	1000000,0	9,0	1000000,0		
PIR2	T28161	108		99,0448	SVGACAPYR	9	59804,6	1000000,0	2,1	1000000,0		
PIR2	T28161	204		99,0449	KQLEDNLRK	9	87893,1	1000000,0	16,9	1000000,0		
PIR2	T28161	758		99,0450	KVASNMHHK	9	6948,7	1000000,0	1,6	1000000,0		
PIR2	T28161	760		99,0451	ASNIMHKKK	9	32965,2	1000000,0	4,3	1000000,0		

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

										PIC		
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201	A*1101	A*2402		
PIR2	T28161	838		99,0452	AGFISNTYK	9	154161,8	1000000,0	2,2	1000000,0		
PIR2	T28161	965		99,0453	ILAFKEIYK	9	14274,3	1000000,0	12,6	1000000,0		
PIR2	T28161	1879		99,0454	ALFKRWLEY	9	3,4	1000000,0	27,4	1000000,0		
PIR2	T28161	2151		99,0455	AFTYFYLKK	9	40565,6	1000000,0	1,6	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	483		99,0278	FFFSNVNKK	10	409139,5	1000000,0	408,4	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	564		99,0279	SQGGKNTYLK	10	1000000,0	1000000,0	13,0	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	976		99,0280	VFNNSIILEK	10	1000000,0	1000000,0	372,4	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	1338		99,0281	SVSEGYTSTY	10	67,8	1000000,0	33,5	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	229		99,0456	TSICKYWIK	9	8242,3	1000000,0	14,6	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	263		99,0457	TTICKHWKK	9	4558,7	1000000,0	1,7	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	537		99,0458	KVTNVHIYK	9	41321,8	1000000,0	0,2	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	866		99,0459	ITNMNINR	9	5371,8	1000000,0	37,6	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	909		99,0460	MLNIYKINK	9	17179,3	1000000,0	13,6	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	1030		99,0461	IINSYIDYK	9	84561,6	1000000,0	2,0	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	1141		99,0462	NLYTYVVNK	9	45076,1	1000000,0	54,8	1000000,0		
55.t00004	Cromosoma 14	1665		99,0463	KMIYSIFIK	9	42191,9	1000000,0	4,1	1000000,0		
13.t00011	Cromosoma 14	8		99,0282	ISMDKSLFFK	10	1000000,0	1000000,0	16,7	1000000,0		
13.t00011	Cromosoma 14	47		99,0283	TVFLDYVKGK	10	1000000,0	1000000,0	7,8	1000000,0		
13.t00011	Cromosoma 14	59		99,0284	DVYKETNMNR	10	1000000,0	1000000,0	64,9	1000000,0		
13.t00011	Cromosoma 14	117		99,0285	KLKKS TICNK	10	1000000,0	1000000,0	59,9	1000000,0		

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

PIC										
Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	A*0101	A*0201 PIC	A*1101 PIC	A*2402
13.t00011	Cromosoma 14	9		99,0464	SMDKSLFFK	9	4208,2	1000000,0	3,5	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	12		99,0465	KSLFFKSLK	9	64105,1	1000000,0	17,4	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	48		99,0466	VFLDYVKGK	9	347222,4	1000000,0	216,7	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	93		99,0467	KVKRFRVFK	9	52490,3	1000000,0	3,3	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	104		99,0468	SFFIDEVKK	9	352606,0	1000000,0	37,8	1000000,0
13.t00011	Cromosoma 14	112		99,0469	KIYENKLLK	9	30696,4	1000000,0	14,5	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	13		99,0286	ALTYMYCVYY	10	249,1	1000000,0	112,8	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	31		99,0287	SQISIFCNLR	10	1000000,0	1000000,0	226,6	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	32		99,0288	QISIFCNLRR	10	301919,5	1000000,0	80,8	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	62		99,0289	VNNEYTYNK	10	1000000,0	1000000,0	186,8	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	71		99,0290	KAHEENDKVK	10	1000000,0	1000000,0	956,7	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	13		99,0470	ALTYMYCVY	9	9,1	1000000,0	279,6	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	32		99,0471	QISIFCNLR	9	26897,2	1000000,0	855,0	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	33		99,0472	ISIFCNLRR	9	37287,9	1000000,0	255,9	1000000,0
37.t00002	Cromosoma 14	61		99,0473	NVCNNETY	9	25,3	1000000,0	514,9	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	90		99,0291	LVEFIFLLK	10	304423,1	1000000,0	13,7	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	218		99,0292	SVFYNKEIHK	10	9935003	1000000,0	4,5	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	867		99,0293	SLKDFDMLLY	10	199,3	1000000,0	214,4	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	64		99,0474	NVDRFVEK	9	13728,8	1000000,0	11,8	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	662		99,0475	TLNSLPPQK	9	36834,4	1000000,0	47,0	1000000,0

Tabla 6:

Péptidos del supertipo A3.11 derivados de Pf que puntúan positivos en el algoritmo PIC

Locus de la malaria	Información adicional de la fuente	Posición	Nº de acceso	Nº de péptido	Secuencia	AA	PIC			
							A*0101	A*0201	A*1101	
674.t00001	Cromosoma 11	673		99,0476	YQINNFHFK	9	12103,7	1000000,0	59,8	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	689		99,0477	NLTINNFQK	9	59129,2	1000000,0	40,3	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1035		99,0478	KFNRDMLQK	9	254779,4	1000000,0	1,9	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1126		99,0479	NQSDFLLLK	9	8015,9	1000000,0	15,2	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1256		99,0480	SFHFNIDK	9	178323,3	1000000,0	26,2	1000000,0
674.t00001	Cromosoma 11	1288		99,0481	KSKELLQK	9	27230,7	1000000,0	4,4	1000000,0

ES 2 498 371 T3

Listado de secuencias

5 <110> Epimmune, Inc.
 The United States of America as Represented by the Secretary of the Navy
 Sette, Alessandro
 Doolan, Denise L.
 Carucci, Daniel J.
 Sidney, John
 Southwood, Scott

10 <120> PLASMODIUM FALCIPARUM ANTIGENS AND METHODS OF USE

<130> EPI-103X

<150> US 60/431,494

<151> 2002-12-06

<160> 27

15 <170> PatentIn versión 3.2

<210> 1

<211> 1904

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

20 <400> 1

Met Ser Pro Ser Lys Thr Met Asp Thr Phe Tyr Lys Lys Lys Arg Asn
 1 5 10 15

Val Leu Thr Leu Ile Asn Asp Glu Gln Asp Leu Tyr Ile Tyr Lys Asp
 20 25 30

Ile Tyr Asn Asn Cys Glu Asn Asp Ile Tyr Ser Leu Tyr Leu Asn Ile
 35 40 45

Ile Asn Gln Tyr Lys Asn Cys Leu Asp Gly Glu Lys Lys Leu Phe Leu
 50 55 60

Asn Lys Cys Ile Lys Asn Gly Asn Val Lys Tyr Ile Glu Lys Val Val
 65 70 75 80

Lys Gln Ile Ile Glu Lys Lys Asn Val Tyr Asn Asp Ile Asp Asp Lys
 85 90 95

Ser Ile Lys Lys Ser Ile Asp Leu Leu Ile Tyr Pro Cys Val Tyr Glu
 100 105 110

Ile Asn Lys Asn Glu Phe Tyr Tyr Thr Thr Ser Cys Cys Ser Gly Arg
 115 120 125

ES 2 498 371 T3

Ile Val Ile Phe Lys Glu Val His Ile Asn Asn Lys Asn Asp Asn Gln
 130 135 140

Lys Lys Ile Phe Lys Asn Ser Thr Thr Ser Gln Glu Lys Lys Glu Glu
 145 150 155 160

Asn Ile Ser His His Leu Ser Asn Ile Asn Leu Leu Asn Val His Glu
 165 170 175

Lys Asp Glu Leu Phe Leu Ser His Phe Lys Lys Asn Phe Ile Leu Gln
 180 185 190

Asn Asn Glu Glu Lys Tyr Thr Tyr Cys Ser Asp His Asp Ile Ser Ser
 195 200 205

Phe Phe Asp Val Ser Lys Lys Lys Thr Asn Lys Trp Glu Asp Ile Tyr
 210 215 220

Glu Glu Lys Asn Leu Lys Glu Asn Ile Leu Tyr Ile Asn Lys Glu His
 225 230 235 240

Lys Lys Lys Lys Val Arg Lys Lys Lys Lys Ile His Lys Lys Asn Val
 245 250 255

His Ile Leu Tyr Ser Ser His Ser His Gln His Leu Lys Tyr Asp Ile
 260 265 270

Lys Val Ile Lys Asp Ile Leu Lys Lys Glu Leu Phe Gln Asn Tyr Phe
 275 280 285

Asp Val Asn Gln Arg Asn Asp Tyr Lys Asn Ile Ser Phe Asp Phe Met
 290 295 300

Gly Thr Lys Lys Tyr Ser Leu Gln Asn Glu Val Asn Leu Asn Ser Ser
 305 310 315 320

Ile Ile Thr Met Ser Asp Lys Glu Gly Met Lys Lys Lys Glu Lys Asn
 325 330 335

Asn Lys Val Ile Asn Ile Leu Asn Asn Gln Asn Lys Arg Asn Ile Phe
 340 345 350

Ile Lys Phe Glu Pro Phe Ile Ile His Val Lys Cys Thr Thr Phe Leu
 355 360 365

ES 2 498 371 T3

Ser Ala Leu Lys Leu Leu Lys Ile Ala Gln Tyr Ala Gly Leu Lys Gln
 370 375 380

Ser Gly Ile Leu Asn Phe Asn Lys His Val Thr Val Ala Ile Arg Gly
 385 390 395 400

Ser Met Arg Leu Glu His Leu Leu Gly Asp Ile His Pro Thr Leu Gln
 405 410 415

Gln Thr Asn Leu Met Glu Ile Ile His Ile Cys Asn Asn Lys Leu Ser
 420 425 430

Lys Asn Leu Ser Gln Leu Val His Phe Tyr Lys Cys Phe Lys Gln Phe
 435 440 445

Lys Glu His Glu His Thr Tyr Gln Phe Val Ser Ile Asn Arg Glu Met
 450 455 460

Leu Ser Ser Leu Glu Asn Asn Leu Ser Ser Asn Thr Lys Gln Lys Lys
 465 470 475 480

Lys Ser Asn Lys Lys Asn Thr Leu His Val Lys Asp Asn Leu Gln Asp
 485 490 495

Asn Lys Lys Ile Ala His His Met Lys Lys Lys Lys Lys Glu Ile Asn
 500 505 510

His Leu Tyr Leu Thr Cys Ser Gly Lys Lys Asn Ile Pro Asn Gly Asn
 515 520 525

Arg Ser Ile Ala Glu Gln Asp Lys Thr Glu Cys Lys Leu Lys Asp Glu
 530 535 540

Ile Ile Tyr Glu Asn Thr Glu Asn His Ile Asn Ile Ile Lys Lys Glu
 545 550 555 560

Lys Asn Ile Ile Asp Leu Asn Lys Tyr Asn Ile Gln Leu Asn Glu Glu
 565 570 575

Gly Tyr Ile Ile Asn Glu Asn Lys Asn Asp Lys Phe Ile Gly Trp Lys
 580 585 590

Ile Leu Gly Asn Asn Asn Met Asn Val Gln Asn Phe Phe Val Trp Gly
 595 600 605

ES 2 498 371 T3

His Asp Met Phe Met Gln Glu Asn Lys Ile Tyr Met Phe Gly Gly Phe
610 615 620

Ser Lys Gly Val Arg Asn Asn Lys Leu Lys Ile Tyr Asp Ile Ile Asn
625 630 635 640

Lys Lys His Phe Ile Tyr Asp Thr Glu Leu Pro Ser Leu Val Phe His
645 650 655

Asn Phe Val Gln Leu Asp Asp Lys Phe Ala Phe Ile Phe Gly Gly Arg
660 665 670

Gln Asn Pro Lys Asn Cys Thr Asn Met Val Trp Val Tyr Asn Ile Lys
675 680 685

Glu Asn Phe Trp Ile Lys Ala Arg Arg Thr Ser Thr Leu Val Arg Lys
690 695 700

Asn Lys Asn Val Leu Phe Leu Glu Lys Met Glu Lys Asn Met Glu Val
705 710 715 720

Lys Met Asp Arg Met Lys Tyr His Met Gly Lys Lys Tyr Asn Asn Asp
725 730 735

Asp Asn Asn Ser Asp Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn
740 745 750

Asn Asn Phe Leu Cys Asn Asp Glu Asn Ile Phe Tyr Phe Asn Asn Glu
755 760 765

Glu Glu Pro Cys Pro Arg Tyr Arg His Ala Ser Val Phe Val Arg Arg
770 775 780

Tyr Ile Lys Lys Ser Lys Ser Ile Tyr Ile Phe Tyr Thr Tyr Gly Gly
785 790 795 800

Val Asn Glu Lys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Ile Trp Glu Gly Lys Ile
805 810 815

Ile Leu Asn Leu Glu Asp Lys Gly Ile Ala His Ile Glu Trp Asn Lys
820 825 830

Lys Asn Cys Ser Gln Lys Thr Glu Ala Cys Arg Ile Asn Asn His Ser
835 840 845

Met Ile Tyr Asn Lys Lys Lys Asn Phe Ile Tyr Ile Val Gly Gly Tyr

ES 2 498 371 T3

850

855

860

Gln Asp Asn Asp Lys Asp Asn Tyr Thr Gln Tyr Asn Glu Tyr Asn Asn
865 870 875 880

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Lys Asp Asn Ser Val Asn Ser Asp Asp Met
885 890 895

Ile Gly Met Pro Asn Leu Ser Ser Thr Val Val Cys Lys Lys Met Glu
900 910

Tyr Leu Tyr Thr Tyr Asp Ile Lys Lys Asp Asn Phe Phe Tyr Thr Lys
915 920 925

Cys Leu Gly Asp Asp Asn Met Glu Leu Lys Ala Tyr Pro Ser Asp Arg
930 935 940

Phe Ser His Ser Thr Cys Leu Ile Asn His Asn Phe Phe Met Leu Val
945 950 955 960

Gly Gly Ile Asn Ile His Arg Thr Leu Asn Asp Val Trp Leu Phe His
965 970 975

Ile Lys Thr Asn Lys Trp Asn Tyr Leu Gly Thr Phe Thr Phe Gln Asn
980 985 990

Met Tyr Val Arg Ser Lys Val Val Ser Glu Asn Asn Cys Val Tyr Ile
995 1000 1005

Ile Gly Gly Gly Cys Thr Val Phe Thr Phe Gly Ser Phe Phe Asp
1010 1015 1020

Val Pro Ile Trp Ser Asn Phe Ser Gly Ile Met Lys Ser Ile Gln
1025 1030 1035

His Lys Glu Leu Lys Asn Val Leu Ile Phe Ser Glu Asp Arg Glu
1040 1045 1050

Val Lys Glu Gly Gln Ala Thr Tyr Asn Asn Glu Ile Lys Lys Asn
1055 1060 1065

Cys Gly Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn
1070 1075 1080

Asn Asn Asn Asn Lys Cys Ser Asn Asn Tyr Asn Ile Leu Val Asp
1085 1090 1095

ES 2 498 371 T3

Lys Val Ala Arg Asn Glu His Leu Glu Lys Tyr Asn Leu Cys His
 1100 1105 1110

Asn Met Leu Ile Glu His Lys Asp Val Ile Lys Lys Glu Ile Leu
 1115 1120 1125

Val Phe Glu Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Asp Glu Lys
 1130 1135 1140

Gly Asp Asp Ile Met Asp Val Glu Lys Lys Asn Glu Leu Pro His
 1145 1150 1155

Ile Ile Asp Glu Glu Lys Lys Gly Thr Asp Arg Asp Val Glu Lys
 1160 1165 1170

Ser Ser Phe Cys Leu Asp Glu Lys Ser Ile Lys Ile Gly Leu Tyr
 1175 1180 1185

Ile Ile Ile Lys Asn Lys His Phe Val Lys Gln Ile Lys Val Tyr
 1190 1195 1200

Leu Glu Asn Lys Lys Met Phe Asp Asn Ser Leu Lys Ile Tyr Asn
 1205 1210 1215

Pro Lys Gly Asn Gln Lys Asn Glu Glu Asn Glu Lys Asn Glu Glu
 1220 1225 1230

Asn Glu Lys Asn Glu Glu Asn Glu Lys Asn Glu Glu Asn Glu Lys
 1235 1240 1245

Asn Glu Glu Asn Glu Lys Asn Glu Asp Tyr Asn Lys Ile Met Gly
 1250 1255 1260

Glu Glu Lys Lys Phe Tyr Val Pro Ile Lys Lys Lys Leu Asp Asp
 1265 1270 1275

Asp Ile Leu Lys Asn Asp Glu Tyr Phe Lys Thr Val Leu Leu Asp
 1280 1285 1290

Lys Ile Glu Arg Cys Asn Asp Gly Asn Ile Leu Tyr Tyr Glu Lys
 1295 1300 1305

Val Ile Cys Glu Ile Tyr Asn Gly Lys Tyr Gln Asp Asn Ile Lys
 1310 1315 1320

ES 2 498 371 T3

Ser Gln Asn Ser Asn Thr Phe Leu Lys Lys Lys Leu Arg Ile Leu
 1325 1330 1335

Phe His Lys Phe Leu Asn Lys Lys Val Lys Asn Tyr Leu Asn Ser
 1340 1345 1350

Ser Glu Lys Lys Met Val Leu Gln Gly Tyr Arg Lys Tyr Glu Ile
 1355 1360 1365

Ile Gly Asn Ile Leu Ile Phe His Tyr Lys Tyr Phe Glu Cys Ile
 1370 1375 1380

Met Lys Leu Tyr Lys Val Tyr Glu Gly Lys Leu Lys Lys Tyr Lys
 1385 1390 1395

Lys Glu Ile Asn Glu Met Ile Glu Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Asp
 1400 1405 1410

Tyr Ser Tyr Ile Ile Lys Asn Lys Lys Lys His Asn Lys Leu Val
 1415 1420 1425

Ser Cys Phe Leu Met Asn Asp Ile Tyr Glu Tyr Lys Tyr Tyr Val
 1430 1435 1440

Lys Glu Val Lys Lys Phe Trp Leu Ala Ile Lys Asp Ile Phe Asn
 1445 1450 1455

Asn Lys Asp Ile Phe Asn Asn Lys Glu Ile Ile Leu Asn Thr Asn
 1460 1465 1470

Ile Leu Ser Leu Lys Lys Lys Lys Lys Glu Lys Lys Lys Lys Lys
 1475 1480 1485

Lys Asn Asn Asn Asn Asn Lys Phe Tyr Val Lys Val Lys Phe Asn
 1490 1495 1500

Lys Lys Gly Ile Thr Asn Lys Ile Asn Ile Leu Leu Tyr Arg Arg
 1505 1510 1515

Arg Lys Asn Leu Phe Asp Glu Asn Phe Cys Arg Asn Ile Met Lys
 1520 1525 1530

Arg Asn Lys Asn Cys Glu Ile Ile Lys Lys Lys Arg Lys Ile Lys
 1535 1540 1545

ES 2 498 371 T3

Cys Val Ala Leu Tyr Glu Lys Val His Gly Lys Leu Arg Gln Asn
 1550 1555 1560

Lys Ile His Ile Val Cys Gly Lys Asn Leu Lys Thr Val His Ile
 1565 1570 1575

Glu Asn Lys Ile Lys Tyr Lys Leu Asp Leu Thr Lys Cys Met Phe
 1580 1585 1590

Ser Ser Gly Asn Gly Thr Glu Lys Glu Arg Met Lys Asn Met Tyr
 1595 1600 1605

Ile Val Ser Asn Asn Asp Asp Asn Ile Asn Asn Lys Asp Lys Asn
 1610 1615 1620

Lys Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Leu
 1625 1630 1635

Leu Asp Glu Lys Arg Asp Arg Val Lys Glu Asn Val Val Asp Leu
 1640 1645 1650

Phe Cys Gly Val Gly Tyr Phe Thr Leu Pro Leu Leu Lys Cys Ile
 1655 1660 1665

Glu Ala Gln Asn Lys Ile Asn Asn Tyr Phe Ala Cys Asp Ile Asn
 1670 1675 1680

Pro Asp Ser Leu Lys Leu Leu Arg Glu Ser Ile Lys Leu Asn Asn
 1685 1690 1695

Ile Asn Lys Lys Asn Ile Tyr Ile Ile Lys Gln Asn Ser Phe Met
 1700 1705 1710

Leu Ser Lys Asn Val Gln Met Val Arg Lys Cys His Arg Ile Ile
 1715 1720 1725

Leu Gly Leu Leu Pro His Ser Gln Pro Ala Trp Lys Asn Ala Phe
 1730 1735 1740

Phe Leu Leu Asp Asn Lys Tyr Gly Gly Ile Leu His Ile His Gly
 1745 1750 1755

Ile Gly Gln His Ile Phe Asp Glu Gln Val Cys Phe Ser Ser Ile
 1760 1765 1770

Asn Thr Tyr Asp Tyr Ile Leu Lys Lys Lys Asp Val Asn Ile Ser

ES 2 498 371 T3

1775		1780		1785
Ser Ile Asn Lys Leu Thr Lys Leu Gln Met Val Glu Glu Tyr Val				
1790		1795		1800
Ser Asn Val Glu Asp Ser Asn Tyr Val Glu Glu Ile Lys Lys Asn				
1805		1810		1815
Lys Asp His Phe His Asn Lys Tyr Ile Asn His Tyr Asn Ser Asn				
1820		1825		1830
Tyr Asn Lys Lys Leu Tyr Leu Gly Asn Asn Ile Pro His Asn Leu				
1835		1840		1845
Ser Phe Ala Gln Tyr Thr Leu Ile Glu Ile Phe Lys Ile Ala Leu				
1850		1855		1860
Tyr Asp Asn Leu Lys Asn Asn Ile Phe Trp Asn Ile Ala Ile Ser				
1865		1870		1875
His Val Glu Arg Val Lys Ser Tyr Ala Pro Arg Met Tyr His Tyr				
1880		1885		1890
Val Val Asp Ile Lys Cys Asp Pro Leu Ile Phe				
1895		1900		

<210> 2
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum
 <400> 2

5

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

ES 2 498 371 T3

Phe Leu Glu Ser Gln Ser Met Asn Lys Ile Gly Asp Asp Leu Ala Glu
85 90 95

Thr Ile Ser Asn Glu Leu Val Ser Val Leu Gln Lys Asn Ser Pro Thr
100 105 110

Phe Leu Glu Ser Ser Phe Asp Ile Lys Ser Glu Val Lys Lys His Ala
115 120 125

Lys Ser Met Leu Lys Glu Leu Ile Lys Val Gly Leu Pro Ser Phe Glu
130 135 140

Asn Leu Val Ala Glu Asn Val Lys Pro Pro Lys Val Asp Pro Ala Thr
145 150 155 160

Tyr Gly Ile Ile Val Pro Val Leu Thr Ser Leu Phe Asn Lys Val Glu
165 170 175

Thr Ala Val Gly Ala Lys Val Ser Asp Glu Ile Trp Asn Tyr Asn Ser
180 185 190

Pro Asp Val Ser Glu Ser Glu Glu Ser Leu Ser Asp Asp Phe Phe Asp
195 200 205

<210> 3

<211> 2404

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

<400> 3

Met Asp Leu Met Asn Asp Glu Tyr Asp Ile Asp Asp Pro Lys Glu Arg
1 5 10 15

Asn Ile Ile Lys Gly Asp Tyr Asp Asp Asp Asn Met Gly Asn Asn Gly
20 25 30

Phe Ser Ile Ile Asn Ser Tyr Lys Asp Ile Asp Val Asn Asp Val Asn
35 40 45

Asp Leu Glu Ser Ile Val Lys Asn Asp Glu Ile Ser Val Asp Arg Lys
50 55 60

Leu Glu Tyr Phe Tyr Ser Lys Leu Asn Ser Asn Ile Phe Asp Ile Phe
65 70 75 80

5

ES 2 498 371 T3

Arg Ile Val Ala Asp Tyr Glu Asn Ile Tyr Ile Ile Ser Gly Glu Gly
85 90 95

Leu Ile Ile Tyr Val Cys Met Leu Leu Ser Lys Phe Tyr Ser Phe Lys
100 105 110

Asn Glu Glu Asp Lys Asn Ile Leu Ser Phe Asp Asn Ser Leu Asn Met
115 120 125

Ile Ser Val Val Tyr Tyr Ile Glu Lys Ile Leu Ser Asp Ile Cys Ala
130 135 140

Cys Asn Ser Asn Phe His Ile Ile Phe Phe Asn Val Phe Asn Ile Phe
145 150 155 160

Phe Glu Lys Lys Lys Asn Lys Leu Phe Gln Asn Tyr Asn Leu Leu Arg
165 170 175

Asn Ala Phe Ile Ile His Cys Lys Lys Asn Leu Ile Pro Tyr Phe Ile
180 185 190

Phe Asn Asn Trp Tyr Asn Asp Glu Asn Tyr Asn Ile Tyr Leu Ile Lys
195 200 205

Tyr Lys Pro Leu Phe Met Phe Val Glu Asp Ser Ser Ser Phe Leu Tyr
210 215 220

Ala Phe Asn Lys Tyr Tyr Val Ser Asn Val Asn Thr Asp Asn Lys Glu
225 230 235 240

Asn Asn Val Asn Ile Asn Gln Glu Lys Lys Asn Ile Phe Val Asp Asn
245 250 255

Asp Lys Asn Ile Asn Gly Asp His Tyr Asp Asp Asp Val Glu Asn Ile
260 265 270

Glu Lys Lys Lys Asn Tyr Lys Glu Tyr Ile Tyr Lys Lys Asn Ile Tyr
275 280 285

Asp Ser Tyr Asn Asn Asp Ile Arg Glu Met Ser Leu Cys Phe Tyr Phe
290 295 300

Leu Leu Leu Asn Asn Ile Leu Arg Asp Ile Lys Cys Val Phe Phe Phe
305 310 315 320

Asn Leu Glu Ser Glu Lys Asn Thr Ile Asn Ala Phe Ser Ile Asn Tyr

ES 2 498 371 T3

325	330	335
Thr Gly Val 340	Asn Phe Glu Ala Met 345	Lys Gln Leu Asn Asp Lys Ala Ser 350
Leu Leu Phe 355	Asp Asn Val Tyr Tyr 360	Glu Lys Lys Glu Asn Ser Asn Arg 365
Glu Glu Ile 370	Asn Asp Lys Val Ser 375	Lys Gln Gly Cys Asn Leu Asn Asp 380
Ser Asp Ser 385	Ser Asn Val Leu Tyr 390	Ile Asn Ile Gln Asn Ile Lys Asp 395 400
Tyr Asp Ile 405	Leu Tyr Lys Glu Asp 410	Asn Lys Asn Tyr Asn Asp Val Glu 415
Asn Gln Met 420	Leu Asn Arg Phe Met 425	Asn Asn Val Lys Glu Glu Asn Val 430
Asp Leu Lys 435	Asn Met Ala Leu His 440	Ile Phe Phe Tyr Lys Ile Ile Asp 445
Glu Thr Glu 450	His Val Val His Met 455	Asn Lys Lys Glu Tyr Lys Tyr Phe 460
His Leu Val 465	Met Lys Ile Leu Phe 470	Leu His Asn Tyr Leu Leu Glu Lys 475 480
Met Asn Met 485	Leu Asn Leu Cys Ile 490	Asp Asn Leu Asn Glu Phe Asn Asp 495
Ile Tyr Lys 500	Ile Ile Lys Glu Ala 505	Val His Thr His Ile Cys Asp Tyr 510
Leu Asp Val 515	Tyr Asn Phe Leu Leu 520	Lys Leu Leu Gln Arg Tyr Glu Tyr 525
Ser Asn Ile 530	Leu Lys Ser Ile Arg 535	Asn Ser Asp Leu Leu Asn Phe Phe 540
Asn Ser Ser 545	Ile Ile Gln Asn Leu Ile 550	Asn Phe Leu Cys Gln Lys Ile 555 560
Ser Gln Asp 565	Val Phe Ile Ile Glu Tyr 570	Asp Asp Met Pro Phe Glu Asp 575

ES 2 498 371 T3

Lys Asp Asn Phe Glu Met Ser Tyr Lys Asn Ile Leu Lys Glu Lys Tyr
 580 585 590

Glu Cys Leu Phe Pro Ile Asp Leu Ser Phe Leu Arg Asp Asp Ile Asn
 595 600 605

Met Leu Cys Lys Arg Gly Asp Ala Thr Asn Asp Asp Asn Glu Asp Asn
 610 615 620

Ile Ile Asn Ser Asn Asp Asp Arg Leu Glu Val Val Ser Lys Lys Lys
 625 630 635 640

Glu Val Asn Asp Asp Asn Lys Asn Ile Val Thr Ile Asn Leu Ile Arg
 645 650 655

Ile Lys Asn Glu Leu Val Glu Thr Phe Phe Tyr Leu Asn Asp Ile Ser
 660 665 670

His Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Cys Glu Val Asp Asn Met Ile Glu
 675 680 685

Glu Lys Lys Arg Glu Met Val Leu Lys Ile Ile Phe Ile Asn Lys Cys
 690 695 700

Leu Glu Tyr Asp Asn Asn Phe Phe Glu Leu Thr Gly Met Leu His Ile
 705 710 715 720

Ser Glu Arg Glu Asn Val Val Asp Ile Phe Asn Ser Tyr Met Lys Leu
 725 730 735

Ser Ser Leu Ser Arg Asn Leu Pro Phe Ala Asn Gln Lys Asp Asp Lys
 740 745 750

Tyr Lys Leu Arg Arg Gln Gln Lys Asp Glu Arg Arg Lys Ala Ile Ile
 755 760 765

Ala Lys Tyr Phe Tyr Ile Ser Ser Leu His His Pro Ile Val Ile Ser
 770 775 780

Glu Asn His Pro Trp Ile Lys Tyr Tyr Ser Tyr Asn Ile Glu Lys Leu
 785 790 795 800

Tyr Asp Tyr Leu Arg Asn Glu Glu Lys Lys Lys Gly Ile Thr Gln Arg
 805 810 815

ES 2 498 371 T3

Met Lys Val Leu Phe Asp Ser Ser Ser Glu Arg Glu Asp Asp Glu Lys
 820 825 830

Asp Gly Asp His Glu Ile Val Lys Ile Ser Asn Ile Ser Ser Asp Leu
 835 840 845

Lys Asn Lys Asn Lys Lys Asn Lys Arg Leu Ser Asp Ser Lys His Thr
 850 855 860

Asn Glu Lys Thr Ile Met Lys Lys Lys Leu Cys Thr Asn Ile Lys Leu
 865 870 875 880

Lys Lys Asn Asn Asp Ile Phe Glu Ile Leu Asp Asp His Phe Asp Glu
 885 890 895

Asp Ser Asp Arg Pro Glu Asp Met Asn Ser Ile Asn Glu His Gly Asn
 900 905 910

Lys Lys Glu Asp Ser Ser Asn Lys Lys Gly Lys Asn Glu Thr Lys Val
 915 920 925

Gly Lys Lys Gly Ser Lys Asn Ser Asn Ala Thr Thr Leu Ser Arg Lys
 930 935 940

Asp Glu Ile Leu Lys Lys Lys Glu Leu Ser Asn Glu Lys Lys Thr Tyr
 945 950 955 960

Glu Val Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Asn Leu Glu Gln Lys Ile Val Lys
 965 970 975

Leu Ala Ser Asp Asp Ser Tyr Ala Glu Met Asn Val Trp Ser Leu Asp
 980 985 990

Ile Ile Ser Gly Tyr Asn Arg Leu Val Asp Val Tyr Asn Phe Asn Asn
 995 1000 1005

Ile Thr Asn Leu Ile Lys Ser Val Asp Leu Gln Ile Lys Ile Ser
 1010 1015 1020

Met Lys Val Leu Asn Ser Met Phe His Ile Ile Met Tyr Thr Lys
 1025 1030 1035

Leu Lys Asn Ile Lys Thr Gly Lys Gln Lys Ser Asp Ala Ile Arg
 1040 1045 1050

ES 2 498 371 T3

Ser Ile Ile Leu Ile Tyr Arg Leu Thr Asn Asp Ile Phe Asn Lys
 1055 1060 1065

Phe Lys Glu His Leu Ser Glu Lys Asp Val Val Gln Ile Gln Thr
 1070 1075 1080

Val Leu Leu Ser Leu Gly Phe Gln Asn Ser Ser Tyr Asn Leu Phe
 1085 1090 1095

Glu Glu Tyr Val Lys Leu Lys Lys Asp Thr Tyr Asn Ala Ser Ser
 1100 1105 1110

Asn Asp Gly Lys Asp Glu Ala Gly Asn Lys Val Asp Glu Cys Val
 1115 1120 1125

Ser Ser Gly Lys Lys Gly Lys Glu Asn Lys Lys Glu Glu Ser Asn
 1130 1135 1140

Ser Lys Lys Lys Ile Ser Lys Gly Lys Lys Glu Asn Asn Asp Thr
 1145 1150 1155

Lys Asp Val Asn Leu Lys Lys Ala Ser Lys Lys Gly Asp Val Asn
 1160 1165 1170

Asn Ser Asn Ser Ile Ile Lys Ser Leu Asp Asp Ile Tyr Lys Tyr
 1175 1180 1185

Lys Leu Glu Ser Val Lys Thr Tyr Ser Glu Leu Lys Ile Asp Glu
 1190 1195 1200

Asn Lys Glu His Glu Phe Gln Leu Tyr Tyr Met Tyr Tyr Leu Leu
 1205 1210 1215

Asp Arg Thr Thr Gly Asn Ile Lys Asp Ser Arg Val Leu Phe Thr
 1220 1225 1230

Leu Asp Thr Trp Gln Tyr Asn Ile Leu Asn Leu Val Asp Arg Arg
 1235 1240 1245

Lys Ser Ile Leu Val Ser Cys Pro Thr Ser Ser Gly Lys Thr Phe
 1250 1255 1260

Ile Cys Tyr Tyr Val Met Asp Lys Val Leu Arg Leu Asn Asn Asp
 1265 1270 1275

ES 2 498 371 T3

Ser Val Val Ile Tyr Val Ala Pro Asn Asp Thr Leu Ala Leu Gln
 1280 1285 1290

Ile Tyr His Glu Val Asn Gly Arg Phe Ser Thr Lys Gly Tyr Ser
 1295 1300 1305

Lys Tyr Gly Gly Asn Lys Leu Cys Ser Tyr Met Thr Asp Lys Tyr
 1310 1315 1320

Ala Glu Glu Lys Ala Leu Asp Ser Gln Ile Ile Ile Ile Leu Pro
 1325 1330 1335

Ser Ile Leu Glu Asn Ile Leu Leu Ser Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp
 1340 1345 1350

Met Asn Glu Asn Met Asn Val Ser Lys Phe Ile Ser Lys Ile Glu
 1355 1360 1365

Tyr Ile Ile Phe Asp Glu Ile His Cys Ile Gly Asp Lys Glu Phe
 1370 1375 1380

Tyr Gly Ser Gln Ile Glu Asn Ile Ile His Leu Ile Asn Cys Pro
 1385 1390 1395

Phe Leu Ala Leu Ser Ala Thr Ile Gly Asn Ile Asn Cys Phe Tyr
 1400 1405 1410

Ser Trp Leu Gln Asn Val Leu Leu Lys Lys Gly Arg Ser Ile Asn
 1415 1420 1425

Asp Leu His Leu Ile Lys Phe Tyr Glu Arg Phe Ser Asp Leu Ile
 1430 1435 1440

Leu Tyr Val Tyr Thr Asn Lys Asn Leu His His Leu Asn Pro Leu
 1445 1450 1455

Thr Cys Phe Asn Phe Arg Asp Ile Leu Tyr Lys Gly Ile Asn Lys
 1460 1465 1470

Asp Phe Tyr Cys Asn Pro Arg Glu Ile Tyr Glu Ile Ile Ile Ile
 1475 1480 1485

Leu Phe Glu Leu Ala Arg Lys Lys Asn Phe Tyr His Leu Val Glu
 1490 1495 1500

Phe Leu Glu Pro Ser Phe Tyr Phe Gln Tyr Thr Arg Cys Ile Asn

ES 2 498 371 T3

1505	1510	1515
Lys Lys Lys Phe Ile Tyr Tyr Met His Ser Val Lys Glu Met Ile 1520	1525	1530
Val Tyr Leu Ile Gln Asn Asn Tyr Ile Asn Asn Leu Glu Tyr Asp 1535	1540	1545
Met Ile Ile His Ile Leu Leu Ser Asn Tyr Met Lys Asn Ser Phe 1550	1555	1560
Tyr Ile Lys Asp Glu Asn Glu Glu Asp Ile Glu Arg Lys Asn Lys 1565	1570	1575
Ile Asn Asp Asn Asn Asn Asn Asn Ile Asn Cys Asp Asn Thr Lys 1580	1585	1590
Asn Asn Val Asp Asp Glu Asp Val Lys Thr Asn Asp Lys Val Ile 1595	1600	1605
Lys Lys Ser Asp Lys Val Val Val Lys Asn Leu Tyr Lys Ser Thr 1610	1615	1620
Ile Arg Asp Asn Val Pro Lys Glu Lys Leu Phe Gln Glu Leu Tyr 1625	1630	1635
Lys Arg Val Asn Phe Asp Glu Lys Tyr Ile Ser Asn Arg Thr Asn 1640	1645	1650
Asp Leu Val Lys Tyr Thr Glu Met Val Asn Met Glu Gln Glu Tyr 1655	1660	1665
Leu Asp Ser Asp Lys Leu Ile Glu Leu Leu Lys Lys Leu Glu Asp 1670	1675	1680
Ile Asn Phe Leu Pro Cys Ile Val Phe Asn Phe Glu Arg Lys Glu 1685	1690	1695
Leu Glu Asp Met Thr Ile Asn Leu Ile Asn Glu Leu Met Lys Arg 1700	1705	1710
Gln His Asp Lys Tyr Tyr Gly Asp Glu Glu Arg Ala Phe Asn Thr 1715	1720	1725
Lys Met Glu Asn Lys Met Arg Arg Glu Lys Tyr Glu Asn Met Leu 1730	1735	1740

