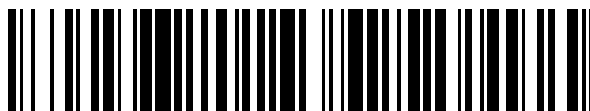


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 589 784**

51 Int. Cl.:

C12N 9/36

(2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **04.05.2011** **PCT/NL2011/050307**

87 Fecha y número de publicación internacional: **08.11.2012** **WO12150858**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **04.05.2011** **E 11720345 (5)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **08.06.2016** **EP 2705144**

54 Título: **Polipéptido**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la
traducción de la patente:
16.11.2016

73 Titular/es:

MICREOS HUMAN HEALTH B.V. (100.0%)
Bankplein 2
2585 EV Den Haag, NL

72 Inventor/es:

LOESSNER, MARTIN JOHANNES y
EICHENSEHER, FRITZ

74 Agente/Representante:

TOMAS GIL, Tesifonte Enrique

ES 2 589 784 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

Polipéptido

5 Campo de la invención

[0001] La invención se refiere a un polipéptido, una molécula de ácido nucleico correspondiente, un constructo y/o un vector y/o una célula que comprende tal molécula de ácido nucleico y/o una composición que comprende dicho polipéptido, molécula de ácido nucleico, constructo, vector y/o célula. La invención se refiere además a tal polipéptido, molécula de ácido nucleico correspondiente, constructo y/o vector y/o célula que comprende tal molécula de ácido nucleico y/o composición para uso médico, preferiblemente para su uso en el tratamiento de una enfermedad infecciosa. Además, la invención se refiere al uso de dicho polipéptido, molécula de ácido nucleico, constructo, vector, célula y/o composición como un antimicrobiano, preferiblemente como un aditivo alimenticio o desinfectante, o para detectar bacterias, preferiblemente en una aplicación de diagnóstico.

15 Antecedentes de la invención

[0002] *Staphylococcus aureus* es un patógeno humano importante frecuentemente implicado en diferentes enfermedades infecciosas graves e intoxicaciones alimentarias. Su tratamiento se vuelve cada vez más difícil debido a que emergen cepas resistentes al antibiótico. Endolisinas de los fagos que infectan *Staphylococcus aureus* han demostrado que controlan potencialmente estos patógenos y se pueden usar para su detección específica. En la mayoría de los casos, los principales obstáculos en la aplicación de endolisinas dirigidas a las especies de *Staphylococcus* son baja actividad enzimática, producción difícil en grandes cantidades y/o estabilidad de la proteína.

[0003] Hay siempre necesidad de nuevos antimicrobianos con características mejoradas en, por ejemplo, la actividad y/o la estabilidad antimicrobiana.

Descripción de la invención

[0004] Se menciona aquí la recién caracterizada Ply2638, la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a. La enzima y diferentes derivados diseñados fueron expresados de forma soluble en *E. coli* y mostraron estabilidad sorprendente después de la liofilización como se probó por su actividad lítica después de la reconstitución. Además de un dominio de enlace a la pared celular que enlaza la pared celular de los géneros de *Staphylococcus*, se demostró que dos dominios funcionales, es decir un dominio de endopeptidasa M23 y un dominio de amidasa, son cruciales para actividad lítica óptima.

[0005] Se demostró que la retroadaptación de la enzima con dominios catalíticos y/o duplicación del dominio de enlace a la pared celular procedente de endolisina de *S. aureus* Φ11, endolisina Φ Twort y lisostafina resultó en un producto de fusión de polipéptido heterólogo con una actividad lítica mejorada y/o un pH desplazado óptimo y/o una estabilidad aumentada después de liofilización y reconstitución.

[0006] Las formas de realización de la invención se presentan en las reivindicaciones del presente documento.

Molécula de ácido nucleico

[0007] En un primer aspecto, se proporciona una molécula de ácido nucleico que comprende una primera secuencia de nucleótidos, donde dicha secuencia de nucleótidos tiene al menos 85% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 12, donde dicha primera secuencia de nucleótidos codifica un dominio de enlace a la pared celular que une la pared celular de peptidoglicano de los géneros de *Staphylococcus*, y donde dicha molécula de ácido nucleico comprende además una secuencia de nucleótidos heteróloga que codifica un dominio lítico que muestra actividad de hidrolasa de peptidoglicano.

[0008] Se describe una molécula de ácido nucleico que comprende o consistente en una primera secuencia de nucleótidos, dicha secuencia de nucleótidos tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con la SEC ID n.º: 12 (se hace referencia a la tabla 1 para una visión de conjunto de todos los números de SEC ID usados aquí). Preferiblemente, dicha primera secuencia de nucleótidos tiene una longitud de al menos 282, 285, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360 o 370 nucleótidos, más preferiblemente, al menos 381 nucleótidos y/o una longitud de como mucho 510, 480, 450, 420 o 390 nucleótidos. Preferiblemente, dicha molécula de ácido nucleico tiene una longitud de al menos 282, 285, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370 nucleótidos, más preferiblemente al menos 381 nucleótidos y/o una longitud de como mucho 4500, 4200, 3900 y/o 3600 nucleótidos. Preferiblemente, dicha molécula de ácido nucleico tiene una longitud de al menos 1200, 1230, 1260, 1290, 1320, 1350, 1380, 1410, 1440, 1470, 1500, 1530 o 1560 nucleótidos y/o una longitud de como mucho 4500, 4200, 3900 y/o 3600 nucleótidos. También se prefiere una molécula de ácido nucleico según la invención con una longitud de al menos 1890, 1920, 1950, 1980, 2010, 2040, 2070, 2100, 2130 o 2160 nucleótidos y/o una longitud de como mucho 4500, 4200, 3900 y/o 3600 nucleótidos. Dicha primera secuencia de nucleótidos codifica un dominio de enlace a la pared celular que se enlaza a la pared celular del peptidoglicano del género *Staphylococcus*. Preferiblemente, dicha primera secuencia de nucleótidos se origina de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a.

[0009] Como se estimó a partir de los alineamientos con la estructura cristalina de los 92 residuos C-terminales de ALE-1 (Lu *et al.*, J. Biol. Chem., 2006, 281(1):549-58), se estimó que un mínimo de 94 aminoácidos del dominio de enlace a la pared celular procedente de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a pueden ser suficientes para dirigir la enzima a la pared celular de los géneros de *Staphylococcus*.

[0010] La unión de un dominio a la pared celular del peptidoglicano de los géneros de *Staphylococcus* se puede evaluar utilizando ensayos bien conocidos por el experto. En una forma de realización preferida, una técnica inmunohistoquímica y/o una técnica de fusión de gen que dan como resultado constructos marcados se usan para evaluar enlace específico de péptidos, polipéptidos o proteínas a la pared celular del peptidoglicano de los géneros de *Staphylococcus*. Métodos de cuantificación de señales usados en las técnicas inmunohistoquímica o de fusión anteriormente mencionadas se conocen bien en la técnica.

[0011] En una forma de realización, la unión a la pared celular de peptidoglicano de *Staphylococcus* se puede cuantificar utilizando un constructo de fusión fluorescente que comprende un polipéptido que comprende un dominio codificado por una primera secuencia de nucleótidos. Tal ensayo de unión a la pared celular es descrita en detalle por Loessner *et al* (Molecular Microbiology 2002, 44(2): 335-349) y en el ejemplo 1. En este ensayo, una solución que comprende dicho constructo de fusión fluorescente o un control negativo, preferiblemente proteína verde fluorescente (GFP), se somete a células de *Staphylococcus*, preferiblemente células de *S. aureus*, más preferiblemente *S. aureus* BB255 durante un período de tiempo indicado donde después las células se sedimenten por centrifugación junto con los constructos de fusión fluorescente ligados. La señal fluorescente de las células de *Staphylococcus* expuestas a un constructo de fusión fluorescente sustraído por señal de fluorescencia de las células de *Staphylococcus* expuestas a un control negativo, preferiblemente GFP, es una medida para la unión celular como se entiende en esta divulgación.

[0012] Preferiblemente, en el contexto de la invención, una molécula de ácido nucleico se dirá que codifica un dominio de polipéptido que enlaza la pared celular del peptidoglicano de los géneros de *Staphylococcus* cuando se usa este ensayo, un aumento en la señal fluorescente de las células sedimentadas sobre el control negativo tal y como se define aquí es detectado. La unión se dice preferiblemente que es específica. Preferiblemente, la invención se refiere a una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido o un dominio que muestra unión tal y como se define aquí de al menos 50, 60, 70, 80, 90 o 100, 150 o 200% de unión a la pared celular del peptidoglicano de la endolisina (Ply2638) del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por la SEC ID n.º: 1.