ES 2 498 371 T3

Lys Gln Arg Glu Met Leu Leu Lys Met Lys Ser Met Ser Arg Asn
 1745 1750 1755
 Gln Arg Leu Glu Gln Asn Ile Asp Lys Glu Tyr Leu Asp Met Leu
 1760 1765 1770
 Ile Asp Asp Glu Ile Pro Glu Pro Pro Leu Asp Val Ser Glu Glu
 1775 1780 1785
 Tyr Asp Lys Asp Phe Tyr Phe Cys Asn Gln Lys Val Tyr Cys Asn
 1790 1795 1800
 Tyr Val Thr Glu Ile Glu Asp Leu Ile Lys Asp Ala Gln Lys Ala
 1805 1810 1815
 Ile Glu Gly Arg Lys Tyr Lys Ser Ile Leu Ile Glu Gly Leu Arg
 1820 1825 1830
 Arg Gly Ile Gly Leu His Tyr Glu Val Leu Pro Tyr Lys Phe Thr
 1835 1840 1845
 Ile Ile Val Glu Ser Leu Phe Arg Leu Gly Phe Val Lys Ile Ile
 1850 1855 1860
 Phe Ser Asn Lys Asn Leu Ser Leu Gly Ile Asn Ile Pro Cys Arg
 1865 1870 1875
 Ser Ile Ile Phe Ala Gly His Thr Ile Glu Leu Asn Ser Leu Met
 1880 1885 1890
 Phe Lys Gln Thr Ser Gly Arg Ala Gly Arg Arg Gly Phe Asp Leu
 1895 1900 1905
 Tyr Gly Asn Ile Ile Ile Trp Asn Ile Asn Phe Lys Asn Leu Lys
 1910 1915 1920
 Arg Leu Ile Thr Ser Pro Leu Gln Thr Leu Ser Gly Thr Tyr Ser
 1925 1930 1935
 Val Asn Phe Thr Asn Ile Cys Arg Ser Met Leu Leu Tyr Asn Ser
 1940 1945 1950
 Leu Lys Arg Ile Arg Glu Asn Glu Glu Gly Ser Leu Lys Asn Lys
 1955 1960 1965

ES 2 498 371 T3

Val Ile Val Asn Lys Pro Asn Lys Lys Lys Lys Lys Asp Glu Thr
 1970 1975 1980

Leu Ser Val Ala Glu Lys Glu Glu Ile Phe Glu Lys Asn Arg Ala
 1985 1990 1995

Ile Asn Val Asn Tyr Phe Ser Arg Ile Asn Gly Ile Leu Ser Leu
 2000 2005 2010

Phe Phe Asn Ser Leu Tyr Tyr Ile Asn Ser Phe Gln Glu Ser Glu
 2015 2020 2025

Gln Asn Tyr Asn Asn Met Asn Asn Val Val Val Ser Gly Asp Asn
 2030 2035 2040

Val Cys Ser Leu Thr Thr Asn Cys Gln Asn Gly Asn Glu Asn Gly
 2045 2050 2055

Lys Gly His Ile Asn Asn Ile Ser Thr Cys Thr Thr Thr Ser Thr
 2060 2065 2070

Ser Ser Val Asn Asn Met Glu Asn Asn Asn Asn Ser Asn Met Asn
 2075 2080 2085

Gly Cys Gly Asp Lys Lys Ser Glu Gly Ser Glu Arg His Glu Met
 2090 2095 2100

Ile Gln His Ile Leu His Glu Phe Asn Glu Tyr Lys Glu Asn Asp
 2105 2110 2115

Lys Leu Ser Lys Phe Ile Asn Arg Glu Tyr Glu Tyr Asn Glu Leu
 2120 2125 2130

Leu Val Glu Leu Leu Thr Asn Arg Lys Met Lys Asn Asn Lys Leu
 2135 2140 2145

Gln Glu Glu Lys Glu Ile Asn Glu Leu Cys Phe Met Thr Arg Ala
 2150 2155 2160

His Phe His Ile Phe Leu Asn Val Leu Ile Glu Met Glu Ala Leu
 2165 2170 2175

Asp Glu Glu Gly Asn Ile Ile Asn Leu Thr Glu Leu Ser Ile Phe
 2180 2185 2190

ES 2 498 371 T3

Leu Lys Lys Glu Tyr Asp Asn Asn Leu Ile Ile Thr Tyr Leu Leu
 2195 2200 2205

Ile Lys Lys Val Leu His Asn Ile Ile Gly Asp Asn Thr Phe Leu
 2210 2215 2220

Ser Ser Ser Val Val Ile Ser Leu Asn Arg Ile Ile Asp Ser Ile
 2225 2230 2235

Thr Phe Glu Lys Asn Tyr Tyr Arg Ser Ile Ile Val Asp Asp Ser
 2240 2245 2250

Thr Arg Gly Gln Phe Ile Leu Leu Phe Ile Leu Ser His Phe Ile
 2255 2260 2265

Asn Lys Arg Lys Glu Asn Lys Ile Ala Leu Thr Lys Ala Leu Ile
 2270 2275 2280

Asn Ser Gln Tyr Glu Glu Asn Lys Ser Lys Leu Glu Leu Phe Ser
 2285 2290 2295

Ser Tyr Tyr Phe Pro Leu Leu His Ala Leu Pro Thr Ser Ile Gln
 2300 2305 2310

Lys His Ile Asp His Ile Glu Asn Ile Leu Leu Lys Tyr Leu Val
 2315 2320 2325

Asn Tyr Cys Leu Val Val Leu Ile Lys Leu Asn Leu Leu Asn Lys
 2330 2335 2340

Lys Lys Ala Asn Leu Leu Pro Tyr Thr Lys Leu Tyr Ile Phe Glu
 2345 2350 2355

Gln His Pro Cys Val Ser Leu Lys Asp Ile Phe Pro Lys Lys Glu
 2360 2365 2370

Asn Ala Asp Tyr Phe Lys Phe Tyr Lys Ser Lys Val Ile Ile Ile
 2375 2380 2385

Tyr Ile Tyr Ile Tyr Ile Lys Ile Tyr Val Cys Ile Tyr Tyr Leu
 2390 2395 2400

Thr

<210> 4

<211> 396

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

5

<400> 4

ES 2 498 371 T3

Met Arg Lys Leu Ala Ile Leu Ser Val Ser Ser Phe Leu Phe Val Glu
 1 5 10 15

Ala Leu Phe Gln Glu Tyr Gln Cys Tyr Gly Ser Ser Ser Asn Thr Arg
 20 25 30

Val Leu Asn Glu Leu Asn Tyr Asp Asn Ala Gly Thr Asn Leu Tyr Asn
 35 40 45

Glu Leu Glu Met Asn Tyr Tyr Gly Lys Gln Glu Asn Trp Tyr Ser Leu
 50 55 60

Lys Lys Asn Ser Arg Ser Leu Gly Glu Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu
 65 70 75 80

Asp Asn Glu Lys Leu Arg Lys Pro Lys His Lys Lys Leu Lys Gln Pro
 85 90 95

Ala Asp Gly Asn Pro Asp Pro Asn Ala Asn Pro Asn Val Asp Pro Asn
 100 105 110

Ala Asn Pro Asn Val Asp Pro Asn Ala Asn Pro Asn Val Asp Pro Asn
 115 120 125

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 130 135 140

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 145 150 155 160

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 165 170 175

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 180 185 190

Ala Asn Pro Asn Val Asp Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 195 200 205

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 210 215 220

ES 2 498 371 T3

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 225 230 235 240

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 245 250 255

Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn Ala Asn Pro Asn
 260 265 270

Lys Asn Asn Gln Gly Asn Gly Gln Gly His Asn Met Pro Asn Asp Pro
 275 280 285

Asn Arg Asn Val Asp Glu Asn Ala Asn Ala Asn Ser Ala Val Lys Asn
 290 295 300

Asn Asn Asn Glu Glu Pro Ser Asp Lys His Ile Lys Glu Tyr Leu Asn
 305 310 315 320

Lys Ile Gln Asn Ser Leu Ser Thr Glu Trp Ser Pro Cys Ser Val Thr
 325 330 335

Cys Gly Asn Gly Ile Gln Val Arg Ile Lys Pro Gly Ser Ala Asn Lys
 340 345 350

Pro Lys Asp Glu Leu Asp Tyr Ala Asn Asp Ile Glu Lys Lys Ile Cys
 355 360 365

Lys Met Glu Lys Cys Ser Ser Val Phe Asn Val Val Asn Ser Ser Ile
 370 375 380

Gly Leu Ile Met Val Leu Ser Phe Leu Phe Leu Asn
 385 390 395

5 <210> 5
 <211> 400
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

10 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (85)..(85)
 <223> Desconocido

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (123)..(123)
 <223> Desconocido

15 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (353)..(353)
 <223> Desconocido

<400> 5

ES 2 498 371 T3

Met Lys Ile Leu Ile Lys Leu Lys Lys Ile Tyr Lys Ile Ile Ile Trp
1 5 10 15

Ile Lys Thr Met Asn Asn Tyr Met Ile Lys Lys Leu Leu Lys Ile Trp
20 25 30

Lys Asn Tyr Met Lys Ile Met Asn His Leu Met Thr Leu Tyr Gln Ile
35 40 45

Gln Val Met Lys Arg Asn Gln Lys Gln Lys Gln Val Gln Met Met Ile
50 55 60

Met Ile Lys Phe Met Gly Val Ile Tyr Ile Met Ile Ile Ser Lys Lys
65 70 75 80

Met Met Arg Lys Xaa Lys Lys Lys Lys Lys Lys Ser Thr Arg Thr Gln
85 90 95

Ala Lys Ser Leu Asp Thr Lys Leu Ile Asp Lys Asp Leu Met Asn Thr
100 105 110

Lys Gln Ile Glu Lys Glu Leu Leu Asp Thr Xaa Leu Ile Glu Asn Glu
115 120 125

Phe Ile His Asn Lys Leu Phe Asp Thr Asp Met Ile Glu Lys Glu Leu
130 135 140

Met Asp Thr Glu Leu Ile Glu Asn Glu Leu Met Asn Tyr Glu Leu Phe
145 150 155 160

Asp Lys Asp Thr Phe Phe Lys Glu Asn Tyr Phe Asn Asp Glu Gln Gln
165 170 175

Arg Thr Asp Glu Ser Asn Val Asp Gln Gln Asn Asp Met Tyr Val Ile
180 185 190

Lys Asn Asn Lys Asp Ser Met Lys Gly Asp Tyr Tyr Ile Lys Lys Lys
195 200 205

Lys Lys Lys Leu Val Thr Asp Asn Thr Lys Asp Leu Asn Lys Cys Ser
210 215 220

ES 2 498 371 T3

Ser Tyr Lys Ser Ser Lys Arg Asp Lys Phe Phe Glu Asn Ile Lys Arg
 225 230 235 240

Glu Asn His Met Asp Asp Gln His Asn Glu Asn Ile Tyr Ile Asn Ile
 245 250 255

Lys Asn Asn Lys Ser Thr His Thr Tyr Lys Lys Lys Asn Asn His Ile
 260 265 270

Phe His Lys Asn Val Tyr Tyr Asn Ile Leu Ile Val Leu Tyr Tyr Leu
 275 280 285

Phe Asn Gln His Ile Lys Lys Glu Leu Tyr His Phe Asn Met Leu Lys
 290 295 300

Asn Lys Met Gln Ser Ser Phe Phe Met Asn Arg Phe Tyr Ile Thr Thr
 305 310 315 320

Arg Tyr Lys Tyr Leu Asn Lys Lys Tyr Ile Asn Phe Ile Asn Phe Ile
 325 330 335

Lys Val Leu Lys Glu Asn His Glu Gln Lys Leu Ser Glu Tyr Tyr Asp
 340 345 350

Xaa Asp Ile Tyr Gln Lys Leu Tyr Ile Lys Gln Glu Glu Gln Lys Lys
 355 360 365

Tyr Ile Tyr Asn Leu Ile Met Asn Thr Gln Asn Lys Tyr Glu Ala Leu
 370 375 380

Ile Lys Leu Leu Pro Phe Ser Lys Arg Ile Arg Lys Lys Ser Ile Phe
 385 390 395 400

<210> 6
 <211> 1062
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum
 <400> 6

5

Met Lys Glu Asn Ile Phe Asp Thr Lys Lys Lys Asn Asn Asn Arg Lys
 1 5 10 15

Arg Asn Ile Ile Arg Ser Ala Lys Trp Asn Asn Lys Asn Ser Lys Ile
 20 25 30

10

ES 2 498 371 T3

Glu Leu Ser Lys Lys Arg Asp Ser Ser Asn Lys Tyr Lys Ser Ile Leu
 35 40 45

Lys Tyr Tyr Lys Asn Glu Asn Lys Thr Asn Lys Phe Ile Asp Lys Arg
 50 55 60

Lys Lys Asn Lys Trp Phe His Lys Asn Arg Lys Leu Gln Lys Lys Asn
 65 70 75 80

Ile Phe Asn Leu Asn Asp Asp Val Leu Phe Lys Glu Arg His Ile Ser
 85 90 95

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

Glu Asn Leu Asn Asp Asn Lys Lys Lys Gly Asn Lys Lys Tyr Asn Ala
 115 120 125

Met Leu Asp Lys Ile Glu Glu Lys Lys Leu Trp Lys Leu Lys Lys Tyr
 130 135 140

Glu Ile Lys Glu Lys Leu Arg Lys Phe Asp Glu His Phe Asp Glu Ile
 145 150 155 160

Gln Lys Asn Val Leu Gly Leu Asn Gly Thr Lys Gly Gly Ala Lys His
 165 170 175

Ser Met Val Ile Glu Asn Asn Lys Asn Lys Leu Asn Lys Val Ile His
 180 185 190

Glu Ser Lys Lys Arg Gln Asn Phe Glu Ile His Ala Ser His Lys Gly
 195 200 205

Ile Gly Ala Glu Lys Gly Lys Gln Asn Cys Tyr Asp Asp Gly Asp Asp
 210 215 220

Glu His Phe Asp Asp Asp Asp Asp Glu Gln Leu Asp Asp Gly Asp Asp
 225 230 235 240

Glu Gln Leu Asp Asp Asp Asp Asp Glu Gln Leu Asp Asp Asp Asp Asp
 245 250 255

Glu Gln Leu Asp Asp Asp Asp Asp Glu Gln Leu Asp Asp Asp Asp Asp
 260 265 270

Glu Gln Leu Asp Asp Ser Asp Asp Glu Ile Tyr Asp Asn Gln Lys Glu

ES 2 498 371 T3

275	280	285
Tyr Ser His Asp Asp Glu Met Tyr Asn Asp Glu Lys Asn Val Asp Lys 290 295 300		
Ala Asn Tyr Pro Lys Thr Thr Ser Asp Ser Gln Asn Glu Leu Thr Asn 305 310 320		
Tyr Asn Ser Tyr His Thr Asp Asn Ser Asp Asn Glu Glu Ile Thr Lys 325 330 335		
Leu Phe Asn Lys Glu Thr Leu Arg Ser Lys Lys Lys Gly Ser Asn Glu 340 345 350		
Asn Ile Ser Lys Glu Lys Leu Asn Glu Leu Leu Glu Lys Tyr Lys Ile 355 360 365		
Gly Asp Asn Ile Asn Ile Cys Asn His Phe Ile Asn Asn Thr Glu Glu 370 375 380		
Glu Lys Gln Asn Ile Pro Ile Tyr Ile Tyr Ile Lys Asn Lys Glu Tyr 385 390 395 400		
Asp Ile Lys Asp Val Ile Leu Leu Leu Asp Asp Tyr His Phe Glu Thr 405 410 415		
Gln Gln Lys Ile Leu Tyr Arg Ile Tyr Tyr Ile Asn Met Phe Asn Lys 420 425 430		
Lys Gly Thr Lys Ser Ile Tyr His Phe Ser Phe Phe Phe Ser Leu Ile 435 440 445		
Asp Tyr Phe Ile Leu Asn Ile Tyr Lys Cys Leu Lys Tyr Asn Ile Lys 450 455 460		
Val Cys Glu Leu Leu Gly Tyr Tyr Lys Asp Ile Ile Val Lys Tyr Cys 465 470 475 480		
His Glu Met Lys Ala Glu Phe Tyr Leu Tyr Ile Ser Phe Leu Leu Leu 485 490 495		
Ile Val Phe Ser Lys Ile Gln Arg Lys Ile Lys Thr Asn Ile Phe Phe 500 505 510		
Lys Lys Lys Lys Lys Ile Leu Gln Asp Tyr Val Ile Leu Asn Glu Asp 515 520 525		

ES 2 498 371 T3

Asn Ala Asn Arg Lys Ile Asp Val Tyr Ile Tyr Arg Arg Ile Leu Lys
 530 535 540

Ser Val Asp Met Phe Ser Ser Ile Phe Glu Asn Tyr Asn Asn Glu Asn
 545 550 555 560

Ile Tyr Ile Ser Asn Ile His Phe Ala Val Leu Phe Leu Thr Leu Thr
 565 570 575

Val Tyr Pro Ile Asn Asn Phe Ile Asp Asp Asn Asn Met Ser Asn Val
 580 585 590

Val Glu Asn Lys Ile Leu Asn Pro Gln Lys Asn Leu Ile Ile Asn Asn
 595 600 605

Asn Pro Phe Leu Asp Ile Asn Lys Asn Asn Ile Asn Asp Glu Lys Leu
 610 615 620

Leu Tyr Lys Met Asn Tyr Leu Lys Gln Asp Ile Asn Asn Ile Asn Asn
 625 630 635 640

Tyr Asn Gln Gln Lys His Pro Ile Ile Ser Phe Ile Ile Glu Ile Leu
 645 650 655

Glu Leu Leu Phe Tyr Asn His Phe Tyr Thr Asn Asn Ala Asn Leu Leu
 660 665 670

Asn Leu Lys Asp Tyr Gln Lys Tyr Asp Trp Val Phe Asn Met Asn Thr
 675 680 685

Tyr Glu Asn Tyr His Asn Ile Glu Ala Cys Leu Lys Lys Leu Glu Val
 690 695 700

Tyr Tyr Ser Phe Ser Ser Phe Glu Asp Val Ile Cys Glu Asn Asn Lys
 705 710 715 720

Gly Gly Lys Glu Phe Glu His Asn Glu Ile Asn Asn Glu Ile Val Asn
 725 730 735

Asp Leu Gly Ile Phe Tyr Arg Lys Lys Glu Phe Lys Asn Ser Leu Ile
 740 745 750

Leu Leu Asn Leu Tyr Asn Ile Ile Met Glu Asn Thr Leu Glu Tyr Asn
 755 760 765

ES 2 498 371 T3

Pro Ser Phe Phe Tyr Leu Ser Phe Lys Ile Leu Asn Thr Leu Leu Tyr
 770 775 780

Asn His Ile Thr Ser Ile Lys Glu Gly Ile Leu Asp Lys Asn Lys Ile
 785 790 795 800

Pro His Val Ser Glu Lys Glu Lys Gln Lys Ile Gln Thr Ile Asn Asn
 805 810 815

Ser Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn
 820 825 830

Asn Ile Ser Asn Asn Met Tyr Asp Lys Phe Asp Leu Ser Phe Ile Ile
 835 840 845

Phe Lys Asn Ile Phe Phe Phe Leu Lys Ile Tyr Ile Asp Asn Asp Ile
 850 855 860

Asn Ile Tyr Ile Leu Ile Asn His Val Ile Ile Pro Ser Leu Phe Tyr
 865 870 875 880

Leu Tyr Met Asn Phe Leu Lys Phe Ile Val Thr Asn His Ile Lys Leu
 885 890 895

Asp Phe Ile Asn Ile Ile Asn Val Ala Lys Asn Ile Asn Ile Lys Glu
 900 905 910

Gly Asn Asp Phe Leu Phe Glu Glu Asp Lys Thr Tyr Glu Leu Tyr Gln
 915 920 925

Lys Tyr Leu Ile Ile Leu Leu Tyr Ile Phe Lys Leu Ile Glu Tyr Ser
 930 935 940

Gln Asn His Asp Ile Lys Pro Ile Ile His Lys Thr Thr Thr Glu Gly
 945 950 955 960

Asn Ile Ser Phe Phe Thr Pro Lys Tyr Ala Asn Asn Gln Asn Pro Lys
 965 970 975

Asp Phe Ile Phe Met Gln Asn Asn Gln Thr Lys Leu Ala Glu Met Lys
 980 985 990

Ser Ile Lys Lys Lys Met Lys Gln Gln Arg Lys Phe Asp Tyr Asn Glu
 995 1000 1005

ES 2 498 371 T3

Val Ile Lys Ile Cys Thr His Ile Ser Tyr Tyr Lys Tyr Ile Tyr
 1010 1015 1020

Ile Tyr Ile Tyr Ile Phe Ile Tyr Leu Phe Ile Tyr Ile Trp Leu
 1025 1030 1035

His Leu Ile Ile Ile Phe Ile Phe Val Asp Glu Glu Gly Glu Gln
 1040 1045 1050

Leu Tyr Leu Gly Ser Lys Ser Lys Arg
 1055 1060

<210> 7
 <211> 104
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum
 <400> 7

5

Met Leu Val Thr Leu Arg Pro Asn Leu Val Ile Ile Arg Pro Ile Leu
 1 5 10 15

Leu Ile Arg Pro Met Leu Val Lys Leu Arg Pro Lys Leu Val Lys Leu
 20 25 30

Arg Pro Met Leu Val Lys Leu Gly Pro Ile Leu Val Lys Leu Arg Pro
 35 40 45

Met Leu Val Lys Leu Arg Pro Met Leu Ala Lys Leu Arg Pro Met Leu
 50 55 60

Ala Lys Leu Arg Pro Lys Leu Val Lys Leu Arg Pro Lys Leu Val Lys
 65 70 75 80

Leu Arg Pro Ile Ser Val Asn Ala Lys Pro Gln Leu Val Asn Val Arg
 85 90 95

Pro Val Leu Val Lys Ile Arg Pro
 100

<210> 8
 <211> 954
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

10

<400> 8
 Met Asn His Tyr Asn Asn Asn Asn Ser Leu Tyr Asn Lys Ile Glu Tyr
 1 5 10 15

15

ES 2 498 371 T3

Arg Lys Lys Arg Ser Phe Ala Lys Ser Lys Glu Asp Glu Arg Asn Lys
 20 25 30

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Glu Asp Asp Lys Asn Lys Asp Tyr Ser Ser
 35 40 45

Ala Ser Glu Ser Asn Phe Tyr Lys Tyr Lys Lys Arg Lys Asn Asn Thr
 50 55 60

Tyr Glu Tyr Lys Asp Asp Lys Asp Tyr Thr Ser Tyr Asp Asn Lys Phe
 65 70 75 80

Arg Lys Ile Arg Asn Ile Asp Asp Ile Leu Glu Met Lys Pro Asn Ile
 85 90 95

Leu Leu Ser Arg Phe Ile Phe Ile Tyr Lys Leu Val Asp Asn Ile Ser
 100 105 110

Glu Asp Glu Ile Asp Glu Leu Ile Arg Asn Ile Ser Ile Asn Asn Ala
 115 120 125

Phe Ser Leu Pro Val Asn Ile Tyr Ile Asn Lys Leu Ser Phe Phe Ser
 130 135 140

Ile Lys Asp Glu Leu Phe Val Lys Glu Asn Leu Glu Phe Leu Lys Asn
 145 150 155 160

Asn Ser Tyr Phe Asn Ile Ile Gln Gln Lys Ile Gln Ser Asn Phe Leu
 165 170 175

Leu Glu Asn Arg Ile Asn Asp Asp Gln Cys Cys Ile Ile Glu Phe Pro
 180 185 190

Ser Asp Glu Ala Ser Gly Lys Leu Phe Ser Leu Tyr Glu Lys Asp Asn
 195 200 205

Cys Ile Glu Ile Lys Asn Asn Ile Ser Tyr Ile Phe Pro Leu Phe Lys
 210 215 220

Leu Lys Asn Lys Gly Lys Asn Val Glu Glu Lys Thr Gly Ser Asn Lys
 225 230 235 240

Val Ser Asp Trp Tyr Cys Ser Ala Cys Asn Phe Leu Asn Phe Ser Arg
 245 250 255

ES 2 498 371 T3

Arg Thr Ala Cys His Phe Cys Lys Ala Pro Lys Thr Ser Asp Ala Lys
 260 265 270

Leu Val Asp Lys Glu Thr Ser Thr Ile Ser Thr Phe Ile Lys Asn Asn
 275 280 285

Ile Asn His Gln Glu Asn Asn Leu Tyr Leu Ile Asn Asn Lys Asn Leu
 290 295 300

Tyr Asn Asn Met His Val Asp Lys Gly Thr Tyr Asn His Met Leu Ser
 305 310 315 320

Asp Pro Leu Asn Met Gln Lys Val Tyr Val Tyr Asn Asn Met Glu Asp
 325 330 335

Asn Tyr Glu Asn Ile Leu Asn Asp Thr Tyr Lys Asp Ala Asn Asn Asn
 340 345 350

Ile Ser Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn Asp Tyr Asn
 355 360 365

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ser Lys Asn Asn Asn Tyr Asn Asn
 370 375 380

Asn Tyr Asn Ser Asn Tyr Asn Arg Gly Asn Glu Asn Asn His Leu Lys
 385 390 395 400

Leu Ser Asn Asn Asn Ile Phe Phe Ser Tyr Asn Pro Phe His Lys Phe
 405 410 415

Asn Glu Asp Ser Gln Asn Tyr Glu Asn Ile Asn Lys Glu Ile Ile Cys
 420 425 430

Asp Asp Gln Asn Thr Asn Met Leu Ile Leu Lys Asn Met Asp Gly Asn
 435 440 445

Ile Leu Ile Lys Asp Phe Ile Gln Phe Leu Asn Val Thr Phe Asp Lys
 450 455 460

Asn Asp Val Ser Cys Ile Tyr Leu Phe Asn Asp Ile Lys Gly Ser Ser
 465 470 475 480

Lys Lys Lys Gly Phe Cys Phe Ile Glu Phe Tyr Asn Ile Asn Met Ala
 485 490 495

Lys Lys Val Met Asn Asn Met Glu Lys Asn Tyr Tyr Leu Asn Phe Gln

ES 2 498 371 T3

	500		505		510														
Asp	Asn	Tyr	Leu	Lys	Leu	Asp	Tyr	Val	Tyr	Glu	Lys	Glu	Lys	Gln	Tyr				
	515						520					525							
Phe	Phe	Asn	Cys	Ile	Gln	Met	Ala	Lys	Leu	Asp	Ile	Ser	Lys	Ser	Ser				
	530					535					540								
Ala	Thr	Val	Val	Lys	Asn	Asn	Ile	Pro	Tyr	Phe	Asn	Phe	Phe	Val	Asn				
545					550					555					560				
Tyr	Phe	Glu	Ala	Val	Val	His	Met	Asn	Ile	His	Cys	Tyr	Thr	Tyr	Phe				
				565					570						575				
Leu	Met	Trp	Ser	Ser	Gln	Ile	Ile	Ile	Leu	Lys	Lys	Gly	Lys	Pro	Glu				
			580					585						590					
Leu	Ser	Glu	Phe	Phe	Phe	Asp	Tyr	Asn	Ser	Gln	Tyr	Tyr	Tyr	His	Pro				
		595					600						605						
Leu	Tyr	Gln	Leu	Tyr	Phe	Asp	Asn	Asn	Thr	Lys	Tyr	Tyr	Met	Ser	Leu				
	610					615						620							
Ser	Lys	Gly	Tyr	Tyr	Ile	Trp	Glu	Asp	Gly	Leu	Lys	Cys	Leu	Leu	Arg				
625					630					635					640				
Val	Tyr	Leu	Asp	Asn	Leu	Gly	Glu	Asn	Val	Tyr	Glu	Arg	Glu	Asn	Tyr				
				645					650						655				
Asp	Lys	Lys	Phe	Ser	Leu	Met	Asp	Ala	Ser	Lys	Asn	Lys	Glu	His	Glu				
			660					665							670				
Glu	Thr	His	Gln	Gln	Ala	Arg	Ile	Asn	Asp	Asp	His	Lys	Tyr	Asp	Asn				
		675					680								685				
Ile	Ser	Asn	Asn	Asn	Ile	Ile	Asn	Gly	His	Met	Leu	Glu	Gln	Lys	Leu				
	690						695								700				
Ser	Asn	Tyr	Lys	Ile	Glu	Lys	Glu	Asn	Glu	Lys	Lys	Asn	Asn	Asn	Glu				
705					710						715				720				
Asn	Val	Ile	Leu	Asn	Lys	Ile	Ser	Ser	Phe	Val	Glu	Lys	Ala	Lys	Glu				
				725					730						735				
Ile	Ala	Leu	Ala	Ser	Lys	Lys	Asn	Ile	Glu	Gln	Met	Asn	Met	Asn	Asp				
			740						745						750				