[0013] En una forma de realización, la invención se refiere a una molécula de ácido nucleico que tiene al menos 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% identidad de secuencia con la SEC ID n.º: 1, que codifica para la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638.

[0014] La molécula de ácido nucleico comprende además de dicha primera secuencia de nucleótidos, una secuencia de nucleótidos heteróloga que codifica un dominio lítico que muestra actividad de hidrolasa de peptidoglicano tal y como se define más adelante aquí. Dicha molécula de ácido nucleico comprende secuencias de nucleótidos heterólogas que se definen aquí como un "constructo retroadaptado".

[0015] Como se utiliza en este caso, el término "secuencia heteróloga" o "ácido nucleico heterólogo" es aquél que no se encuentra naturalmente enlazado de forma operativa como secuencia vecina de dicha primera secuencia de nucleótidos. Como se utiliza en este caso, el término "heterólogo" puede significar "recombinante". "Recombinante" se refiere a una entidad genética diferente de la que se encuentra generalmente en la naturaleza. Como se aplica a una secuencia de nucleótidos o molécula de ácido nucleico, esto significa que dicha secuencia de nucleótidos o molécula de ácido nucleico es el producto de varias combinaciones de pasos de clonación, de restricción y/o de ligamiento, y otros procedimientos que dan como resultado la producción de un constructo que es diferente de una secuencia o molécula que se encuentra en la naturaleza.

[0016] Una "actividad de hidrolasa de peptidoglicano" aquí también definida como una "actividad lítica", se puede evaluar por métodos bien conocidos por el experto. En una forma de realización, la actividad lítica se puede evaluar espectrofotométricamente midiendo la caída de la turbidez de las suspensiones celulares de sustrato. Preferiblemente, la actividad lítica se puede evaluar espectrofotométricamente midiendo la caída de la turbidez de una suspensión de *S. aureus*, donde la turbidez se cuantifica midiendo OD595 espectrofotométricamente (Libra S22, Biochrom). Más preferiblemente, 200 nM de un polipéptido codificado por una molécula de ácido nucleico como se identifica aquí se incuba junto con una suspensión de *S. aureus* que tiene una OD600 inicial de $1 \pm 0,05$, según evaluado espectrofotométricamente (Libra S22, Biochrom), en tampón de PBS pH 7,4, 120 mM de cloruro sódico durante 30 min a 37°C. La caída en la turbidez se calcula por la sustracción del OD595 después de 30 min de incubación a partir del OD595 antes de 30 min de incubación. En el contexto de la invención, una molécula de ácido nucleico se dirá que comprende una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un dominio lítico cuando al usar este ensayo una caída en la turbidez de al menos 10, 20, 30, 40, 50 o 60% es detectada. Preferiblemente, una caída de al menos 70% es detectada. Preferiblemente, la invención se refiere a una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido que muestra una actividad lítica de al menos 50, 60, 70, 80, 90, 100, 150 o 200% o más de una actividad lítica de la endolisina (Ply2638) del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º: 1.

[0017] Una molécula de ácido nucleico de la invención no consiste en SEC ID n.º:1. SEC ID n.º: 1 codifica para la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638.

[0018] La molécula de ácido nucleico que comprende dicha primera secuencia de nucleótidos como se identifica aquí comprende además como un dominio lítico una segunda y tercera secuencia de nucleótidos, donde dicha segunda secuencia codifica un dominio de endopeptidasa y la tercera secuencia de nucleótidos codifica un dominio de amidasa. Se describe una molécula de ácido nucleico que comprende dicha primera secuencia de nucleótidos, donde dicha molécula de ácido nucleico tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con la SEC ID n.º: 1, o donde dicha molécula de ácido nucleico comprende además una secuencia de nucleótidos heteróloga que codifica un dominio lítico.

[0019] Un dominio de endopeptidasa como se utiliza en este caso preferiblemente escinde los puentes cruzados de pentaglicina (Trayer, H. R. and Buckley, C. E. (1970) Molecular properties of lysostaphin, a bacteriolytic agent specific for *Staphylococcus aureus*. J. Biol. Chem. 245, 4842-4846) que se encuentran en la pared celular de los géneros de *Staphylococcus*, preferiblemente en la pared celular de *S. aureus*, *S. Simulans* y *S. carnosus*. Un dominio de amidasa, como se utiliza en este caso, preferiblemente hidroliza sustratos que contienen gamma-glutamil. La funcionalidad y la actividad de estos dominios en un polipéptido se pueden confirmar caracterizando los productos de escisión tras incubación de dichos polipéptidos que contienen cualquiera de estos dominios con peptidoglicano purificado. Preferiblemente, cada una de las secuencias de nucleótidos que codifican el segundo o tercer dominio es de origen bacteriano o bacteriófago. En una forma de realización preferida, dichas segunda y tercera secuencia de nucleótidos se originan a partir de un gen que codifica para una enzima seleccionada del grupo que consiste en la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a, la endolisina Φ11 del bacteriófago de *S. aureus*, la endolisina ΦTwort del bacteriófago de *S. aureus* y la lisostafina de *S. Simulans*. Preferiblemente, dicha segunda secuencia de nucleótidos tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 14 o 15 y dicha tercera secuencia de nucleótidos tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 16 o 17.

[0020] La invención abarca todos los constructos tal y como se define aquí que contienen los dominios funcionales como se refiere en la invención en cualquier ubicación posible en el constructo. En una forma de realización preferida, una molécula de ácido nucleico tal y como se define aquí codifica para un polipéptido con un dominio C-terminal codificado por una primera secuencia de ácidos nucleicos como se identifica aquí, que se muestra aquí para codificar para polipéptidos funcionales capaces de dirigir para los géneros de *Staphylococcus*. Incluso se prefiere aún más una molécula de ácido nucleico tal y como se define aquí que comprende una molécula de ácido nucleico que tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 9. SEC ID n.º: 9 comprende una primera secuencia de nucleótidos que codifica un dominio de enlace a la pared celular homólogo C-terminal SH3b (ambos dominios de Ply2638 codificado por SEC ID n.º: 1: Leu138 - Lys486), una segunda secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que incluye un dominio homólogo de glicil-glicina endopeptidasa M23 N-terminal (lisostafina madura codificada por SEC ID n.º: 33: Ala1 - Gly154) y una tercera secuencia de nucleótidos que codifica un dominio homólogo central de amidasa-2. Tiene un tamaño teórico de 58,266 kDa. Un polipéptido codificado por SEC ID n.º: 9 difiere de la endolisina del bacteriófago Φ2638a de *S. aureus* en que el dominio de endopeptidasa N-terminal M23 se sustituye por un dominio de endopeptidasa M23 de lisostafina de *S. Simulans*. Se mostró que un polipéptido codificado por SEC ID n.º: 9 demostró al menos 20% de actividad lítica aumentada en comparación con endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a mientras que la actividad lítica se mantiene después de la liofilización y la reconstitución. En una forma de realización preferida, una molécula de ácido nucleico que comprende dichas primera, segunda y tercera secuencias de nucleótidos codifica para un polipéptido que exhibe una actividad lítica de al menos 0,7, 0,8, 0,9, 1,0, 1,1, 1,2, 1,3, 1,4, 1,5, 1,6, 1,7, 1,8, 1,9 o 2 veces en comparación con una actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º:1. En una forma de realización preferida, una molécula de ácido nucleico que comprende dichas primera, segunda y tercera secuencias de nucleótidos codifica para un polipéptido que muestra una reducción en la actividad lítica de como mucho 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10% después de la liofilización y la reconstitución tal y como se define aquí en comparación con el polipéptido recién preparado, donde "recién preparado" se define preferiblemente aquí como a lo máximo 2 días de almacenamiento en 1,63 mg/mL en el tampón de liofilización (50mM Tris, 500mM sacarosa, 200mM manitol, 0,05% polisorbato 20 + 50% glicerol) a -20 °C y descongelado inmediatamente antes de evaluar la actividad lítica en un ensayo según se identifica aquí.

[0021] Liofilización y reconstitución se define aquí como la deshidratación por secado por congelación y reconstitución posterior de la muestra añadiendo agua. En una forma de realización, la liofilización y reconstitución se puede hacer dializando frente a 3 cambios de 300 ml de tampón de liofilización (50 mM fosfato o Tris, 500 mM sacarosa, 200 mM manitol, pH 7,4) de parte alícuota y congelación en la fase gaseosa de nitrógeno líquido. La liofilización puede hacerse bajo condiciones estándar, preferiblemente a -40°C y vacío a 75 mTorr durante 60 minutos, seguido de temperatura en aumento durante 5 horas a -10°C y otros 60 minutos a -10°C en los mismos niveles de vacío. Como paso final, la temperatura se aumenta preferiblemente a 25°C durante 10 horas. Se reconstituyen muestras añadiendo agua.

[0022] En otra forma de realización preferida, una molécula de ácido nucleico tal y como se define aquí comprende además de las identificadas anteriormente primera, segunda y tercera secuencias de nucleótidos al menos una primera, segunda y/o tercera secuencia de nucleótidos idéntica duplicada o heteróloga. Preferiblemente, una molécula de ácido

nucleico tal y como se define aquí comprende además de dicha primera, segunda y tercera secuencias de nucleótidos, una primera secuencia de nucleótidos duplicada idéntica. Se mostró que la duplicación de la primera secuencia de nucleótidos tal y como se define aquí que codifica un dominio de enlace a la pared celular produce un polipéptido preferiblemente como codificado por SEC ID n.º: 20 que expone al menos 5, 10, 20, 30, 20 o 40% de actividad lítica aumentada en comparación con una actividad lítica de un polipéptido de referencia codificado por una molécula de ácido nucleico carente de tal primer dominio duplicado o en comparación con una actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º:1 como se evalúa en un ensayo según se identifica aquí, más específicamente usando cantidad equimolar de un polipéptido y un tampón de PBS modificado conteniendo 200, 300, 400 o 1000nM de NaCl. Esta forma de realización también abarca una molécula de ácido nucleico heteróloga donde dicha primera, segunda y tercera secuencias de nucleótidos se originan a partir de la misma fuente siendo el bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a, dicha molécula de ácido nucleico comprende una secuencia que tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º:1 y una primera, segunda y/o tercera secuencia de nucleótidos idéntica duplicada adicional o heteróloga. También se prefiere una molécula de ácido nucleico tal y como se define aquí que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 6 y 20.

[0023] En otra forma de realización preferida, una molécula de ácido nucleico tal y como se define aquí comprende una cuarta secuencia de nucleótidos que codifica un dominio CHAP (cisteína, amidohidrolasas/peptidasas dependientes de histidina). Más preferiblemente, dichas cuartas secuencias de nucleótidos se originan a partir de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ11 o el bacteriófago de *S. aureus* ΦTwort. Aún más preferiblemente, dicha cuarta secuencia de nucleótidos tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 18 o SEC ID n.º: 19. Preferiblemente, una molécula de ácido nucleico tal y como se define aquí comprende una secuencia de nucleótidos que tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 5 o 7. Se mostró que una molécula que comprende dicha primera, segunda, tercera y cuarta secuencias de nucleótidos tal y como se define por SEC ID n.º: 5 codifica para un polipéptido que muestra una actividad lítica aumentada y/o un pH óptimo preferiblemente disminuido, desplazado en comparación con un polipéptido codificado por un constructo carente de dicho cuarto dominio y/o en comparación con la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º: 1. La actividad lítica fue evaluada espectrofotométricamente y bajo las condiciones que se han definido en la presente anteriormente. Preferiblemente, dicho polipéptido muestra un aumento en una actividad lítica de al menos 0,7, 0,8, 0,9, 1,0, 1,1, 1,2, 1,3, 1,4, 1,5, 1,6, 1,7, 1,8, 1,9 o 2 veces en comparación con una actividad lítica de un polipéptido codificado por un polipéptido de referencia que difiere de dicho polipéptido solo en la carencia de dicho cuarto dominio o en comparación con una actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º: 1. Aún más preferiblemente, dicho polipéptido muestra un aumento en una actividad lítica de al menos 2,5 veces en comparación con el polipéptido de referencia definido o un polipéptido codificado por SEC ID n.º: 1.

[0024] Un pH óptimo disminuido o desplazado es definido aquí como un cambio o reducción en la actividad lítica óptima a un valor de pH inferior, donde la fuerza iónica se mantiene constante. La actividad lítica se evalúa preferiblemente espectrofotométricamente tal y como se define aquí. Preferiblemente, el pH óptimo de una actividad lítica es disminuido 0,5 - 1 pH unidad según se compara con una actividad lítica de un polipéptido codificado por un polipéptido de referencia que difiere de dicho polipéptido solo en que carece de dicho cuarto dominio o según se compara con una actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID NO:1.

[0025] La invención preferiblemente se refiere a una molécula de ácido nucleico que comprende una primera, segunda, tercera y opcionalmente cuarta secuencias de nucleótidos según se identifica aquí que codifica un polipéptido que tiene la misma actividad lítica y/o el mismo pH óptimo o que tiene una actividad lítica aumentada y/o un pH óptimo disminuido en comparación con una actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º: 1. Lo mismo se identifica aquí como diferencia no detectable cuando se usa el ensayo según se identifica aquí o un método bien conocido por el experto. La invención actual también se refiere a una molécula de ácido nucleico que comprende una primera, segunda y cuarta secuencia de nucleótidos según se identifica aquí que codifica un polipéptido que tiene la misma actividad lítica y/o el mismo pH óptimo o que tiene una actividad lítica aumentada y/o un pH óptimo disminuido en comparación con una actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º: 1. La invención actual también se refiere a una molécula de ácido nucleico que comprende una primera, tercera y cuarta secuencia de nucleótidos según se identifica aquí que codifica un polipéptido que tiene la misma actividad lítica y/o el mismo pH óptimo o que tiene una actividad lítica aumentada y/o un pH óptimo disminuido en comparación con una actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º: 1. Cada una de las secuencias de nucleótidos identificadas aquí, es decir primera, segunda, tercera, cuarta secuencias de nucleótidos, que codifican el dominio individual de un polipéptido definido aquí se pueden ensamblar por cualquier método habitual conocido para la construcción y el ensamblaje de fragmentos de ácido nucleico que son bien conocidos por los expertos en la técnica y ampliamente descritos en la bibliografía (Sambrook, Maniatis *et al.* (1989)) y parte experimental ilustrada de la divulgación. En una forma de realización preferida, una primera, segunda, tercera y/o cuarta secuencias de nucleótidos están operativamente enlazadas entre sí.

[0026] Por consiguiente, una molécula de ácido nucleico de la invención codifica un polipéptido, preferiblemente un polipéptido como se identifica aquí que es capaz de enlazar géneros de *Staphylococcus* vía el dominio de enlace a la

pared celular codificado por una primera secuencia de nucleótidos tal y como se define aquí y/o lisar dichas bacterias vía un dominio de endopeptidasa y/o amidasa y opcionalmente un dominio CHAP codificado por una segunda, tercera y cuarta secuencia de nucleótidos, respectivamente, tal y como se define aquí.

[0027] En una forma de realización preferida, una molécula de ácido nucleico de la invención tal y como se define aquí opcionalmente comprende una secuencia que codifica de una etiqueta para facilitar la purificación. Preferiblemente, dicha etiqueta se selecciona de, pero no está limitada a, el grupo que consiste en una etiqueta FLAG, etiqueta poly(His), etiqueta HA y etiqueta Myc. Más preferiblemente dicha marca es una etiqueta 6xHis. Aún más preferiblemente, dicha etiqueta es una etiqueta 6xHis N-terminal idéntica a SEC ID n.º: 43.

Polipéptido

[0028] En otro aspecto, se proporciona un polipéptido codificado por una molécula de ácido nucleico según la invención. Este polipéptido comprende un dominio de enlace a la pared celular y un dominio de endopeptidasa y/o un dominio de amidasa tal y como se define en la sección precedente.

[0029] Un dominio de polipéptido abarcado por la invención actual preferiblemente tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41 y/o 42. Preferiblemente, un dominio de polipéptido abarcado por la invención actual preferiblemente comprende uno o varios enlaces putativos y tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57 y/o 58.

[0030] Un polipéptido abarcado por la invención actual preferiblemente tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 21, 25, 26, 27, 29 y/o 32. Más preferiblemente, un polipéptido abarcado por la invención actual preferiblemente tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 25, 26, 27, 29 y/o 32 con SEC ID n.º: 25, 26, 27, 29 y/o 32.