ES 2 498 371 T3

Asn Asn Leu Ser Ile Leu Glu Lys Lys Asn Lys Glu Ile Ile Lys Lys
 755 760 765

His Phe Thr Thr Asp Ser Ala Asp Asp Glu Asp Glu Glu Asn Asp Asn
 770 775 780

Asp Asn Asp Asn Asp Glu His Asp Asp Asp His Asp Asn Glu Lys Glu
 785 790 795 800

Asp Asn Asp Asp Glu Leu Asn Asn Val Ser Ile Lys Asn Lys Asp Asn
 805 810 815

Ile Ser Asp Ile Asn Ile Ile Glu Lys Gln Ser Asn Asp Asp His Asn
 820 825 830

Asn Lys Gln Arg Ile Asp Asn Ser Ser Tyr Tyr Asp Tyr Lys Lys Asn
 835 840 845

Val Lys Leu Ser Asp Asn Ile Ser Asn Asn Ile Asn Asn Asn Ile Pro
 850 855 860

Tyr Gln Asn Asn Asn Asn Asp Met Lys Lys Gly Tyr Thr Asn Val Ser
 865 870 875 880

Asn Asn Ser Phe Asn Asn Ser Asn Ile Tyr Asn Asn Asn Asn Glu His
 885 890 895

Ile Asn Asn Asn Asp Glu Lys Asp Val Ile Ser Glu Gln Ser Glu Lys
 900 905 910

Asn Ile Asn Ile Cys Phe Ile Cys Leu Arg Lys Phe Leu Asn Glu Glu
 915 920 925

Met Leu Gln Arg His Ile Asp Val Ser Asn Leu His Lys Lys Asn Val
 930 935 940

Glu Ile Leu Ser Asp Pro Val Leu Ser Asn
 945 950

<210> 9
 <211> 2133
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

<400> 9

ES 2 498 371 T3

Met Lys Ile Arg Tyr Asp Lys Cys Ser Ser Thr Lys Asp Leu Asn Tyr
 1 5 10 15

Phe Phe His Leu Lys Leu Gly Phe Phe Val Cys Tyr Lys Asn His Asn
 20 25 30

Asp Lys Tyr Ser Phe Lys Asn Lys Ile Leu Gln Lys Asn Asp Thr Ile
 35 40 45

Leu Phe Phe Lys Lys Lys Lys Lys Phe Met Tyr Leu Arg Lys Lys Lys
 50 55 60

Lys Lys Lys Lys Lys Lys Ile Leu Ile Gln Ile Ile Gln Glu Tyr Asn
 65 70 75 80

Lys Tyr Asn Glu Tyr Phe Lys Tyr Asn Ser Asn Leu Glu Gly Asn Gln
 85 90 95

Gly Phe Asn Lys Lys Pro Glu Lys Asn Lys Asn Thr Lys Gly Asn Val
 100 105 110

Tyr Thr Asp His Thr Asn Gln Asn Ala Lys Ser Lys Ile Tyr Asn Tyr
 115 120 125

Asp Met Asn Asp Asp Ser Tyr Ser Asn Tyr Val Asn Asn Asn Val
 130 135 140

Phe Arg Ile Ser Ser Phe Leu Ile Leu Asn Asn Glu Phe Phe Gly Tyr
 145 150 155 160

Pro Leu Gln Phe Val Cys Glu Thr Glu Gly Arg Ser Arg Asn His Glu
 165 170 175

His Tyr Pro Asp Val His Gly Asp Asn Ile Lys Tyr Asn Lys Cys Asp
 180 185 190

Asp Asn Lys Tyr Asn Lys Cys Asp Asp Asn Lys Tyr Asp Lys Cys Asp
 195 200 205

Asp Asn Lys Tyr Asn Lys Cys Asp Asp Asn Lys Tyr Asp Thr Cys Asp
 210 215 220

Asp Asn Lys Tyr Asp Thr Cys Asp Asp Asn Lys Tyr Asp Thr Cys Asp
 225 230 235 240

Asp Asn Lys Tyr Asn Lys Tyr Asp Asp Asp Lys Tyr Asp Thr Cys Asp

ES 2 498 371 T3

245

250

255

Asp Asn Lys Tyr Asn Lys Tyr Asp Asp Asp Lys Tyr Asn Lys Tyr Asp
260 265 270

Asp Asp Lys Tyr Asn Lys Tyr Asp Asp Asp Lys Tyr Glu Lys Ser Arg
275 280 285

Lys Lys Lys Lys Leu Asn Asn Leu Tyr Lys Thr Ile Leu Thr Lys Lys
290 295 300

Lys Arg Lys Lys Met Asn Ser Asn Leu Cys Val Ile Asn Lys Ile Tyr
305 310 315 320

Lys Tyr Pro Ile Lys Tyr Cys Glu Leu Asn Ser Lys Ala Phe Val Phe
325 330 335

Phe Ile Ile Lys Asn Val Gly Val His Lys Ile Thr Tyr Tyr Ser Tyr
340 345 350

Asn Lys Leu Phe Ser Lys Asp Gly Val Leu Asn Gln Gly Ile Gln Ile
355 360 365

Cys Lys Leu Tyr His Val Asn Lys Asn Lys Lys Ile Lys Gln Ile Ile
370 375 380

Phe Glu Ala Leu Lys Asn Lys Ile Thr Phe Ser Tyr Asp Asn Asn Pro
385 390 395 400

Asn Asn Ile Lys Lys Lys Ile Tyr Lys Phe Leu Lys Lys Asn Cys Ala
405 410 415

Tyr His Asp Leu Ile Lys Leu Phe Tyr Phe Lys Gly His Lys Gln Arg
420 425 430

Glu Lys Cys Asn Lys Lys Leu Asn Met Glu Lys Thr Phe Gly Val His
435 440 445

Lys Ser Ser Arg Tyr Asn Tyr Lys Thr Tyr Lys Lys Lys Lys Ile
450 455 460

Asp Met Cys Lys Asn Tyr Cys Asp Asp Ile Leu Asp Thr Tyr Asn Ser
465 470 475 480

Lys Tyr Tyr Lys Gly Glu Leu Ser Gly Gln His Lys His Ile Lys Met

ES 2 498 371 T3

485

490

495

Thr Gly Glu Gln Lys Glu Glu His His Ile Lys Tyr Thr His Leu Asn
500 505 510

Phe Asn His Gly Lys Asp Glu Thr Phe Tyr Lys Glu Leu Tyr Lys Cys
515 520 525

Asn Tyr Ile Glu Lys Tyr Ile Ser Ser Val Asn Tyr Phe Leu Leu Glu
530 535 540

Arg Arg Arg Met Phe Asn Lys Tyr Lys Gln Gln Glu Leu Cys Val Asn
545 550 555 560

Lys Asn Glu Glu Asn Asn Lys Asn Lys Asn Asp Asp Asp Asn Lys Asn
565 570 575

Asp Asp Asp Asn Lys Asn Asp Asp Asp Asn Asn Lys Asn Asp Asp Asp
580 585 590

Asn Lys Asn Asp Asp Asp Asp Asn Lys Asn Asp Asp Asp Asn Lys Asn
595 600 605

Asp Asp Asp Asp Asn Lys Asn Asp Asp Asp Asp Asn Lys Asn Asn
610 615 620

Ile Gln Cys Asp Asn His Ser Asp Asn Ile Tyr Met Cys Gly Thr Tyr
625 630 635 640

Gly Asn Met Glu Asn Tyr Asn Val Pro His Ser Thr Asn Asn Thr Asn
645 650 655

Leu Gln Ser Ile Lys Lys Arg Ile Ile Asn Met Asn Ile Leu Asp Asn
660 665 670

Ile Arg Cys Asn Lys Thr Tyr Lys Tyr Ile Asp Lys Asn Lys Phe Lys
675 680 685

Cys Phe Thr Tyr Tyr Ser Cys Lys Asn Tyr Asn Val Cys Lys Lys Ile
690 695 700

Ile Glu Lys Tyr Lys Leu Tyr Lys Phe Leu Lys Lys Lys Lys Ile Glu
705 710 715 720

Gly Tyr Met Ile Leu Asn Phe Leu Asn Phe Asn Lys Glu Leu Ile Tyr
725 730 735

ES 2 498 371 T3

Tyr Asn Glu His Lys Lys Asp Met Ser Thr Leu His Asp Asn Leu Phe
 740 745 750

Asp Val Ile Ser Asn Asn Gln Asn Glu Asn Val Lys Tyr Asn His Ile
 755 760 765

Cys Asn Asn Asn Lys Tyr Asp Trp Phe Phe Asn Ser Phe Asp Tyr Val
 770 775 780

Gly Asn Leu Glu Glu Ser Ile Thr Cys Phe Asn Asn His Lys Lys Lys
 785 790 795 800

Glu Asn Met Lys Asn Ile Lys Asn Ile Lys Lys Lys Lys Lys Lys Asn
 805 810 815

Leu Phe Tyr Asn Glu Gln His Asn Ile Lys Asn Asn Lys Asn Asp Tyr
 820 825 830

His Phe Asp Lys Tyr Pro Ser Ser Leu Tyr Ser His Leu Thr Asn Lys
 835 840 845

Lys Met Val Asn Asn Thr Glu Val Asn Asn Ile Lys Asp Glu Asn Ser
 850 855 860

Leu Gln Met Tyr Ile Ile Asn Lys Asp Val Thr Lys Asn Lys Asp Gly
 865 870 875 880

Asn Leu Leu Leu Asn Ser Tyr Tyr Asn Ser Lys Leu Gly Lys Ser Ile
 885 890 895

Asn Thr Cys Ser Lys Glu Ile Tyr Lys Glu Glu His Lys Asn Val Tyr
 900 905 910

Ile Tyr Asn Lys Lys Ile Thr Lys Met Asn Ile Lys Met Lys Thr Glu
 915 920 925

Gln Lys Tyr Ile Cys Val Asp Ser Lys Arg Asn Thr Arg Thr Tyr Asn
 930 935 940

Ser Lys Asn Ile Arg Thr Tyr Asn Ser Lys Asn Ile Arg Thr Tyr Asn
 945 950 955 960

Ser Lys Asn Ile Arg Thr Tyr Asn Arg Lys Asn Ile Arg Thr Tyr Asn
 965 970 975

ES 2 498 371 T3

Arg Lys Asn Ile Arg Thr Tyr Asn Arg Lys Asn Ile Arg Thr Tyr Asn
 980 985 990

Arg Lys Asn Ile Arg Cys Asn Asn Arg Lys Lys Phe His Leu Asn Arg
 995 1000 1005

Asn Lys Lys Lys Asn Gly Cys Val Lys Lys Tyr Lys Leu Tyr Asp
 1010 1015 1020

Glu Arg Asn Thr Leu Val Tyr Lys Asn Lys Ile Gly Ser Asn His
 1025 1030 1035

Phe Phe Leu Lys Glu Glu Ile Gly Lys Ser Thr Lys Lys Leu Asn
 1040 1045 1050

Asp Ile Phe Glu His Ile Ser Asn Tyr Thr Asn Arg Ile Ser Lys
 1055 1060 1065

Asn Ile Asn Ile Thr Asn Lys Asn Arg Tyr Asp Asp Tyr Pro Phe
 1070 1075 1080

Asp Phe Leu Ser Lys Asp Lys Ile Glu Tyr Ile Ser Met Leu Ser
 1085 1090 1095

Pro Thr Ile Asn Glu Ile Lys Thr Leu Asn Thr Ile Leu Thr Ile
 1100 1105 1110

Pro Leu Ile Lys Met Asn Glu Tyr Glu Lys Asn Cys Ile Trp Arg
 1115 1120 1125

Phe Arg Phe Gln Leu Leu Asn Arg Lys Glu Thr Leu Gly Lys Phe
 1130 1135 1140

Leu Lys Ser Ile Asn Trp Asn Asn Lys Glu Glu Glu Glu Glu Ala
 1145 1150 1155

Ile Ile Leu Leu Asn Lys Trp Ala Lys Pro Gly Ile Glu Asn Cys
 1160 1165 1170

Ile Glu Leu Phe Tyr Ser His Leu His His Tyr Val Ile Lys Lys
 1175 1180 1185

Tyr Ile Ile Asp Ile Ile Lys Asn Ser Lys Lys Glu Glu Ile Lys
 1190 1195 1200

ES 2 498 371 T3

Leu Tyr Leu Phe Gln Leu Val Gln Ser Leu Arg Thr Phe Asn Tyr
 1205 1210 1215

 Gln His Ile Asp Asn Leu Phe Ile Asn Thr Leu Ile Gln Lys Cys
 1220 1225 1230

 Ile Lys Ser Lys Lys Leu Ser Ile Tyr Phe Tyr Trp Phe Leu Leu
 1235 1240 1245

 Ser Glu Ala Lys Asp Lys Ile Lys Gly Lys Leu Tyr Leu His Ile
 1250 1255 1260

 His Lys Leu Phe Ile Asn Lys Leu Met Thr Ser Asn Ile Arg Lys
 1265 1270 1275

 Asn Lys Ile Ile Leu Asp Ile Leu Lys Asn Gln Asn Arg Phe Arg
 1280 1285 1290

 Asn Gln Leu Leu Tyr Leu Thr Lys Ile Ala Lys Asn Lys Thr Asp
 1295 1300 1305

 Arg Ile Gln Asn Lys Thr Arg Lys Leu Arg Asn Phe Leu Phe Tyr
 1310 1315 1320

 Tyr Arg Thr Asn Tyr Gly Tyr Ile Asn Ile Lys Asp Phe Ile Lys
 1325 1330 1335

 Asn Asn Ile Phe Ile Ser Asp His Asn Val Tyr Asp Phe Leu Asp
 1340 1345 1350

 Ile Cys Lys Met Lys Arg Glu Asn Ser Leu Asp Thr Pro Met Arg
 1355 1360 1365

 Gly Asp Asn Ile Gly Gln Pro Ser Tyr Leu Gly Met Val Pro Gly
 1370 1375 1380

 Met Gly Lys Ser Thr Asp Asp Ser Lys Asn Val Tyr Gly Asp Asp
 1385 1390 1395

 Asn Lys Asn Val Tyr Gly Asp Asp Asn Lys Asn Val Tyr Gly Asp
 1400 1405 1410

 Asp Ser Lys Asn Ile Tyr Cys Asp Asp Asn Lys Asn Val Tyr Gly
 1415 1420 1425

ES 2 498 371 T3

Asp Asp Asn Lys Asn Ile Tyr Gly Asp Asp Ser Lys Asn Ile Tyr
 1430 1435 1440

Gly Asp Asp Asn Lys Asn Ile Phe Ser Asp Asp Asn Lys Asn Leu
 1445 1450 1455

Tyr Ser Asp Asn Asn Asn Asn Lys His Ile Arg Tyr Asn Lys Tyr
 1460 1465 1470

Val Lys Asn Ile Ser Tyr Glu His Phe Asn Glu Tyr Pro Tyr Asp
 1475 1480 1485

Asn Lys Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Thr Cys Asn Lys Asp Ile Cys
 1490 1495 1500

Asn Ser Ile Tyr Tyr Leu Asp Asn Glu Leu Thr Ile Asn Tyr Asp
 1505 1510 1515

Ile Lys Asp Asp Leu Tyr Phe Phe Gln Tyr Lys Arg Ser Ser Asp
 1520 1525 1530

Glu Lys Leu Leu Asn Thr Asp Leu Ser Asn Asp Ser Asn Asp Met
 1535 1540 1545

Ile His Tyr Ile Asp Asp Ser Lys Asn Val Lys Ile Glu Arg Asn
 1550 1555 1560

Arg Asp Asn Ser Phe Phe Ser Asn Phe Leu Gln Phe Asn Asp Asn
 1565 1570 1575

Leu Asp Phe Phe Leu Asn Ala Thr Tyr Ser Asp Glu Asp Asn Asn
 1580 1585 1590

Tyr Glu Ile Leu Asp Asp Ser Ile Asn Phe Val Gln Lys Gln Lys
 1595 1600 1605

Ile Lys Lys Ile Lys Thr Pro Leu Ile Leu Pro Ile Asp Pro Asn
 1610 1615 1620

Ile Glu Leu Leu Ser Phe Leu Pro Glu Gln Ser Tyr Val Leu Arg
 1625 1630 1635

Ser Ser Leu Tyr Pro Ile Val Ile Ala Cys Leu Val Arg Lys Lys
 1640 1645 1650

ES 2 498 371 T3

Ile Lys Leu Tyr Asn Glu Asn Tyr Asn Asn Leu Ile Ile Asn Asn
 1655 1660 1665

His Thr Phe Tyr Lys Asn Asp Gln Asn Lys Asp Asn Ile Ile Asn
 1670 1675 1680

Asn Leu Ser Tyr Asp Lys Ser Tyr His Ser Tyr Tyr Asn Ser Gln
 1685 1690 1695

Phe Ile Lys Thr Leu Gln Asn Ser Phe Glu Ser Thr Thr Ser Leu
 1700 1705 1710

Asn Tyr His Tyr Asn Phe Leu Lys Cys Ser Asn Asn Asn Ile Phe
 1715 1720 1725

Tyr Lys Asn Lys Lys Ile Glu Arg Ile Lys Pro Asn Thr Ser Ile
 1730 1735 1740

Gln Lys Ala Phe Pro Ser Asn Glu Asn Ile Leu Asn Arg Asn Gln
 1745 1750 1755

His Val Tyr Tyr Ser Asn Asn Gln Ile Val His Asn Ile Lys Lys
 1760 1765 1770

Met Asn Lys His Lys Arg Asp Asp Tyr Met Ile Asn Glu Lys Val
 1775 1780 1785

Leu Pro Cys Val Ser Asn Ser Cys Leu Gly Asp Lys Leu Met Pro
 1790 1795 1800

Ser His Asp Lys Met Arg Ser Ser His Asp Lys Met Met Pro Ser
 1805 1810 1815

His Asp Lys Met Met Pro Ser His Asp Lys Leu Met Ser Pro His
 1820 1825 1830

Tyr Thr Leu Met Ser Ser His Asp Lys Pro Val Ala Pro Ser Gly
 1835 1840 1845

Val Ser Ser Leu Gly Glu Lys Lys Ser Lys Asp Glu Lys Lys Asn
 1850 1855 1860

Arg Lys Lys Tyr Asn Glu Ile Tyr Gln Leu Ser Ile Lys Lys Tyr
 1865 1870 1875

Ile Tyr Lys Ala Gly Asp Asp Leu Arg Gln Asp His Leu Val Ile

ES 2 498 371 T3

1880													
Gln Ile	Ile Tyr	Val Met	Asp Asn	Ile Trp	Lys Arg	Tyr Gly	Leu						
1895			1900			1905							
Asp Leu	Lys Met	Thr Leu	Tyr Arg	Val Leu	Ala Leu	Ser Thr	Asp						
1910			1915			1920							
Asp Gly	Phe Ile	Glu Phe	Val Asp	Tyr Ala	Glu Ser	Ile Ser	Ser						
1925			1930			1935							
Ile Lys	Lys Asn	Tyr Lys	Gly Glu	Ile Arg	Gln Tyr	Phe Ile	Asp						
1940			1945			1950							
Asn Ser	Thr Cys	Ser Ser	Ser Pro	Leu Gly	Phe Asp	Thr Glu	Ile						
1955			1960			1965							
Leu Gln	Asn Phe	Ile Ser	Ser Cys	Ala Gly	Tyr Ser	Val Ile	Thr						
1970			1975			1980							
Tyr Ile	Leu Gly	Ile Gly	Asp Arg	His Leu	Asp Asn	Leu Met	Val						
1985			1990			1995							
Thr Lys	Asp Gly	Arg Phe	Phe His	Ile Asp	Phe Gly	Tyr Ile	Phe						
2000			2005			2010							
Gly Glu	Asp Pro	Lys Pro	Phe Ser	Pro Pro	Met Lys	Leu Cys	Lys						
2015			2020			2025							
Glu Met	Ile Glu	Ala Met	Gly Gly	Ala His	Ser Ile	Gly Tyr	Glu						
2030			2035			2040							
Gln Phe	Leu Lys	Lys Cys	Cys Leu	Ala Tyr	Lys Tyr	Leu Arg	Tyr						
2045			2050			2055							
His Ser	Gln Leu	Ile Ile	Ser Leu	Leu Asp	Ala Met	Cys Asp	Ala						
2060			2065			2070							
Gly Leu	Lys Asp	Met Lys	Met Ser	Pro Glu	Leu Cys	Val Leu	Lys						
2075			2080			2085							
Val Gln	Glu Lys	Phe Arg	Leu Asp	Leu Asn	Asp Glu	Ala Ala	Glu						
2090			2095			2100							
Ile Tyr	Phe Leu	Ser Val	Ile Asn	Ala Ser	Val Lys	Thr Leu	Phe						
2105			2110			2115							
Pro Val	Val Val	Asp Lys	Leu His	Glu Trp	Ala Leu	Asn Trp	Lys						
2120			2125			2130							

<210> 10
 <211> 3029
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

ES 2 498 371 T3

<400> 10

Met Ser Asp Arg Lys Glu Asp Lys Asn Asp Ile Ile Leu Asn Lys Asn
1 5 10 15

Glu Glu Glu Asp Asn Ile Asn Asn Asn Asn Ile Ile Leu Tyr Lys Ser
20 25 30

Phe Asp Asp Phe Lys Ile Asn Tyr Ser Tyr Lys Thr Lys Asn His Leu
35 40 45

His Glu Asn Asp Lys Ile Lys Glu Glu Asp Asp His Glu Ile Lys Arg
50 55 60

Lys Leu Ile Lys Leu Ile Asn Thr Asn Phe Tyr Ile Asp Lys Cys Ile
65 70 75 80

His Phe Lys Lys Phe Ser Lys Asp Glu Leu Tyr Lys Thr Phe Ile Tyr
85 90 95

Ser Asn Phe Leu Thr Lys Ala Leu Ile Leu Tyr Pro Ser Leu Met Pro
100 105 110

Tyr Val Glu Cys Ile Ile Glu Lys Ile Lys Lys Ile Lys Asn Glu Asn
115 120 125

Ile Thr Phe Phe Pro Ala Ile Glu Gln Phe Asn Phe Ser Ile Glu His
130 135 140

Ala Val Ser Ser Tyr Gln Thr Gly Thr Gln Thr Phe Asn Asn His Pro
145 150 155 160

Asn Phe Tyr Thr Asn Tyr Tyr Gln Ser Phe Ile Lys Asn Asp Asn Ile
165 170 175

Pro Tyr Ile Asn Gln Thr Asn Ile Phe Asp Asn Asn Ile Lys Asn Lys
180 185 190

ES 2 498 371 T3

Tyr Met Leu Asp Asp Lys Phe Gly Ser Thr Ser Leu Tyr Asn Asn Asn
 195 200 205
 Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Glu Asn Asn Asn Asp Lys Tyr Leu Asn
 210 215 220
 Thr Tyr Tyr Ala Ser Pro Arg Gly Asn Gln Ile Tyr Asn Leu Phe Gln
 225 230 235 240
 Asp Ile Asn Asn Asn His His Asn Asn Asn Ile Asn Ser Tyr Ser Ile
 245 250 255
 His Ser Gly Met Thr Leu Tyr Asn Ile His Arg Cys Ile Cys Ile Cys
 260 265 270
 Leu Gly Val Lys Lys Glu Asp Thr Asp Asn Tyr Leu His Val Phe Ile
 275 280 285
 Leu Asn Asn Gly Asn Ile Tyr Gly Ser Gly Lys Lys Cys Ser Val Ser
 290 295 300
 Ile Ile Arg Lys Ile Gln Ile Asn Thr Asp Arg His Ile Thr Phe Lys
 305 310 315 320
 His Ile Ile Lys Thr Pro Leu Tyr Leu Tyr Lys Ser Lys Glu Asp Lys
 325 330 335
 Asn Lys Asn Asn Ser Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ser Asn Asn
 340 345 350
 Asn Asn Asn Ser Asn Asn Asn Asn Asn Ser Asn Ser Asn Ser Asn Ser
 355 360 365
 Asn Asn Asn Thr Asn Ser Asn Ser Asn Ser Asn Ser Asn Ser Asn Asn
 370 375 380
 Asn Thr Asn Ser Asn Asn Asn Ser Asn Ser Asn Ser Asn Asn Asn Asn
 385 390 395 400
 Ser Asn Asn Asn Thr Thr Thr Asn Asn Ser Ser Ser Ser Asn Asn Ser
 405 410 415
 Asn Asn Asn Asn Tyr Tyr His Asn Asn Tyr Lys Asn Glu Lys Glu Leu
 420 425 430
 Asn Asn Ser Ser Ser Leu Glu His Ser Ser Ile Ile Met Asn Asn Asp

ES 2 498 371 T3

435

440

445

Asn Ile His Asn Asn Ile Asn Asn Asn His Ile Asn Asn Ile Thr Asp
450 455 460

Leu Asn Asn Met Asn Val Asn Gln Ser Asn Met Lys Glu Asn Asn Asn
465 470 475 480

Ile Ile Asp Tyr Met Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn Tyr Ser Asn
485 490 495

Asn His Leu Asn Asn Cys Ile Asn Lys Leu Tyr Thr Asn Asn Ile Tyr
500 505 510

Phe Thr Glu Asp Ser Gln Lys Arg Asn Pro Leu Gln Thr Tyr Asn Thr
515 520 525

Ser Lys Asn Thr Asn Asn Phe Leu Asn Val Asn Asn Phe Thr Ser Ser
530 535 540

Tyr Asn Phe Pro Asn Ile Asn Asn Met Asp Ser Asn Ile Tyr Asn His
545 550 555 560

Thr Thr Cys Asn Asn Phe Asn Lys Asn Ile Asn Asn Asn Ile Asn Asp
565 570 575

Ile Ser Ile Asn Lys His Asn Asn Ile Phe Asn Asn Met Asn His Leu
580 585 590

Asn His Leu Asp Asn His Ser Tyr Ile Gln Asn Asn Leu Tyr Lys Asn
595 600 605

His Met Asn Val Asn Thr Asn Ile Leu Tyr Asn Asn Pro Ile Met Asn
610 615 620

Asn Ile Asn Asn Asp Gln Ile Asn Asn Leu Ser Ile Pro Asn Asn Lys
625 630 635 640

Asn Glu Asp Asn Asn Glu Ile Asn His Asp Asp Ser Asn Asp Asp Asp
645 650 655

Ser Asn Ser Ser His Ile Thr Leu Asn Lys Ser Asp Lys Asn Lys Asn
660 665 670

Tyr Phe Ala Leu Asn Pro Lys Tyr Gln Asn His Gln Asn His Asn Ile
675 680 685

ES 2 498 371 T3

Asn Asn Asn Ile Gln Asn Asn Leu Asn Glu Gln Ile Lys Glu Lys Asn
 690 695 700

Asp Gln Gln Asn His Asn Ile Lys Glu Ile Lys Asn Lys Glu Leu Leu
 705 710 715 720

Asn Asp Thr Ile Ser Ser Ile Glu Asp Thr Asn Asp Asn Ser Tyr Ser
 725 730 735

Lys Tyr Ile Thr Ser Ser Asp Ile Ser Gln Asn Asn Thr Leu Asn Ser
 740 745 750

Phe Gln His Asn Lys Glu Ile Ser Val Asn Phe Met Tyr Asn Asn Ile
 755 760 765

Ile Leu Asp Asn Asn Asn Asn Ile Asn Asp Asp Asn Asn Asn Asn Asn
 770 775 780

Asn Tyr Phe Cys Ile Pro Cys Gly Tyr Asn Thr Lys Glu Tyr Lys Tyr
 785 790 795 800

Asn Ile Tyr Asn Thr Tyr Asn Tyr Pro Asn Asn Ala Asn His Ile Tyr
 805 810 815

Asn Asn Met Asn Ile Ser Tyr Asn Asn Ser Ala Tyr Asn Asn Asn Tyr
 820 825 830

Val Thr Tyr Asn Asn Phe His Asn Ser Tyr His Asn Asn Tyr Ile Leu
 835 840 845

His Asn Asn Phe His Asn Pro Tyr Asn Ile Tyr Asp Asn Ile Gln Asn
 850 855 860

Thr Glu Gln Lys Lys Leu Tyr Asn Ile Tyr Gln Asn Asp Glu Arg Gln
 865 870 875 880

Asn Asn Ser Phe Asn His Ile Asn Thr Asp Pro His Lys Val Val Asn
 885 890 895

Ser Asn Asn Phe Leu Pro Ile Asn Thr Phe His Tyr Asn Asn Asn Leu
 900 905 910

Asn His Asn Ile Leu Thr Glu Ser Asn Asn Leu Asn Arg Lys Asn Glu
 915 920 925

ES 2 498 371 T3

Asn Asp Asn Ile Pro Ser Ser Tyr Ser Gln Ile His Asn His Gln Ile
 930 935 940

Cys Lys Lys Val Glu Glu Tyr Thr Tyr Asn Ser Ile Asn Gln Asn Thr
 945 950 955 960

Asn Asn Phe Asn Asn Asn Val Met Met Leu Met Asn Thr Ser Asn Asn
 965 970 975

Ile Pro Leu Asp Asn Asn Thr Tyr Asn Ser Asn Lys Asn Lys Ile Ile
 980 985 990

Tyr Lys His Ile Ile Asn Asp His Ile Asn Gln Lys Asp Asn Asn Val
 995 1000 1005

Glu Tyr Glu Asn Leu Asn Asn Ser Cys Asp Asn Thr Gln Asn Lys
 1010 1015 1020

Glu Thr Phe Cys Asn Gln Asp Leu Ile Asn Ser Ser Asn Ile Asn
 1025 1030 1035

Asn Asn Ile Ser Ser Tyr Thr Phe Gln Asn Asn Asn Asp Phe Tyr
 1040 1045 1050

Thr Lys Lys Lys Ser Met Gln Tyr Asn His Asp Asn Ile Tyr Lys
 1055 1060 1065

Ile Asn Thr Thr Ser Glu Asn Val Gly Ser Pro His Thr Asn Asn
 1070 1075 1080

Lys Thr Ser Ile Tyr Asn His Lys Lys Gly Gly Tyr Glu Gln His
 1085 1090 1095

Thr Glu Gln Asn Asn Glu Gln Asn Asn Glu Gln Asn Ser Glu Gln
 1100 1105 1110

Asn Ile Glu Gln Asn Ile Glu Gln Asn Ile Glu Gln Asn Val Ala
 1115 1120 1125

Gln Asn Val Ala Gln Asn Val Ala Gln Asn Val Glu Gln Asn Val
 1130 1135 1140

Glu Gln Asn Val Ala Gln Asn Val Glu Gln Asn Val Glu Gln Asn
 1145 1150 1155

ES 2 498 371 T3

Val Glu Gln Lys Ala Glu Gln Asn Ser Asn Asn Glu Ser Ile Lys
 1160 1165 1170

Thr Asn Thr Val Glu Thr Phe Lys Arg Asn Lys Asn Gln Ile Thr
 1175 1180 1185

Asn Ser Asn Asn Val Ile Ser Lys Gln Gln His Asp Thr Asn Asn
 1190 1195 1200

Ile Leu Asn Asn Ile Asn Ile Asn Ile Lys Glu Asn Ile Asn Arg
 1205 1210 1215

His Lys Ile Asn Glu Phe Gln Trp Glu Lys Ser Asn Lys Ile Asp
 1220 1225 1230

Ile Glu Lys Asn Asn Cys Leu Thr Thr Lys Tyr Asp Lys Asp Asn
 1235 1240 1245

Asp Asn Glu Asn Asp Asn Glu Asn Asp Asn Thr Tyr Asn Lys Asn
 1250 1255 1260

Asn Asp Ile Val Ile Cys Asn Asn His Asn Asn Ser Ser His Val
 1265 1270 1275

Gln Lys Asn Tyr Tyr Asn Met Asn Glu Ser Met Ile Asn Glu Asn
 1280 1285 1290

Asn Ile Ile Ile Thr Glu Gly Glu Asn Leu Met Asn Ser Thr Glu
 1295 1300 1305

Glu Tyr Phe Thr Asn Glu Leu Ile Lys Lys Asp Ser Leu Glu Lys
 1310 1315 1320

Asn Lys Ser Asp Thr Lys Phe Leu Ile Lys Leu Asn Asn Glu Ile
 1325 1330 1335

Lys Lys Glu Glu Glu Lys Lys Asp Asn Ile Asn Ile Phe Ile Asn
 1340 1345 1350

Asn Asn Ile Tyr Glu Leu Lys Glu Ile Asn Gly Asn Lys Asn Arg
 1355 1360 1365

Ser Asp Tyr Phe His Asn Thr Lys Asp Asp Lys Glu Asn Ile Thr
 1370 1375 1380

Asn Val Ser Ser Asn Asn His Leu Ser Val Pro Leu Asn Lys Tyr

ES 2 498 371 T3

1385		1390		1395
Asn Asp 1400	Glu Asp Lys Gln Leu	Ile Lys Gln Met	Asn His Ala Ser	
Asn Met 1415	Asn Phe Ile Tyr Asp	Tyr Asn Tyr His	Asn Asn Tyr Ser	
Ser Thr 1430	Asn Ser Gln Gln Leu	Ile Lys Asn Asn Thr	Glu Asn Leu	
His Ser 1445	Phe Lys Asn Glu Thr	His Ser Thr Tyr Val	Lys Tyr Ile	
Lys Ser 1460	Glu Ile Asn Asn Met	Asn Asn Ser Ile Gly	Val Pro Thr	
Lys Lys 1475	Asn Asp Tyr Met Tyr	Thr Asn Tyr Leu Asn	Met Glu His	
Ile Lys 1490	Met Asn Asn Met Glu	Lys Glu Ile Ile Lys	Lys Gly Asn	
Asp Asn 1505	Glu Ile Lys Gly Gln	Arg Ile Gln Val Glu	His Asp Arg	
Asp Val 1520	His Tyr Asn Thr Thr	Gln Glu Asn Asn Ile	Ile Asn Asn	
Gln Asn 1535	Pro Gln Thr Asn His	Asp Gly Asp Met Asn	Ile Asn Ile	
Asn Ser 1550	Asn Lys Phe Met Thr	Pro Thr Thr Leu Lys	Glu Lys Tyr	
Gln Asn 1565	Asn Ile Asn Thr Asn	Glu Gln His Asn Lys	Asn Glu Glu	
Asn Lys 1580	Asn Lys Asn Val Ile	Asn Asn Thr Ser Gln	Met Ile Asn	
Asp Asn 1595	Asn Val Ile Gln Asn	Asp Ile Asn Asn Met	Asn Asn Asn	
Glu Asn 1610	Glu Asn Glu Asn Glu	Asn Leu Tyr Ile Asn	Val His Thr	

ES 2 498 371 T3

Gln Tyr Lys Ser Asp Asn Ile Leu Ser Cys Glu Lys Asn Phe Ile
 1625 1630 1635

Thr Leu Lys Asn Asn Asn His Asn Asn His Asn Asn Asn Asn Asn
 1640 1645 1650

Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Ile Asn Asn Asp Asn Ile His Leu Asn Asn
 1655 1660 1665

Ser His Ile Asp Ile Met Lys Thr Asn Asn Ile Asn Lys Asp Met
 1670 1675 1680

Thr Thr Asn Ser Thr Pro His Phe Lys His Asn Ile Ile Ser Asn
 1685 1690 1695

Asp Cys Ser Pro Asn Asn Ile Asn Gln Asn Ile Phe Val Asp Pro
 1700 1705 1710

Asn Lys Tyr Ile Tyr Asn Asn Ile His Thr Asn Tyr Asn Ala Tyr
 1715 1720 1725

His Glu Glu Ser Leu Gln Val Val Gly Asn His Asn Ser Ser Ser
 1730 1735 1740

Leu Leu Arg Asn Ile Asn Glu Ser Phe Ser Asn Gln Tyr Asp Asn
 1745 1750 1755

Lys Lys Asn Leu Glu Ala His His Ile Asp Asp Asp Lys Asn Lys
 1760 1765 1770

Glu Ala Phe His Asn Asp Asp Asp Lys Asn Lys Glu Ala Phe His
 1775 1780 1785

Asn Val Asp Asp Lys Asn Lys Glu Thr Phe His Asn Asp Asp Asp
 1790 1795 1800

Lys Asn Lys Glu Ala Leu His Asn Asp Asp Asp Lys Asn Lys Glu
 1805 1810 1815

Ala Leu His Asn Asp Asp Asp Lys Asn Val Glu Ala Tyr His Asn
 1820 1825 1830

Asp Asn Tyr Asn Asp Asn Tyr Asn Asn Asn Tyr Tyr Phe Asp Gly
 1835 1840 1845

ES 2 498 371 T3

Asn Asn Asn Met Gln Asp Glu Ser Phe Tyr Ser Asn Asn Ser His
 1850 1855 1860
 Ala Glu Tyr Asn Gln Ser Asn Ile Glu Tyr Ile Ser Asn Tyr Asp
 1865 1870 1875
 Lys Asn Tyr Ser His Ile Gln Gln Tyr Thr Asn Gly Phe Cys Tyr
 1880 1885 1890
 Thr Asn Asn Asn Gln Tyr Ile Asn Asn Thr Glu Leu Thr Asn Asn
 1895 1900 1905
 Ser Ser Tyr Ile Tyr Asn Asn Ser Tyr Met Asn Asn Asn Thr Tyr
 1910 1915 1920
 Ser Phe Asn Lys Glu Tyr Ser Asp Asn Asn Met Cys His His Lys
 1925 1930 1935
 Asn Asp Asn Ile His Met Ile Asn Asp Val Ala Thr Lys Leu Asn
 1940 1945 1950
 Gln His Pro Met Asn Met Tyr Asn Ser Asn Asn Asn Asn Ile Ile
 1955 1960 1965
 Tyr Asn Asn Asn Asn Asn Gln Ile Tyr Asp Asn Asn Ile Asn Asn
 1970 1975 1980
 Met Tyr Asn Asp Tyr Tyr Asn Tyr Asn Asn Asn Asn Met Tyr Asn
 1985 1990 1995
 Asn Tyr Tyr Asn Tyr Asn Asn Asn Asn Asn Met Tyr Asn Asn Tyr
 2000 2005 2010
 Tyr Asn Tyr Ser Asn Lys Asn Phe Tyr Met Asn Glu Lys Tyr Thr
 2015 2020 2025
 Glu Gly Ala Thr Asn Phe Met Asn Ile Asp Asp Met Lys Asp Ala
 2030 2035 2040
 Gly Asn Glu Asn Asn Met His Ile Leu Asn Asn Asn Ser Ile Asn
 2045 2050 2055
 Gln Thr Tyr Tyr His Ser Lys Ile Lys Asn Asn Asn Asn Asn Asp
 2060 2065 2070

ES 2 498 371 T3

Asp Asp Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn
 2075 2080 2085

Asn Asp Asn Asn Asn Ile Met Met His Asn Asn Tyr Gln Pro Phe
 2090 2095 2100

Leu Tyr Glu Asn Gln Tyr Asn Lys His Ile His Met Met Asn Gln
 2105 2110 2115

Gln Ile Gln Lys Glu Thr Asn Thr Ser Phe Lys His Ile Thr Cys
 2120 2125 2130

Asn Gln Lys Phe Ile Glu Asn Asn Lys Ile Asn Ile Ser Asn Asp
 2135 2140 2145

Gln Asn Val Thr Asn Met Pro Ile Leu Tyr Ser Met Asn Lys Glu
 2150 2155 2160

Gln Tyr Ile Asn Ile Ser Asn His Asn Asn Gly Cys Asn Tyr Asp
 2165 2170 2175

Asn Ile Asn Ser Ile Asn Val Tyr Glu Asn Asn Asn Glu Tyr Ile
 2180 2185 2190

Ala Pro Lys Asn Met Leu Tyr Lys Ser Glu Glu Lys Glu Asn Leu
 2195 2200 2205

Tyr Asn Ser Ser Ser Ile Tyr Asn Gln Asn Tyr Glu Gln Lys Tyr
 2210 2215 2220

Ile Asn Tyr Met Asn Asn Ala Ser Tyr Ile Met Asn Asn Asn Met
 2225 2230 2235

Asn Asp Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Val Gln Asn Phe Arg Thr Phe
 2240 2245 2250

Lys Asn Asn Val Phe Gln Gln Pro Leu Ser Tyr Ser Asn Gly Ser
 2255 2260 2265

Glu Ala Met Leu His Ala Ser Glu Phe Asn Gln Gly Ile Asn Lys
 2270 2275 2280

Glu Asn Phe Gln Gly Glu Tyr Val Ser Asn Leu Val Asn Ser Tyr
 2285 2290 2295

ES 2 498 371 T3

Lys Asp Asn Val Asn Asn Val Glu Gly Val Leu Gly Ile Lys Lys
 2300 2305 2310

Asp Lys Glu Asn Asp Asn Asn Glu Glu Glu Asn Asp Glu Glu Glu
 2315 2320 2325

Asn Asp Glu Glu Glu Asn Asp Glu Glu Glu Asn Asp Glu Glu Glu
 2330 2335 2340

Asn Asn Glu Glu Glu Asn Lys Glu Ala Gln Asn Asn Glu Glu Glu
 2345 2350 2355

Asn Asn Asn Gly Asp Asn Asn Asn Gly Asp Asn Asn Asn Asn Gly
 2360 2365 2370

Asp Asn Asn Asn Asn Gly Asp Asn Asn Asn Asn Gly Asp Asn Asn
 2375 2380 2385

Asn Asn Gly Asp Asn Asn Asn Asn Asn Ile Phe Tyr Asn Met Glu
 2390 2395 2400

Gly Ser Gln Lys Ile Cys His Asp Asp Ile Thr Leu Asn Glu Cys
 2405 2410 2415

Leu Asn Ser Ile Asp Ile Asn Glu Gly Glu Lys Lys Thr Phe Glu
 2420 2425 2430

Glu Asn Lys Ser Ser Phe Ser Met Leu Tyr Leu Phe Gly Lys Val
 2435 2440 2445

Lys Phe Tyr Ile Ser Ile Ile Asp Ile Ile His Asn Lys Thr Asn
 2450 2455 2460

Ser His Asp Leu Leu Trp Val Pro Arg Cys Cys Asn Gly Ser Tyr
 2465 2470 2475

Gly Thr Phe Leu Lys Tyr Asn Tyr Ser Asn Met Asn Glu Ile Asn
 2480 2485 2490

Lys Tyr Thr His Asp Glu Gly Ile Asp Ile Asp Ser Ile Asn Leu
 2495 2500 2505

Lys Leu Met Glu Thr Arg Phe Ser Lys Asn Val Ala Ser Ser Arg
 2510 2515 2520

ES 2 498 371 T3

Thr Thr Lys Arg Lys Arg Met Ile Asp Ile Asp Lys Thr Val Leu
 2525 2530 2535

His Tyr Tyr Lys Glu His Ile Ser Glu Phe Phe Asn Asp Lys Asn
 2540 2545 2550

Lys Ile Ile Lys Leu Thr Lys Lys Leu Cys Lys Tyr Lys Lys Lys
 2555 2560 2565

Arg Lys Phe Asn Asp Thr Gln Lys Lys Gly Thr Tyr Lys Asp Glu
 2570 2575 2580

Lys Asp Tyr Asp Asn Tyr Asp Val Leu Pro Asn Gly Asp Glu Gln
 2585 2590 2595

Asn His Glu Asn Lys Lys Gln Glu Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asp
 2600 2605 2610

Asp Asn Asn Asn Lys Asn Lys Asn Asn Asp Asp Asp Asn Asn Asn
 2615 2620 2625

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Lys Asn
 2630 2635 2640

Asn His Asn Asn Asp Asn Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Lys Asn
 2645 2650 2655

Asn His Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn His Lys Asn Asn Ser Asn
 2660 2665 2670