[0031] En una forma de realización de la presente invención, un polipéptido preferiblemente tiene al menos 80% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 21, 25, 26, 27, 29, 32, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41 y/o 42 codificado por un constructo de ácidos nucleicos con al menos 80% de identidad con la SEC ID n.º: 1, 5, 6, 7, 9, 20, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 y/o 19, respectivamente. Más preferiblemente, un polipéptido de la presente invención tiene al menos 80% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 25, 26, 27, 29, 32, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41 y/o 42 codificado por un constructo de ácidos nucleicos con al menos 80% de identidad con SEC ID n.º: 5, 6, 7, 9, 20, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 y/o 19, respectivamente.

[0032] Un polipéptido según la invención tienen una longitud de al menos 94, 95, 96, 100, 110 o 120 aminoácidos, preferiblemente 127 aminoácidos y/o como mucho 1500, 1400, 1300 o 1200 aminoácidos. Preferiblemente, dicho polipéptido tiene una longitud de al menos 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510 o 520 aminoácidos y/o como mucho 1500, 1400, 1300 o 1200 aminoácidos. También se prefiere un polipéptido según la invención con una longitud de al menos 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710 o 720 aminoácidos y/o como mucho 1500, 1400, 1300 o 1200 aminoácidos.

[0033] Una secuencia de aminoácidos o de nucleótidos, abarcada por la presente invención, se puede derivar de una de las secuencias como se identifican aquí por sustitución, inserción, borrado o adición de uno, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 12, 14, 16, 18, 20 o más nucleótidos o aminoácidos, respectivamente. Una secuencia de aminoácidos, abarcada por la presente invención, se puede derivar a partir de una de las secuencias según se identifica aquí añadiendo un aminoácido adicional N- o C-terminal o fracciones químicas para aumentar la estabilidad, la solubilidad y la actividad.

[0034] Una forma de realización de la invención abarca un polipéptido variante. Un polipéptido variante puede ser una forma que no se produzca de forma natural del polipéptido. Una variante polipeptídica puede diferir en alguna forma diseñada del polipéptido aislado de su fuente nativa. Una variante se puede hacer por mutagénesis dirigida al sitio empezando a partir de la secuencia de nucleótidos de SEC ID n.º: 1, 5, 6, 7, 9, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 y/o 20. Preferiblemente, una variante polipeptídica contiene mutaciones que no alteran la función biológica del polipéptido codificado. Según una forma de realización preferida, una variante polipeptídica muestra unión a la pared celular y/o una actividad lítica del peptidoglicano de *Staphylococcus* que es igual o mejorada en comparación con la unión a la pared celular del peptidoglicano de *Staphylococcus* y/o actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID NO:1. Una variante polipeptídica de la invención es preferiblemente una variante de SEC ID n.º: 21, 25, 26, 27, 29, 32, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41 y/o 42. Una variante polipeptídica con igual o mejorada unión a la pared celular y/o actividad lítica del peptidoglicano de *Staphylococcus* es un polipéptido que muestra una unión a la pared celular y/o actividad lítica del peptidoglicano de *Staphylococcus aureus*, que es igual o aumentada en comparación con la unión a la pared celular del peptidoglicano de *Staphylococcus* y/o la actividad lítica de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID NO:1 medido en un ensayo como se ha identificado aquí anteriormente.

[0035] Según otra forma de realización preferida, una secuencia de nucleótidos de la invención es una variante de las secuencias de nucleótidos de SEC ID n.º: 1, 5, 6, 7, 9, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 y/o 20. Variantes de las secuencias

de nucleótidos se pueden utilizar para la preparación de una variante polipeptídica tal y como se ha definido anteriormente. Una variante de ácido nucleico puede ser un fragmento de cualquiera de las secuencias de nucleótidos tal y como se ha definido anteriormente. Una variante de ácido nucleico también puede ser una secuencia de nucleótidos que difiera de la SEC ID n.º: 1, 5, 6, 7, 9, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 y/o 20 en virtud de la degeneración del código genético. Una variante de ácido nucleico también puede ser una variante alélica de SEC ID n.º: 1, 5, 6, 7, 9, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 y/o 20. Una variante alélica denota cualquiera de dos o más formas alternativas de un gen que ocupa lo mismo locus cromosómico. Una variante de ácido nucleico preferida es una secuencia de nucleótidos, que contiene mutación(es) silenciosa(s). Alternativamente o en combinación, una variante de ácido nucleico también se puede obtener por introducción de sustituciones de nucleótidos, que no den lugar a otra secuencia de aminoácidos del polipéptido codificado por la secuencia de nucleótidos, pero que corresponda al uso de codón del organismo huésped destinado a la producción del polipéptido de la invención. Según una forma de realización preferida, una variante de ácido nucleico codifica un polipéptido que todavía muestra su función biológica. Más preferiblemente, una variante de secuencia de nucleótidos codifica un polipéptido que muestra unión a la pared celular del peptidoglicano de *Staphylococcus* y/o una actividad lítica. Aún más preferiblemente, una variante de ácido nucleico codifica un polipéptido con unión a la pared celular del peptidoglicano de *Staphylococcus* mejorado y/o actividad lítica tal y como se ha definido anteriormente. Ácidos nucleicos que codifican un polipéptido que muestra unión a la pared celular del peptidoglicano de *Staphylococcus* y/o actividad lítica se pueden aislar de cualquier microorganismo.

[0036] Todas estas variantes se pueden obtener utilizando técnicas conocidas por la persona experta, tal como selección de biblioteca por hibridación (procedimientos de transferencia de Southern) bajo condiciones de hibridación de bajas a medias a altas para la secuencia de nucleótidos con SEC ID n.º: 1, 5, 6, 7, 9, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 y/o 20 o un variante de la misma que se puede usar para diseñar una sonda. De bajas a medias a altas condiciones de astringencia se refiere a prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0,3% SDS, 200pg/ml ADN de esperma de salmón cortado y desnaturalizado, y bien 25%, 35% o 50% de formamida para baja a media a alta astringencias respectivamente. Posteriormente, la reacción de hibridación es lavada tres veces durante 30 minutos cada una usando 2XSSC, 0,2% SDS y bien 55°C, 65 °C o 75°C para baja a media a alta astringencias.

[0037] La información de secuencia como se proporciona aquí debería no ser interpretada tan estrictamente en cuanto a necesidad de inclusión de bases erróneamente identificadas. La persona experta es capaz de identificar tales bases erróneamente identificadas y sabe cómo corregir este tipo de errores.

Construtto de ácidos nucleicos

[0038] En otro aspecto, se proporciona un constructo de ácidos nucleicos que comprende una molécula de ácido nucleico según la invención. Este constructo de ácidos nucleicos comprende una primera secuencia de ácidos nucleicos que codifica un polipéptido que comprende un dominio de enlace a la pared celular y comprende además una segunda o tercera y opcionalmente cuarta secuencia de ácidos nucleicos tal y como se define en la sección precedente.

[0039] La invención también se refiere a un vector de expresión que comprende un constructo de ácidos nucleicos de la invención. Preferiblemente, un vector de expresión comprende una secuencia de nucleótidos de la invención, que está operativamente enlazado a una o varias secuencias de control, que dirigen la producción o la expresión del polipéptido codificado en una célula, un sujeto, o un sistema de expresión libre de células.

[0040] Un vector de expresión se puede ver como un vector de expresión recombinante. Este vector puede estar constituido por un plásmido, un cósmido, un bacteriófago o un virus que se transforma por la introducción de una molécula de ácido nucleico según la invención. Tales vectores de transformación según el organismo huésped que se va a transformar son bien conocidos por los expertos en la técnica y se han descrito ampliamente en la bibliografía.

[0041] Otro sujeto de la invención es un proceso para la transformación de organismos huésped, por la integración de al menos una molécula de ácido nucleico de la invención, esta transformación se puede realizar por cualquier medio conocido adecuado descrito ampliamente en la bibliografía especialista y en particular en las referencias citadas en la presente solicitud, más particularmente por el vector según la invención.

Célula

[0042] En otro aspecto, la presente invención se refiere a una célula, que comprende un constructo de ácidos nucleicos o un vector de expresión de la invención tal y como se define aquí. Una célula puede ser cualquier célula microbiana, procariótica o eucariota que sea adecuada para la expresión del polipéptido de la invención. En una forma de realización preferida, dicha célula es una *E. coli*. En una forma de realización aún más preferida, dicha célula es una *E. coli* CL1blue MRF.

Método

[0043] En otro aspecto, se proporciona un método para la producción, opcionalmente purificación y opcionalmente liofilización de un polipéptido según la invención. Dicho método incluye las etapas de:

1. i) producir dicho polipéptido en una célula según la invención que comprende un constructo de ácidos nucleicos tal y como se define en la sección precedente, opcionalmente
2. ii) purificar dicho polipéptido, y opcionalmente
3. iii) liofilizar dicho polipéptido purificado.

5

10

[0044] En una forma de realización preferida, un *E. coli* se usa en la etapa i) para producir un polipéptido utilizando tecnologías recombinantes. Más preferiblemente un *E. coli* XLblueMRF se usa en la etapa i) para producir un polipéptido utilizando tecnologías recombinantes. Preferiblemente, en la etapa ii), columnas de cromatografía IMAC y Econo-Pac (BioRad) empaquetadas con 5mL de microesferas de agarosa quelante de níquel de baja densidad (microesferas ABT) en combinación con flujo de gravedad se utilizan para purificar dichos polipéptidos (recombinantes etiquetados 6xHis). El polipéptido eluido se puede dializar durante 2, 4 y 12 horas frente a 3x11 tampón de liofilización, dicho tampón preferiblemente comprende 50 mM fosfato, 500mM sacarosa, 200mM manitol, 0,005% polisorbato 20, pH 7,4.

15

Método

20

[0045] En otro aspecto, la invención también se refiere a un método para la producción de un polipéptido con una actividad lítica mejorada por tratamiento de un polipéptido según la invención o según se obtiene por el método anteriormente descrito. Dicho tratamiento comprende la sustitución de un ión de metal bivalente para aumentar una actividad lítica en comparación con un polipéptido no tratado, preferiblemente dicho método incluye las etapas de:

1. i) dializar dicho polipéptido contra un tampón que comprende un compuesto quelante;
2. ii) dializar dicho polipéptido contra un tampón que contiene ión de metal bivalente, preferiblemente dicho ión de metal bivalente se selecciona del grupo que consiste en Mn^{2+} , Co^{2+} , Cu^{2+} y Zn^{2+} .

25

[0046] Un "compuesto quelante" se define aquí como un compuesto que enlaza un ión metálico. Compuestos quelantes bien conocidos son ácido etilendiaminatetraacético (EDTA) de ácido etilenglicoltetraacético (EGTA). Preferiblemente EDTA se usa en la etapa i) del método de la invención.

30

[0047] Preferiblemente, el ión de metal bivalente de la etapa ii) se selecciona del grupo que consiste en Mn^{2+} , Co^{2+} , Cu^{2+} , más preferiblemente, dicho ión de metal bivalente se selecciona del grupo que consiste en Mn^{2+} y Co^{2+} , aún más preferiblemente dicho ión de metal bivalente es Mn^{2+} .

35

[0048] Se mostró que la sustitución de un ión de metal bivalente por cualquiera de los anteriormente definidos dio como resultado un aumento de una actividad lítica de Ply2638 de 2 - 2,5 veces. La actividad lítica fue evaluada espectrofotométricamente tal y como se define aquí. Preferiblemente, dicho método lleva a un aumento en una actividad lítica de al menos 1,1, 1,2, 1,3, 1,4, 1,5, 1,6, 1,7, 1,8, 1,9 o 2 veces en comparación con un polipéptido no tratado. Aún más preferiblemente, el método lleva a un aumento en una actividad lítica de al menos 2,5 veces. Preferiblemente, el polipéptido tratado muestra un aumento de 0,7, 0,8, 0,9, 1,0, 1,1, 1,2, 1,3, 1,4, 1,5, 1,6, 1,7, 1,8, 1,9 a 2 veces en la actividad lítica en comparación con el polipéptido no tratado codificado por SEC ID n.º: 1.

40

Composición

45

[0049] En otro aspecto, se proporciona una composición que comprende una molécula de ácido nucleico o un constructo de ácidos nucleicos o un polipéptido o un vector o una célula según la invención. Preferiblemente, la composición muestra una actividad lítica tal y como se define aquí. Más preferiblemente, dicha composición es para su uso como un medicamento. Este medicamento es preferiblemente para tratar, prevenir y/o demorar una enfermedad infecciosa. La invención también se refiere a una composición farmacéutica o médica. Aún más preferiblemente, la invención se refiere a una composición farmacéutica o médica para el tratamiento de una enfermedad infecciosa. Preferiblemente, la invención se refiere a una composición farmacéutica o médica para el tratamiento de una enfermedad infecciosa provocada por una bacteria, preferiblemente una bacteria del género *Staphylococcus*, más preferiblemente una bacteria de las especies *S. aureus*. Preferiblemente, dicha enfermedad infecciosa es una infección de la piel, mastitis, neumonía, meningitis, endocarditis, síndrome de impacto tóxico (TSS), sepsis, septicemia, bacteriemia u osteomielitis. Preferiblemente, dicha infección de la piel se selecciona del grupo de granos, impétigo, diviesos, furúnculos, foliculitis celulitis, carbúnculos, síndrome de piel escalada y abscesos.

55

[0050] Una composición según la invención puede comprender una mezcla de diferentes moléculas de ácido nucleico, y/o constructos de ácidos nucleicos y/o polipéptidos y/o vectores y/o células según la invención.

60

[0051] Una composición según la invención puede comprender uno o varios ingredientes activos adicionales. Activo preferiblemente se define aquí como mostrando una actividad lítica tal y como se define aquí. Preferiblemente, dicho uno o más ingredientes activos adicionales son seleccionados del grupo que consiste en un bacteriófago o fago y antibiótico. Un fago abarcado aquí puede ser cualquier fago conocido en la bibliografía. Preferiblemente, un fago abarcado por la presente invención pertenece, pero no está limitado, a una familia de la lista que consiste en *Myoviridae*, *Siphoviridae* y *Podoviridae*. Un fago abarcado por la presente invención también puede pertenecer a una familia de la lista que consiste en *Tectiviridae*, *Corticoviridae*, *Lipothruxviridae*, *Plasmaviridae*, *Rudoviridae*, *Fuselloviridae*,