Asn Lys Ala Lys Gly Lys Asn Met Gly Lys Gly Lys Lys Gln Thr
 2675 2680 2685

Pro Asn Arg Met Asn Asn Thr Lys Asn Val Gln Asn Gly Lys Asn
 2690 2695 2700

Thr Lys Asn Ile Asn Asn Ile Lys Asn Ile Ser Asn Met Ser Asn
 2705 2710 2715

Ile Glu Ser Ile Asn Ser Met Thr Ser Ile Lys Ser Val Asp Gly
 2720 2725 2730

Glu Asn Arg Met Asn Asn Thr Ile Asn Met Asn Gly Met Asn Lys
 2735 2740 2745

Thr Glu Ser Ile Asn Asn Ile Glu Ile Thr Gln Asn Met Asn Thr

ES 2 498 371 T3

Thr Phe Ile Asn Thr Asn Tyr Ser Asn Asp Phe His Gln Thr Asn
 2990 2995 3000

Asp Leu Leu Val Asn His Asn Asn Ile Asp Leu Lys Tyr Leu Ser
 3005 3010 3015

Asp Asn Ile Asn Thr Asn Thr Tyr Asn Glu Gln
 3020 3025

<210> 11 -
 <211> 109
 <212> PRT

5 <213> Plasmodium falciparum

<400>11

Met Ser Met Phe Leu Asn Ile Leu Ile Leu Ile Asp Ala Ala Ser Val
 1 5 10 15

Ala Phe Leu Leu Ile Thr Phe Leu Met Ile Asn Leu Asn Glu Glu Ser
 20 25 30

Leu Glu Leu Ser Gln Ala His Arg Glu Asn Gly Lys Lys Ala Leu Val
 35 40 45

Val Ala Ile Ile Leu Tyr Val Ile Phe Leu Val Leu Leu Phe Ile Tyr
 50 55 60

Lys Ala Tyr Lys Asn Lys Arg Lys Leu Tyr Thr Asn Phe Phe Met Lys
 65 70 75 80

Lys Arg Asn Ala Pro Lys Tyr Val Gln Leu Ala Ser Thr Tyr Leu Ser
 85 90 95

Ala Ser Asp Glu Tyr Glu Gln Tyr Glu Leu Asn Lys Ile
 100 105

<210> 12
 <211> 395
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

10

<400> 12

Met Glu Asn Glu Tyr Ala Thr Gly Ala Val Arg Pro Phe Gln Ala Ala
 1 5 10 15

Glu Ser Asn Glu Arg Tyr Gln Asp Pro Gln Asn Tyr Glu Leu Ser Lys

ES 2 498 371 T3

	20							25							30
Lys	Ala	Val	Ile	Phe	Thr	Pro	Ile	Tyr	Tyr	Phe	Asp	Gly	Asn	Ser	Trp
	35						40					45			
Thr	Ala	Leu	Glu	Arg	Leu	Leu	Ser	Leu	Lys	Lys	Thr	Ile	Phe	His	Asp
	50					55					60				
Asn	Arg	Leu	Val	Thr	Leu	Cys	Pro	Val	Glu	Asn	Asn	Ile	Thr	Pro	Ile
65					70					75					80
Glu	Leu	Glu	Ala	Ser	Ile	Ser	Gly	Lys	Tyr	Asp	Ile	Lys	Val	Tyr	Arg
				85					90					95	
His	Cys	Glu	Tyr	Ile	Leu	Cys	Ile	Glu	Gly	Glu	Gln	Lys	Ile	Leu	Ile
			100					105					110		
Lys	Ile	Pro	Val	Thr	Lys	Asn	Ile	Ile	Thr	Trp	Asn	Ser	Glu	Gln	Arg
		115					120					125			
Leu	Pro	Leu	Leu	Pro	Lys	Thr	Trp	Lys	Pro	Thr	Ile	Phe	Leu	Leu	Asn
	130					135					140				
Glu	Ser	Asn	Ile	Phe	Leu	Arg	Phe	Ile	Pro	Asp	Lys	Cys	Leu	Val	Ile
145					150					155					160
Ser	Gln	Val	Ser	Asn	Ser	Asp	Ser	Tyr	Lys	Val	Asn	Cys	Ile	Asn	Phe
				165					170					175	
Ser	Glu	Gly	Phe	Cys	Cys	Cys	His	Pro	Ile	Asn	Asn	Leu	Ala	Leu	Leu
			180					185					190		
Tyr	Gly	Glu	Tyr	Gln	Gln	Asn	Gln	Glu	Ser	Lys	Ile	Met	Lys	Leu	Pro
		195					200					205			
Lys	Leu	Pro	Ile	Ser	Asn	Gly	Lys	Tyr	Asn	Tyr	Phe	Ile	His	Phe	Phe
	210					215					220				
Thr	Trp	Gly	Thr	Met	Phe	Val	Pro	Lys	Tyr	Phe	Glu	Leu	Ser	Arg	Gly
225					230					235					240
Pro	Leu	Cys	Asn	Phe	Lys	Lys	Asn	Ile	Ile	Ala	Leu	Leu	Ile	Ile	Pro
				245					250					255	
Pro	Lys	Ile	His	Ile	Ser	Ile	Glu	Leu	His	Ser	Ser	Ser	Pro	Val	Val
			260					265						270	

ES 2 498 371 T3

Cys Ser Met Glu Tyr Lys Lys Asp Phe Leu Ile Thr Ala Arg Lys Pro
 275 280 285

Asn Ile Thr Asp Ile Glu Ile Tyr Thr Ile Ile Gln Asp Gln Leu Ile
 290 295 300

Lys Tyr Asp Phe Ser Tyr Asp Leu Arg Leu Asn Lys Glu Asn Ala Ser
 305 310 315 320

Ile Ser His Leu Asn Ile Pro Ile Gly Phe Lys Ile Cys Asn Glu Glu
 325 330 335

Lys Glu Lys Lys Lys Lys Asn Ser Ser His Ile Cys Lys Trp Thr Phe
 340 345 350

Ile Glu Thr Lys Asp Gln Arg Thr Leu Asn Arg Ser Gly Asn Ser Ser
 355 360 365

Ser Glu His Ile Met Ser Gln Asp Leu Ala Cys Ile Phe Asp Ala Glu
 370 375 380

Lys Ala Met Ile Cys Cys Leu Leu Ser Asn Ile
 385 390 395

<210> 13

<211> 307

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

5

<400> 13

Met His Asp Phe Phe Leu Lys Ser Lys Phe Asn Ile Leu Ser Ser Pro
 1 5 10 15

Leu Phe Asn Asn Phe Tyr Lys Arg Asn Asn Glu Asp Glu Tyr Phe Lys
 20 25 30

Lys Asp Arg Asn Asn Asn Asp Asp Leu Gly Val Met His Asn Tyr Ala
 35 40 45

Asp Asp Ser Glu Trp Arg Glu His Asn Lys Lys Asp Arg Met Thr Ser
 50 55 60

Leu Lys Asn Glu Leu Asn Glu Gln Leu Ile Tyr Thr Tyr Tyr Asn Asn
 65 70 75 80

ES 2 498 371 T3

Phe Asn Asn Asn Tyr Glu Tyr Tyr Asn Lys Ser Thr Glu Lys Leu Lys
85 90 95

Glu Lys Asn Asn Glu Asp Glu Tyr Asn Glu Glu Gln Glu Tyr Glu Pro
100 105 110

Thr Ala Asn Leu Leu Gln Asp Lys Asn Lys Ile Asn Asp Met Asn Asn
115 120 125

Phe Tyr Asn Asn Phe Asn Lys Asn Ser Leu Phe Asn Tyr Gln Asn Phe
130 135 140

Gln Asn Ala Asp Lys Asn Phe Leu Tyr Leu Leu Asn Lys Lys Asn Lys
145 150 155 160

Asn Asn Ser Thr Asn Glu Asn Ile Leu Val Asp Glu Phe Lys Lys Leu
165 170 175

Lys Asn His Val Leu Phe Leu Gln Met Met Asn Val Asn Leu Gln Lys
180 185 190

Gln Leu Leu Thr Asn His Leu Ile Asn Thr Pro Lys Ile Met Pro His
195 200 205

His Ile Ile Ile Asn Asn Lys Thr Glu Val Ser Ser Asn Ala Val Ser
210 215 220

Glu Ile Gln Asn Asn Lys Asp Lys Lys Lys Asn Gly Thr Met Tyr Ile
225 230 235 240

Leu Leu Lys Lys Ile Leu Ser Ser Arg Phe Asn Gln Met Ile Phe Val
245 250 255

Ser Ser Ile Phe Ile Ser Phe Tyr Leu Ile Asn Lys His Trp Gln Arg
260 265 270

Ala Leu Lys Ile Ser Gln Leu Gln Lys Lys Ile Asn Ser Asn Phe Leu
275 280 285

Leu Lys Ser Val Arg Leu Phe Glu Glu Ser Leu Gly Ile Arg Lys Asn
290 295 300

Lys Tyr Ile
305

<210> 14
 <211> 1234
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

ES 2 498 371 T3

<400> 14

Met Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Met Gly Tyr Ser Gly Ile Asp
 1 5 10 15

Ile Lys Glu Ile Asn Val Lys Arg Lys Asn Ser Val Tyr Phe Asp Asn
 20 25 30

Val Asp Val Cys Asn Ile Leu Lys Glu Asn Asn Thr Tyr Lys Gln Lys
 35 40 45

Lys His Ile Ser Ile Asn Ile Asn Arg Lys Cys Ala Ser Tyr Asn Asn
 50 55 60

Ile Tyr Tyr Ile Asn Asn Asp His Pro Gly Leu Gly Lys Asn Ile Ser
 65 70 75 80

Tyr Tyr Gln Asn Lys Asp Asn Met Gln Leu Lys His Phe Phe Asn Ser
 85 90 95

Asn Lys Ile Asn Ile His Asp Asn Lys Ile Lys Thr Thr Gln Ser Tyr
 100 105 110

Ser Tyr Tyr Glu Pro Leu Arg Tyr Pro Ala Phe Lys Met Ser Asp Lys
 115 120 125

Ile Lys Ser Glu Thr Asn Glu Leu Lys Lys Met Asp Thr Lys Lys Asp
 130 135 140

Val His Met Lys Asp Ile His Pro Lys Asn His Lys Ile Ser Lys Asn
 145 150 155 160

Asp Asp Leu Gly Asn Asn Asn Ile Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asp
 165 170 175

Asn Asn Asn Ser Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ile Lys Cys Val Ser
 180 185 190

Asn Arg Ser Thr Ser Asn Lys His Ile Asn Arg Arg Asn Met Cys Ile
 195 200 205

Phe His Asn Lys Ile Asn Lys Lys Glu Lys Asn Ile Asn Glu Gln Gly
 210 215 220

ES 2 498 371 T3

Glu Lys Asn Glu His Ser Lys Ile Asp His Lys His Phe Gly Asn His
 225 230 235 240
 Ile Leu Lys Asp Val Lys Asn Lys Lys Lys Ser Asn Asn Ile Ile Pro
 245 250 255
 Leu Leu Tyr Glu Glu Asn Lys Asn Asn Ile Asn Ile Asn Ser Lys Asn
 260 265 270
 Gly Asn Ser Asn Asn Leu Glu His Glu His Val Gln Glu Lys Pro Ala
 275 280 285
 Arg Phe His Lys Lys Lys Arg Lys Lys Lys Lys Gln Asn Lys Leu Ala Gly
 290 295 300
 Asn Lys Ile Lys Asn Asn Gly Lys Asn Glu Glu Val Lys Gln Ser Ser
 305 310 315 320
 Val Ile Glu Met Glu Lys Val Asn Tyr Leu Asp Asp Lys Val Asn Gly
 325 330 335
 Asn Val Glu Glu Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Asn Lys Asn Lys Asp
 340 345 350
 Lys Asp Lys Lys Arg Asp Glu Glu Lys Glu Glu Asp Lys Asn Lys Asp
 355 360 365
 Lys Asp Lys Asp Lys Asp Lys Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn
 370 375 380
 Asn Asn Asn Asn Lys Asn Asn Asn Lys Asn Lys Asn Lys Lys Lys Lys
 385 390 395 400
 Asn Lys Ile Asn Asn Asn Asn Ile Asn Lys Asn Lys Asp Lys Asp Met
 405 410 415
 Ser Lys Asn Lys Arg Lys Asn Lys Asn Lys Asn Glu Val Val Glu Asp
 420 425 430
 Asn Lys Asn Lys Gln Tyr Leu Glu Lys Lys Glu Asn Asn Ile Asn Glu
 435 440 445
 Ile Pro Lys Glu Val Met Tyr Ile Pro Ile Glu Glu Arg Cys Lys Ser
 450 455 460

ES 2 498 371 T3

Ile Val Ser Ser Ser Asp Glu Glu Asn Leu Tyr Tyr Glu Lys Pro Tyr
 465 470 475 480

Glu Glu Val Glu Asn Tyr Phe Glu Phe Ile Glu Asn Lys Asn Leu Ile
 485 490 495

Asn Pro Ser Asp Ile Thr Asn Glu Val Lys Phe Ile Leu His Met Thr
 500 505 510

Leu Leu Thr Leu Tyr Lys Asp Gln Ile Lys Pro Ser Tyr Gly Lys Ile
 515 520 525

Lys Lys Arg Leu Thr Cys Phe Asn Glu Asn Leu Glu Ile Lys Tyr Asn
 530 535 540

Phe Leu Asn Ile Tyr Ala Ser Leu Arg Asn Glu Tyr Ile Val Val Arg
 545 550 555 560

Thr Lys Arg Asn Asn Ile Phe Val Leu Leu Arg Glu Thr Pro Lys Trp
 565 570 575

Phe Leu Gly Trp Val Lys Thr Arg Cys Phe Lys Asn Ser Tyr Pro Lys
 580 585 590

Lys Val Trp Lys Lys Leu Ile Glu Tyr Phe Leu Asn Met Thr Lys Ser
 595 600 605

Asn Met Asn Asn Asn Leu Tyr Val Ser Met Tyr Ile Pro Phe Ile Lys
 610 615 620

Lys Phe Tyr Asp Lys Arg Phe Ile Phe Tyr Leu Asn Glu Lys Asp Asn
 625 630 635 640

Glu Lys Asn Lys Cys Tyr Glu Lys Ile Tyr Asn Phe Ser Phe Leu Ser
 645 650 655

Phe Asp Met Asn Glu Gln Lys Lys Lys Arg Asn Asn Phe Asn Val Leu
 660 665 670

Phe Tyr Ile Tyr Asn Met Tyr His Asn Asn Phe Ser Tyr Phe Ser Gln
 675 680 685

Cys Asn Asp Tyr Tyr Ile Lys Asn Val Glu Lys Asn Phe Leu Leu Tyr
 690 695 700

ES 2 498 371 T3

Tyr Thr Tyr Ile Phe Phe Asn Tyr Asp Lys Asn Asp Leu Asn Asn Asn
 705 710 715 720
 Asn Ser Asn Ile Asp Leu Ser Lys Lys Asn Tyr Leu Cys Glu Asp Lys
 725 730 735
 Asn Lys Asp Thr Thr Thr Thr Ser Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn
 740 745 750
 Asn Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Ser
 755 760 765
 Ser Ser Cys Ser Asn Asn Asn Asn Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Tyr
 770 775 780
 Asn Asn Asn Cys Asn Asn Tyr Thr Ser Leu Tyr Val Glu His Leu Phe
 785 790 795 800
 Asn Asp Lys Lys Glu Asn Ile Leu Gln Thr Asp Glu Ile Ile Lys Tyr
 805 810 815
 Asp Ile Thr Lys Asn Leu Ile Asn Glu Glu Asn Asn Ile Asp Thr Thr
 820 825 830
 Asn Met Phe Asp Ile Phe Asn Asn Asp Ile Tyr Glu Val Ala Asp Ile
 835 840 845
 Leu Lys Lys Lys Asn Phe Pro Ile Leu Lys Asp Tyr Ser Leu Gly Lys
 850 855 860
 Ile Ala His Ile Ile Tyr Leu Cys Leu Tyr Asn Gly Leu Leu Leu Glu
 865 870 875 880
 Glu Asn Gln Lys Ile Ile Pro Ala Cys Ser Ser Lys Asn Ile Ile Ser
 885 890 895
 Ser Ile Phe Tyr Ile Lys Asn Lys Asn Ser Tyr Leu Tyr Asp Asn Tyr
 900 905 910
 Ser His Leu Asn Gln Asn Phe Tyr Cys Asp Asp Asn Asn Ile Ser Thr
 915 920 925
 Tyr Gly Tyr Asp Tyr Asn Glu Ser Thr Ser Ile Asn Leu Met Thr Lys
 930 935 940

ES 2 498 371 T3

Glu Tyr Asp Asp Lys Met Asp Ser Phe Leu Asn Val Tyr Glu Asn Phe
 945 950 955 960

Leu Lys Asn Glu Glu Gly Leu Phe Phe Ser Lys Lys Lys Asn Asn Lys
 965 970 975

Cys Asp Val Asn Val Ser Leu Asn Lys Cys Thr Glu Glu Phe His Ile
 980 985 990

Pro Ala Ile Thr Asn Leu Glu Glu Ala Lys Phe Lys Ile Glu Arg Leu
 995 1000 1005

Leu Lys Ser Ser Tyr Lys Lys Cys Ile Tyr Leu Leu Phe Phe Arg
 1010 1015 1020

Glu Lys Phe Leu Lys Lys Tyr Lys Gln Asn Ile Asn Pro Leu Ile
 1025 1030 1035

Phe Gly Tyr Asn Ser Leu Ile Glu Phe Leu Phe Tyr Gly Cys Arg
 1040 1045 1050

Glu Val Cys Lys Ile Tyr Ile Leu Asn Asn Asn Leu Leu Ile Val
 1055 1060 1065

His Leu Ser Tyr Asp Ile Ala Lys His Ile Asn Asn Asn Asn Glu
 1070 1075 1080

Lys Glu Lys Asp Lys Glu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Asn
 1085 1090 1095

Val Ile Glu Glu Phe Tyr Tyr Ser Asp Tyr Cys Tyr Asn Lys Thr
 1100 1105 1110

Glu Asn Asn Asn Asn Lys Phe Asn Asn Ser Ser Leu Glu Val Cys
 1115 1120 1125

Thr Ile Met Lys Asp Asn Ala Lys Lys Lys Asn Ser Phe Phe Ile
 1130 1135 1140

Thr Tyr Ser Tyr Trp Lys Tyr Met Ser Lys Lys Glu Lys Gln Asn
 1145 1150 1155

Asp Ile Leu Asp Asn Val Ser Phe Leu Lys Gly Glu Gln Asn Tyr
 1160 1165 1170

ES 2 498 371 T3

Ile Phe Ser Asp Asp Ile Trp Lys Ile Asn Lys Cys Ser Phe Asp
 1175 1180 1185

Lys Thr Asn Pro Ile Gln Gln Ser Gly Lys Asp Ile Pro Leu Tyr
 1190 1195 1200

Tyr Lys Asn Met Lys Lys Ile Asn Thr Gly Ile Phe Asn Met Pro
 1205 1210 1215

Asn Leu Val Gln Ile Asn Asn Tyr Asp Phe Glu Phe Phe Ser Thr
 1220 1225 1230

Cys

<210> 15

<211> 100

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

5

<400> 15

Met Tyr Asp Ala Asp Lys Cys Glu Ala Ile Leu Val Leu Asp Ile Pro
 1 5 10 15

Gly Phe Lys Ile Glu Asp Ile Asp Val Glu Ile Gly Glu Gly Met Leu
 20 25 30

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

Asp Ser Leu Val Leu His Ala Lys Glu Arg Glu Val Gly Tyr Phe Lys
 50 55 60

Arg Ile Phe Lys Leu Pro Asn Asn Ile Leu Asp Asp Thr Ala Lys Ala
 65 70 75 80

Thr Tyr Lys Asn Gly Asn Ile Tyr Ile Tyr Ile Tyr Ile Tyr Ile Tyr
 85 90 95

Phe Leu Gln Ile
 100

<210> 16

<211> 253

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

10

ES 2 498 371 T3

<400> 16

Met Ile Lys Gln Asn Ile Lys Tyr Thr Gln Ile Ile Ser Ile Asp Asn
 1 5 10 15

Ile Leu Asn Lys Ile Ala Asp Pro Ile Leu Ile Gly Phe Ser Ser Ser
 20 25 30

Phe Asn Cys Asp Ile Ala Asn Lys Ala Val Gln Arg Glu Asp Glu Glu
 35 40 45

Ser Met Gly Val Phe Cys Leu Lys Glu Lys Val Lys Asn Lys Ile Asn
 50 55 60

Lys Lys Tyr Asn Lys Lys Asn Lys Asp Asn Ile Phe Lys Asn Asp Asn
 65 70 75 80

Asn Thr Phe Ser Val Cys Glu Tyr Thr Glu Leu Asn Glu Cys Ile Leu
 85 90 95

Asn Asn Lys Glu Leu Phe Lys Tyr Gly Asn Ile Cys His His Ile Ile
 100 105 110

Thr Val Asp Phe Leu Lys His Ile Val Lys Asn Arg Ile Tyr Asn Lys
 115 120 125

Leu Lys Leu His Lys Ile Ile Arg Lys Lys Gln Tyr Thr Asp Ile Pro
 130 135 140

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

Cys Tyr Glu Tyr Phe Ile Phe Asp Ile Phe Lys Tyr Ala Arg Asn Ile
 165 170 175

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

Lys Asn Asn Glu Tyr Gly Ile Leu Asn Ala Gln Lys Ala Leu Ser Asn
 195 200 205

Leu His Lys Ser Trp Leu Gln Tyr Lys Asn Ile Asn Ile Ile Asp Asn
 210 215 220

Lys Asp Glu Glu Lys Ile Phe Val Lys Tyr Leu Pro Leu Phe Leu Met
 225 230 235 240

Met Glu His Ser Phe Leu Asn Cys His Lys Arg Gly Ile
 245 250

5

<210> 17

<211> 984

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

ES 2 498 371 T3

<400> 17

Met Glu Gly Phe Val Ala Leu Leu Ser Phe Leu Val Val Leu Val Phe
 1 5 10 15

Asn Lys Thr Ile Gly Tyr Asn Ile Lys Ser Gly Asn Thr Ser Asn Asn
 20 25 30

Ile Lys Tyr Val Asn Val Leu Asp Asn Asp Arg Asp Ile Asn Thr His
 35 40 45

Ser Val Leu Pro Glu Val Glu Asn Val Ile Glu Arg Lys Asp Ile Tyr
 50 55 60

Arg Gln Ile Asn Phe Met Glu Thr Phe Val Ser Ser Asn Asn Met Met
 65 70 75 80

His Asp Arg Glu Lys His Thr Ser Asn Asp Ser Gly Ser Tyr Glu Ile
 85 90 95

Thr Gly Ile Val Asp Gly Met Lys Ile Gly His Pro Ile Ser Val Ala
 100 105 110

Leu Gly Ser Gln Tyr Ser Asn Tyr Phe Asp Tyr Leu Gln Ile Val His
 115 120 125

Leu Asp Tyr Thr Asn Ser Arg Phe Ser Phe Thr Val Gly Glu Gly Lys
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Arg Thr Tyr Gly Ser Thr Tyr Met Thr Pro Ser Ala Ile
 145 150 155 160

Lys Ile Lys Val Pro Cys Glu Lys Cys Lys Phe Ile Asn Ser Glu Tyr
 165 170 175

Ser Gly Ile Ile Lys Ile Ile Pro Tyr Glu Thr Asn Asn Asn Leu Phe
 180 185 190

Ile Tyr Asn Trp Val Leu Gln Thr Ser Ser Pro Leu Ala Leu Glu Asn
 195 200 205

ES 2 498 371 T3

Ile Asn Thr Val Phe Ser Asp Glu Ala Asp Leu Ile His Gly Asn Ser
 210 215 220

Leu Ser Glu Glu Phe Lys Ile Asp Ser Ser Ala Ala Ala Thr Ser Leu
 225 230 235 240

Asn Thr Phe Tyr Gly Ile Val Leu His Gly Ile Trp Ser Ser Glu Tyr
 245 250 255

Ala Glu Arg Leu Leu Thr Val Ile Ser Glu Phe Pro Asp Cys Val Lys
 260 265 270

Met Ser Ala His Asp Lys Asn Ala Arg Ser Lys Gln Arg Lys Asn Gln
 275 280 285

Lys Trp Ile Leu Val Asn Glu Asp Leu Gly Ser Phe Asp Met Lys Met
 290 295 300

Glu Val Cys Glu Glu Val Asn Cys Asp Tyr Ser Ala Ile Ile His Val
 305 310 315 320

Ser Lys His Ala Phe Glu Tyr Ser Lys Lys Leu Val His Asn Arg Gly
 325 330 335

Arg Asn Gly Arg Tyr Tyr Ser Arg Arg Val Glu Lys Ile Leu Ile Arg
 340 345 350

Ala Leu Leu Ser Leu Asp Phe Ser Leu Phe Ile Thr Tyr Phe Gln Gln
 355 360 365

Lys His Gly Val Thr Leu Leu Asp Pro Gln Tyr Asp Tyr Glu Leu Ile
 370 375 380

Thr Asn Met Ser Gly Tyr Ser Ser Asn Asn Tyr Gln Ser Trp Asn His
 385 390 395 400

Asn Leu Glu Glu Leu Val Glu Leu Ala Thr Ser Trp Asp Glu Tyr Pro
 405 410 415

Lys Gly Leu Gln Lys Val Gln Gly Leu Ser Tyr Leu Leu Arg Arg Lys
 420 425 430

Asn Gly Thr Lys His Pro Val Tyr Pro Thr Ala Pro Ala Val Ala Phe
 435 440 445

ES 2 498 371 T3

Pro Ala Gly Ser Gln Asn Asn Ser Phe Ile Glu Phe Met Glu Ser Ala
 450 455 460

Phe Val Asn Tyr Val Asp Ile Ser His Leu Val Ile His Glu Val Ala
 465 470 475 480

His Phe Ile Trp Val Asn Thr Val Ser Lys Glu Leu Lys Glu Lys Trp
 485 490 495

Ile Gln Ile Gly Gln Trp Tyr Lys Glu Pro Leu Ser Pro Ser Glu Trp
 500 505 510

Ala Thr Lys Leu Glu Val Glu Phe Val Ser Ala Tyr Ala His Asp Lys
 515 520 525

Asn Pro Ala Glu Asp Phe Ala Glu Ser Met Ala Thr Tyr Val Leu Asn
 530 535 540

Ser Lys Leu Leu Asn Ser Arg Ser Phe Asp Lys Phe Lys Trp Ile Gln
 545 550 555 560

Asp Asn Leu Phe Gly Gly Gly Phe Tyr Ile Thr Thr Gly Thr His Lys
 565 570 575

Phe Asp Val Ile Asn Leu Gly Asn Glu Val Tyr Tyr Phe Pro Gly Lys
 580 585 590

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

Leu Val Lys Ile Tyr Ile Ser Leu Leu Ser Ser Asp Gly Ser Glu Gly
 610 615 620

Cys Ala Lys His Gly Tyr Ala Arg Ile Phe Ser Glu Gln Gln Thr Phe
 625 630 635 640

Arg Asp Leu Tyr Phe His Thr Glu Asp Arg Ser Pro Cys Ser His Lys
 645 650 655

Leu Tyr Gly Glu Phe Thr Met Asn Lys His Glu Ser Arg Gly Arg Trp
 660 665 670

Thr Ala Glu Ser Met Ile Phe Thr Gly Glu Asn Asn Ile Glu Arg Tyr
 675 680 685

ES 2 498 371 T3

Val Gly Leu Gly Ser Phe His Phe Tyr Leu Tyr Val Asn Asn Gln Asn
690 695 700

Glu Asp Val Glu Lys Pro Ile Pro Leu Leu Asp Ser Ile Ser Ile Tyr
705 710 715 720

Thr His Asn Ala Thr Glu Thr Asn Asp Ala Leu Leu Arg Leu His Val
725 730 735

Met Val Leu Glu Asn Glu Leu Ile Lys Glu His Gly Gly Pro Tyr Ala
740 745 750

Ser Phe Ala Ala His Glu Asn Lys Ser Tyr Ser Tyr Glu Ser Arg Thr
755 760 765

Tyr Lys Met Tyr Pro Pro Glu Phe Asn Thr Leu Met Leu Lys Ala Asp
770 775 780

Tyr Phe Ile Arg Asp Ile Asn Thr Arg Gly Phe Arg Glu Val Asn Met
785 790 795 800

Asp Ser Cys Lys Ser Tyr Thr Asn Met Asp Thr Arg Asn Leu Lys Cys
805 810 815

Phe Gln Val Leu Asn Pro Val Thr Ile Pro Lys Tyr Cys Ile Gly Ser
820 825 830

Thr Tyr Phe Leu Arg Gln Val Ser Ile Glu Asp Ile Ala Gly Asn Leu
835 840 845

Glu Thr Val Asn Ile Ser Ser Asp Lys Tyr Ser Ala Arg Leu His Pro
850 855 860

Ile Gly Val Arg Asp Lys Gln Lys Pro Val Val Ser Asn Val Arg Val
865 870 875 880

Ser Ser Lys Pro Ala Asn Glu Tyr His Asp Gly Glu Thr Ile Val Ser
885 890 895

Leu Ser Phe Asn Val His Asp Asn Leu Ser Gly Val Tyr Tyr Ile Phe
900 905 910

Val Tyr Leu Arg Asp Pro His Gly Gly Lys His Arg Ser Asp Ile Asp
915 920 925

ES 2 498 371 T3

Arg Ala Ser Leu Pro Thr Gly Thr Glu Asn Lys Gln Ile Asn His Lys
 930 935 940

Ile Leu Leu Pro Lys Gly Ser Met Gly Gly Thr Trp Met Leu Glu Glu
 945 950 955 960

Ile Lys Ala Val Asp Ser Cys Lys Asn Glu Ser Arg Asn Ile Tyr Thr
 965 970 975

His Ser Val Tyr Val Gln Asn Asp
 980

<210> 18

<211> 1791

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

5

<400> 18

Met Phe Tyr Ile Ile Tyr Phe Val Leu Ala Cys Val Leu Leu Ile Tyr
 1 5 10 15

Ile Arg Ile Arg Asn Lys Ala Thr Ser Thr Phe Phe Phe Phe Leu Ser
 20 25 30

Arg Phe Leu Leu Ile Cys Gly Phe Cys Ile Glu Leu Tyr Asp Asn Ile
 35 40 45

Ser Asn Asp Ile Leu Asn Val Leu Ile Thr Tyr Ser Phe Thr Val Ser
 50 55 60

Tyr Ile Phe Phe Met Ser Phe Lys Ile Leu Glu Ala Leu Leu Val Cys
 65 70 75 80

Ile Ser Ile Leu Leu Leu Thr Phe Gly Val Tyr Tyr Glu Lys Asn Lys
 85 90 95

Asn Met Ile Asp Ile Cys Thr His Phe Cys Ser Asn Pro Tyr Leu Ser
 100 105 110

Ile Asn Asn Leu Asp His Met Asn Ile Ser Cys Leu Cys Lys Lys Gln
 115 120 125

Ile Val Ile Phe Leu Ile Ser Leu Leu Ser Phe Thr Leu Ile Cys Leu
 130 135 140

Ser Met Lys Tyr Tyr Glu Ile Phe Tyr Leu Lys Lys Lys Phe Leu Phe

ES 2 498 371 T3

145		150		155		160
Arg Tyr Lys	Gln Lys Val	Asn Leu Ala	Lys Gln Ile	Glu Ile Leu	His	
	165		170		175	
Thr Met Leu	Pro Asn Phe	Leu Val Glu	Tyr Leu Leu	Ile Ser Asp	Pro	
	180		185		190	
Lys Asn Asp	Gly Ile Met	Val Gly Lys	Asn Ile Ser	Gly Glu Asp	Arg	
	195		200		205	
Gly Ile Ile	Ser Val Ile	Phe Cys Asp	Ile Asp Asp	Phe Gln Asn	Met	
	210		215		220	
Val Ser Thr	Leu Gln Pro	His Val Leu	Val Glu Thr	Leu Asp Asn	Leu	
	225		230		235	240
Tyr Leu Tyr	Phe Asp Lys	Cys Ile Lys	Tyr Phe Asn	Cys Ile Lys	Ile	
	245		250		255	
Glu Thr Val	Phe Glu Ser	Tyr Leu Ala	Ala Ser Gly	Leu Ser Glu	Lys	
	260		265		270	
Lys Asn Asn	Ala Leu Asp	Lys Ile Met	Tyr Asp Thr	Lys Cys Ala	Ile	
	275		280		285	
Lys Leu Ala	Ile Ala Gln	Leu Ser Ala	Lys Tyr Tyr	Ile Ser Tyr	Lys	
	290		295		300	
Val Leu Asp	Thr Arg Glu	His Phe Ser	Asp Asn Ser	Thr Ser Tyr	Asp	
	305		310		315	320
Lys Tyr Ile	Asn Lys Asn	Ile Ser Leu	Lys Ile Gly	Ile His Thr	Gly	
	325		330		335	
Lys Ala Ile	Ser Gly Val	Ile Gly Ser	Val Lys Pro	Gln Tyr Ala	Leu	
	340		345		350	
Phe Gly Asp	Thr Val Asn	Thr Ala Ser	Arg Met Lys	Ser Thr Ser	Leu	
	355		360		365	
Pro Asp His	Ile His Val	Ser Tyr Asp	Thr Tyr Lys	Tyr Leu Lys	Glu	
	370		375		380	
Asp Asn Thr	Phe Ile Trp	Lys Glu Arg	Lys Val Phe	Ile Lys Gly	Lys	
	385		390		395	400

ES 2 498 371 T3

Gly Lys Met Lys Thr Tyr Leu Leu Val Asp Ile Leu Asp Asp Val Lys
 405 410 415

Arg Lys Gly Glu Ser Leu Asn Tyr Tyr Ser Ser Ser Asn Leu Leu Leu
 420 425 430

Ser Gln Leu Gly Ser Glu Ala Val Ser Ile Tyr Glu Glu Arg Glu Asp
 435 440 445

Ile Lys Glu Gly Ser Met Asp Ile Ile Lys Glu Ser Ser Arg Asp Ile
 450 455 460

Ile Lys Glu Asp Ser Arg Asp Ile Ile Lys Glu Ile Ser Thr Asn Ile
 465 470 475 480

Ser Lys Ser Ser Ser Arg Asn Ile Ser Lys Ser Ser Ser Arg Ser Ile
 485 490 495

Ser Asp Ile Lys Glu Gly Gln Ile Ile Asp Lys Glu Asp Leu Ile Phe
 500 505 510

Lys Ile Asn Arg Met Lys Asn Lys Ile Asp Ser Arg Tyr Ser Lys Arg
 515 520 525

Ile Asp Lys Glu Ser Arg Asp Lys Ile Ser Asp Lys Thr Asn His Val
 530 535 540

Leu Asp Glu Val Val Lys His Ser Asp Ile His Leu Leu Asn Tyr Glu
 545 550 555 560

Ile Asn Asn Lys Arg Cys Lys Lys Met Lys Gly Asp Thr Asn Asn Glu
 565 570 575

Asn Lys Leu Ile Gly Asp Ile Phe Asn Met Tyr Asp Lys Lys Ile Lys
 580 585 590

Tyr Ile Tyr Lys Lys Asn Tyr Lys Ser Lys Ser Met Glu Asn Ile Ser
 595 600 605

Phe Ile Lys His Tyr Arg Asn Thr Lys Tyr Lys Lys Ser Asp Tyr Leu
 610 615 620

Leu Leu Asp Asn Lys Gly Glu Ser Lys Lys Phe Lys Arg Asn Thr Ser
 625 630 635 640

ES 2 498 371 T3

Tyr Val Leu Glu Ser Pro Leu His Leu Ile Gly Asp Ile Val Asp Asn
 645 650 655
 Asn Ile Lys Arg Lys Lys Lys Lys Lys Glu Ile Lys Thr Ile Val Ser
 660 665 670
 Asp Asp Met Phe Thr Ser Pro Val Asn Ile Lys Glu Tyr Asn Tyr Asn
 675 680 685
 Glu Gln Glu Arg Lys Lys Glu Ile Val Gly Asn Leu Ser Tyr Asp Lys
 690 695 700
 Thr Lys Lys Ile Phe Pro Phe Ile Lys Phe Thr Lys Glu Gly Arg Ile
 705 710 715 720
 Lys Lys Lys Lys Ile Glu Lys Lys Glu Lys Lys Glu Lys Lys Glu Asn
 725 730 735
 Asn Asn Asn Phe Leu Tyr Asn Asp Asp Tyr Ser Ser Tyr Ser Ser Pro
 740 745 750
 Lys Tyr Gly Asp Asn Glu Asn Asn Phe Val Ile Lys Tyr Ile Arg Glu
 755 760 765
 Arg Lys Asp Phe Gln Lys Lys Phe Asp His Pro Asn Phe Asn Phe Ser
 770 775 780
 Lys Phe Leu His Asn Tyr Asn Pro Met Lys Asn Lys Asn Lys Asn Lys
 785 790 795 800
 Lys Asn Asn Lys Asn Val Arg Arg Asn Glu Tyr Pro Asn Tyr Thr Ser
 805 810 815
 Ser Ser Lys Asp Gly Val Ser Tyr Asn Phe Leu Ser Asp Ser Leu Phe
 820 825 830
 Ser Ser Asp Asn Glu Tyr Ser Ser Asp Asn Glu Tyr Ser Ser Asp Ser
 835 840 845
 Glu Lys Tyr Tyr Lys Lys Arg Phe Lys Lys Asn Lys Lys Ile Ile Lys
 850 855 860
 Phe Asp Asp Leu Phe Thr Lys Ile Tyr Ile Lys Lys Lys Arg Leu Leu
 865 870 875 880