65

- Inoviridae*, *Microviridae*, *Leviviridae* y *Cystoviridae*. Más preferiblemente, dicho uno o más ingredientes activos comprenden y/o consisten en lisostafina, preferiblemente lisostafina de *S. Simulans* que tiene 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 34, más preferiblemente lisostafina de *S. Simulans* de SEC ID n.º: 34.). Aún más preferiblemente, dicho uno o más ingredientes activos comprenden y/o consisten en tanto uno o más bacteriófagos y lisostafinas diferentes, preferiblemente, uno o más fagos y lisostafinas diferentes de *S. Simulans* (SEC ID n.º: 34). En el contexto de esta invención, una combinación de ingredientes activos tal y como se define aquí se pueden administrar consecutivamente y/o simultáneamente.
- [0052] Una composición tal y como se define aquí puede comprender además un portador farmacéuticamente aceptable. Tal composición es preferiblemente para su uso como una medicina o como un medicamento. Preferiblemente el medicamento se usa en el tratamiento de enfermedades infecciosas. Una composición puede ser en forma líquida, sólida o semilíquida o semisólida.
- [0053] Una composición de la invención puede utilizarse para tratar animales, incluyendo seres humanos, infectados con *S. aureus*. Cualquier forma de administración adecuada puede utilizarse para administrar dicha composición incluyendo, pero no limitado a: oral aerosol u otro dispositivo para entrega a los pulmones, pulverización nasal, aplicación intravenosa, intramuscular, intraperitoneal, intratecal, vaginal, rectal, tópica, punción lumbar, intratecal y directa al cerebro y/o las meninges.
- [0054] Una composición que comprende una molécula de ácido nucleico o un constructo de ácidos nucleicos o un polipéptido o un vector o una célula según la invención se denomina preferiblemente activa, funcional o terapéuticamente activa o capaz de tratar, prevenir y/o retardar una enfermedad infecciosa cuando reduce la cantidad de un género de *Staphylococcus* presente en un paciente o en una célula de dicho paciente o en una línea celular o en un sistema *in vitro* libre de células y preferiblemente significa que 99%, 90%, 80%, 70%, 60%, 50%, 40%, 30%, 20%, 10%, 5% o menos de la cantidad inicial de un género de *Staphylococcus*, sigue siendo detectable. Preferiblemente ningún género de *Staphylococcus* es detectable. En este párrafo, la expresión "cantidad del género *Staphylococcus*" preferiblemente se refiere a géneros de *Staphylococcus* vivos. Géneros de *Staphylococcus* se pueden detectar utilizando técnicas estándar conocidas por el experto tales como técnicas inmunohistoquímicas utilizando anticuerpos específicos de *Staphylococcus*, pruebas de coagulasa en tubo que detectan estafilocagulasa o "coagulasa libre", detección de proteínas de superficie tales como factor de aglutinación (prueba de coagulasa en diapositiva) y/o proteína A (prueba de látex comercial). Géneros de *Staphylococcus* vivos se pueden detectar utilizando técnicas estándar conocidas por el experto tales como técnicas de cultivo bacteriano microbiológico y/o reacción en cadena de polimerasa de transcripción inversa cuantitativa en tiempo real para ensayo para ARNm bacteriano. Dicha reducción se evalúa preferiblemente en un tejido o en una célula de un individuo o un paciente por comparación con la cantidad presente en dicho individuo o paciente antes del tratamiento con dicha composición o polipéptido de la invención. Alternativamente, la comparación se puede hacer con un tejido o célula de dicho individuo o paciente que no se haya tratado aún con dicha composición o polipéptido en el caso de que el tratamiento sea local.
- [0055] Una composición que comprende una molécula de ácido nucleico o un constructo de ácidos nucleicos o un polipéptido o un vector o una célula según la invención se puede administrar a un paciente o de una célula, tejido u órgano o dicho paciente al menos una semana, un mes, seis meses, un año o más.
- [0056] En otra forma de realización, la invención se refiere a una composición no médica que muestra una unión y/o actividad lítica según la invención. Preferiblemente, tal composición se refiere a un antimicrobiano. Preferiblemente, tal composición se refiere a un antimicrobiano para el lisado de una bacteria, preferiblemente una bacteria del género *Staphylococcus*, más preferiblemente una bacteria de las especies *S. aureus*. Preferiblemente, tal composición se refiere a un antimicrobiano como conservante alimenticio o desinfectante.
- Uso
- [0057] En otro aspecto, la invención se refiere al uso de un polipéptido según la invención, una molécula de ácido nucleico según la invención, un constructo que comprende tal molécula de ácido nucleico, un vector que comprende tal constructo, una célula que comprende tal vector y/o una composición que comprende cualquiera de los anteriores, preferiblemente como antimicrobiano. Preferiblemente, el uso es como un antimicrobiano para el lisado de una bacteria, preferiblemente una bacteria del género *Staphylococcus*, más preferiblemente una bacteria de las especies *S. aureus*. Preferiblemente el uso se refiere a un antimicrobiano como conservante alimenticio o desinfectante. Posiblemente, tales conservantes alimenticios o desinfectantes se usan junto con otros agentes antimicrobianos. Preferiblemente, tales conservantes alimenticios o desinfectantes se usan en combinación con uno o más ingredientes activos adicionales tal y como se define aquí. Preferiblemente, dicho uno o más ingredientes activos adicionales son seleccionados del grupo que consiste en un bacteriófago o fago y antibiótico tal y como se define aquí.
- [0058] El polipéptido, molécula de ácido nucleico, constructo, vector, celular y/o composición según la invención se puede aplicar en o dentro de productos alimenticios, y/o en varios sitios físicos que se vayan a desinfectar, por un número de medios que incluyen, pero no están limitados a, adición de dicho polipéptido y/o células que contienen el polipéptido de la invención en los productos alimenticios, pulverización de dicho polipéptido y/o célula que contiene el polipéptido de la invención sobre los productos alimenticios o sitios físicos que se van a desinfectar.

[0059] Un polipéptido de la invención se puede aislar a partir de una célula o una célula que contiene dicho polipéptido de la invención puede ser directamente aplicada o administrada sin aislamiento de dicho polipéptido. Por ejemplo, una célula que produce un polipéptido de la invención podría ser administrada a un sujeto (humano o animal) o aplicada a una superficie donde el polipéptido de la invención sería segregado en el alimento, sobre una superficie o en el intestino del sujeto. El polipéptido de la invención puede luego enlazar y lisar una bacteria del género *Staphylococcus*, más preferiblemente una bacteria de las especies *S. aureus*, presentes en este entorno.

[0060] También abarcado está el uso de un polipéptido según la invención, una molécula de ácido nucleico que codifica tal polipéptido, un constructo que comprende tal molécula de ácido nucleico, un vector que comprende tal constructo, una célula que comprende tal vector y/o una composición que comprende cualquiera de los anteriores, para detectar las bacterias del género *Staphylococcus*, más preferiblemente una bacteria de las especies *S. aureus*. Preferiblemente, dicho polipéptido, molécula de ácido nucleico, constructo, vector, célula y/o composición se usa en una aplicación de diagnóstico. Posiblemente dicho polipéptido, molécula de ácido nucleico, un constructo, un vector, célula y/o una composición se usa junto con otros agentes de detección.

Definiciones

Identidad de secuencia

[0061] "Identidad de secuencia" se define aquí como una relación entre dos o más secuencias de aminoácidos (péptido, polipéptido o proteína) o dos o más secuencias de ácidos nucleicos (nucleótido, polinucleótido), según se determina por la comparación de las secuencias. En la técnica, "identidad" también se refiere al grado de relación de secuencia entre secuencias de aminoácidos o de nucleótidos, si es necesario, como se determina por la correspondencia entre cadenas de tales secuencias. "Similitud" entre dos secuencias de aminoácidos se determina por la comparación de la secuencia de aminoácidos y sus sustitutos de aminoácidos conservados de un péptido o polipéptido con la secuencia de un segundo péptido o polipéptido. En una forma de realización preferida, identidad o similitud se calcula sobre la SEC ID n.º entera como se identifica aquí. "Identidad" y "similitud" pueden ser fácilmente calculadas por métodos conocidos, incluyendo, pero no limitado a, los descritos en Computational Molecular Biology, Lesk, A. M., ed., Oxford University Press, New York, 1988; Biocomputing: Informatics and Genome Projects, Smith, D. W., ed., Academic Press, New York, 1993; Computer Analysis of Sequence Data, Part I, Griffin, A. M., and Griffin, H. G., eds., Humana Press, New Jersey, 1994; Sequence Analysis in Molecular Biology, von Heine, G., Academic Press, 1987; and Sequence Analysis Primer, Gribskov, M. and Devereux, J., eds., M Stockton Press, New York, 1991; and Carillo, H., and Lipman, D., SIAM J. Applied Math., 48:1073 (1988).

[0062] Los métodos preferidos para determinar la identidad están diseñados para dar la mayor correspondencia entre las secuencias evaluadas. Los métodos para determinar la identidad y la similitud se codifican en programas informáticos públicamente disponibles. Los métodos de programas informáticos preferidos para determinar la identidad y la similitud entre dos secuencias incluyen por ejemplo el paquete del programa GCG Devereux, J., *et al.*, Nucleic Acids Research 12 (1): 387 (1984)), BestFit, BLASTP, BLASTN y FASTA (Altschul, S. F. *et al.*, J. Mol. Biol. 215:403-410 (1990). El programa BLAST X está públicamente disponible de NCBI y otras fuentes (BLAST Manual, Altschul, S., *et al.*, NCBI NLM NIH Bethesda, MD 20894; Altschul, S., *et al.*, J. Mol. Biol. 215:403-410 (1990). El algoritmo de Smith Waterman bien conocido también se puede usar para determinar la identidad.

[0063] Los parámetros preferidos para la comparación de secuencias polipeptídicas incluyen el siguiente: Algoritmo: Needleman and Wunsch, J. Mol. Biol. 48:443-453 (1970); Matriz de comparación: BLOSSUM62 de Hentikoff and Hentikoff, Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 89:10915-10919 (1992); penalización de espacio: 12; y penalización por longitud de espacio: 4. Un programa útil con estos parámetros está públicamente disponible como el programa "Ogap" de Genetics Computer Group, situado en Madison, WI. Los parámetros anteriormente mencionados son los parámetros por defecto para las comparaciones de aminoácidos (junto con ninguna penalización por espacios finales).

[0064] Los parámetros preferidos para la comparación de ácidos nucleicos incluyen el siguiente: Algoritmo: Needleman and Wunsch, J. Mol. Biol. 48:443-453 (1970); matriz de comparación: coincidencia=+10, no coincidencia=0; penalización por espacio: 50; penalización por longitud del espacio: 3. Disponible como el programa GAP de Genetics Computer Group, situado en Madison, Wis. Anteriormente se han dado los parámetros por defecto para comparaciones de ácidos nucleicos.