ES 2 498 371 T3

Gln Met Asn Asn Tyr Asp Val Lys Gly Lys Gly Lys Lys Leu Lys Asn
 885 890 895

Lys Gly Met Glu Arg Asn Lys Thr Lys Tyr Lys Asn Val Asn Glu Ile
 900 905 910

Thr Lys Met Lys Tyr Phe Val Asn Asn Glu Asn Arg Asp His Glu Val
 915 920 925

Asn Lys Glu Asp Ile Ser Lys Ser Met Gln Lys Tyr Phe Leu His Ile
 930 935 940

Ser Lys His Lys Lys Glu Gln Ile Glu Asp Lys Lys Lys Thr His Lys
 945 950 955 960

Tyr Phe His Lys Asn Val Glu Cys Val Tyr Pro Tyr Ala Gly Asn Asn
 965 970 975

Ile Asn His Asn Phe Ser Arg Asn Glu Lys Arg Lys Tyr Ser Ile Asn
 980 985 990

Leu Tyr Asp His Leu Asp Glu Gln Glu Lys Ile Lys Gly Lys Lys Lys
 995 1000 1005

Tyr Phe Asn Lys Asp Lys Glu Leu Ile Gly Ser Ile Asn Lys Gln
 1010 1015 1020

Thr Glu Arg Lys Pro Lys Lys Lys Asn Lys Lys Asn Ile Glu Asn
 1025 1030 1035

Lys Lys Asp Lys Lys Lys Ile Arg Met Ile Thr Asn Lys Thr Lys
 1040 1045 1050

Glu Lys His Ser Asn Ser Ile Ile Ser Val Glu Glu Gln Asn Met
 1055 1060 1065

Asn His Asn Asn Ser Leu Lys Lys Lys Glu Val Asn Phe Thr Gly
 1070 1075 1080

Lys Asn Glu Glu Tyr Leu Asn Arg Ala Asn Thr Asn Cys Ser Leu
 1085 1090 1095

Gly Ile Lys Glu Met Glu Glu Asp Val Tyr Glu Phe His Ser Asn
 1100 1105 1110

Asn Ile Tyr Tyr Asn Asn Gln Thr Ser Tyr Ser Asp Asp Ile Asn

ES 2 498 371 T3

1115		1120		1125
Asn Thr Thr Lys Leu Lys Gly Met Gly Asn Asn Thr Asn Asp Ile 1130				1140
Ser Lys Asn Lys Gly Lys Asn Lys Leu Gly Lys Lys Ile Ser Phe 1145				1150
Phe Ser Met Asn Asn Lys Tyr His Glu Ser Glu Ile Met Asn Glu 1160				1170
Glu Asp Asn Lys Asn Met Leu Asn Leu Thr Gln Ser Gln Ile Ile 1175				1185
Asn Lys Asp Lys Tyr Asn Tyr Phe Thr His Cys Pro Ser Leu Lys 1190				1200
Lys Lys Lys Ser Val Phe Thr Lys Ile Asn Asn Leu Phe Lys Asn 1205				1215
Tyr Phe Lys Ser Ile Asp Val His Glu Lys Phe Gly Phe Ser Lys 1220				1230
Lys Phe Lys Phe His Ser Lys Asp Ser Asp Asp Ile Lys Gly Asn 1235				1245
Asn Asn Lys Ile Ser Lys Asn Arg Tyr Asn Asn Asn Asn Asn Asn 1250				1260
Asn Asn Ser Asn Tyr Ser Asn Ile Asp Ser Gly Lys Tyr Ser His 1265				1275
Asn Asn Lys Lys Asn His His His Asn Asn Asn Lys Tyr His His 1280				1290
His Asn Asn Asn Lys Tyr His His His Asn Asn Asn Lys Tyr His 1295				1305
His Gln Asn Asn Asn Tyr Glu Lys His His His Ser Asn Asn Ser 1310				1320
Arg Val Met Leu Ser Lys Gly Glu Lys Thr Glu Lys Asn Glu Asn 1325				1335
Val Asp Tyr Ala Tyr Gln Phe Asp Asn Tyr Asp Lys Lys Leu Leu 1340				1350

ES 2 498 371 T3

Lys Lys Leu Thr Ser Asn Leu Gln Leu Asn Lys Lys Asn Val Lys
 1355 1360 1365

Asn Phe Asn Met Phe Tyr Tyr Lys Phe Asn Asp Glu Glu Leu Glu
 1370 1375 1380

Glu Glu Tyr Thr Arg Asn Tyr Tyr Arg Glu Ile Ile Asn Ile Asp
 1385 1390 1395

Leu Thr Lys Lys Leu Ile Ile Ile Phe Ile Phe Thr Glu Ile Phe
 1400 1405 1410

Leu Ser Leu Cys Asn Ile Ile Glu Leu Ser Phe Tyr Glu Lys Lys
 1415 1420 1425

Leu Arg Tyr Asn Asp Ser Ile Val Ile Ile Trp Leu Ile Arg Ser
 1430 1435 1440

Ile Tyr Leu Phe Ile Ile Thr Tyr Ile Trp Ile Ile Leu Lys Thr
 1445 1450 1455

Lys Leu Lys Glu Tyr Lys Asn Asn Ser Ser Lys Met Met Trp Thr
 1460 1465 1470

Ile Phe Ile Leu Asn Ile Phe Leu Cys Ser Trp Gly Ile Ile Leu
 1475 1480 1485

Ile Asp Leu Ser Cys Ile His Tyr Ser Met Leu Leu Gly Asn Lys
 1490 1495 1500

Asn Glu Arg Ala Leu Phe Phe Met Lys Asp Ala Ser Glu Leu Ile
 1505 1510 1515

Ile Cys Ile Gln Leu Ile Phe Ile Lys Asn Met Leu Phe Lys His
 1520 1525 1530

Lys Phe Phe Phe Phe Val Phe Phe Tyr Ile Phe Leu Ile Tyr Ser
 1535 1540 1545

Phe Ser Lys Leu Phe Ser Ile His Thr Cys Gln Thr His Ile Cys
 1550 1555 1560

Cys Ser Ile Ile Leu Phe Ile Ser Ile Asn Ile Leu Tyr Phe Trp
 1565 1570 1575

ES 2 498 371 T3

Tyr Ser Glu Tyr Leu Asp Arg Ile Gln Phe Leu Val Lys Arg Lys
 1580 1585 1590
 Arg Asn Arg Met Glu Lys Ile Ser Gln Asp Phe Leu Thr Lys Ile
 1595 1600 1605
 Leu Pro Arg Gln Val Leu Glu Glu Tyr Gln Asn Asp Asn Leu Gln
 1610 1615 1620
 Leu Thr Tyr Lys His Glu Lys Ile Ala Phe Leu Phe Ala Asp Ile
 1625 1630 1635
 Val Gly Phe Thr Lys Trp Ser Lys Thr Val Ser Pro Lys Glu Val
 1640 1645 1650
 Leu Lys Leu Leu Gln Lys Leu Ile Ser Lys Ile Asp Lys Asp Thr
 1655 1660 1665
 Ile Lys Leu Gly Leu Tyr Lys Leu Phe Thr Ile Gly Asp Ala Tyr
 1670 1675 1680
 Val Ala Thr Ser Gln Pro Asn Ser Ser Ile Thr Asp Glu Ser Glu
 1685 1690 1695
 Ala Leu Glu Gly Ile Leu Asn Ile Leu Lys Leu Ala Lys Leu Ile
 1700 1705 1710
 Leu His Asn Ile Asn Thr Ile Lys Ile Gln Phe Asn Lys His Asp
 1715 1720 1725
 Phe Asn Met Arg Ile Gly Leu His Tyr Gly Ser Cys Val Gly Gly
 1730 1735 1740
 Ile Ile Gly Ser Val Arg Ile Arg Tyr Asp Met Trp Gly Leu Asp
 1745 1750 1755
 Val Leu Ile Ala Asn Lys Ile Glu Ser Asn Gly Ile Pro Gly Glu
 1760 1765 1770
 Ile Ile Cys Ser Glu Gln Phe Arg His Phe Phe Ile Gln Asn Glu
 1775 1780 1785
 Pro Gln Ala
 1790

<210> 19
 <211> 1815
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

ES 2 498 371 T3

<400> 19

Met Tyr Ile Phe Phe Phe Ile Leu Phe Tyr Phe Tyr Val Met Ser Thr
 1 5 10 15

Tyr Thr Phe Cys Phe Leu Pro Val Leu Gln Thr Gln Leu Gly Lys Ile
 20 25 30

Ile Asn Lys Val Ile Ser Ser Lys Tyr Phe Phe Lys Asn Asp Asp Ile
 35 40 45

Cys Tyr Asn Lys Asn Asn Leu Asp Phe Lys Trp Tyr Leu Lys Lys Asp
 50 55 60

Arg Lys Lys Ser Arg Lys Ile Lys Lys Lys Gln Lys Lys Arg Lys Arg
 65 70 75 80

Lys Met Ile Met Met Lys Arg Gly Val Glu Asn Val Lys Asn Ala Asp
 85 90 95

Ser Ser Asn Asn Asp Val Cys His Asp Gln Asn Asn Asn Asn Phe Asn
 100 105 110

Asp Pro Leu Val Ser Lys Asn Thr Asn Tyr Asn Tyr Leu Tyr Thr Asn
 115 120 125

Asn Asn Glu Asn Asn Met Lys Glu Ser Thr Phe Leu Lys Ile Asp Glu
 130 135 140

Ser Tyr Leu Ser Thr Ser Tyr Ile Leu Asn Gly Lys Phe Val Ser Gly
 145 150 155 160

Asn Asn Ile Ser Asp Asn Lys Asn Asp Leu Asn Glu Lys Lys Tyr Ile
 165 170 175

Asn Ile Lys Arg Thr Asn Ser His Asn Asp Thr Ser Ser Leu Ser Ile
 180 185 190

Ser Gln Asn Asn Phe Ser Lys Ile Lys Lys Lys Lys Gly Ala Ser Ser
 195 200 205

Ile Asn Ser Tyr Asp Glu Ser Ser Pro Asn Val Ser Pro Pro Ser Met
 210 215 220

ES 2 498 371 T3

Tyr Ser Ser Glu Asn Leu Ser Tyr Asn Glu Lys Arg His Asn Asn Asn
 225 230 235 240

 Ser Asp Asn Asn Asn Asp Arg Asn Met Lys Ser Tyr Asn Tyr Ser Ser
 245 250 255

 Ser Asn Ile Asn Lys Asn Cys Ser Ser Ser Ser Thr Ser Ser Ser Ile
 260 265 270

 Ser Ser Ser Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ile Ile Ser Ser Ser Ile Ile
 275 280 285

 Ser Ser Ser Cys Ser Ser Val Thr Cys Ser Asp Ser Ser Leu Asn Ile
 290 295 300

 Tyr Asn Thr Lys Arg Ser Ser His Gly Ser His Asn Gln Phe Cys Gly
 305 310 315 320

 Ser Met Ser Cys Tyr Glu Lys Asp Lys Lys Lys Asn Arg Leu Asp Asn
 325 330 335

 Lys Asn Lys Met Lys Asn Lys Asn Ile Leu Asn Lys Lys Lys Lys Tyr
 340 345 350

 Lys Asn Lys Lys Met Pro Lys Thr Ile Asp Gly Asn Asp Thr Ser Leu
 355 360 365

 Leu Leu Ser Ser Ser Thr Ser Ser Cys Asn Thr Lys Val Ser Phe Asp
 370 375 380

 Asn Asn Glu Asn Tyr Gly Ile Ile Lys Glu Phe Ser Leu Cys Lys Ile
 385 390 395 400

 Asn Leu Phe Ile Lys Glu Ala Lys Leu Leu Phe Phe Asn Lys Asn Ile
 405 410 415

 Ser Ile Ser Asp Val Ser Leu Tyr Val Thr Thr Ile Met Glu Asp Lys
 420 425 430

 Lys Tyr Ile Gly Lys Leu Arg Lys Leu Ser Ser Arg Thr Leu Pro Met
 435 440 445

 Asn Asn Leu Ile Ile Asn Glu Tyr Ile Asn His Asn Ile Lys Asp Val
 450 455 460

ES 2 498 371 T3

Tyr Thr Asp Ile Ile Ile Asn Ile Arg Tyr Lys Asn Arg Lys Lys Glu
 465 470 475 480
 Lys Glu Asp Ile Ile Leu Gly Arg Ala Ile Ile Pro Leu Phe Leu Ile
 485 490 495
 Leu Asn Thr Tyr Lys Trp Lys Ile Lys Lys Ile Lys Asn Lys Ile Arg
 500 505 510
 Tyr Cys Thr Lys Cys Phe Leu Trp Leu His Ile Phe Pro Cys Asn Asn
 515 520 525
 Lys Leu Phe Asn Tyr Lys Phe Phe Lys Pro Val Glu Gly Phe Glu Glu
 530 535 540
 Tyr Gly Met Leu Asn Pro Leu Tyr Thr Leu Gly Phe Leu Asn Ile Gln
 545 550 555 560
 Ile Lys Ile Ile Phe Lys Arg Asn Pro Leu Phe Leu Thr Phe Leu Ser
 565 570 575
 Asn Ile Arg Lys Pro Leu Phe Tyr Tyr Lys Leu Pro Val Gln Phe Glu
 580 585 590
 Pro Leu Tyr Cys Gln Tyr Tyr Ser Glu Asn Leu Tyr Val Tyr Ala Lys
 595 600 605
 Asn Ile Pro Leu Trp Ile Tyr Lys Phe Phe Tyr Ile Phe His Tyr Lys
 610 615 620
 Arg Leu Glu Met Ile Ser Leu Asn Cys Tyr Asp Tyr Ile Cys Ile Leu
 625 630 635 640
 Ile Phe Trp Leu Phe Phe Phe Asp Leu Val Val Leu Ser Pro Phe Ser
 645 650 655
 Leu Ile Phe Val His Leu Phe Phe Cys Ile Phe Phe Ile Ser Leu Ser
 660 665 670
 Tyr Lys Tyr Gly Lys Phe Val Pro Pro Tyr Tyr Lys Lys Lys Asn Leu
 675 680 685
 Phe Tyr Asn Phe Arg Pro Ile Arg Val Ser Arg Val Ser Arg Arg Asn
 690 695 700

ES 2 498 371 T3

Cys Asp Tyr Thr Lys Arg Arg Ile Glu Thr Thr Asn Phe Ile Leu Asn
 705 710 715 720

Asp Gln Lys Asn Val Glu Ile Tyr Asn Arg Glu Lys Lys Leu Asp Leu
 725 730 735

Leu Asp Asp Asn Asn Val Asp Ala Asn Tyr Cys Lys Tyr Pro Tyr Cys
 740 745 750

Ser Glu Glu Asn Asn Met Asp Lys Leu Asn Lys Asp Gly Arg Asp Val
 755 760 765

Asn Lys Gly Val Asp Lys Asn Ile Ile Lys Gly Lys Asn Met Met Thr
 770 775 780

Arg Gly Gly Gly Leu Asn Ile Tyr Asp Ala Cys Lys Met Phe Ile Lys
 785 790 795 800

Gly Asp Thr Val Met Lys Ala Asn Ile Ile Asn Asp Asn Ile Val Tyr
 805 810 815

Glu Asn Phe Ile Lys Asp Gly Ile Lys Lys Asn Asp Val Met Met Asp
 820 825 830

Ser Glu Glu Asp Lys Glu Ile Asn Ala Val Tyr Ile Asn Asn Lys Asn
 835 840 845

Val Tyr Asn Asn Asn Asn Ala Pro Val Ser Cys His Asp Cys Asp Asp
 850 855 860

Pro Asn Asn Leu Ser Val His Val His Lys Glu Glu Asn Asn Ser Thr
 865 870 875 880

Ser Asn Lys Met Ile Leu Pro Ser Val Cys Ser Glu Asn Ser Leu Lys
 885 890 895

Glu Thr Met Gly Asn Gln Ser Met Glu Asn Asn Asn Lys Ile Asn Asn
 900 905 910

Glu Asn Asn Asn Asp Val Asp Ser Val Glu Lys Thr Asp Ile Leu Leu
 915 920 925

Asn Leu Ser Asn Gly Lys Asn Asn Gly Asn Val Thr Ser Ser Leu Cys
 930 935 940

ES 2 498 371 T3

Glu Asn Leu Phe Val Tyr Asn Gln Asp Lys Ile Gln Arg Lys Lys Lys
 945 950 955 960

Val Pro Tyr Lys Asn Lys Glu Arg Asp Asn Lys Asp Asp Leu Asp Glu
 965 970 975

Lys Lys Asp Met Tyr Ile Cys Asn Asp Asp Ser Ser Val Ile Thr Ser
 980 985 990

Ser Glu Lys Gly Val Thr Lys Glu Arg Ile His Met Asn Lys Glu Lys
 995 1000 1005

Leu Asn Tyr Asn Gly Ser Met Glu Cys Ser Ser Val Cys Val Glu
 1010 1015 1020

Lys Asn Asn Met Ser Tyr Ile Ala Arg Arg Ile Gln Asn Met Met
 1025 1030 1035

Tyr Asp Thr Lys Glu Lys Met Lys Leu Asp Gln Ile His Met Asn
 1040 1045 1050

Lys His Met Ser Gly Phe Met Lys Leu Phe Asn Val Lys His Val
 1055 1060 1065

Glu Asn Glu Lys Glu Asn Asp Ile Asp Lys Tyr His Asp Lys Gly
 1070 1075 1080

Glu Ser Asp Lys Gln Val Pro Ser Ser Val Gly Ser Tyr Lys Leu
 1085 1090 1095

Met Ile Ser Gln Glu Ala Glu Phe Glu Glu Glu Glu Phe Asp Glu
 1100 1105 1110

Lys Glu Glu Phe Asp Glu Lys Glu Glu Phe Asp Glu Glu Glu Glu
 1115 1120 1125

Glu Gly Gly Gln Asp Glu Glu Ser Lys Lys Met Ser Arg Val Lys
 1130 1135 1140

His Ile Lys Lys Arg Glu Asn Ile Ile Asn Ile Glu Gly Glu Asn
 1145 1150 1155

Ile Leu Ser Ser Asp Gly Lys Lys Ser Glu Tyr Ile Ile Lys Asp
 1160 1165 1170

ES 2 498 371 T3

Ser Met Asn Asn Thr Glu Tyr Ile Asn Asp Ile Ile Tyr Tyr Asn
 1175 1180 1185

Asn Cys Asp Asn Ile Leu Glu Asp Asn Lys Ser Glu Tyr Asn Thr
 1190 1200

Ser Met Asn Glu Arg Val Met Asp Asn Lys Gln Glu Val Asn Lys
 1205 1210 1215

Arg Ser Asn Asn Phe Phe Phe Ser Tyr Asn Asn Asn Asn Asn Asn
 1220 1225 1230

Asn Asn Ile Asn Asn Asn Asn Asn Asn Lys Asn Glu Ser Val Trp
 1235 1240 1245

Arg Asn Leu Leu Gly Ile Pro Ser Ser Asn Ile Glu Thr Val Asn
 1250 1255 1260

Leu Asn Ser Asn Asn Cys Thr Glu Ile Lys Asn Ser Asn Lys Lys
 1265 1270 1275

Phe Asn Ile Ile Asp Thr Tyr Gly Asn Asn Thr Leu Gln Asp Lys
 1280 1285 1290

Ser Asn Ile Ile Asp Leu Arg Lys Lys Tyr Pro Tyr Met Pro Phe
 1295 1300 1305

Val Lys Ser Pro Phe His Asn Phe Tyr Leu Tyr Met Asn Thr Asn
 1310 1315 1320

Asp Asn Lys Asn Ile Ser Ile Phe Ser Asn Asn Val Glu Val Pro
 1325 1330 1335

Asn Val His Val Ile Leu Asn Arg Phe Ile Thr Leu Ile Thr Trp
 1340 1345 1350

Thr Gln His Val Ser Gly Ile Phe Thr Met Val Tyr Glu Lys Ile
 1355 1360 1365

Lys Tyr Ala Phe Asn Trp Glu Phe Ser Phe Tyr Thr Leu Val Asn
 1370 1375 1380

Ile Leu Ile Leu Phe Leu Ile Cys Tyr Ser Ile Ser Phe Ile Ile
 1385 1390 1395

ES 2 498 371 T3

Tyr Met Phe Ser Tyr Ile Pro Phe Val Phe Phe Arg Phe Leu Phe
 1400 1405 1410
 Phe Val Thr Cys Ser Tyr Phe Ile Ile Arg Ser Tyr Glu Leu Thr
 1415 1420 1425
 Glu Asp Gly Asn Arg Ala Cys Leu Tyr Tyr Lys Lys Arg Lys Ile
 1430 1435 1440
 Gln Phe Leu Lys Asn Arg Lys Ile Ser Leu Ala His Gly Leu Phe
 1445 1450 1455
 Glu Thr Tyr Lys Trp Lys Asn Ile Ile Lys Ile Ile Lys Lys Thr
 1460 1465 1470
 Leu Lys Lys Lys Asp Thr Asn Ile Phe Lys Tyr Ile Cys Leu Thr
 1475 1480 1485
 Cys Ala Phe Lys Ile Tyr Lys Leu Phe Lys Ile Ile Phe Glu Asn
 1490 1495 1500
 Ile Leu Leu Tyr Ile Leu Phe Ile Leu Phe Phe Ile Lys Asn Trp
 1505 1510 1515
 Tyr Thr Arg Leu Leu Ile Leu Lys Asp Ile Glu His Met Gln Ile
 1520 1525 1530
 Ala Lys Leu Gln Gly Phe Lys Asn Leu Tyr Phe Phe Ile His Asn
 1535 1540 1545
 Arg Ile Ile Lys Arg Glu Gln Lys Asn Val Met Ser Asn Thr Ser
 1550 1555 1560
 Ser Asn Glu Ile Asn Asn Arg Lys Ser Ser Val Ile Lys Ile Val
 1565 1570 1575
 Asn Ile Asp Asp Met Glu Lys Asn Glu Glu Asn Met Asn Lys Asn
 1580 1585 1590
 Asp Asn Asn His Asp Lys Asn Asp Asp Ile Val Asp Val Asn Asn
 1595 1600 1605
 Val His Met Asn Ile Asn Asn Asp Asn Met Asn Thr Asn Asn Glu
 1610 1615 1620

ES 2 498 371 T3

Tyr Glu Ile Ile Lys Arg Arg Asn Gln Asn Asn Met Leu Asp Gly
 1625 1630 1635

Lys Arg Lys Ser Val Lys Ser Leu Met Tyr Glu Asn Tyr Lys Asn
 1640 1645 1650

Leu Glu Ser Tyr Val Tyr Ser Ser Ser Asp Lys Glu Ala Val Ser
 1655 1660 1665

Ile Ile Asn Glu Asp Asp Ile Ile Asp Glu Glu Glu Glu Glu Gly
 1670 1675 1680

Asn His Gln Lys Glu Lys Leu Asn Lys Asp Asn Ile Asn Leu Asp
 1685 1690 1695

Lys Lys Asn Ile Asn Thr Tyr Gln Asp Ile His Ile Asp Gln Glu
 1700 1705 1710

Ile Gln Pro Cys Asp Asp Glu Asn Asp Asp Lys Leu Ser Leu Ser
 1715 1720 1725

Gln Val Thr Asp Asn Gly Ala Met Asn Val Asn Val Asp Ile Phe
 1730 1735 1740

Leu His Tyr Tyr Phe Lys Lys Arg Lys Tyr Asp Leu Phe Asn Asn
 1745 1750 1755

Phe Ile Asn Ile Asn Arg Asn His Met Tyr Thr Tyr Lys Asp Ile
 1760 1765 1770

Asn Leu Phe Tyr Ser Asn Glu Asp Gln Lys Met Asn Asn Ile Asn
 1775 1780 1785

Tyr Gly Glu Tyr Leu Asn Ser Asp Asp Ala Tyr Ser Ser Ser Tyr
 1790 1795 1800

Asp Tyr Asn Lys Arg Gln Lys Lys Lys His Val Lys
 1805 1810 1815

<210> 20
 <211> 4544
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

<400> 20
 Met Lys Asp Arg Glu Asp Asp Glu Glu Lys Glu Arg Asn Leu Leu Asn
 1 5 10 15

5

ES 2 498 371 T3

Phe Thr Glu Asn Glu Asp Asp Leu Glu Asn Val Asn Met Lys Ser Ser
 20 25 30

Thr Lys Gly Ile Leu Asp Asp Asp Asn Ile Asp Asn Ser Asp Asp Asn
 35 40 45

Asp Ser Asp Asn Asn Asn Gly Asp Asn Ser Asp Asp Asp Asp Asp
 50 55 60

Asp Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Phe
 65 70 75 80

Lys Lys Tyr Lys Glu Glu Glu Lys Ile Lys Lys Phe Ile Glu Ile
 85 90 95

Lys Lys Asp Ile Asn Asn Ile Glu Ser Cys Tyr Met Leu Asn Met Phe
 100 105 110

Lys Phe Asn Leu Glu Ser Phe Lys Met Tyr Leu Ile Asn Ile Ile Glu
 115 120 125

Asn Glu Ala Leu Glu Cys Ala Lys Asn Val Ile Glu Pro Leu Lys Lys
 130 135 140

Lys Ser Asp Met Leu Ile Lys Lys Ile Asn Thr Leu Lys Ile Lys Leu
 145 150 155 160

Lys Lys Lys Ile Ile Asp Ile Asp Ser Leu Tyr Tyr Val Ile Asn Ile
 165 170 175

Ile Lys Lys Ile His Ile Phe Glu Ser Thr Ile Asp Ile Val Leu Asn
 180 185 190

Pro Ile Asn Asp Met Leu Asn Ile Leu Glu Phe Tyr Met Ser Asn Phe
 195 200 205

Leu Lys Lys Gln Met Asp Ser Leu Arg His Ser Asn Asn Tyr Asp Glu
 210 215 220

Glu Glu Asn Tyr Gln Ile Lys Phe Ile Asn Asn Leu Glu Lys Lys Lys
 225 230 235 240

Ser Ser Gly Gln Leu Tyr Asn Leu Asp Asp Ser Tyr Asn Lys Asn Leu
 245 250 255

ES 2 498 371 T3

Leu Phe Thr Phe Asn Lys Leu Asn Val Met Lys Lys Lys Phe Val Ser
 260 265 270
 Phe Tyr Lys Phe Glu Val Glu Lys Lys Asn Leu Ile Leu Ser Lys Phe
 275 280 285
 Asn Glu Leu Ile Asn Leu Thr Lys His Val Glu Glu Glu Ile Gln Glu
 290 295 300
 Lys Lys Thr Thr Met Lys Asn Glu Leu Ile Asn Asn Ile Tyr Ser Phe
 305 310 315 320
 Lys Ile Asp Ile Lys Thr Phe Arg Glu His Phe Leu Lys Met Asn Phe
 325 330 335
 Lys Ser Glu His Ile Asn Pro Leu Asn Ala Phe Glu Leu Leu Lys Arg
 340 345 350
 Tyr Lys Glu Glu Ile Asn Met Leu Lys Asn Lys Tyr Asn Ser Tyr Tyr
 355 360 365
 Lys Gly Glu Ser Ile Phe Gly Leu Lys His Gln Thr His Ser Asp Leu
 370 375 380
 Phe Leu Ser Ser Asn Glu Ile His Asn Phe Tyr Ser Leu Tyr Asp Leu
 385 390 395 400
 Tyr Val Gln Leu Lys Glu Lys Leu Asn Glu Trp Lys Asn Leu Lys Trp
 405 410 415
 Phe Asp Gly Ile Gln Lys Met Lys Glu Leu Lys Asn Glu Ile Leu Ser
 420 425 430
 Phe Glu Lys Lys Cys Ser Gln Leu Pro Lys Asn Leu Lys Ile Ile Val
 435 440 445
 Ile Tyr Lys Asn Leu Met Lys Glu Ile Phe Tyr Phe Lys Glu Ile Thr
 450 455 460
 Pro Ile Val Asp Glu Leu Glu Lys Lys Asn Ile Leu Lys Arg His Trp
 465 470 475 480
 Ile Glu Ile Ile Asn Ile Leu Lys Glu Lys Lys Lys Lys Asp Ile Thr
 485 490 495

ES 2 498 371 T3

Gly Lys Glu Lys Lys Ile Gln Lys Lys Ser Tyr Ala Asp Glu Gln Lys
500 505 510

Asp His Pro Lys Asp Asn Ile Asn Asn Lys Ser Asn Asn Asn Lys Asn
515 520 525

Asn Asn Lys Asn Asn Asn Ile Asn Asn Asn Asn Asn Gln Val Ile Asn
530 535 540

Glu Lys Val His Gln Ile Asp Pro Leu Val Asp Met Glu Lys Asn Asn
545 550 555 560

Val Leu Glu Asp Leu Asn Val Gln Gln Met Ser Asn Glu Asn Lys Asn
565 570 575

Val Lys Gln Val Glu Leu Ile Asn Asp Leu Glu His Gln Thr Asn Lys
580 585 590

Thr Ser Thr Gln Lys Asp Val Phe Glu Lys Asn Asp Asn Asn Asp Asn
595 600 605

Asn Asp Lys Asn Asn Ile Asn Leu Ile His Gly Asp Thr Asp Glu Asn
610 615 620

Met Tyr Asn Thr Ser Glu Phe Glu Asp Glu Lys Met Lys Lys Lys Asn
625 630 635 640

Ile Glu Asn Lys Lys Arg Ile Asn Asp Gln Thr Asp Glu Glu Ile Ile
645 650 655

Ser Lys Lys Asp Ile Ser Phe Gln Asp Gly Gly Leu Leu Glu Glu Ser
660 665 670

Ala Tyr Leu Asp Glu Glu Glu Tyr Ile Asn Asn Leu Asn Lys Leu Asp
675 680 685

Leu Asp Asn Met Asp Phe Phe Ile Lys Asp Ile Ile Asn Tyr His Leu
690 695 700

Leu Lys Lys Lys Asp Asp Ile Leu Asp Ile Cys Asp Ser Ala Glu Lys
705 710 715 720

Glu Ala Ser Ile Glu Glu Lys Ile Asn Glu Gln Tyr Lys Ile Trp Asn
725 730 735

Glu Thr Cys Phe Gln Phe Ser Lys Trp Lys Asn Arg Asp Tyr Ala Cys

ES 2 498 371 T3

740	745	750
Ile Leu Val Gly Ser Lys Val	Ile Glu Ile Gln Glu	Ser Leu Glu Glu
755	760	765
Ser Gln Ile Leu Leu Asn Asn Ile Asn Ser Thr Lys Tyr Ser Lys Pro		
770	775	780
Phe Lys Ser Lys Leu Leu Leu Leu Leu Asn Lys Leu Ser Asp Cys Ser		
785	790	795
Asp Ile Val Glu Arg Trp Ile Lys Val Gln Met Leu Trp Cys Ser Met		
805	810	815
Glu Ser Val Phe Thr Ser Gly Asp Ile Ala Arg Gln Met Pro Ile Glu		
820	825	830
Ser Lys Arg Phe His Gln Ile Asp Lys Asp Trp Ile Asn Ile Ile Asn		
835	840	845
Ile Ala Asn Glu Ser Ser Ile Val Ile Glu Cys Cys Gln Ser Ser Met		
850	855	860
Leu Lys Glu Leu Leu Pro Asn Met Gln Lys Gly Leu Glu Ser Cys Gln		
865	870	875
Lys Ser Leu Glu Ser Tyr Leu Glu Gly Lys Arg Ser Lys Phe Pro Arg		
885	890	895
Phe Tyr Phe Val Ser Asn Leu Val Leu Leu Lys Ile Leu Ser Gln Gly		
900	905	910
Ser Asp Ile Asn Ile Ile Gln Ser Glu Leu Ile Lys Leu Phe Asp Ala		
915	920	925
Ile Asn Tyr Leu Thr Ile Lys Thr Ile Gln Asn Lys Lys Arg Ile Ile		
930	935	940
Cys Ile Asn Asn Lys Glu Lys Asp Asp Ile Glu Thr Val Gln Leu Val		
945	950	955
Asn His Val Thr Ile Asp Gly Asn Ile Glu Asn Trp Leu Ile Leu Leu		
965	970	975
Glu Lys Glu Met Gln Lys Ala Ile Lys Lys Glu Cys Lys Leu Gly Val		
980	985	990

ES 2 498 371 T3

Ser Asn Ser Ser Gln Leu Phe Lys Thr Leu Asn Leu Lys Glu Phe Cys
 995 1000 1005

Asp Lys Asn Ile Ala Gln Val Ala Leu Ile Cys Leu Gln Val Met
 1010 1015 1020

Trp Thr Asn Asp Ile Glu Lys Cys Ile Tyr Lys Tyr His Ser Glu
 1025 1030 1035

Lys Asn Ile Leu Lys Val Thr Asn Lys Lys Ile Asn Tyr Ile Met
 1040 1045 1050

Ser Glu Leu Val Asn Ile Cys Leu Ser Asp Leu Gly Thr Lys Leu
 1055 1060 1065

Asn Arg Thr Lys Tyr Glu Thr Leu Val Thr Ile His Val His Gln
 1070 1075 1080

Arg Asp Leu Phe Thr Glu Ile Ser Ala Lys Ile Lys Glu His Lys
 1085 1090 1095

Ile Lys Thr Thr Thr Asp Phe Asp Trp Ile Lys Gln Thr Arg Ile
 1100 1105 1110

Tyr Tyr Lys Val Glu Lys Asn Ile Ile Leu Ile Ser Ile Ser Asp
 1115 1120 1125

Val Asp Phe Ile Tyr Ser Tyr Glu Tyr Leu Gly Ile Lys Glu Arg
 1130 1135 1140

Leu Cys Ile Thr Pro Leu Thr Asp Arg Cys Tyr Leu Thr Cys Ala
 1145 1150 1155

Gln Ala Leu Gly Leu Cys Tyr Gly Gly Ala Pro Ala Gly Pro Ala
 1160 1165 1170

Gly Thr Gly Lys Thr Glu Thr Val Lys Asp Leu Gly Arg Thr Leu
 1175 1180 1185

Gly Ile Tyr Val Ile Val Thr Asn Cys Ser Asn Gln His Lys Tyr
 1190 1195 1200

Lys Asp Met Ala Lys Ile Phe Lys Gly Leu Cys Arg Ser Gly Leu
 1205 1210 1215

ES 2 498 371 T3

Trp Gly Cys Phe Asp Glu Phe Asn Arg Ile Asn Leu Asp Val Leu
 1220 1225 1230

Ser Val Val Ala Met Gln Ile Glu Ser Ile Val Thr Ala Lys Lys
 1235 1240 1245

Gln Ser Leu Lys Tyr Phe Leu Phe Pro Gly Asp Ser Lys Ser Ile
 1250 1255 1260

Asn Leu Asn Pro Ser Ser Ala Tyr Phe Ile Thr Met Asn Pro Gly
 1265 1270 1275

Tyr Ala Gly Arg Gln Leu Leu Pro Glu Asn Leu Lys Ile Phe Phe
 1280 1285 1290

Arg Phe Ile Ser Met Met Val Pro Asp Arg Gln Ile Ile Ile Lys
 1295 1300 1305

Val Lys Leu Ala Ser Val Gly Tyr Leu Asp Ile Asp Asn Leu Ser
 1310 1315 1320

Asn Lys Phe Lys Ser Leu Tyr Asn Leu Cys Glu Glu Gln Leu Ser
 1325 1330 1335

Lys Gln Lys His Tyr Asp Phe Gly Leu Arg Asn Ile Leu Ser Val
 1340 1345 1350

Leu Arg Thr Ala Gly Asp Thr Lys Arg Ser Ala Gly Pro Asn Glu
 1355 1360 1365

Asn Asp Glu Glu Met Leu Leu Met Arg Thr Leu Arg Asp Met Asn
 1370 1375 1380

Leu Ser Lys Leu Ile His Asp Asp Val Leu Leu Phe Leu Ser Leu
 1385 1390 1395

Leu Asn Asp Val Phe Pro Lys Phe His Asn Ile Thr Lys Lys Ser
 1400 1405 1410

Phe Gln Leu Ile Glu Glu Asn Val Leu Gln Ile Ile Lys Lys Lys
 1415 1420 1425

Lys Leu Cys Ala Lys Gly Lys Trp Ile Leu Lys Ile Leu Gln Leu
 1430 1435 1440

ES 2 498 371 T3

Tyr Glu Thr Ser Leu Val Arg His Gly Phe Met Leu Val Gly Asn
 1445 1450 1455

 Thr Leu Thr Gly Lys Thr Glu Ile Leu Asn Ile Leu Thr Ser Ala
 1460 1465 1470

 Leu Thr Asn Ile Gly Ser Val Thr Lys Ile Ile Thr Leu Asn Pro
 1475 1480 1485

 Lys Ala Ile Thr Ser Glu His Met Tyr Gly Val Lys Asp Asn Leu
 1490 1495 1500

 Ser Glu Glu Trp Thr Pro Gly Ile Phe Ala Asn Ile Trp Glu Lys
 1505 1510 1515

 Tyr Asn Asn Asn Asn Leu Lys Tyr Asn Thr Trp Ile Val Cys Asp
 1520 1525 1530

 Gly Pro Val Asp Ala Ile Trp Ile Glu Asn Leu Asn Thr Val Leu
 1535 1540 1545

 Asp Asp Asn Lys Ile Leu Thr Leu Ala Asn Asn Asp Arg Ile Pro
 1550 1555 1560

 Met Thr Asp Asn Thr Lys Ile Ala Phe Glu Val Glu Asn Leu Asn
 1565 1570 1575

 Asn Ala Ser Pro Ala Thr Val Ser Arg Ala Gly Ile Val Tyr Ile
 1580 1585 1590

 Ser Asp Ser Asp Leu Gly Tyr Arg Pro Phe Ile Tyr Ser Trp Leu
 1595 1600 1605

 Gln Lys Leu Lys Asp Ile Asn Thr Tyr Gly Met Thr Leu Tyr Ala
 1610 1615 1620

 Ile Phe Asn Lys Leu Phe Ile Phe Tyr Leu Asp Lys Ile Gln Ile
 1625 1630 1635

 Leu Ser Phe Leu Lys Glu Asn Cys Lys Phe Val Met Asp Ile Thr
 1640 1645 1650

 Asp Ser Ile Leu Ile Leu Gln Thr Ile Asn Leu Leu Asn Ser Gln
 1655 1660 1665

ES 2 498 371 T3

Ile Ile Gln Tyr Ile Asn Ala Ile Asn Asn Phe Met Tyr Asn Glu
 1670 1675 1680

Glu Asp Leu Asn Lys Ile Phe Phe Leu Asp Thr Asn Glu Lys Lys
 1685 1690 1695

Leu Leu Pro His Ser Gln Lys Leu Ile Lys Ser Asn Ile Glu Glu
 1700 1705 1710

Glu Asn Asn Ile Tyr Glu Gln Glu Asn Gly Ile Pro Ser Ser Glu
 1715 1720 1725

Met Lys Lys Gly Lys Asp Gln Leu Leu Asn Asp Glu Lys Tyr Lys
 1730 1735 1740

Ser Ser Asn Lys Leu Glu Asp Thr Lys Asn Met Thr Leu Pro Asn
 1745 1750 1755

Asp Leu Gly Lys Lys Pro Leu Phe Pro Thr Leu Glu Lys Lys Asn
 1760 1765 1770

Asp Lys Tyr Gly Lys Asn Leu Asp Asn Ile Lys Asn Glu Gln Lys
 1775 1780 1785

Asp Gln Asn Asp Glu Glu Lys Asn Lys Lys Met Asp Lys Lys Glu
 1790 1795 1800

Ala Asp His Asp Gln Gln Gln Asp Glu Glu Glu Lys Glu Gln Glu
 1805 1810 1815

Glu Glu Tyr Asp Asp Asp Thr Lys Leu Asp Gly Ile Asn Asn Tyr
 1820 1825 1830

Thr Leu Ser Ser Gly Thr Lys Tyr Glu Lys Val Asn Ile Asp Glu
 1835 1840 1845

Cys Glu Glu Ile Met Leu Tyr Ser Ile Val Trp Gly Leu Cys Gly
 1850 1855 1860

Leu Leu Glu Tyr Lys Asp Arg Leu Lys Val His Asn Phe Leu Leu
 1865 1870 1875

Lys Asn Val Pro Val Leu Lys Asn Val Met Gly Val Asn Lys Lys
 1880 1885 1890

Leu Tyr Thr Glu Glu Asn Glu Lys Ile Lys Gln Gln Gln Pro Lys

ES 2 498 371 T3

1895	1900	1905
Lys Lys Lys Glu Leu Gln Pro 1910	Lys Gly Asp Tyr Asn 1915	Asp Tyr Val 1920
Ser Thr Lys Gln Asn Lys Glu 1925	Glu Asp Lys Asn Asn 1930	Ile Glu Leu 1935
Asp Asn Glu Gln Asn Val Glu 1940	Asp Gly Glu Glu Phe 1945	Glu Asn Glu 1950
Ile Ser Leu Ile Tyr Asp Phe 1955	Tyr Phe Asp Met Lys 1960	Leu Lys Lys 1965
Leu Val Lys Trp Asn Val Gly 1970	Pro Phe Lys Met Pro 1975	Arg Asn Ile 1980
Asn Ser Ile Ser Ser Ile Leu 1985	Ile Pro Thr Ile Glu 1990	Thr Thr Lys 1995
Val Glu His Ile Ile Lys Leu 2000	Ile Ser Asn Ile Pro 2005	Ile Arg Cys 2010
Tyr Asn Phe His Thr Tyr Lys 2015	Ser Thr Leu Leu Leu 2020	Gly Ser Thr 2025
Gly Ser Ala Lys Thr Ser Ile 2030	Ala Leu Leu Tyr Thr 2035	Ser Lys Gln 2040
Glu Lys Asn Thr Lys Arg Phe 2045	Asn Phe Ser Ser Val 2050	Thr Thr Pro 2055
Glu Lys Phe Gln Leu Phe Ile 2060	Glu Ser Glu Leu Glu 2065	Arg Lys Thr 2070
Gly Lys Thr Tyr Gly Pro Ile 2075	Gly Asn Thr Lys Ser 2080	Ile Ile Phe 2085
Ile Asp Asp Met Ser Met Pro 2090	Lys Ile Asn Glu Trp 2095	Gly Asp Gln 2100
Ser Thr Leu Glu Leu Leu Arg 2105	Gln Leu Ile Glu Phe 2110	Gln Gly Phe 2115
Tyr Phe Leu Asp Lys Asp Lys 2120	Arg Gly Asn Phe Lys 2125	Lys Lys Ile Ile 2130

ES 2 498 371 T3

Asp Leu Glu Tyr Ile Gly Cys Ile Asn His Pro Gly Cys Gly Asn
 2135 2140 2145
 Asn Asp Ile Pro Lys Arg Leu Lys Ser Lys Trp Phe Asn Val Asn
 2150 2155 2160
 Ile Leu Pro Tyr Asn Leu Asn Ser Ile Asn Thr Ile Tyr Gly Thr
 2165 2170 2175
 Val Leu Arg Thr Lys Phe Asn Lys Lys Gln Asn Phe Ser Asp Glu
 2180 2185 2190
 Ile Ile Glu Asn Ile Asp Lys Val Ile Leu Cys Thr Ile Asn Leu
 2195 2200 2205
 Phe Gly Arg Leu Lys Lys His Leu Leu Pro Val Pro Ser Arg Phe
 2210 2215 2220
 His Tyr Leu Tyr Thr Thr Arg Asp Leu Ala Lys Ile Phe Tyr Ser
 2225 2230 2235
 Met Leu Leu Cys Pro Tyr Glu Ser Ile Asp Asn Asn Leu Tyr Asn
 2240 2245 2250
 Phe Leu Cys Leu Trp Lys His Glu Cys Glu Arg Val Leu Ile Asp
 2255 2260 2265
 Lys Leu Ser Arg Met Glu Asp Lys Thr Phe Ser Leu Asp Gln Leu
 2270 2275 2280
 Lys Gln Ile Phe Asn Gln Tyr Tyr Pro Ser Tyr Lys Asp Ile Cys
 2285 2290 2295
 Glu Lys Asn Ile Tyr Phe Ser Tyr Phe Tyr Val Ser Glu Lys Glu
 2300 2305 2310
 Gln Gln Leu Tyr Met Ile Glu Asn Asp Leu Ile Glu Asn Asn Thr
 2315 2320 2325
 Thr Gln Glu Lys Thr Glu Asn Asn Lys Ile Asn Ile Thr Ile Ser
 2330 2335 2340
 Pro Ser Tyr Ile Asn Asp Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Lys
 2345 2350 2355

ES 2 498 371 T3

Leu Asp Asn Thr Asn Glu Leu Asn Glu Lys Ile Asp Asp Thr Lys
 2360 2365 2370

Thr Arg Ser Asn Ser Ala Leu Tyr Arg Arg Asn Asp Val Asp Asn
 2375 2380 2385

Gln Asn Ile Ile Asn Asn Asn Asn Ile Leu Thr Lys Glu Gly Asp
 2390 2395 2400

Asn Asn Gly Asp Ile Asp Asn Ile Asn Thr Phe Ser Phe Ser Trp
 2405 2410 2415

Met Lys Lys Asp Tyr Lys Ile Val Val Asp Phe Glu Arg Leu Arg
 2420 2425 2430

Tyr Ile Val Tyr Glu Tyr Met Lys Glu Tyr Asn Ile Asn Asn Val
 2435 2440 2445

Lys Lys Leu Asp Leu Val Phe Phe Asp Asp Ser Leu Lys His Leu
 2450 2455 2460

Ile Ile Ile Asn Arg Val Met Gln Thr Pro Asn Gly Ser Cys Met
 2465 2470 2475

Leu Val Gly Val Gly Gly Ser Gly Lys Arg Ser Leu Thr Lys Leu
 2480 2485 2490

Ser Val Phe Ile Ser Glu Gln Val Leu Phe Gln Leu Asn Ile Thr
 2495 2500 2505

Lys Thr Tyr Thr Lys Asn Leu Phe Phe Glu Asp Leu Lys Ser Leu
 2510 2515 2520

Tyr Ile Ser Ala Gly Gln Met Asn Lys Lys Thr Thr Phe Leu Leu
 2525 2530 2535

Ser Asp Ser Asp Ile Glu Lys Asn Asp Phe Ile Leu Glu His Val
 2540 2545 2550

Asn Ser Ile Leu Ser Thr Gly Leu Val Tyr Gly Leu Phe Ile Lys
 2555 2560 2565

Asp Glu Lys Glu Ala Ile Cys Ala Glu Met Lys Glu Ser Tyr Leu
 2570 2575 2580

ES 2 498 371 T3

Lys Glu Met Asn Lys Ser Asn Gln Ser Ser Lys Ile Lys Gly Gly
 2585 2590 2595

Lys Lys Lys Lys Asn Lys Asn Asp Tyr Asn Asn Ile Asp Asp Met
 2600 2605 2610

Asp Met Asp Glu Phe His Ser Lys Asp Ser Gln Ser Lys Ser Asp
 2615 2620 2625

Ala Ser Ser Thr Ser Ser Ile Asp Asn Asp Ser Ile Ser Asn Glu
 2630 2635 2640

Asn Ile Thr Asn Lys Lys Lys Lys Lys Asp Glu Lys Val Ile Asn
 2645 2650 2655

Asp Phe Asn Val Ser Ser Asn Val Ile Phe Asp Tyr Leu Leu Asp
 2660 2665 2670

Asn Val Arg Asn Asn Leu His Ile Phe Leu Cys Phe Ser Pro Ile
 2675 2680 2685

His Lys Glu Phe Ala Leu Arg Tyr Gln Gln Phe Pro Cys Ile Tyr
 2690 2695 2700

Asn Cys Val Thr Ile Asn Trp Phe Leu Lys Trp Pro Leu Glu Ala
 2705 2710 2715

Leu Val Asn Val Ser Thr Ala Tyr Leu Asn Asn Phe Asn Ile Asp
 2720 2725 2730

Ile Glu Asp Asn Leu Lys Asp Asp Phe Phe Asn Leu Phe Ala Ile
 2735 2740 2745

Val His Asn Lys Val Ser Asp Thr Cys Asp Thr Tyr Lys Glu Arg
 2750 2755 2760

Met Arg Arg Asn Thr Tyr Val Thr Pro Lys Ser Tyr Leu Ser Phe
 2765 2770 2775

Ile Asp Leu Tyr Lys Gln Met Tyr Val Lys Lys Tyr Asp Glu Ile
 2780 2785 2790

Lys Cys Leu Lys Glu Ser Val Asp Ile Gly Leu Lys Lys Leu Asn
 2795 2800 2805

Glu Ala Ala Met Asp Val Gln Lys Met Arg Glu Ser Leu Thr Ser

ES 2 498 371 T3

2810						2815						2820			
Glu	Glu	Glu	Lys	Leu	Lys	Glu	Ser	Asp	Glu	Gln	Met	Asn	Ile	Leu	
2825						2830					2835				
Leu	Glu	Lys	Val	Lys	Asp	Glu	Ser	Leu	Lys	Ala	Glu	Lys	Gln	Ser	
2840						2845					2850				
Val	Glu	Val	Ser	Lys	Phe	Arg	Asp	Lys	Cys	Ile	Lys	Glu	Lys	Asp	
2855						2860					2865				
Leu	Ile	Leu	Lys	Asp	Gln	Glu	Glu	Ala	Asp	Lys	Asp	Leu	Lys	Ala	
2870						2875					2880				
Ala	Leu	Pro	Tyr	Leu	His	Glu	Ala	Glu	Glu	Ala	Ile	Lys	Ser	Ile	
2885						2890					2895				
Thr	Gly	Lys	Asp	Ile	Thr	Glu	Leu	Lys	Ser	Met	Lys	Thr	Pro	Ser	
2900						2905					2910				
Asp	Ile	Ile	Arg	Ile	Val	Phe	Asp	Gly	Val	Leu	Ile	Leu	Leu	Gln	
2915						2920					2925				
Gly	Lys	Leu	Lys	Glu	Pro	Lys	Ile	Asp	Val	Lys	Tyr	Val	Asn	Lys	
2930						2935					2940				
Gln	His	Ile	Asp	Phe	Ile	Gln	Asp	Ser	Phe	Asp	Glu	Tyr	Ala	Lys	
2945						2950					2955				
Pro	Leu	Met	Ala	Asp	Ile	Arg	Phe	Leu	Asn	Leu	Leu	Phe	Asp	Phe	
2960						2965					2970				
Ser	Lys	Asn	Glu	Lys	Asp	Asn	Ile	Asn	Glu	Glu	Thr	Ile	Glu	Leu	
2975						2980					2985				
Leu	Lys	Pro	Tyr	Ile	Gln	Ser	Thr	Phe	Phe	Lys	Thr	Gln	Ile	Ala	
2990						2995					3000				
Lys	Lys	Ala	Ser	Val	Ala	Ala	Glu	Gly	Leu	Cys	Lys	Trp	Val	Gly	
3005						3010					3015				
Ala	Met	Ala	Met	Tyr	Asn	Gln	Ala	Ser	Lys	Ile	Val	Lys	Pro	Lys	
3020						3025					3030				
Met	Ser	Tyr	Leu	Lys	Ile	Gln	Thr	Gly	Arg	Leu	Glu	Asp	Ala	Leu	
3035						3040					3045				

ES 2 498 371 T3

Lys Gln Leu Ala Glu Ala Glu Asp Ser Leu Leu Lys Ala Gln Leu
 3050 3055 3060

Phe Val Glu Asn Leu Asn Leu Asp Ile Glu Asn Met Phe Lys Lys
 3065 3070 3075

Lys Lys Ala Leu Glu Glu Thr Ala Leu Lys Thr Lys Gln Arg Ile
 3080 3085 3090

Glu Gln Ala Asn Lys Leu Ile Asn Gly Leu Ser Ser Glu Lys Asp
 3095 3100 3105

Arg Trp Thr Asp Asp Ser Asn Asn Phe Ser Asn Ile Lys Lys Lys
 3110 3115 3120

Ile Val Gly Asp Val Phe Ile Cys Ser Ser Phe Ile Thr Tyr Cys
 3125 3130 3135

Gly Met Phe Asn Thr Glu Phe Arg Asn Tyr Leu Met Asn Asp Val
 3140 3145 3150

Phe Tyr Asn Tyr Thr Lys Asn Ile Lys Asn Ile Pro Val Ser Ser
 3155 3160 3165

Asn Ile Asp Ile Ile Lys Tyr Val Leu Ser Ser Asp Asp Thr Lys
 3170 3175 3180

Ile Cys Asp Trp Ser Val Gln Lys Leu Pro Asn Asp Lys Leu Ser
 3185 3190 3195

Ile Glu Asn Ala Leu Ile Cys Glu Asn Ser Asn Lys Tyr Val Leu
 3200 3205 3210

Leu Ile Asp Pro Gln Cys Gln Ala Ser Asn Trp Ile Lys Asn Lys
 3215 3220 3225

Glu Phe Gln Asn Asp Leu Ser Asn Gln Arg Cys Ile Thr Thr Phe
 3230 3235 3240

Asn Ser Thr Lys Phe Lys Asp Asn Leu Glu Tyr Cys Leu Ser Glu
 3245 3250 3255

Gly Lys Thr Leu Leu Ile Glu Asn Val Glu Glu Tyr Ile Asp Pro
 3260 3265 3270

ES 2 498 371 T3

Ile Leu Asp Ser Val Leu Glu Lys Gln Ile Ile Lys Lys Gly Lys
 3275 3280 3285

Lys Asn Tyr Ile Leu Ile Glu Asn Asn Leu Ile Asn Phe Asp Glu
 3290 3295 3300

Lys Phe Asn Leu Phe Met Thr Thr Asn Ile Pro Asn Pro Asn Tyr
 3305 3310 3315

Ser Pro Glu Ile Tyr Ala Arg Cys Cys Val Ile Asp Phe Thr Val
 3320 3325 3330

Thr Val Lys Gly Leu Glu Asp Gln Leu Leu Gly Arg Val Leu Thr
 3335 3340 3345

Glu Glu Gln Lys His Leu Glu Ile Thr Leu Lys Asn Ile Met Ile
 3350 3355 3360

Glu Leu Lys Asp Asn Thr Lys Ser Leu Gln Asp Leu Asp Lys Gln
 3365 3370 3375

Leu Leu Tyr Lys Leu Asn Thr Ser Ser Ser Asn Leu Ile Glu Asp
 3380 3385 3390

Glu Glu Leu Ile Glu Val Leu Asn Asn Thr Lys Leu Leu Ser Lys
 3395 3400 3405

Glu Leu Glu Ser Lys Leu Lys Asp Ser Asn Glu Lys Lys Lys Glu
 3410 3415 3420

Ile Asn Glu Lys Arg Glu Gln Tyr Arg Ser Val Ala Leu Arg Gly
 3425 3430 3435

Ser Ile Leu Tyr Phe Cys Ile Val Asp Ile Thr Asn Val Asn Tyr
 3440 3445 3450

Ile Tyr Asn Thr Ser Leu His Gln Phe Leu Glu Gln Phe Asp Leu
 3455 3460 3465

Ser Ile Lys Lys Ala Glu Lys Gly Gln His Ile Lys Lys Arg Val
 3470 3475 3480

Glu Ser Ile Leu Tyr Thr Leu Thr Asn Leu Ile Ile Ser Tyr Met
 3485 3490 3495

ES 2 498 371 T3

Glu Arg Cys Leu Phe Asp His His Lys Ile Ile Phe Lys Leu Leu
 3500 3505 3510

Ile Ser Leu Lys Ile Leu Leu Tyr Asp Asn Ile Ile Ser Asn Lys
 3515 3520 3525

Asp Ile Ser Phe Phe Leu Asn Pro Leu Ser His Tyr Ser Pro Ser
 3530 3535 3540

Asn Asp Met Asn Asn Glu Met Thr Asn Thr Asn Met Leu Asn Asp
 3545 3550 3555

Pro Met Gly Val Leu Lys Asn Lys Lys Asn Lys Lys Asn Asn Lys
 3560 3565 3570

Glu Met Ile Asn Asn Asn Asn Asn Met Ser Ile Ala Ile Asn Ala
 3575 3580 3585

Val Ile Asn Asn Thr Met Asp Ser Ser Ser Met Asn Asn Asp Thr
 3590 3595 3600

Met Asn Val Tyr Leu Gly Thr Asn Glu Asn Asp Lys Asn Lys Lys
 3605 3610 3615

Asp Thr Asn Thr Ser Asp Val Met Ser Ser Ser Ser Ser Thr Lys
 3620 3625 3630

Thr Gly Ser Arg Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr
 3635 3640 3645

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Met Asp Gly Asn
 3650 3655 3660

Ser Ser Asn Asn Ala Gly Asp Ile Asn Ser Cys Lys Asn Asn Thr
 3665 3670 3675

Ser Val Thr Asp His Asn Ile Ser Asn Lys Asn Lys Ile Asp Leu
 3680 3685 3690

His Lys Lys Gly Ala Gly Lys Gly Lys Ile Ser Ser Thr Lys Trp
 3695 3700 3705

Leu Phe Lys Asn Glu Lys Leu Tyr Lys Asn Ile Ile Ser Leu Ser
 3710 3715 3720

ES 2 498 371 T3

Asn His Ser Phe Gly Asn Asp Lys Asn Asn Arg Phe Phe Tyr Asp
 3725 3730 3735

Ile Leu Asn Val Ile Gln Leu Asn Glu Asn Thr Trp Lys Asn Tyr
 3740 3745 3750

Tyr Asp Ile Leu Asp Ile Glu Asn Lys Asn Ile Pro Tyr Tyr Asn
 3755 3760 3765

Glu Arg Leu Asp Val Asn Ser Gln Ile Ser Ser Phe Ile Lys Leu
 3770 3775 3780

Cys Leu Ile Arg Cys Leu Arg Glu Asp Arg Thr Ile Leu Cys Ala
 3785 3790 3795

Asn Lys Phe Val Asp Glu Val Leu Asn Arg Asn Ser Asp Thr Ile
 3800 3805 3810

Lys His Glu Thr Leu Glu Asn Ile Phe Ser Glu Ser Ser Asn Arg
 3815 3820 3825

Lys Pro Phe Leu Phe Leu Leu Ser Leu Ala Ser Asp Pro Thr Asn
 3830 3835 3840

Met Ile Asp Asp Phe Ala Lys Lys Phe Lys Lys Tyr Pro Thr Asp
 3845 3850 3855

Lys Ile Ser Met Gly Glu Gly Gln Glu Val Ile Ala Lys Glu Lys
 3860 3865 3870

Leu Lys Asn Gly Ile Ile Ser Gly Asn Trp Leu Ile Leu Gln Asn
 3875 3880 3885

Cys His Leu Asn Lys Asn Phe Ile Ile Asp Val Tyr Asn Met Leu
 3890 3895 3900

Lys Asn Leu Asn Glu Ile Glu Glu Asp Phe Arg Leu Phe Leu Thr
 3905 3910 3915

Ser Glu Pro Asp Asp Glu Phe Pro Ile Cys Ile Leu His Gly Ser
 3920 3925 3930

Ile Lys Ile Ser Thr Ser Leu Ser Ser Gly Ile Lys Asn Asn Met
 3935 3940 3945

Arg Lys Ile Tyr Lys Asp Ile Ile Lys Glu Asp Ile Leu Glu Lys

ES 2 498 371 T3

3950	3955	3960
Ile Asp 3965	Asp Asp Lys Tyr 3970	Arg Lys Ile Ile Tyr Ser 3975
Leu His 3980	Cys Val Leu Cys 3985	Glu Arg Lys Lys Phe Gly 3990
Trp Cys 3995	Val Pro Tyr Glu 4000	Phe Ser Ile Thr Asp Leu 4005
Tyr Leu 4010	Phe Ile Glu Lys 4015	His Leu Tyr Ser Thr Leu 4020
Arg Pro 4025	Ile Asp Trp Glu 4030	Ser Ile His Tyr Met Leu 4035
Gln Tyr 4040	Gly Gly Lys Val 4045	Thr Asp Asp Leu Asp Arg 4050
Leu Thr 4055	Tyr Val Gln Tyr 4060	Tyr Phe Asn Glu Asp Leu 4065
Lys Ser 4070	Glu Gly Ser Ser 4075	Glu Tyr Leu Asn Leu Pro 4080
Glu Ile 4085	Thr Asn Phe Lys 4090	Asn Phe Ile Glu Lys Ile 4095
Asp Thr 4100	Pro Ser Val Leu 4105	Asp Leu His Asn Asn Ala 4110
Tyr Arg 4115	Val Asn Glu Ser 4120	Arg Gln Val Leu Asn Ser 4125
Ile Gln 4130	Pro Arg Asp Val 4135	Asp Gln Gly Glu Glu Lys 4140
Thr Val 4145	Val Gln Glu Met 4150	Cys Leu Gly Ile Leu Gln 4155
Thr Asp 4160	Ile Asn Leu Glu 4165	Asp Val Lys Lys Ile Leu 4170
Asn Lys 4175	Asn Ile Gln Pro 4180	Asn Met Gln Thr Asn Thr 4185

ES 2 498 371 T3

Val Thr Cys Asn Leu Gly Ala Thr Thr Lys Asn Phe Gly Ile Leu
4190 4195 4200

Glu Asn Ser Ser Tyr Lys Gly Lys Asn Arg Asp Tyr Asn Ile Asp
4205 4210 4215

Thr Asn Asp Asn Val Asn Asn Asn Ile Leu Gln Lys Ser Val Met
4220 4225 4230

Leu Asn Asn Pro Asn Asn Tyr Thr Ala Asn Val Gly Lys Tyr Ile
4235 4240 4245

Ile Pro Gly Asp Asn Lys Asn Lys Asn Leu Gly Leu Val Lys Glu
4250 4255 4260

Asn Glu Leu Ser Leu Asp Ile Pro Asp Ile Ala Tyr Trp Glu Asn
4265 4270 4275

Asp Asn Glu Gly Glu Lys Asn Val Gln Tyr Asn Phe Ser Pro Leu
4280 4285 4290

Gln Val Phe Phe Leu Gln Glu Met Glu Arg Ile Lys Lys Val Ile
4295 4300 4305

Asp Leu Val Lys Val Asn Leu Asn Asp Ile Ile Ser Ala Ile Asp
4310 4315 4320

Gly Ser Lys Ile Met Thr Ala Asp Leu Gln Asn Asp Thr Lys Tyr
4325 4330 4335

Ile Phe Ser Gln Ser Val Pro Lys Lys Trp Ile Tyr Asp Ala Ser
4340 4345 4350

Glu Thr Glu Ile Ser Trp Ile Cys Asn Asn Leu Asn Gln Trp Leu
4355 4360 4365

Asn Ile Leu Asn Leu Arg Tyr Glu Gln Ile Met Asn Tyr Ile Tyr
4370 4375 4380

Asn Gly Lys Leu Lys Ser Tyr Trp Leu Pro Gly Phe Phe Asn Pro
4385 4390 4395

Gln Gly Phe Leu Thr Ser Met Lys Gln Glu Ile Thr Arg Leu Asn
4400 4405 4410

ES 2 498 371 T3

Lys Lys Asp Gln Leu Ser Leu Asp Glu Val Val Leu Tyr Thr Asp
 4415 4420 4425

Ile Lys Asn Tyr Asp Val Glu Lys Ile Lys Glu Phe Pro Glu His
 4430 4435 4440

Gly Phe Asn Ile His Gly Leu Phe Ile Glu Gly Ser Lys Trp Asn
 4445 4450 4455

Trp Gln Glu Gly Lys Leu Glu Glu Ser Ser Pro Lys Ile Leu Cys
 4460 4465 4470

Glu Asn Met Pro Val Ile His Ile Thr Val Val Ser Asn Lys Asp
 4475 4480 4485

Lys Lys Ile Lys Phe Ile Glu Asn Asn Lys His Met Phe Tyr Asn
 4490 4495 4500

Cys Pro Val Tyr Lys Tyr Asn Val Arg Thr Asp Lys Tyr Phe Ile
 4505 4510 4515

Phe Arg Ile His Leu Lys Ser Asp Ile Asp Pro Ser Ile Trp Lys
 4520 4525 4530

Leu Arg Gly Thr Ser Leu Leu Cys Ser Lys Asp
 4535 4540

<210> 21

<211> 2024

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

5

<400> 21

Met Lys His Thr Lys Ile Thr Lys Tyr Leu Thr Ile Asn Phe Phe Ile
 1 5 10 15

Leu Leu Thr Leu Val Phe Gln Lys Tyr Ser Ser Cys Gln Asn Ser Leu
 20 25 30

Asn Tyr Ser Lys Asn Asn Tyr Gly Leu Asn Asp Gln Glu Leu Arg Ala
 35 40 45

Met Leu Phe Gly Leu Asn Tyr Asp Pro Ser Lys Arg Asn Lys Asn Asn
 50 55 60

Lys Val Asn Arg Asp Val Ile Lys Asn Glu Ser Ser Leu Leu Leu Arg

ES 2 498 371 T3

305																	
Glu	Asn	Lys	Arg	Asn	Asn	Lys	Leu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Phe	Asn	Met	Asn		
				325					330					335			
Lys	Val	Asn	Asp	Asn	Lys	Asn	Phe	Asn	Lys	Tyr	Thr	Glu	Ile	Tyr	Asn		
			340					345					350				
Lys	Glu	Ser	Glu	Pro	Glu	Lys	Gln	Asn	Asn	Ser	Asn	Asn	Asn	Leu	Gly		
		355					360					365					
Ile	Pro	Thr	Leu	Ile	Lys	Lys	Glu	Val	His	Ile	Lys	Asn	His	Asn	Thr		
	370					375					380						
Phe	Ser	Ser	Asn	Gly	Lys	Ile	Leu	Glu	Asn	Lys	Asp	Ile	Asp	Lys	Met		
385					390					395					400		
Ser	Asp	Thr	Ser	Lys	Lys	Asn	Asp	Arg	Asn	Phe	Arg	Ser	Asn	Asp	Ile		
				405					410					415			
Lys	Asn	Phe	Lys	Asn	Asn	Asp	Thr	Lys	Asn	Asn	Ala	Thr	Leu	Ser	Glu		
			420					425					430				
Asp	Asn	Lys	Asn	Arg	Tyr	Asn	Ile	Thr	Thr	Asn	Lys	Asn	Asn	Glu	Lys		
		435					440					445					
Lys	Glu	Tyr	Asn	Met	Lys	Lys	Ser	Asn	Glu	Asn	Glu	Tyr	Ala	Phe	Asn		
	450					455					460						
Thr	Glu	Lys	Thr	Asn	Val	Asn	Asn	Asp	Ala	Leu	Lys	Glu	Glu	Arg	Asn		
465					470					475					480		
Asn	Tyr	Lys	Tyr	Leu	Asn	Asn	Gln	Thr	Asp	Val	Asn	Ile	Asn	Asn	Leu		
				485					490					495			
Gln	Glu	Arg	Asp	Ile	Asn	Leu	Tyr	Asn	Lys	Asn	Glu	Ser	Asp	Lys	Lys		
			500					505					510				
Leu	Glu	Gln	Ser	Phe	Arg	Glu	Glu	Asp	Ile	Lys	Asn	Ala	Tyr	Leu	Pro		
		515					520					525					
Glu	Asn	Lys	Asn	Phe	Gln	Lys	Thr	Leu	Thr	Asn	Asn	Glu	Lys	Asn	Glu		
	530					535					540						
Asp	Asn	Lys	Ile	Pro	His	Ile	Asp	Pro	Ser	Asn	Asn	Glu	Leu	Asp	Lys		
545					550					555				560			

ES 2 498 371 T3

Lys Gly Asn Tyr Asn Lys Tyr Glu Ile Gly Lys Ile Lys Lys Asn Asn
565 570 575

Glu Glu Asn Lys Gln Asn Val Thr Val Glu Glu Asn Ile Asn Pro Glu
580 585 590

Lys Ile Arg Lys Asp His Glu Gln Asn Ile Gln Tyr Ser Lys Asn Asp
595 600 605

Pro Ile Thr Asp Ile Gln Asn Ser Thr Asn Ala Val Leu Lys Lys Ile
610 615 620

Lys Pro Thr Glu Phe Glu Asn Tyr Thr Lys Glu Glu Leu Gln Asn Val
625 630 635 640

Ser Ser Ser Glu Val Arg Asp Asp Asn Leu Asn Glu Ile Asn Arg Lys
645 650 655

Gly Glu Thr Asn Met Phe Ser Glu Lys Ser Thr Leu Lys Lys Gly Glu
660 665 670

Asn Asp Trp Asn Glu Tyr Glu Tyr Phe Lys Leu Lys Ser Asn Glu Leu
675 680 685

Lys Val Leu Gly Ile Ile Asn Lys Tyr Ser Pro Lys Gly Gly Phe Ser
690 695 700

Ile Ser Val Asn Cys Gly Gly Tyr Asp Asp Phe Arg Glu Ile Pro Gly
705 710 715 720

Ile Ser Asn Leu Leu Arg His Ala Ile Phe Tyr Lys Ser Glu Lys Arg
725 730 735

Ile Thr Thr Leu Leu Ser Glu Leu Gly Lys Tyr Ser Ser Glu Asn Asn
740 745 750

Ser Arg Ile Gly Glu Ser Phe Thr Thr Tyr Tyr Ala Ile Gly Lys Ser
755 760 765

Glu Asn Ile Tyr Asn Ile Leu Thr Leu Phe Ser Gln Asn Leu Phe Tyr
770 775 780

Pro Leu Phe Asp Glu Asp Phe Ile Glu Asn Glu Val Arg Glu Ile Asn
785 790 795 800

ES 2 498 371 T3

Asn Lys Tyr Ile Ser Met Glu Asn Asn Ser Leu Asn Cys Leu Lys Ile
805 810 815

Ile Ser Gln Phe Ile Thr Asp Leu Lys Tyr Ser Lys Phe Phe Phe His
820 825 830

Gly Asn Tyr Ile Thr Leu Cys Asn Asn Val Leu Lys Asn Gly Leu Asn
835 840 845

Ile Lys Lys Leu Leu Tyr Asn Phe His Lys Lys Cys Tyr Gln Pro Lys
850 855 860

Asn Met Ala Leu Thr Ile Leu Leu Gly Lys Lys Gly Asn Ser His Asp
865 870 875 880

Asn Tyr Asn Met Asn Asp Ile Glu Asn Phe Val Ile Asp Ile Phe Glu
885 890 895

Lys Ile Lys Asn Tyr Asp Tyr Val Asn Glu Ser Asn Asn Lys Arg Gln
900 905 910

Lys Glu Lys His Ile Val Asn Phe Lys Asp Asp Thr Phe Asn Ile Glu
915 920 925

Lys Lys Ser Asn Tyr Lys Asp Ser Arg Leu Val His Asn Val Thr Gln
930 935 940

Asn Asn Ser Lys Asp Lys Glu Glu Lys Ile Lys Phe Ile Glu His Ile
945 950 955 960

Asn Glu Phe Asn Asn Tyr Val Leu Asp Leu Asn Gln Lys Gly Arg Tyr
965 970 975

Ile Glu Val Leu Lys Lys Glu Gly Trp Arg Asp Gln Ile Tyr Leu Tyr
980 985 990

Trp Ser Ser Lys Ile Ser Ile Asp Leu Tyr Lys Lys Ile Glu Glu Tyr
995 1000 1005

Gly Ser Ile Thr Phe Ile His Asp Ile Leu Leu Asp Leu Arg Lys
1010 1015 1020

Asn Gly Leu Tyr Asp Lys Ile Cys Val Glu Asn Gln Tyr Ala Tyr
1025 1030 1035

ES 2 498 371 T3

Asp Leu Lys Ile Ile Ser Ser Cys Asn Lys Tyr Tyr Val Asn Tyr
 1040 1045 1050

Gly Ile Leu Met Asn Leu Thr Lys Lys Gly Lys Lys Asp Leu Arg
 1055 1060 1065

His Leu Met His Ile Ile Asn Val Phe Ile Lys Glu Ile Ser Lys
 1070 1075 1080

Leu Phe Asp His Asp Ser Leu Asn Lys Gly Ile Asn Lys Tyr Ile
 1085 1090 1095

Leu Asp Tyr Tyr Arg Glu Lys Ala Leu Ile Thr Asp Val Asn Tyr
 1100 1105 1110

Asn Asn Asp Asn Lys Tyr Ile Glu Leu Asn Asp Leu Ile Asn Tyr
 1115 1120 1125

Ser Asn Ile Leu Leu Asp His Ser Asp Asp Ser Ser Leu Ile Leu
 1130 1135 1140

Ser Ile Asn Asn Leu Ile Glu Asp Lys Asn Lys Asn Asp Phe Arg
 1145 1150 1155

Asn His Ile Lys Ile Thr Ser Leu Leu Gly Ser Leu Met Lys Asn
 1160 1165 1170

Glu Asn Thr Asn Ile Ile Asn Val Val Asp Thr Phe Ser Ile Arg
 1175 1180 1185

Asn Gln Ser Lys Ile Pro Tyr Ser Asn Val Thr Tyr Val Ile Gly
 1190 1195 1200

Glu Asn Pro Tyr Met Val Asn Glu Gly Asn Ile Val Asn Asp Ile
 1205 1210 1215

Asn Leu Ile Leu Pro Glu Ile Lys Ile Cys Pro Phe Asn Ser Leu
 1220 1225 1230

Val Asn Asn Lys Ile Leu Phe Asn Glu Lys Ser Phe Phe Cys Val
 1235 1240 1245

Pro Tyr Asn Ser Ser Glu Asn Phe Glu Tyr Ser Glu Ser Glu Glu
 1250 1255 1260

ES 2 498 371 T3

Lys Phe Ile Ser Glu Glu Asn Lys His Ile Phe Lys Ser Asn Ile
 1265 1270 1275

Leu Tyr Asn Ile Pro Cys Leu Ile Lys Ser Ser Tyr Gly Tyr Asn
 1280 1285 1290

Ile Tyr Phe Lys Arg Gly Leu Thr His Ile Ser Lys Val Lys Thr
 1295 1300 1305

Asp Phe Ile Phe Tyr Phe Pro Ser Glu Lys Phe Thr Phe Tyr Glu
 1310 1315 1320

Ser Val Phe Thr Arg Ile His Ile Ile Ile Leu Gln Lys Lys Ile
 1325 1330 1335

Glu Arg Phe Leu Ser Asp Tyr Thr Thr Cys Ser Val Asn Ala Asn
 1340 1345 1350

Ile Met His Asp Ala Ile Ser Tyr Thr Leu Ser Ile Glu Ser Asn
 1355 1360 1365

Gly Tyr Phe Phe Glu Glu Phe Phe Asn Lys Ile Gln Glu Leu Leu
 1370 1375 1380

Ser Leu Lys Glu Ile Pro Ser Arg Asp Glu Tyr Asn Glu Ala Tyr
 1385 1390 1395

Asp Glu Leu Asn Ile Ile Ile Gln Thr Asp Thr Thr Ser Gly Val
 1400 1405 1410

Asp Lys Ser Leu Lys Ile Met Tyr Ser Leu Phe Asn Lys Tyr Thr
 1415 1420 1425

Pro Thr Asn Lys Glu Met Tyr Asp Ile Leu Asn Ala Tyr Phe Phe
 1430 1435 1440

Tyr Pro Ser Tyr Asn Ala Tyr Arg Thr Tyr Val Asn Glu Tyr Phe
 1445 1450 1455

Leu Arg Asn Tyr Val Val Ile Phe Ile Tyr Gly Asn Ile Ile Ile
 1460 1465 1470

Ser Asp Leu Lys Gly Glu Glu Asn Ile Thr Lys Asn Asn Asn Asn
 1475 1480 1485

ES 2 498 371 T3

Ile Phe Asp Asn Lys Lys Ser Met Asn Tyr Asn Glu Gly Asp Ala
 1490 1495 1500

Thr Asp Lys Asn Asn Asn Ser Asn Asn Asn Asn Val Glu Ser Ala
 1505 1510 1515

Asn Asp Ser Thr Asn Tyr Tyr Ile Tyr Asn Glu Asn Asn Ser Ser
 1520 1525 1530

Asn Arg Asp Thr Asn Lys Tyr Thr Asp Asn Asp Tyr Asn Asn Asn
 1535 1540 1545

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Lys Asp Gly Asp Lys Tyr Leu Ile
 1550 1555 1560