[0065] Opcionalmente, al determinar el grado de similitud de los aminoácidos, la persona experta también puede tener en cuenta las denominadas sustituciones de aminoácidos "conservadoras", como será evidente para la persona experta. Las sustituciones de aminoácidos conservadoras se refieren a la intercambiabilidad de residuos que tienen cadenas laterales similares. Por ejemplo, un grupo de aminoácidos que tiene cadenas alifáticas laterales es glicina, alanina, valina, leucina e isoleucina; un grupo de aminoácidos que tiene cadenas laterales hidróxilo-alifáticas es serina y treonina; un grupo de aminoácidos que tiene cadenas laterales que contienen amida es asparagina y glutamina; un grupo de aminoácidos que tiene cadenas laterales aromáticas es fenilalanina, tirosina y triptófano; un grupo de aminoácidos que tiene cadenas laterales básicas es lisina, arginina e histidina; y un grupo de aminoácidos que tiene cadenas laterales que contienen azufre es cisteína y metionina. Los grupos de sustitución de aminoácidos

conservadores preferidos son: valina-leucina-isoleucina, fenilalanina-tirosina, lisina-arginina, alanina-valina y asparagina-glutamina. Variantes de sustitución de la secuencia de aminoácidos descritas aquí son aquellas donde al menos un residuo de las secuencias descritas se ha retirado y un residuo diferente se ha insertado en su posición. Preferiblemente, el cambio de aminoácido es conservador. Sustituciones conservadoras preferidas para cada uno de los aminoácidos de origen natural son de la siguiente manera: Ala a ser; Arg a lys; Asn a gln o his; Asp a glu; Cys a ser o ala; Gln a asn; Glu a asp; Gly a pro; His a asn o gln; Ile a leu o val; Leu a ile o val; Lys a arg; gln o glu; Met a leu o ile; Phe a met, leu o tyr; Ser a thr; Thr a ser; Trp a tyr; Tyr a trp o phe; y Val a ile o leu.

Construido de ácidos nucleicos, transformación, vector de expresión, operativamente enlazado, expresión, secuencias de control, polipéptido

Construido

[0066] Una molécula de ácido nucleico está representada por una secuencia de nucleótidos. Un polipéptido está representado por una secuencia de aminoácidos. Un constructo de ácidos nucleicos se define como una molécula de ácido nucleico que es aislada de un gen de origen natural o que se ha modificado para contener segmentos de ácidos nucleicos que son combinados o yuxtapuestos de modo que no existirían de otro modo en la naturaleza. Una molécula de ácido nucleico está representada por una secuencia de nucleótidos. Opcionalmente, una secuencia de nucleótidos presente en un constructo de ácidos nucleicos está operativamente enlazada a una o varias secuencias de control, que dirigen la producción o la expresión de dicho péptido o polipéptido en una célula o en un sujeto.

[0067] "Operativamente enlazado" se define aquí como una configuración donde una secuencia de control está apropiadamente colocada en una posición con respecto a la secuencia de nucleótidos que codifica para el polipéptido de la invención de manera que la secuencia de control dirija la producción/expresión del péptido o polipéptido de la invención en una célula y/o en un sujeto.

[0068] "Operativamente enlazado" también se puede usar para definir una configuración donde una secuencia esté apropiadamente colocada en una posición con respecto a otra secuencia codificante para un dominio funcional de manera que se codifique un polipéptido quimérico en una célula y/o en un sujeto. La expresión se entenderá que incluye cualquier paso implicado en la producción del péptido o polipéptido incluyendo, pero no limitado a, transcripción, modificación postranscripcional, traducción, modificación postraducciona y secreción.

[0069] La secuencia de control se define aquí incluyendo todos los componentes que son necesarias o ventajosos para la expresión de un polipéptido. Como mínimo, las secuencias de control incluyen un promotor y señales de parada transcripcionales y traduccionales. Opcionalmente, un promotor representado por una secuencia de nucleótidos presente en un constructo de ácidos nucleicos está operativamente enlazado a otra secuencia de nucleótidos que codifica un péptido o polipéptido como se identifica aquí.

[0070] El término "transformación" se refiere a un cambio genético permanente o transitorio inducido en una célula después de la incorporación de nuevo ADN (es decir ADN exógeno a la célula). Cuando la célula es una célula bacteriana, tal como se pretende en la presente invención, el término normalmente se refiere a un vector extracromosómico autorreplicante que alberga una resistencia a los antibióticos seleccionable.

[0071] Un vector de expresión puede ser cualquier vector que se puede someter convenientemente a procedimientos de ADN recombinante y pueden provocar la expresión de una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de la invención en una célula y/o en un sujeto. Como se utiliza en este caso, el término "promotor" se refiere a un fragmento de ácido nucleico que funciona para controlar la transcripción de uno o más genes o ácidos nucleicos, localizados aguas arriba con respecto a la dirección de transcripción del sitio de iniciación de transcripción del gen. Está relacionado con el sitio de unión identificado por la presencia de un sitio de unión para ARN-polimerasa dependiente del ADN, sitios de iniciación de transcripción, y cualquiera de las otras secuencias de ADN, incluyendo, pero no limitados a, sitios de unión al factor de transcripción, sitios de unión a proteínas represoras y activadoras, y cualquiera de las otras secuencias de nucleótidos conocidas por un experto en la técnica para actuar directa o indirectamente para regular la cantidad de transcripción del promotor. En el contexto de la invención, un promotor preferiblemente termina en el nucleótido -1 del sitio de inicio de la transcripción (TSS).

[0072] "Polipéptido", como se utiliza en este caso, se refiere cualquier péptido, oligopéptido, polipéptido, producto génico, producto de expresión o proteína. Un polipéptido está compuesto por aminoácidos consecutivos. El término "polipéptido" abarca moléculas de origen natural o sintético.

[0073] En este documento y en sus reivindicaciones, el verbo "comprender" y sus conjugaciones se usan en su sentido no limitativo para referirse a que los elementos que siguen al verbo están incluidos, pero los que no se mencionan específicamente no están excluidos. Además, el verbo "consistir" se puede sustituir por "consistir esencialmente en", lo que significa que un producto o composición o molécula de ácido nucleico o péptido o polipéptido de un constructo de ácido nucleico o vector o célula, tal y como se define aquí, puede comprender componente(s) adicionales a los identificados específicamente; dicho(s) componente(s) adicional(es) no alteran la característica única de la invención. Además, al referirse a un elemento por el artículo indefinido "un" o "una" no se excluye la posibilidad de que más de uno

de los elementos esté presente, a menos que el contexto especifique claramente que hay uno y solo uno de los elementos. El artículo indefinido "un" o "una" se refiere normalmente a "al menos uno".

[0074] Los ejemplos siguientes se ofrecen para uso ilustrativo solo, y no tienen intención de limitar el alcance de la presente invención de ninguna manera.

Descripción de las figuras

[0075]

Fig. 1: relación lineal de actividad de Ply2638 (SEC ID n.º: 21 codificada por SEC ID n.º: 44) frente a células de *S. aureus* SA2638/2854 en dependencia de concentración de endolisina. Los ensayos fueron realizados bajo condiciones estándar (tampón PBS pH 7,4, 120 mM de cloruro de sodio) en ensayos de lisis fotométrica. La actividad máxima fue determinada a partir del primer derivado de los ajustes de regresión a partir de curvas de lisis sigmoide, calculado con el software SigmaPlot. Las barras de error representan desviación típica calculada a partir de experimentos técnicos por triplicado.

Fig. 2: Influencia de cationes bivalentes en la actividad lítica de Ply2638 (SEC ID n.º: 21, codificado por SEC ID n.º: 44). La enzima fue tratada con EDTA, con la sustitución posterior de iones metálicos por diálisis contra el tampón MOPS que contenía MgCl₂, CaCl₂, ZnCl₂, CuCl₂, CoCl₂ o MnSO₄. Ply2638 dializado contra el tampón MOPS omitiendo tratamiento con EDTA sirvió como referencia. Las barras de error representan desviación típica, calculada a partir de experimentos técnicos por triplicado.

Fig. 3: actividad lítica de 50 nM Ply2638 (SEC ID n.º: 21, codificado por SEC ID n.º: 44) en las células de *S. aureus* SA2638/2854 después de liofilización y reconstitución. La actividad fue medida en un ensayo de reducción de turbidez bajo condiciones estándar. El tampón de liofilización fue tomado como un control. La enzima de dominio triple recupera actividad lítica completa después de secado por congelación.