Asn Glu Lys Ile Tyr Glu Gly Glu Glu Asn Lys Lys Asn Pro Thr
 1565 1570 1575

Thr Tyr Leu Lys Lys Gln Glu Gln Phe Leu Glu Lys Gln Glu Asn
 1580 1585 1590

Asn Asn Lys Glu Glu Glu Asn Lys Ser Lys Ser Leu Gln Ile Ser
 1595 1600 1605

Tyr Asn Gly Ser Gly Ile Glu Tyr Leu Val Lys Leu Cys Glu Ser
 1610 1615 1620

Phe Ile Ser Lys Val Thr Asn Lys Val Ile Lys Lys Ser Glu Ser
 1625 1630 1635

Thr Tyr Tyr Thr Lys Lys Leu Ile Asn Asp Glu Asp Ile Glu Ile
 1640 1645 1650

Asp Met His Asp Pro Gly Gln Asp Leu Ser Asn Ser Ile Thr Val
 1655 1660 1665

Ser Tyr Ile Ile Asp Ser Glu Thr Leu Leu Asn Asn Val Leu Ile
 1670 1675 1680

Asn Ile Ile Val Asp Leu Ile Ser Ser Asp Phe Ile Lys Phe Val
 1685 1690 1695

Lys Ile Lys Tyr Asn Asp Gly Tyr Val Val Glu Val Arg Thr Phe
 1700 1705 1710

Phe Thr Tyr Asn Gly Leu Gly Gly Leu Leu Phe Ile Ile Gln Ser

ES 2 498 371 T3

1715		1720		1725
Phe Asp 1730	Lys Asp Val Glu Gln	Leu Glu Ser Asp Ile	Cys Thr Phe	
Val Lys 1745	Tyr Ile Thr Phe Gln	Leu Leu Asn Ile Asp	Ile Ser Asp	
Leu Lys 1760	Lys Gln Leu Gln Asn	Met Lys Glu His Tyr	Ile Met Asn	
Asn Thr 1775	Ile Phe Thr Phe Asn	Gln Glu Tyr Ser Ser	Ile Leu Asp	
Glu Leu 1790	Ile Thr Gly His Glu	Cys Phe Asp Lys Lys	Tyr Lys Ile	
Val Gln 1805	Ile Phe Asp Glu Leu	Ile Asn Cys Pro Asn	Ile Ile Leu	
Asn Lys 1820	Ile Asn Tyr Ile Leu	Arg Lys Ser Lys Lys	Asn Ile Phe	
Lys Glu 1835	Tyr Lys Lys Thr Asn	Ile Val Asn Ile Gln	Ser Ser Asn	
Lys Asp 1850	Gly Thr Lys Gly His	Asp Tyr Leu His Leu	Asn Glu Lys	
Cys Asn 1865	Tyr Ser Tyr Arg Lys	Asn Met Lys Met Ser	Asn Ile Gln	
Phe Ser 1880	Asp Asn Ser Glu Leu	Phe Ile Lys Lys Gln	Arg Lys Lys	
Lys Tyr 1895	Lys Tyr Ile Pro Ser	Asn Gly Thr Thr Gln	Ser Asn Asn	
Ile Tyr 1910	Lys Lys Glu His Leu	Phe Asn Phe Ser Asn	Phe Val Glu	
Ile Lys 1925	Glu Lys Gly Phe Phe	Lys Tyr Ile Ile Ser	Tyr Phe Arg	
Lys Asn 1940	Asn Arg Lys Tyr Leu	Asn Asp Asp Asn Tyr	Leu Asp Phe	

ES 2 498 371 T3

Glu Ser Cys Asp Glu Glu Met Ser Lys Asp Asn Phe Gln Ile Phe
 1955 1960 1965

Tyr Asn Phe Thr Asn Asp Ile Asn Lys Ile Arg Glu Tyr Phe Arg
 1970 1975 1980

Gly Lys Phe Thr Asn Asp Lys Glu Val Lys Glu Asn Cys Ser Ile
 1985 1990 1995

Asn Tyr Glu Glu Ile Arg Lys Tyr Cys Tyr Asp His Asn Ile Asn
 2000 2005 2010

Lys Asp Asn Met Ile Arg Thr Lys Ile Glu Ile
 2015 2020

<210> 22

<211> 1471

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

<400> 22

Met Lys Cys Thr Ser Val Asn Ile Arg Asn Val Leu Asp Ile Ser Leu
 1 5 10 15

Lys Lys Lys Ile Lys Glu Asn Thr Asn Leu Ser Asp Asp Glu Ile Ile
 20 25 30

Ile Ile Tyr Lys Arg Phe Asn Tyr Ile Ser Ser Asn Gly Lys Leu Asn
 35 40 45

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

Ala Tyr Leu Tyr Lys Ser Ile Phe Lys Ala Phe Asp Leu Asn Asn Asp
 65 70 75 80

Asn Tyr Leu Asp Phe Tyr Glu Phe Cys Val Ala Ile Asn Ile Met Leu
 85 90 95

Lys Gly Asn Lys Lys Asp Lys Leu Lys Leu Ser Tyr Arg Ile Val Asn
 100 105 110

Ala Gly Phe Asn Ser Asn Glu Asp Ala Cys Val His Lys Ser Ser Cys
 115 120 125

5

10

ES 2 498 371 T3

Met Val Asn Lys Phe Asn Thr Lys Glu Asp Asn Asn Met Asn Gly Asp
 130 135 140

Asn Ile Asn Gly Asp Asn Asn Asn Asn His Asn Asn Ile Asn Gly Asp
 145 150 155 160

Asn Asn Asn Asn His Asn Asn Ile Asn Gly Asp Asn Asn Asn Asn Asn
 165 170 175

His Asn Asn Ile Asn Gly Asp Asn Asn Asn Asn His Asn Asn Ile Asn
 180 185 190

Gly Asp Asn Asn Asn Asn Asn His Asn Asn Ile Asn Gly Asp Asn Asn
 195 200 205

Asn Asn His Asn Asn Ile Asn Gly Asp Asn Asn Asn Asn His Asn Asn
 210 215 220

Ser His Asn Asn Asn Ser His Asn Asn Asn Asn Lys Ala Glu Asn Ser
 225 230 235 240

Leu Gly Gln Pro Leu Asn Glu Lys Asn Ile Asn Asp Pro Ile Asn Lys
 245 250 255

His Arg Asn Ser Gln Ser Ile Ile Tyr Asn Ile Asn Asp Glu Tyr Asn
 260 265 270

Glu Lys Ile Lys Lys Asn Lys Lys Gln Asp Tyr Ser Asn Tyr Ile Thr
 275 280 285

Tyr Glu Asn Phe Glu Lys Ile Val Leu Ser Ile Asn Asp Ile Lys Arg
 290 295 300

Gln Leu Leu Gly Thr Gly Asp Glu Ile Ile Thr Ser Gln Ile Lys Tyr
 305 310 315 320

Thr Phe Arg Ser Leu Ser Ile Leu Cys Asp Asp Gly Ile Tyr Arg Met
 325 330 335

Asn Phe Glu Cys Tyr Lys Lys Ala Leu Lys Cys Asn Glu Phe Leu Lys
 340 345 350

Leu Leu Gly Ile His Thr Lys Val Ala Asp Val Phe Leu Gln His Glu
 355 360 365

Leu Leu Lys Arg Lys Asp Lys Asn Lys Thr Lys Asn Gly Thr Met Arg

ES 2 498 371 T3

370

375

380

Asn Arg Lys Lys Tyr Lys Asn Asp Ser Asn Arg Ile Ala Asn His Leu
 385 390 395 400

Ile Ile Lys Ser Phe Ser Glu Ser Thr Asn Thr Arg Gly Ser Ile Ile
 405 410 415

Asn Asp Ser Thr Ser Phe Leu Phe Leu Arg Lys Gln Lys Lys Lys Lys
 420 425 430

Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Lys Glu Lys Lys Ala Ile Leu
 435 440 445

Tyr Glu Arg Lys Ser Thr Phe Ser Ser Ser Met Glu Asn Lys Ser Gln
 450 455 460

Asn Lys Ser Gln Asn Lys Ser His Asn Lys Asn Ile Lys Ser Val Ser
 465 470 475 480

Arg Ile Leu Ser Arg Val Asn Lys Leu Ser Ser Thr Glu Leu Ile Pro
 485 490 495

Asn Glu Cys Asp His Lys Pro Asn Glu Glu Val Lys Ser Thr Ser Asp
 500 505 510

Val Leu Thr Pro Ile Phe Phe Asn Asn Gly Asp Glu Lys Met Asn His
 515 520 525

Asp Thr Asp Gly Asn Met Val Tyr His Lys Asn Asn Val Asp Asp Asn
 530 535 540

Leu Val Asp Gly Asp Val Val Ser Gln Gly Lys Arg Cys Ser Phe Phe
 545 550 555 560

Ser Ser Cys Glu Asn Lys Lys Asn Glu Glu Asn Lys Ser Ile Thr Phe
 565 570 575

Asn Asp Ile Asn Ser Gly Asn Ile Asn Thr Asn Ser Cys Ile Met Asn
 580 585 590

Asn Met Ile Val Thr Lys Glu Ser Asn Glu Glu Ile Ile Asn Glu Glu
 595 600 605

Ala Gln Ser Ser Tyr Ile Tyr Asn Lys Asn Ile Phe Cys Ser Lys Tyr
 610 615 620

ES 2 498 371 T3

Asn Thr Lys Lys Asp Lys Asn Glu Pro Leu Lys Cys Asp Leu Phe Glu
625 630 635 640

Cys Ser Phe Ile Asn Asn Asp Lys Asn Ile Val Arg Asp Glu Asp Ser
645 650 655

Asn His Lys Asn Val Arg Lys Thr Asp Asp Tyr Phe Ile Ile Asp Asp
660 665 670

Asn Asn Ile Phe Asp Asn Gly Pro Ile Ile Ile Ser Lys Asn Lys Thr
675 680 685

Asn Asp Arg Glu Arg Lys Leu Leu Lys Thr Phe Ser Ser Ser Ser Leu
690 695 700

Lys Lys Lys Ser Leu Leu Lys Asn Tyr Asn Tyr His Ile Lys Lys Lys
705 710 715 720

Asn Lys Asp Pro Asn Val Glu Asp Thr Asn Met Leu Tyr His Asp Asp
725 730 735

Ile Lys Lys Glu Tyr Asp His Lys Val Thr Lys Asn Asn Lys Asn Thr
740 745 750

Cys Asn Asn Asn Tyr Tyr Asn Asn Val Ser Phe Asn Ser Ser Ala Tyr
755 760 765

Tyr Glu Tyr His Ser Asp Ile Asp Leu Ile His Phe Ser Asn Asn Leu
770 775 780

Lys Lys Lys Lys Lys Lys Asn Val Thr Ser Pro Arg Pro Ser Ser Lys
785 790 795 800

Glu Tyr Glu Arg Lys Val Thr Tyr His Lys Glu Cys Cys Ser Asn Glu
805 810 815

Arg Met Lys Asn Ile Lys Val Asn Glu Ser Asp Leu Gly Met Phe Cys
820 825 830

Val Asn Asn Asp Lys Thr Asn Ile Glu Asp Val Lys Glu Lys Lys Ala
835 840 845

Cys Asp Val Leu Asn Arg Gly Cys Ile Lys Glu Gln Val Gln Cys Lys
850 855 860

ES 2 498 371 T3

Ile Ser Glu Phe Glu Asn Asp Lys Gly Asn Glu Ile Tyr Met Gln Glu
865 870 875 880

Phe Lys Lys Cys Ile Glu Lys Tyr Lys Glu Tyr Val Asn Gln Gly Glu
885 890 895

Gly His Leu Lys Asp Glu Glu Glu Glu Lys Asn Asp Asp Glu Glu Glu
900 905 910

Gly Glu Asp Gly Glu Asp Asp Glu Glu Glu Asn Asp Asp Asp Asp Asp
915 920 925

Asp Glu Asp Gly Asp Asp Asp Glu Asp Gly Asp Asp Asp Asn Asp Asp
930 935 940

Asn Asp Asp Asn Asp Asp Asn Asp Asp Asn Asp Asp Asn Asp Asp Asn
945 950 955 960

Asp Asp Asn Asp Asp Asn Asp Asp Asn Asp Asp Asn Asp Glu Lys Ser
965 970 975

Asn Ile Lys Ile Glu Asn Lys Lys Asp Val Pro Asn Ile His Asn Asn
980 985 990

Asn Asp Asp Asp Gly Ile Asn Cys Cys Thr Asn Leu Phe Lys Asp Asp
995 1000 1005

Asp Thr Leu Ser Ala Leu Glu Lys Asn Val Thr Asn Asn Asn Leu
1010 1015 1020

Ile Lys Ile Met Ser Ala Lys Tyr Leu Tyr His Lys Phe Leu Glu
1025 1030 1035

Tyr Lys Asp Phe Met Lys Asn Asn Thr Thr Leu Phe Ser His Phe
1040 1045 1050

Asn Lys Ile Tyr Gln His Glu Asp Asp Lys Ile Asn Thr Asp Asn
1055 1060 1065

Lys Asp Val Leu Asn Tyr Arg Pro Lys His Asn Asn Asp Ile Asn
1070 1075 1080

Tyr Tyr Asn Ile Pro Cys Glu Asp Gln Ile Lys Ser Asp Glu Lys
1085 1090 1095

ES 2 498 371 T3

Lys Ser Leu Leu Asn Val Glu Phe Gly Asp Asp Ile Ile Lys Lys
 1100 1105 1110

 Lys Phe Phe Ile Ser Ser Val Asn Ser His Tyr Val Met Ile Asn
 1115 1120 1125

 Asn Asn Leu Thr Lys Glu Gln Met Leu Tyr Leu Ile Arg Asn Ile
 1130 1135 1140

 Leu Met Ser Ile Glu Asp Tyr Leu Lys Lys Glu Lys Asn Arg Asp
 1145 1150 1155

 Tyr Asn Lys Ile Phe Phe Leu Phe Phe Ser Ile Phe Ile Tyr Asn
 1160 1165 1170

 Thr Gln Asn Gly Gly Asp Gln Lys Glu Met His Glu Asp Glu Lys
 1175 1180 1185

 Trp Asp His Thr Asn Ile Asn Glu Asp Lys Asn Val Glu Lys Asn
 1190 1195 1200

 Asp Asp Tyr Lys Asn Leu Ser Asn Asn Glu Asn Ser Val Tyr Tyr
 1205 1210 1215

 Asn Thr Met Leu Arg Glu Ser Leu Trp Asn Lys Lys Lys Tyr Ile
 1220 1225 1230

 Lys Leu Asn Ile Phe Lys Asn Ile Ile Leu Val Ile Ser Ile Val
 1235 1240 1245

 Arg Tyr Phe Leu His Thr Ile Thr Ile Ser Gln Lys Tyr Thr Ser
 1250 1255 1260

 Ser Tyr Asp Ser Leu Asp Asp Ser Asn Met Ile Lys Ser Met Asn
 1265 1270 1275

 Ser Leu Lys Leu Asn Glu Ile Asn Ile Leu Leu Asn Arg Ala Ser
 1280 1285 1290

 Glu Ile Leu Glu Lys Tyr Ser Leu Gly Ser Val Glu Asn Lys Lys
 1295 1300 1305

 Val Tyr Ile Asn Lys Ser Asn Tyr Tyr Asn Ser Ser Lys Lys Gly
 1310 1315 1320

 Lys Leu Ser Val Ser Leu Arg Gln Asn Lys Gln Lys Lys Thr Phe

ES 2 498 371 T3

1325		1330		1335
His Arg	Ile Leu Ala Val	Tyr Phe Gly His Glu	Arg Trp Asp Leu	
1340		1345	1350	
Val Met	Asn Met Met Ile	Gly Ile Arg Ile Ser	Ser Ile Lys Lys	
1355		1360	1365	
Phe Ser	Ile Asn Asp Ile	Ser Asn Tyr Phe His	His Lys Asp Val	
1370		1375	1380	
Ile Gln	Leu Pro Thr Ser	Asn Ala Gln His Lys	Val Ile Phe Lys	
1385		1390	1395	
Asn Tyr	Ala Pro Ile Ile	Phe Lys Asn Ile Arg	Asn Phe Tyr Gly	
1400		1405	1410	
Ile Lys	Ser Lys Glu Tyr	Leu Thr Ser Val Gly	Pro Glu Gln Val	
1415		1420	1425	
Ile Ser	Asn Met Val Leu	Gly Asn Leu Ser Thr	Leu Ser Glu Leu	
1430		1435	1440	
Leu Ser	Glu Gly Lys Ser	Gly Ser Leu Phe Tyr	Phe Thr Ser Asn	
1445		1450	1455	
Gly Lys	Tyr Ile Ile Lys	Thr Val Ile Lys Lys	Lys Lys	
1460		1465	1470	
<210> 23				
<211> 2647				
<212> PRT				
<213> Plasmodium falciparum				
<400> 23				
Met Ala Pro Leu Gly Arg Arg Gly Thr Asn Lys Ser Ala Lys Glu Val				
1	5	10	15	
Leu Asp Glu Ile Gly Glu Thr Ile Gln Lys Lys Ala His Ser Asp Ala				
	20	25	30	
Asp Thr Phe Arg Ser Gln Leu Lys Gly Asn Phe Gly Glu Ala Lys Phe				
	35	40	45	
Tyr Asn Gly Gly Glu Ile Met Gln Pro Asn Ser Lys Leu Cys Glu Leu				
50	55	60		

5

10

ES 2 498 371 T3

Asp His Thr Ile Asp Thr Asn Val Thr Asp Gly His Ser Asn Pro Cys
 65 70 75 80

 Glu Gly Arg Gln Thr Val Arg Phe Pro Asp Asp Asn Arg Ser Gln Cys
 85 90 95

 Thr Lys Asn Arg Ile Lys Asp Ser Val Asp Asn Ser Val Gly Ala Cys
 100 105 110

 Ala Pro Tyr Arg Arg Leu His Leu Cys Ser His Asn Leu Glu Ser Ile
 115 120 125

 Gln Thr Asn Asn Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Lys His Asn Leu Leu Ala
 130 135 140

 Glu Val Cys Tyr Ala Ala Lys Phe Glu Gly Glu Ser Ile Val Lys Asn
 145 150 155 160

 Tyr Glu Gln Leu Gly His His Thr Thr Glu Gly Ile Cys Thr Ala Leu
 165 170 175

 Ala Arg Ser Phe Ala Asp Ile Gly Asp Ile Ile Arg Gly Lys Asp Leu
 180 185 190

 Tyr Leu Gly Asn Pro Gln Glu Ser Ala Arg Arg Lys Gln Leu Glu Asp
 195 200 205

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

 Arg Asn Gly Lys Thr Asn Gly Ala Glu Glu Arg Tyr Lys Asp Gly Ser
 225 230 235 240

 Gly Asn Tyr Tyr Lys Leu Arg Glu Asp Trp Trp Asn Ala Asn Arg Leu
 245 250 255

 Asp Ile Trp Lys Ala Met Ile Cys Lys Ala Pro Gly Asn Ala Pro Tyr
 260 265 270

 Phe Arg Asn Thr Cys Ser Asn Gly Glu Lys Pro Thr Gly Glu Lys Cys
 275 280 285

 Gln Cys Ile Asp Gly Thr Val Pro Thr Asn Leu Asp Tyr Val Pro Gln
 290 295 300

ES 2 498 371 T3

Tyr Leu Arg Trp Phe Glu Glu Trp Ala Glu Glu Phe Cys Arg Lys Arg
 305 310 315 320
 Asn Leu Lys Leu Gln Asn Ala Ile Lys Asn Cys Arg Gly Met Asp Asp
 325 330 335
 Asp Gly Lys Glu Lys Tyr Cys Ser Arg Asn Gly Tyr Asp Cys Thr Lys
 340 345 350
 Thr Ile Arg Ser Ile Asp Lys Tyr Ser Met Asn Arg Glu Cys Thr Lys
 355 360 365
 Cys Leu Tyr Val Cys Asp Pro Tyr Val Lys Trp Ile Asp Asn Lys Lys
 370 375 380
 Lys Glu Phe Glu Lys Gln Lys Lys Lys Cys Glu Asn Glu Ile Tyr Arg
 385 390 395 400
 Asn Asn Glu Ser Ser Gln Asn Ser Pro Lys Asn Tyr Asn Asn Met Tyr
 405 410 415
 Glu Thr Asp Phe Tyr Gly Asn Leu Lys Lys Asp Tyr Gln Ser Met Asn
 420 425 430
 Asp Phe Leu Lys Leu Leu Asn Ser Glu Thr Pro Cys Thr Asn Ile Ile
 435 440 445
 Asp Ala Lys Ser Lys Ile Asp Phe Thr Lys Asp Pro Glu Glu Thr Phe
 450 455 460
 Ser His Thr Glu Tyr Cys Asp Pro Cys Pro Trp Cys Gly Leu Lys Thr
 465 470 475 480
 Gln Ala Asp Gly Thr Trp Lys Arg Leu Tyr Glu Asn Asp Pro Gln Cys
 485 490 495
 Pro Ile Lys Pro Lys Tyr Glu Pro Pro Lys Gly Val Glu Pro Thr Glu
 500 505 510
 Thr Asp Val Leu Tyr Thr Gly Lys Glu Asn Lys Asp Ile Ile Val Lys
 515 520 525
 Leu Arg Glu Phe Cys Lys Thr Asp Gly Asn Thr Gly Phe Lys Asn Glu
 530 535 540

ES 2 498 371 T3

Glu Trp Asn Cys Tyr Tyr Gln Val Gly Asn Asp Lys Cys Val Leu Glu
 545 550 555 560

Asn Gly Glu Glu Leu Gly Gly Glu Lys Lys Val Lys Asp Tyr Asp Asn
 565 570 575

Phe Leu Met Phe Trp Val Ala His Met Leu Lys Asp Ser Ile Glu Trp
 580 585 590

Arg Ser Lys Leu Ser Asn Cys Leu Lys Ser Asp Lys Lys Thr Cys Ile
 595 600 605

Thr Thr Cys Asn Asp Asn Cys Gln Cys Tyr Asp Lys Trp Ile Gly Lys
 610 615 620

Lys Lys Val His Trp Thr Gln Ile Lys Lys His Phe Asp Lys Gln Thr
 625 630 635 640

Asp Phe Gln Gly Trp Gly His Tyr Phe Val Leu Glu Thr Val Leu Glu
 645 650 655

Gly Asp Gln Phe Phe Thr Asp Ile Thr Lys Ala Tyr Gly Asp Ala Arg
 660 665 670

Glu Ile Val His Ile Gln Glu Met Leu Gln Lys Lys Lys Glu Gln Val
 675 680 685

Leu His Glu Asp Ala Ser Asn Met Lys Thr Ile Ile Asp Glu Leu Leu
 690 695 700

Asp His Glu Leu Lys Glu Ala Lys Gln Cys Ile Val Asn His Lys Asp
 705 710 715 720

Asn Asn Cys Pro Ala Asp Leu Ser Asp Ser Glu Asp Glu Glu Glu Asp
 725 730 735

Ile Pro Gln Arg Gln Asn Lys Cys Ala Lys Pro Ser Gly Thr His Ile
 740 745 750

Arg Ala Leu Val Asn Lys Val Ala Ser Asn Met His His Lys Lys Lys
 755 760 765

Arg Gln Leu Val Asn Arg Gly Val Ser Ser Lys Leu Lys Gly Asp Ala
 770 775 780

Ala Lys Gly Glu Tyr Arg Lys Ser Gly Thr Thr Ile Lys Leu Lys Asp

ES 2 498 371 T3

785 790 795 800

Ile Cys Ser Ile Thr Asp Asp His Ser Asn Ala Lys Arg Gly His Thr
805 810 815

Asp Gln Pro Cys Lys Arg Lys Asp Ser Lys Val Asn Val Lys Asn Arg
820 825 830

Arg Trp Met Asp Thr Ala Gly Phe Ile Ser Asn Thr Tyr Lys Asp Ile
835 840 845

Tyr Met Pro Pro Arg Arg Gln His Phe Cys Thr Ser Asn Leu Glu Tyr
850 855 860

Leu Gln Thr Thr Asn Lys Leu Leu Asn Gly Asn Asp Ile Asn Gly Asn
865 870 875 880

Pro Asn Ile Ile Asn Asp Ser Phe Leu Gly Asp Val Leu Phe Ala Ala
885 890 895

Asn Tyr Glu Ala Asp Phe Ile Lys Lys Met Tyr Asn Lys Gln Asn Asp
900 905 910

Tyr Lys Asp Asn Ala Thr Ile Cys Arg Ala Met Lys Tyr Ser Phe Ala
915 920 925

Asp Leu Gly Asp Ile Ile Gln Arg Gln His Ile Cys Arg Ile Met Ile
930 935 940

Val Glu Arg Val Lys His Glu Ile Ser Glu Arg Asn Phe Leu Ile Leu
945 950 955 960

Ser Lys Lys Asn Ile Leu Ala Phe Lys Glu Ile Tyr Lys Glu Asp Thr
965 970 975

Pro Tyr Thr Lys Leu Arg Glu Asp Trp Trp Glu Ala Asn Arg Lys Lys
980 985 990

Ile Trp Glu Ala Met Gln Cys Pro Thr Pro Asn Gly Ser Phe Pro Cys
995 1000 1005

Lys Ser Tyr His Ile Gly Leu Asp Asp Tyr Ile Pro Gln Arg Leu
1010 1015 1020

Arg Trp Met Thr Glu Trp Ala Glu Trp Phe Cys Lys Glu Gln Lys

ES 2 498 371 T3

1025														
Lys	Gln	Tyr	Gly	Glu	Leu	Val	Ser	Ala	Ser	Asn	Gly	Cys	Lys	Asp
1040						1045					1050			
Glu	Arg	Val	Lys	Val	Val	Arg	Ile	Arg	Val	His	Asn	Val	Gln	Arg
1055						1060					1065			
Ala	Cys	Lys	His	Val	Lys	Ile	Ile	Lys	Asn	Leu	Leu	Ile	His	Gly
1070						1075					1080			
Lys	Glu	Gln	Trp	Asp	Lys	Met	Glu	Ile	Lys	Tyr	Lys	Leu	Leu	Tyr
1085						1090					1095			
Leu	Gln	Ala	Gln	Thr	Thr	Ala	Ala	Asn	Gly	Gly	Pro	Asp	Thr	Tyr
1100						1105					1110			
Ser	Gly	Leu	Val	Asp	Glu	Asn	Glu	Lys	Pro	Val	Val	Asn	Phe	Leu
1115						1120					1125			
Phe	Glu	Leu	Tyr	Lys	Glu	Asn	Gly	Gly	Lys	Ile	Gly	Asn	Pro	Arg
1130						1135					1140			
Asp	Thr	Pro	Arg	Ala	Lys	Arg	Ser	Lys	Arg	Glu	Thr	Ala	Pro	Ala
1145						1150					1155			
Ser	Val	Ala	Lys	Asn	Asp	Val	Tyr	Ser	Thr	Ala	Ala	Gly	Tyr	Val
1160						1165					1170			
His	Gln	Glu	Met	Gly	Pro	His	Met	Glu	Cys	Lys	Thr	Gln	Thr	Glu
1175						1180					1185			
Phe	Cys	Glu	Lys	Thr	Asp	Glu	Gln	Tyr	Asn	Glu	Asn	Tyr	Thr	Phe
1190						1195					1200			
Lys	Asn	Pro	Pro	Pro	Gln	Tyr	Lys	Asp	Ala	Cys	Ile	Cys	Asn	Thr
1205						1210					1215			
Arg	Pro	Pro	Pro	Lys	Glu	Asp	Ser	Arg	Lys	Arg	Ser	Glu	Asp	Ser
1220						1225					1230			
Asp	Glu	Glu	Glu	Lys	Val	Lys	Glu	Thr	Lys	Val	Glu	Glu	Lys	Ala
1235						1240					1245			
Thr	Glu	Asp	Ala	Val	Asp	Thr	Gly	Pro	Pro	Pro	Ala	Pro	Lys	Glu
1250						1255					1260			

ES 2 498 371 T3

Ala Thr Thr Thr Leu Asp Val Cys Pro Ile Val Ala Gly Val Leu
1265 1270 1275

Thr Lys Glu Asn Leu Glu Asn Ala Cys Pro Thr Lys Tyr Gly Pro
1280 1285 1290

Lys Ala Pro Thr Ser Trp Lys Cys Ile Pro Thr Glu Lys Thr Asn
1295 1300 1305

Ala Ala Thr Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Asn Gly Ala Leu Gln
1310 1315 1320

Arg Ala Lys Arg Ala Thr Val Glu Ser Gly Ser Pro Val Thr Ser
1325 1330 1335

Asn Ser Gly Ser Ile Cys Ile Pro Pro Arg Arg Arg Arg Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Gln Lys Leu His Asp Trp Ala Ser Gly Asn Thr Val Val Ser
1355 1360 1365

Gly Gln Ala Gln Thr Pro Gln Gly Gly Thr Ser Ser Pro Ser Gly
1370 1375 1380

Lys Glu Thr Pro Ser Asp Lys Leu Arg Thr Ala Phe Ile Gln Ser
1385 1390 1395

Ala Ala Ile Glu Thr Phe Phe Leu Trp Asp Arg Tyr Lys Lys Gly
1400 1405 1410

Lys Ala Ile Ala Lys Lys Glu Lys Lys Lys Gln Met Val Asp Tyr
1415 1420 1425

Ser Pro Leu Ser Thr Ala Asp Pro His Asn Asn Pro Val Ser Leu
1430 1435 1440

Val Ile Ala Pro Asn Pro Asn Tyr Asn Lys Thr Cys Val Ile Pro
1445 1450 1455

Pro Pro Phe Leu Arg Gln Met Phe Tyr Thr Leu Gly Asp Tyr Ala
1460 1465 1470

Asp Ile Phe Phe Gly Lys Asn Asp Ile Val Ile Asp Thr Lys Asn
1475 1480 1485

ES 2 498 371 T3

Gly Asp Lys Asp Ile Ala Glu Arg Glu Lys Lys Ile Lys Asp Ala
 1490 1495 1500

Ile Glu Arg Val Leu Lys Asn Ala Asp Ser Gln Pro Pro Ser Asp
 1505 1510 1515

Glu Lys Arg Gln Thr Trp Trp Glu Gln Asn Gly Glu His Ile Trp
 1520 1525 1530

Asn Gly Met Ile Cys Ala Leu Thr Tyr Lys Glu Lys Asp Glu Lys
 1535 1540 1545

Gly Thr Pro Leu Lys Gln Asn Glu Gly Leu Lys Ser Ala Leu Trp
 1550 1555 1560

Asp Glu Lys Asn Lys Lys Pro Lys Asp Gln Lys Tyr Gln Tyr Asp
 1565 1570 1575

Lys Val Lys Leu Asp Glu Asn Ser Gly Thr Ser Pro Lys Ile Val
 1580 1585 1590

Val Pro Ala Pro Lys Pro Thr Thr Thr Phe Pro Pro Pro Pro Ser
 1595 1600 1605

Pro Thr Ser Phe Ser Arg Pro Pro Tyr Phe Arg Tyr Leu Glu Glu
 1610 1615 1620

Trp Ala Glu Thr Phe Cys Arg Glu Arg Lys Lys Arg Leu Glu Lys
 1625 1630 1635

Ile Lys Val Glu Cys Met Asp Glu Asp Gly Lys Lys Gln Lys Cys
 1640 1645 1650

Ser Gly Asp Gly Glu Asp Cys Glu Glu Ile Arg Lys Gln Asp Tyr
 1655 1660 1665

Ser Thr Val Arg Asp Phe Tyr Cys Pro Glu Cys Gly Lys Tyr Cys
 1670 1675 1680

Arg Phe Tyr Lys Arg Trp Ile Gly Lys Lys Lys Asp Glu Tyr Asp
 1685 1690 1695

Lys Gln Lys Glu Ala Tyr Asn Asn Gln Lys Thr Asp Ala Arg Arg
 1700 1705 1710

ES 2 498 371 T3

Asn Asn Asn Asp Asn Ala Phe Ser Thr Thr Leu Asp Thr Cys Thr
 1715 1720 1725

Thr Ala Gly Asp Phe Leu Gln Thr Leu Lys Asn Gly Pro Cys Lys
 1730 1735 1740

Asn Asp Asn Val Asp Asp Ser Gly Glu Asn Lys Lys Ile Phe Asp
 1745 1750 1755

Glu Asn Gly Asp Thr Phe Lys Tyr Thr Gln Tyr Cys Gly Thr Cys
 1760 1765 1770

Ser Leu Asn Gly Phe Lys Cys Asn Gly Asp Asp Cys Arg Val Arg
 1775 1780 1785

Thr Asn Val Thr Cys Asn Gly Ser Asn Arg Thr Thr Thr Ile Thr
 1790 1795 1800

Ala Asp Asp Ile Lys Asn Gly Gly Asn Ser Ala Glu Ile Asn Met
 1805 1810 1815

Leu Val Ser Asp Asp Ile Asn Ser Gly Asn Gly Phe Asn Asp Leu
 1820 1825 1830

Glu Ala Cys Lys Asn Ala Asn Ile Phe Lys Gly Ile Lys Glu Asn
 1835 1840 1845

Lys Trp Lys Cys Val Tyr Phe Cys Lys Ser Asp Val Cys Gly Leu
 1850 1855 1860

Lys Lys Asn Asn Asp Ile Asp Gln Asn Gln Ile Ile Leu Ile Arg
 1865 1870 1875

Ala Leu Phe Lys Arg Trp Leu Glu Tyr Phe Leu Asp Asp Tyr Asn
 1880 1885 1890

Lys Ile Arg Lys Lys Leu Asn Pro Cys Ile Asn Asn Gly Glu Lys
 1895 1900 1905

Ala Ile Cys Thr Asn Gly Cys Val Glu Gln Trp Ile Asn His Lys
 1910 1915 1920

Arg Thr Glu Trp Thr Asn Leu Lys Ser Phe Asn Glu Gln Tyr Asn
 1925 1930 1935

ES 2 498 371 T3

Gly Asp Asp Thr Glu Arg Asn Pro Arg Leu Arg Phe Phe Val Asp
 1940 1945 1950

Leu Ile Arg Gln Ile Ala Ala Thr Ile Asp Lys Gly Asn His Asn
 1955 1960 1965

Gly Leu Val Lys Leu Val Lys Ser Val Lys Cys Asn Cys Gly Asn
 1970 1975 1980

Asn Ser Gln Asn Gly Lys Glu Gly Glu Glu Asn Asp Leu Val Leu
 1985 1990 1995

Cys Leu Leu Gln Lys Leu Glu Lys Lys Ala Glu Lys Cys Lys Asp
 2000 2005 2010

Asn Pro Glu Thr Ser Gly Ile Pro Gln Gln Pro Cys Glu Val Ser
 2015 2020 2025

Pro Asn His Ile Glu Asp Glu Glu Gln Pro Leu Glu Glu Glu Glu
 2030 2035 2040

Asn Thr Val Glu His Pro Lys Ile Cys Asp Asp Val Leu Lys His
 2045 2050 2055

Asn His Asn Gln Arg Asn Gln Glu Arg Leu Val Lys Asn Pro Leu
 2060 2065 2070

Val Gln Pro Thr Leu Lys Arg Lys Lys Lys Lys Lys Lys Arg Arg
 2075 2080 2085

Lys Lys Ile Lys Lys Lys Asn Gln Asp Phe His Pro Arg His Leu
 2090 2095 2100

Pro Cys Gly Ala Phe Ile Asn Thr Asn Thr Pro Lys Thr Lys Thr
 2105 2110 2115

Pro Pro Ser Ser Gly Lys Asn Pro Trp Glu His Pro Ala Val Ile
 2120 2125 2130

Pro Ala Leu Val Thr Ser Thr Leu Ala Trp Ser Val Gly Ile Gly
 2135 2140 2145

Phe Ala Ala Phe Thr Tyr Phe Tyr Leu Lys Lys Lys Thr Lys Ser
 2150 2155 2160

Thr Ile Asp Leu Leu Leu Ser Leu Ile Pro Lys Ser Asp Tyr Asp

ES 2 498 371 T3

2165		2170		2175
Ile Pro Thr Lys Leu Ser	Pro Asn Arg Tyr Ile	Pro Tyr Thr Ser		
2180	2185	2190		
Gly Lys Tyr Arg Gly Lys	Arg Tyr Ile Tyr Leu	Glu Gly Asp Ser		
2195	2200	2205		
Gly Thr Asp Ser Gly Tyr	Thr Asp His Tyr Ser	Asp Ile Thr Ser		
2210	2215	2220		
Ser Ser Glu Ser Glu Tyr	Glu Glu Met Asp Ile	Asn Asp Ile Tyr		
2225	2230	2235		
Val Pro Gly Ser Pro Lys	Tyr Lys Thr Leu Ile	Glu Val Val Leu		
2240	2245	2250		
Glu Pro Ser Gly Lys Leu	Ser Gly Asn Thr Ile	Pro Thr Ser Gly		
2255	2260	2265		
Asn Asn Thr Thr Ala Ser	Asp Thr Gln Asn Asp	Ile Pro Thr Ser		
2270	2275	2280		
Asp Thr Pro Pro Pro Ile	Thr Asp Asp Glu Trp	Asn Thr Leu Lys		
2285	2290	2295		
His Asp Phe Ile Ser Asn	Met Leu Gln Asn Gln	Pro Lys Asp Val		
2300	2305	2310		
Pro Asn Asp Tyr Thr Ser	Gly Asn Ser Ser Thr	Asn Thr Asn Ile		
2315	2320	2325		
Thr Thr Thr Ser Arg Asp	Asn Val Asp Asn Asn	Thr His Pro Thr		
2330	2335	2340		
Met Ser Arg His Asn Val	Asp Gln Lys Pro Phe	Ile Thr Ser Ile		
2345	2350	2355		
His Asp Arg Asn Leu Tyr	Thr Gly Glu Glu Tyr	Asn Tyr Asn Val		
2360	2365	2370		
Asn Met Val Asn Thr Met	Asp Asp Ile Pro Ile	Asn Ser His Asn		
2375	2380	2385		
Asn Val Tyr Ser Gly Ile	Asp Leu Ile Asn Asp	Thr Leu Ser Gly		

ES 2 498 371 T3

2390	2395	2400
Asn Glu His Ile Asp Ile Tyr 2405	Asp Glu Leu Leu Lys 2410	Arg Lys Glu 2415
Asn Glu Leu Phe Gly Thr 2420	Asn His Val Lys Gln Thr 2425	Ser Ile His 2430
Ser Val Ala Lys Pro Thr 2435	Arg Asp Asp Pro Ile 2440	His Asn Gln Leu 2445
Glu Leu Phe His Lys Trp 2450	Leu Asp Ser His Arg 2455	Asp Met Cys Glu 2460
Gln Cys Lys Asn Asp Asn 2465	Glu Arg Leu Ala Lys 2470	Leu Lys Glu Leu 2475
Trp Glu Asn Glu Thr Gln 2480	Cys Gly Asp Ile Asn Ser 2485	Gly Ile Pro 2490
Ser Gly Lys Leu Ser Asp 2495	Thr Pro Ser Asp Asn 2500	Asn Ile His Ser 2505
Asp Ile His Pro Ser Asp 2510	Ile Pro Ser Gly Lys 2515	Gln Ser Asp Ile 2520
Pro Ser Asp Asn Asn Ile 2525	His Ser Asp Ile Pro 2530	Tyr Val Leu Asn 2535
Thr Asp Val Ser Ile Gln 2540	Ile His Met Asp Asn 2545	Pro Lys Pro Ile 2550
Asn Glu Phe Thr Tyr Val 2555	Asp Ser Asn Pro Asn 2560	Gln Val Asp Asp 2565
Thr Tyr Val Asp Ser Asn 2570	Pro Asp Asn Ser Ser 2575	Met Asp Thr Ile 2580
Leu Asp Asp Leu Glu Lys 2585	Tyr Asn Glu Pro Tyr 2590	Tyr Asp Val Gln 2595
Asp Ile Tyr Asn Asp Val 2600	Asn Asp Asp Asn Asp 2605	Ile Ser Thr Val 2610
Asp Thr Asn Ala Met Asp 2615	Val Pro Ser Lys Val 2620	Gln Ile Glu Met 2625
Asp Ile Asn Thr Glu Ile 2630	Phe Glu Glu Glu Tyr 2635	Pro Ile Ser Asp 2640
Ile Trp Asn Ile 2645		

ES 2 498 371 T3

<210> 24
 <211> 1781
 <212> PRT
 <213> Plasmodium falciparum

5

<400> 24
 Met Asn Glu Glu Leu Asn Lys Met Ile Asn Ser Phe Gln Ile Lys Glu
 1 5 10 15

 Lys Glu Gly Lys Glu Val Asn Lys Asn Asn Asn Ile Glu Lys Asn Gln
 20 25 30

 Asn Ile Asp Leu Asn Ile Tyr Pro Asn Met Ser Asn Tyr Val Asp Ile
 35 40 45

 Gly Ser Asn Ile Tyr Val Glu Gln Ile Lys Asn Ile Ser Lys Glu Glu
 50 55 60

 Val Thr Lys Lys Lys Ser Ile Leu Asn Ser Lys Tyr Ile Ser Ser Lys
 65 70 75 80

 Asn Asn Glu Phe Val Val Ala Gln Leu Tyr Glu Leu Asn Asn Tyr Asn
 85 90 95

 Glu Asn Asn Ile Tyr Glu Asp Arg Asn Leu Phe Ser Asn Ser Thr Asn
 100 105 110

 Ile Tyr Ser Asn Asp Asn Asn Met Lys Lys Tyr Leu Ile Gln Lys Cys
 115 120 125

 Gly Lys Lys Asn Ile Lys Lys Arg Met Asp Ile Leu Asn Gln Glu Asn
 130 135 140

 Asn Asn Met Gly Ile His Lys Asn Ile Val Tyr Asp Asp Asn Asn Asn
 145 150 155 160

 Asn Lys Asn Val Thr Tyr Asp Asp Asn Asn Lys Asn Val Thr Tyr Asp
 165 170 175

ES 2 498 371 T3

Asn Asn Asn Lys Asn Val Thr Tyr Asp Asn Asn Asn Lys Asn Val Thr
 180 185 190
 Tyr Asp Asn Asn Asn Lys Asn Val Thr Tyr Asp Asn Asn Asn Lys Asn
 195 200 205
 Val Thr Tyr Asp Asn Asn Asn Asn Asn Ser Cys Ser Ile Ile Lys Tyr
 210 215 220
 Glu Leu Arg Lys Thr Ser Ile Cys Lys Tyr Trp Ile Lys Gly Ile Cys
 225 230 235 240
 Ala Asn Val Glu Cys Asn Phe Ala His Gly Glu His Glu Leu Lys Tyr
 245 250 255
 Thr Phe Gly Val Tyr Lys Thr Thr Ile Cys Lys His Trp Lys Lys Asn
 260 265 270
 Gly Met Cys Ser Ser Gly Ile His Cys Arg His Ala His Gly Glu Ser
 275 280 285
 Glu Leu Gln Pro Lys Asn Leu Pro Leu His Leu Leu Lys Lys Lys Asn
 290 295 300
 Asn Leu Lys Asn Lys Asn Gln Thr Lys Ser Phe His Thr Asn Lys Glu
 305 310 315 320
 Leu Thr Ile Asn Glu Tyr Asn Asp Arg Ser Ala Asn Asn Arg Asn Val
 325 330 335
 Glu His Met Tyr Lys Asn Lys Val Asp Pro Leu Lys Asn Asn Asn Asn
 340 345 350
 Asn Asn Asp Asn Ile Tyr Tyr Tyr Gly Asn Glu Glu Asn Gln Lys Asp
 355 360 365
 Val Asn Ile Phe Arg Met Asp Thr Phe Tyr Asn Asn Ile Phe Asp Ser
 370 375 380
 Arg Asn His Met Asp Lys Pro Pro Pro His Asn Ile Asn Asn Asn Asn
 385 390 395 400
 Ser Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ile Val Ser Val Glu Gly Lys Pro
 405 410 415

ES 2 498 371 T3

Ile Asn His Asn Thr Pro Asn Ile Leu Asn Asp Gly Asn Tyr Thr Asn
 420 425 430

His Leu Asn His Ser Asn Tyr Ile Tyr Asn Asn Glu Lys Glu Glu Asn
 435 440 445

Glu Lys Arg Asn Phe Asn Tyr Tyr Asp Thr Cys Lys Asn Ile Trp Asn
 450 455 460

Tyr Gln Ile Cys Lys Asp Asp Asn Asn Leu Leu Asn Asn Asn Glu Lys
 465 470 475 480

Thr Phe Phe Phe Phe Ser Asn Val Asn Asn Asn Lys Met Val Glu Cys
 485 490 495

Asn Asn Met Asn Asn Ile Phe Asn Asp Ile His Lys Lys Glu Asn Thr
 500 505 510

Ile Thr Leu Asn Asn Asn Ser Asn Asn Val Ile Asn Ile Lys Lys Asn
 515 520 525

Ile Ile Asp Asp Ala Asp Ile Ser Lys Val Thr Asn Val His Ile Tyr
 530 535 540

Lys Asp Asp His Leu Lys Asn Thr Pro Ile Asn Asn Lys Lys Lys Glu
 545 550 555 560

Thr Arg Leu Ser Gln Gly Lys Lys Asn Thr Tyr Leu Lys Val Asn Phe
 565 570 575

Phe Asn Asn Lys Asn Lys Asp Asn Asn Tyr Asn Asn Asn Ile Ile Val
 580 585 590

Asp Thr Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Val Ile Lys Asn Asp His
 595 600 605

Asn Lys Ile Asn Asn Asn Asn Leu Ile Phe Gln Asn Ser Arg Phe Met
 610 615 620

Asp His Thr Gly Ala Cys Asp Thr Ile Lys Ser Gly Asp Thr Thr Lys
 625 630 635 640

Ser Gly Asp His Ile Lys Ser Gly Asp His Ile Lys Ser Gly Asp Thr
 645 650 655

Ile Lys Asn Val Glu Asn Phe Val Asn Tyr Thr Asn Ser Asn Asn Ile

ES 2 498 371 T3

	660					665					670				
Ser	Asn	Ile	Asn	Ile	Ser	Ile	Asn	Cys	Asn	Asn	Tyr	Glu	Lys	Tyr	Ile
		675					680					685			
Asn	Asn	Met	Ser	Phe	Ile	Asn	Asn	Lys	Glu	Ser	Ser	Asn	Ile	Asn	Lys
		690				695					700				
Asp	Asp	Val	Tyr	Asn	Gly	Asn	Met	Asp	Asn	His	Asn	His	His	Val	Asn
705					710					715					720
Asn	Asn	Asn	Thr	Leu	Cys	Asn	Thr	Ser	Leu	Ser	Asp	Leu	Cys	Ser	Asn
				725					730					735	
Asn	Ser	Ser	Glu	Ser	Lys	Lys	Gln	Glu	Ala	Val	Cys	Leu	Asn	Lys	Asn
			740					745					750		
Asp	Thr	His	Asp	Ile	Ile	Lys	Asn	Val	Ser	Asn	Asn	Met	Lys	Arg	Phe
		755					760					765			
Ser	Leu	Tyr	Met	Asn	Pro	Ile	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn
	770					775						780			
Asn	Asn	Asp	Asp	Thr	Ser	Asn	Asn	Val	Gln	Phe	Ile	Asn	Asn	Tyr	Thr
785					790					795					800
Asn	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Tyr	Asp	Glu	Lys	Lys	Asp	Glu	Glu	Gln	His	Asn
				805					810					815	
Pro	Tyr	Asp	Asn	Lys	Asn	Asn	Lys	Ile	Lys	Gly	Phe	Arg	Asn	Ile	Asn
			820					825					830		
Ile	Arg	Ile	Ile	Lys	Lys	Glu	Asp	Glu	Gln	Glu	His	Thr	Asn	Glu	Lys
		835					840						845		
Asn	Asn	Thr	Ile	Phe	Asn	Lys	Asn	Val	Asn	Glu	Ile	Met	Tyr	Ser	Lys
	850					855					860				
Glu	Ile	Thr	Asn	Met	Asn	Asn	Ile	Asn	Arg	Ser	Ser	Asp	Glu	Tyr	Ile
865					870					875					880
Thr	Asn	Asn	Asn	Met	Asp	Asn	Asp	Asn	Asn	Ile	Met	Asn	Asn	Thr	Leu
				885					890					895	
Tyr	Pro	Trp	Lys	Glu	Asn	Lys	Phe	Lys	Asn	Val	Asp	Met	Leu	Asn	Ile
			900					905					910		

ES 2 498 371 T3

Tyr Lys Ile Asn Lys Asp Asp Tyr Leu His Thr Asp Ile Val Lys Asn
 915 920 925
 Ile Asp Cys Val Ile Ser Pro Tyr Lys Asp Pro Asn Ile Ile Met Asp
 930 935 940
 Arg Ile Asn Asp Asp Asn Asn Ile Asn Met Asp Asn Leu Leu Phe Thr
 945 950 955 960
 Tyr Asn Glu Gln Met Asn Asn His His Asn Asn Lys Lys Trp Asn Val
 965 970 975
 Phe Asn Asn Ser Ile Ile Leu Glu Lys Asn Glu Lys Ile Thr Asn Ser
 980 985 990
 Lys Lys Lys Asn Asn Tyr Lys Ile His Gln Arg Gln Asn Ile Asn Lys
 995 1000 1005
 Asn Val Ser Asp Asn Asn Glu Asn Ile Asn Asn Lys Asn Val Ile
 1010 1015 1020
 Ser Lys Asp Lys Phe Lys Ile Ile Asn Ser Tyr Ile Asp Tyr Lys
 1025 1030 1035
 Leu Asn Tyr His Lys Asn Asn Lys Tyr Ser Tyr Asn Asn Met Glu
 1040 1045 1050
 His Asn Ile Lys Asn Val Asn Glu Gln Ser Ser Ile Asn Asn Asn
 1055 1060 1065
 Asn Asn Asn Asn Asn Asn Ile Leu Tyr Thr Thr Thr Lys Asp Leu
 1070 1075 1080
 Arg Asn Asn Ile His Thr Ile Asn Phe Asn Asp Thr Lys Asn Ile
 1085 1090 1095
 Ile Asn Ser Asp Asp Tyr Phe Val Asp His Asn Tyr Asn Tyr Asn
 1100 1105 1110
 Tyr Asn Tyr Asn Tyr Asn Tyr Asn Tyr Asn Tyr Ala Tyr Asp Asn
 1115 1120 1125
 Ile Glu Leu Ser Asn Lys Asn Met Lys Asp Val Ile Asn Leu Tyr
 1130 1135 1140

ES 2 498 371 T3

Thr Tyr Val Val Asn Lys Lys Asn Glu Lys Asn Ile Tyr Thr Ser
 1145 1150 1155

Thr Asn Asn Ile Ile Cys Asn Asp Glu Tyr Ile Lys Lys Glu Asp
 1160 1165 1170

Cys Gly Asp Cys Gln Met Val Glu Ser Thr Gln Met Phe Asp Glu
 1175 1180 1185

Glu Ile Asn Cys Ser Pro Glu Asn Lys Ser Asn Asn Asn Asn Asn
 1190 1195 1200

Ile Asn Ser Asn Asn Ile Asn Ile Asn Ser Ser Ser Ser Ser Ser Asn
 1205 1210 1215

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Tyr Tyr Tyr Asn Asp Tyr His Asp
 1220 1225 1230

Asp Asp Asn Asn Asn Asn Ile Met Asn His Ser Tyr Tyr Asn His
 1235 1240 1245

Ile Asn Asp Ser Tyr Tyr Tyr Gln Phe Asn Asp Leu His Ser Lys
 1250 1255 1260

Glu Asn Gln Gln Lys Tyr Thr Tyr Asn Ile Asn Asn Leu Ile His
 1265 1270 1275

Asn Met Lys Leu Leu Asn Thr Glu Tyr Glu Ser Pro Leu Asn Ser
 1280 1285 1290

Glu Gln Glu Lys Thr Ile Leu Lys Asn Ile Ala Val Asp Arg Asn
 1295 1300 1305

Asn Asn Ile Asn Ile Asn Asn Ile Thr Leu Pro Thr Leu Gln Asp
 1310 1315 1320

Asn Gln Met Asn Asn Tyr Lys Lys Tyr Thr Asn Asp Leu Gly Ser
 1325 1330 1335

Val Ser Glu Gly Tyr Thr Ser Thr Tyr Asn Asp Thr Leu Lys Met
 1340 1345 1350

His Ser Glu Thr Phe Met Asp Ser Gln Asn Gly Met Tyr Ile Leu
 1355 1360 1365

ES 2 498 371 T3

Pro Gln Tyr Val Thr Arg Glu Cys Ile Asn Ser Pro Tyr Asp Ser
 1370 1375 1380

Ser Leu Phe Thr Asp Glu Asn Arg Glu Glu Lys Lys Asp Asn Lys
 1385 1390 1395

Glu Arg Glu Ile Ile Gly Asn Met Leu Tyr Asp Glu His Ile Cys
 1400 1405 1410

Met Asp Asp Glu Asp Leu Phe Gly Arg Ser His Leu Phe Asn Ile
 1415 1420 1425

Phe Asn Asn Glu Glu Glu Ile Asp Ile Asn Gln Lys Asp Asn Tyr
 1430 1435 1440

Tyr Asp Arg Asp Asp His Asn Asp Tyr His Arg Asp Asp His Asn
 1445 1450 1455

Asp Tyr Asp Arg Asp Asp His Asn Asp Tyr Asp Arg Asp Asp His
 1460 1465 1470

Asn Asn Tyr His Arg Asp Asp His Asn Asn His His Arg Asp Asp
 1475 1480 1485

Asn Asn Asn His His Arg Asp Asp His Asn Asn His His Arg Asp
 1490 1495 1500

Asp Asn Asn Asn His His Gly Asp Asp Val Ile Tyr Glu Glu Thr
 1505 1510 1515

Lys Lys Thr Asp Asn Ile Glu Ile Pro Leu Lys Asp Asn Asp Ile
 1520 1525 1530

Met Ile Asn Asn Ser Tyr Asn Asp Ser Leu Ile Asn Tyr Asn Lys
 1535 1540 1545

Tyr Phe Val Lys Glu His Glu Tyr Asn Asn Ile Asn Asn Asn Asn
 1550 1555 1560

Lys Ile Glu Glu Asn Leu Lys Ile Lys Asn Ser Tyr Asp Thr Ser
 1565 1570 1575

Ser Lys Gln Asn Tyr Lys Glu Asn Asn Met Phe His Asp Val Asp
 1580 1585 1590

Asn Phe Thr Ser Leu Leu Leu His Ile Asn Asn Tyr Asn Glu Lys

ES 2 498 371 T3

1595

1600

1605

Asp Phe Met Asn Phe Lys Asn Glu Asp Tyr Thr Leu Asn Lys Glu
1610 1615 1620

Ile Tyr Phe Asn Glu Cys Lys Tyr Val Lys Glu Ile Lys Asn Ile
1625 1630 1635

Asp Gln Asp Asn Thr Lys Glu Leu Gly Ile Val Leu Gln Asn Asp
1640 1645 1650

Asp Gln Ile Ser Glu Ser Asp Met Arg Thr Lys Lys Met Ile Tyr
1655 1660 1665

Ser Ile Phe Ile Lys Glu Glu Glu Thr Lys Lys Asn Lys Asn Leu
1670 1675 1680

Glu Asn Ile Cys Tyr Thr Asn Glu Gln Glu Lys Tyr Asn Asn Leu
1685 1690 1695

Ser Ile Ile Asn Gln Lys Gln Asn Ile Thr Met Asp Ile Ile Lys
1700 1705 1710

Asn Val Asp Glu Leu Ser Phe Asp Asn Met Glu Gln Met Asn Ile
1715 1720 1725

Lys Ile Asn Asp Asn Gln Met Tyr Asn Glu Gln Val Met Asp Asn
1730 1735 1740

Met Glu Asp Arg Ile Glu Lys Ile Asn Ile Leu Thr Asn Asp Asn
1745 1750 1755

Ile Gln Asn Gly Ile His Asn Asn Asn Asn Ile Ile Glu Glu
1760 1765 1770

Lys Gln Ser Leu Lys Asp Asn Asn
1775 1780

<210> 25

<211> 188

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

5

<400> 25

Met Asp Gly Pro Leu Ala Ile Ile Ser Met Asp Lys Ser Leu Phe Phe
1 5 10 15

ES 2 498 371 T3

Lys Ser Leu Lys Asn Asn Asn Met Leu Glu Ser Thr Gly Ile Asn Glu
20 25 30

Glu Asn Tyr Leu Asn Ala Leu Thr Asp Asp Thr Met Asn Glu Thr Val
35 40 45

Phe Leu Asp Tyr Val Lys Gly Lys Met Met Asp Val Tyr Lys Glu Thr
50 55 60

Asn Met Asn Arg Tyr Asn Val Ile Asn His Ile Tyr Leu Thr Ser Lys
65 70 75 80

Val Trp Asp Thr Tyr Asn Tyr Leu Thr Pro Thr Leu Lys Val Lys Arg
85 90 95

Phe Arg Val Phe Lys Asp Tyr Ser Phe Phe Ile Asp Glu Val Lys Lys
100 105 110

Ile Tyr Glu Asn Lys Leu Lys Lys Ser Thr Ile Cys Asn Lys Ala Ile
115 120 125

Leu Ile Asn Arg Asn Lys Asn Val Glu Met Lys Lys Gly Leu Asn Asp
130 135 140

Lys Asn Glu Thr Ser Glu Lys Lys Val Glu Glu Asn Ile Lys Asn Arg
145 150 155 160

Lys Cys Gln Asn Glu Val Lys Glu Tyr Ser Lys Lys Asp Thr Arg Leu
165 170 175

Asn Val His Asn Val Lys Glu Leu Glu Arg Asn Lys
180 185

<210> 26

<211> 96

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

<400> 26

Met Asn Lys Thr Gln Lys Lys Arg Gly Lys His Asp Ala Leu Thr Tyr
1 5 10 15

Met Tyr Cys Val Tyr Tyr Asp Asn Tyr Glu Ser Leu Cys Thr Ser Gln
20 25 30

Ile Ser Ile Phe Cys Asn Leu Arg Arg Asn Val Phe Ser Asn Phe Asn

5

ES 2 498 371 T3

35

40

45

Arg Asn Asp Leu Ile Asp Gln Asn Ile Val Tyr Leu Asn Val Cys Asn
50 55 60

Asn Glu Thr Tyr Tyr Asn Lys Ala His Glu Glu Asn Asp Lys Val Lys
65 70 75 80

Gly Tyr Ile Tyr Glu Glu Gly Leu His Asp Asn Met Phe Phe Ser Phe
85 90 95

<210> 27

<211> 1464

<212> PRT

<213> Plasmodium falciparum

<400> 27

Met Glu Leu Ile Lys Asp Asp Ile Lys Lys Lys His Lys Lys Lys
1 5 10 15

Met Gly Arg Arg Tyr Ser Tyr Asn Asp Asn Ile Glu Glu Leu Lys Lys
20 25 30

Leu Lys Lys Ile Leu Leu Asn Leu Asp Val Leu Ile Asp Val Ser Lys
35 40 45

Ile Val Ile Gln Lys Asn Glu Asn Phe Asp Met Glu Leu Leu Asn Asn
50 55 60

Val Asn Asp Arg Phe Val Glu Lys Ile Tyr Tyr Leu Leu Lys Asp Lys
65 70 75 80

Lys Lys Asn Met Leu Pro Glu Glu Glu Leu Val Glu Phe Ile Phe Leu
85 90 95

Leu Leu Lys Glu Arg Asn Glu Tyr Asn Asn Leu Glu Lys Lys Lys Lys
100 105 110

Asn Ile Tyr Ile Asn Val Gln Lys Asn Leu Thr Asn Cys Pro Ile Lys
115 120 125

Asn Glu Val Thr Thr Leu Ile Gln Lys Ile Asn Lys Phe Tyr Tyr Tyr
130 135 140

Phe Lys Glu Phe Leu Leu Lys Glu Lys Tyr Asn Thr Lys Asp Asp Ala
145 150 155 160

5

10

ES 2 498 371 T3

Asn Lys Lys Tyr His His Asn Lys Glu Asp Thr Asn Asn Tyr Asn Asn
 165 170 175

Ile Pro Glu Asn Tyr Lys Asn Gln Ser Lys His Asn His Asp Tyr Leu
 180 185 190

Asn Tyr His Lys Asp Asn Ile Ile Asn Ile Asp Ile Asn Asp Leu Gly
 195 200 205

Tyr Asn Asn Asn Asp Asn Asn Lys Glu Ser Val Phe Tyr Asn Lys Glu
 210 215 220

Ile Ile Lys Asn Asn Lys Gln Arg Asn His Phe Gln Gly Lys Glu Lys
 225 230 235 240

Lys Asn Thr Lys Asp Glu Val Ala Thr Thr Ile His Asn Ile Leu Ser
 245 250 255

Cys Lys Asp Ile Ser Ser Asn Gln Phe Asn Asn Tyr Asn Asn Thr Leu
 260 265 270

Gln Thr Ser Asp Tyr Asn Lys Asp Phe Leu Tyr Lys Asp Val Leu Met
 275 280 285

Asp Ile Met Ser Thr Asp Ser Glu Lys Asn Met Thr Ser Gln Lys Ser
 290 295 300

Ile Thr Ser Glu Lys Asn Met Thr Cys Glu Lys Asn Met Thr Cys Glu
 305 310 315 320

Lys Asn Ile Thr Cys Glu Lys Asn Ile Thr Cys Glu Lys Asn Ile Thr
 325 330 335

Cys Glu Lys Asn Ile Thr Cys Glu Lys Asn Ile Thr Cys Glu Lys Asn
 340 345 350

Ile Thr Cys Glu Lys Asn Ile Thr Cys Glu Lys Asn Ile Thr Cys Glu
 355 360 365

Lys Asn Ile Thr Cys Asp Lys Asn Ile Ile Ile Ser Lys Arg Lys Asp
 370 375 380

Asn Gln Gln Thr Phe Cys Glu Asp Lys Ile Ser Val Ser Ser Asp Asp
 385 390 395 400

ES 2 498 371 T3

Ile Glu Pro Leu Ile Ser Ser Tyr Ser Glu Tyr Ile Met Arg Asp Glu
 405 410 415

Pro Thr Tyr Ile Pro Asp Lys Lys Leu Leu Ser Glu Glu Glu Asn Lys
 420 425 430

Lys Leu Glu Lys Glu His Cys His Met Lys Asn Asn Ile Lys His Asn
 435 440 445

Asp Ile Ala His Val Thr Asn Asn Asp Ser Ile Asn Asn Tyr Leu Tyr
 450 455 460

Asn Lys Tyr Tyr Ile Asn Glu Asp Asn Lys Ile Met Gln Asn Asp Ser
 465 470 475 480

Asn Leu Asn His Asn Lys Asn Glu Asp Ile Lys Lys Val Asp Ile Glu
 485 490 495

Asn Thr His Met Ile Asn Gly Tyr Asp Pro Asn Glu Asp Ile Leu Trp
 500 505 510

Asn Asn Asn Lys Thr Ile Ser Ser Glu Lys Leu Cys Val Pro Arg Thr
 515 520 525

Lys Asp Asn Glu Ile Leu Lys Asn Lys Glu Leu Asn Asn Tyr Leu Gly
 530 535 540

Glu Ala Tyr Asn Asp Cys Ile Asn Glu Glu Thr Tyr Lys Asn Met Lys
 545 550 555 560

Leu Glu Asn Cys Asp Glu Lys Lys Lys Lys Thr Asn Phe Gln Asn Val
 565 570 575

Asn Ser Asn Phe Lys Glu Gln His Leu Leu Phe Cys Asn Asn Leu Gln
 580 585 590

Glu Gln Met Lys Tyr Arg Ser Asp Lys Asn Leu Lys Tyr Asp Glu Lys
 595 600 605

Leu Tyr Asn Asn Asn Ile Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn
 610 615 620

Asn Asn Asn Thr Asn Asp Asp Ile Lys Ile Val Lys Pro Asn Asn Gln
 625 630 635 640

His His Ile His Asn Asn Leu Leu His Tyr Ile Asn Asn Lys His Asn

ES 2 498 371 T3

645

650

655

Leu Leu Asn Ser Ile Thr Leu Ser Asn Ser Leu Pro Gln Lys Asn Asp
660 665 670

Tyr Gln Ile Asn Asn Phe Ile His Lys Asn Asp Thr Asn Glu Phe Lys
675 680 685

Asn Leu Thr Ile Asn Asn Phe Gln Lys Lys Glu Lys Glu Leu Tyr Thr
690 695 700

Leu Asn His Met Asn Thr Ile Lys Ser Asn Ile Asn Asn Ile His Met
705 710 715 720

Lys Asp Ser Gly Asp Thr Glu Val Thr His Asn Asn Gln Ser Phe Phe
725 730 735

Phe Asn Thr Asn Gln Ile Glu Asn Glu Lys Lys Lys Lys Asn Asn Asn
740 745 750

Asn Asn Ile Lys Thr His Ile Ala Asn Phe Asn Ile Ile His Lys Asn
755 760 765

Asn Leu Asn Glu Ser Gly Lys Asn Met Glu His Tyr Ile Ala Ser Gln
770 775 780

Glu Glu Asn Ile Leu Phe Glu Asn Lys Asn Asn Asp Met Glu Glu Leu
785 790 795 800

Tyr Arg Glu His Ser Arg Glu Leu Leu Glu Glu Asn Ile Ile Asn Lys
805 810 815

Ile Gly Asn Asn Thr Lys Lys Lys Lys Glu Tyr Asp Glu Cys Thr Met
820 825 830

Ser Thr Cys Ile Asp Asn Val Val Tyr Asn Ser His Asp Asn Ile Asn
835 840 845

Gly Glu Lys Lys Asp Glu Asn Asn Met Glu Tyr Phe Ile Lys Ser Glu
850 855 860

Asp Glu Ser Leu Lys Asp Phe Asp Met Leu Leu Tyr Asn Asn Arg Lys
865 870 875 880

Glu Asn Ser Glu Arg Glu Glu Asp Lys Ser Ile Glu Asn Ile Lys Met
885 890 895

ES 2 498 371 T3

Leu Gly Thr Glu Ser Phe Tyr Glu Asp Glu Asn Asn Asp Glu Asp Ile
 900 905 910

Lys Gln Phe Asp Glu Asn Leu Thr Tyr Glu Gln Arg Lys Ile Asn Asp
 915 920 925

Asp Asn Tyr Gly Asp Met His Tyr Ile Asp Val Glu Asp Asp Asp Tyr
 930 935 940

Glu Asn Val Arg Asn Lys Asn Glu Asp Ser Ser Asn Ile Tyr Asp Asp
 945 950 955 960

Glu Glu Ile Tyr Asn Gln Lys Glu Glu His Asp Gly Lys Lys Ile Phe
 965 970 975

Leu Asn Arg Ile Glu Asn Asn Ala Ile Asn Asn Leu Tyr Lys Thr Tyr
 980 985 990

Glu Met Ile Gln Gly Asp Asn Asp Asp Met Asp Asp Asn Tyr Tyr Leu
 995 1000 1005

Tyr Asp Glu Asn Glu Lys Gly Ala Thr Lys Asn Ile Leu Cys Glu
 1010 1015 1020

Phe Asn Lys Lys Gly Lys Lys Gly Ile Val Asn Lys Phe Asn Arg
 1025 1030 1035

Asp Met Leu Gln Lys Ile Glu Lys Asn Tyr Asp Asn Asn Asp Ile
 1040 1045 1050

Asn Asn Asp Asn Asn Asn Asn Asp Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn
 1055 1060 1065

Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn
 1070 1075 1080

Asn Gln Lys Lys Phe Met Asn Thr Arg Asn Asp Asn Tyr Ile Asn
 1085 1090 1095

Asn Asn Ile Tyr Leu Asn Lys Ala Asn Pro Asn Ile Phe Asn Glu
 1100 1105 1110

Asn Thr Thr Asn Tyr Asn Gln Lys Glu Asn Ser Phe Asn Gln Ser
 1115 1120 1125

ES 2 498 371 T3

Asp Phe Leu Leu Leu Lys Lys Lys Glu Gln Gly Asn Ser Arg Leu
 1130 1135 1140
 Lys Lys Trp Leu Cys Lys Ile Asn Ala Arg Glu Lys Glu Lys Glu
 1145 1150 1155
 Lys Lys Leu Gln Gln Lys Lys Asn Glu Ser Tyr Asp Arg Glu Leu
 1160 1165 1170
 Lys Asn Cys Thr Phe His Pro Thr Leu Asn Asn Asn Arg Ile Lys
 1175 1180 1185
 Arg Glu Gly Thr Ile Lys Glu Met Asn Asp Thr Tyr Asp Asp Asp
 1190 1195 1200
 Asp Asn Lys Asn Leu Ser Glu Asn Tyr Asp Cys Tyr Asn Lys Tyr
 1205 1210 1215
 Val Asn Asp Thr Tyr Tyr Gly Asp Asn Asn Lys Asp Cys Tyr Asn
 1220 1225 1230
 Phe Asp Gln Glu Lys Ile Tyr Asp Phe Asn Asn Asn Ser Tyr Tyr
 1235 1240 1245
 Lys Asn Asn Glu Gln Asn His Ser Phe His His Phe Asn Ile Asp
 1250 1255 1260
 Lys Lys Arg Asn Asp Asn Thr Asn Met Lys Lys Lys Met Asn Arg
 1265 1270 1275
 Asn Lys Ile Leu Tyr Leu Lys Gly Leu Lys Ser Lys Glu Leu Leu
 1280 1285 1290
 Leu Gln Lys Lys Ile Asp Tyr Gln Asn Glu Glu Glu Lys Lys Phe
 1295 1300 1305
 Lys Lys Glu Cys Ile Phe His Pro Thr Ile Lys Asp Asn Val Lys
 1310 1315 1320
 Ile Phe Leu Ser Asp Leu Pro Asn Gly Tyr Asn Lys Thr Val Asp
 1325 1330 1335
 Arg Ile Lys Arg Gly Val Glu Glu Lys Lys Arg Ile Asn Asn Phe
 1340 1345 1350

ES 2 498 371 T3

Leu Gln Tyr Arg Ile Pro His Met Asn Asn Asn Gly Asn Ile Gln
 1355 1360 1365

Asn Glu Lys Lys Asn Glu Gly Lys Gln Asn Asn Lys Lys Lys Thr
 1370 1375 1380

Asn Asn Ile Pro Gln Pro Phe Ser Phe Asp Lys Gly Gln Tyr Lys
 1385 1390 1395

Val Lys Ile Lys Pro Val Phe Phe Glu Arg Lys Ile Lys Ile Ser
 1400 1405 1410

Glu Asn Lys Ile Ala Cys Leu Ala Val Arg Glu Asp Glu Asp Pro
 1415 1420 1425

Leu Tyr Ile Val Asp Ile Phe Cys Lys Ile His Ala Leu Lys Asn
 1430 1435 1440

Glu Asn Lys Gln Ile Leu Tyr Asp Tyr Ile Leu Asp Glu Leu Lys
 1445 1450 1455

Gln Glu Ser Phe Glu Lys
 1460

REIVINDICACIONES

1. Un polipéptido aislado que comprende:
 - a) el polipéptido definido como SEC ID N°: 1;
 - 5 b) un fragmento del polipéptido de 1(a) que es un epítoto de péptido que se une a una molécula de anticuerpo, un linfocito B o molécula de HLA e induce una respuesta inmunitaria a SEC ID N°: 1;
 - o
 - c) una construcción multiepitópica que comprende el polipéptido 1(a) y al menos un epítoto expuesto en la Tabla 2, 3, 4, 5 ó 6; y/o uno o más polipéptidos seleccionados del grupo que consiste en SEC ID N°: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 y 27.
- 10 2. El epítoto de polipéptido según la reivindicación 1(b), en el que el epítoto de péptido es un epítoto de polipéptido que induce CTL.
3. El epítoto de polipéptido según la reivindicación 1(b), en el que el epítoto de péptido es un epítoto de péptido que induce HTL.
- 15 4. Una secuencia de polinucleótidos aislada y/o purificada que codifica un polipéptido como se define en la reivindicación 1.
5. El polinucleótido aislado según la reivindicación 4, que comprende además una marca.
6. El polinucleótido aislado según la reivindicación 5, en el que dicha marca es una 1) marca radiactiva, 2) marca enzimática, 3) marca quimioluminiscente, 4) marca fluorescente, o 5) marca magnética.
- 20 7. Una secuencia de polinucleótidos aislada según la reivindicación 5 o la reivindicación 6, que comprende además secuencias reguladoras.
8. La secuencia de polinucleótidos aislada según la reivindicación 7, en la que dichas secuencias reguladoras son promotores, elementos potenciadores o secuencias de terminación que están operativamente ligadas a dicho polinucleótido.
- 25 9. Una composición que comprende un vehículo farmacéuticamente aceptable y un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3.
10. La composición según la reivindicación 9, en la que dicho vehículo es un adyuvante.
11. Una composición que comprende un vehículo farmacéuticamente aceptable y un polinucleótido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 8.
12. Un anticuerpo aislado, o fragmento del mismo, que se unen específicamente al polipéptido de SEC ID N°: 1.
- 30 13. Un vector que comprende un promotor operativamente ligado a una secuencia de polinucleótidos según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 8.
14. El vector según la reivindicación 13, en el que dicho vector contiene uno o más orígenes de replicación.
15. El vector según la reivindicación 14, en el que dicho vector contiene uno o más marcadores de selección.
16. El vector según la reivindicación 13, en el que dicho vector contiene uno o más marcadores de selección.
- 35 17. El vector según la reivindicación 13, en el que dicho vector es un vector de vacuna o un vector viral.
18. Una célula huésped transformada por un vector según cualquiera de las reivindicaciones 13 a 17.
19. Un chip de ADN que comprende secuencias de polinucleótidos según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 8.
20. Uso de un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en la fabricación de un medicamento para tratar o prevenir enfermedades infecciosas producidas por *P. falciparum* en un paciente.
- 40 21. Uso de un polinucleótido como se define en cualquier de las reivindicaciones 4 a 8, en la fabricación de un medicamento para tratar o prevenir enfermedades infecciosas producidas por *P. falciparum* en un paciente.
- 45 22. Un procedimiento *in vitro* de detección de un antígeno de *P. falciparum* que comprende poner en contacto una muestra biológica aislada obtenida de un individuo con un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, y detectar la formación de un complejo de anticuerpo-antígeno o detectar la estimulación de linfocitos T obtenidos del individuo.

ES 2 498 371 T3

23. Un procedimiento *in vitro* de detección de *P. falciparum* en muestras biológicas que comprende poner en contacto una muestra biológica aislada con el polinucleótido de cualquier de las reivindicaciones 4 a 8 y detectar la hibridación de dichos polinucleótidos aislados con ácidos nucleicos contenidos en dicha muestra.

5 24. Un polipéptido de variante que tiene el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o el 99 % de identidad de secuencias con un polipéptido de la reivindicación 1 (a) y la misma reactividad serológica o reactividad de linfocitos T que el polipéptido definido como SEC ID N°: 1, para su uso como un medicamento.