Fig. 4: actividad lítica de 50 nM M23-LST_Ami2638_CBD2638 (SEC ID n.º: 29, codificado por SEC ID n.º: 48) en las células de *S. aureus* SA2638/2854 después de liofilización y reconstitución (indicadas como liofilizadas) en comparación con recién preparado M23-LST_Ami2638_CBD2638 (SEC ID n.º: 29, codificado por SEC ID n.º: 48) y Ply2638 (SEC ID n.º: 21, codificado por SEC ID n.º: 44). El tampón de liofilización fue tomado como un control. La actividad fue medida en un ensayo de reducción de turbidez bajo condiciones estándar. La enzima de dominio triple recupera la actividad lítica completa después de la liofilización.

Fig. 5: actividad relativa de lisostafina (LST; SEC ID n.º: 34, codificado por SEC ID n.º: 33) y derivados de Ply2638 (SEC ID n.º: 31, 30, 29, 21 y 24, codificado por SEC ID n.º: 11, 10, 48, 44 y 4, respectivamente) en dependencia de la concentración. La actividad de LST a 50 nM se estableció como referencia. Todos los ensayos se hicieron bajo condiciones estándar (37°C, pH 7,4 y 120 mM de concentración de cloruro sódico) usando células de sustrato de *S. aureus* SA2638/2854 a partir de cultivos congelados.

Fig. 6: actividades relativas en varios valores de pH (diagrama de la izquierda) y concentraciones de cloruro sódico (diagrama de la derecha) de variantes de Ply2638 truncadas y (con dominios PlyTw) retroadaptadas determinadas en los ensayos de reducción de turbidez. El truncamiento de la enzima por uno de los dos dominios catalíticos dio como resultado actividades dañadas. Duplicación del CBD (M23_Ami_SH3b_SH3b; SEC ID n.º: 32, codificado por SEC ID n.º: 49) acelera la lisis en valores de pH básicos y concentraciones de sal elevadas. La retroadaptación de Ply2638 con el dominio CHAP11 produjo una enzima que se presume que ataca tres enlaces diferentes en la capa de peptidoglicano de *Staphylococcus*. Desplazó el pH óptimo a condiciones ligeramente ácidas y actividad antibacteriana mejorada. Sin embargo, la estabilidad de la proteína de las enzimas quiméricas sigue siendo un reto. Velocidad de lisis máxima de Ply2638 en condiciones estándar (pH 7,4 y 120 mM de concentración de cloruro sódico) se estableció como referencia. Las barras representan medio de ensayos por triplicado, la desviación típica no se muestra. (CHAP_M23_Ami_SH3b = SEC ID n.º: 25, codificado por SEC ID n.º: 45; Ami_M23_Ami_SH3b = identidad de SEC n.º: 26, codificado por SEC ID N.º: 46; M23_Ami_SH3b_SH3b = identidad de SEC n.º: 32, codificado por identidad de SEC n.º: 49; M23_Ami_SH3b = identidad de SEC n.º: 21, codificado por identidad de SEC n.º: 44; Ami_SH3b = identidad de SEC n.º: 22, codificado por identidad de SEC n.º: 2; M23_SH3b = identidad de SEC n.º: 23, codificado por identidad de SEC n.º: 3).

Fig. 7.: actividad de 50 nM de enzimas de dominio cuádruple (SEC ID n.º: 27 y 28, codificado por SEC ID n.º: 47 y 8, respectivamente), Ply2638 (SEC ID n.º: 21, codificado por SEC ID n.º: 44) y lisostafina (SEC ID n.º: 34, codificado por SEC ID n.º: 33) contra usando células de sustrato de *S. aureus* SA2638/2854 bajo condiciones estándar. El tampón de liofilización fue tomado como un control. Las enzimas de dominio cuádruple fueron construidas por combinación de dominios de Ply2638, PlyTw, y lisostafina.

Ejemplos

Materiales y métodos

Cepas bacterianas, condiciones de cultivo, fagos y plásmidos

[0076] *E. coli* XL1BlueMRF y *E. coli* Sure se usaron para la sobreexpresión de proteínas de fusión etiquetadas 6x-His (SEC ID n.º: 43). Ambas cepas fueron cultivadas en medio LB-PE a 30°C con 100 µg/ml de ampicilina y 30 µg/ml de tetraciclina para selección de plásmido. El lisato del fago 2638a se usó como modelo para la amplificación del gen Ply2638a o regiones de codificación de dominio del mismo. Dominio CHAPT_{Tw} (SEC ID n.º: 19) fue amplificado de lisato del fago Twort. El dominio (CHAP) de amidasa/peptidasa dependiente de cisteína/histidina y el dominio de amidasa de fago 11 (SEC ID n.º 18 y 17, respectivamente; Donovan, *et al.*, 2006 and 2008; Navarre *et al.*, 1999; Sass and Bierbaum 2007) fueron amplificados a partir de un vector pet21a que contenía un gen de autolisina phi11, una gentil donación de Donovan, D.M.. El plásmido LT1215 conteniendo la secuencia de lisostafina madura (SEC ID n.º: 33) fue usado como modelo para la amplificación del dominio M23-LST (SEC ID n.º: 15) y CWT-LST (SEC ID n.º: 13). El vector pQE-30 (número de catálogos: 32915, Qiagen, Hilden, Alemania; SEC ID n.º: 50) fue usado como vector de clonación y de expresión para la producción de proteínas de fusión recombinante etiquetadas 6x-His en *E. coli* XL1BlueMR o *E. coli* Sure respectivamente.

Técnicas de ADN y procedimientos de clonación

[0077] Técnicas estándar según Sambrook, Maniatis *et al.* (1989) fueron empleadas para la clonación genes únicos y la creación de proteínas de fusión. Mezcla de enzimas de PCR de alta fidelidad (Fermentas) fue usada en reacciones de PCR. Concentraciones de ADN fueron determinadas con un espectrofotómetro (espectrofotómetro Nanodrop ND-1000). Se construyó pHP12638 por inserción de Ply2638 (SEC ID n.º: 1) secuencia codificante Met1 - Lys486 en los sitios pQE30 (SEC ID n.º: 50) BamHI - Sall. El constructo pHP12638-P12638 tiene la misma secuencia consecutivamente insertada en los sitios BamHI -Sacl - Sall. CHAP11 (SEC ID n.º: 18), Ami11 (SEC ID n.º: 17) y CHAP_Ami11 fueron N-terminales introducidos en pHPL2638a digerido por BamHI. Antes de la reacción de ligamiento, el vector fue defosforilado usando fosfatasa alcalina de gamba (SAP, Fermentas). pHM23_CBD2638 (SEC ID n.º: 3) y pHM23-2638_Ami2638_CBD2638_CBD2638 (SEC ID n.º: 49) fueron construidos por una sustitución de la región de codificación de GFP a partir del vector pHGFP_CBD2638a-c (SEC ID n.º: 59) con los insertos respectivos usando los sitios de restricción BamHI y SacI. pHM23-LST_Ami2638_CBD2638 (SEC ID n.º: 48) tiene una estructura pQE-30 con lisostafina madura (SEC ID n.º: 33) que codifica la secuencia Ala1 - Gly154 insertada en BamHI y SacI y la secuencia parcial que codifica Leu138 - Lys486 en los sitios SacI y Sall. pHM23-LST_M23-LST_CWT-LST (SEC ID n.º: 11) tiene secuencias de lisostafina madura (SEC ID n.º: 33) Ala1 - Gly154 insertada en BamHI y SacI y Ala1 - Lys246 en los sitios SacI y Sall de pQE30. pHLST-LST (SEC ID n.º: 10) se construye de la misma forma teniendo Ala1 - Lys246 reiteradamente en los sitios BamHI - SacI y SacI - Sall. En los plásmidos que codifican constructos de dominio cuádruples pHCHAPT_{Tw}_Ami2638_M23-LST_CBD2638 (SEC ID n.º: 47) y pHCHAPT_{Tw}_Ami2638_M23-LST_CWT-LST (SEC ID n.º: 8) los dominios son directamente fusionados mediante solapamiento de PCR de extensión de empalme (SOE) e insertados en los sitios de pQE30 BamHI y Sall. En ambos constructos, regiones frontera de dominios individuales, (CHAPT_{Tw}, SEC ID n.º: 19: Met1 - Ile140; Ami2638, SEC ID n.º: 16: Lys141-Gly358 de SEC ID n.º: 1; CBD2638, SEC ID n.º: 12: Trp393- Lys486 de SEC ID n.º: 1, M23-LST, SEC ID n.º: 15: Ala1 - Gly154 de SEC ID n.º: 33, CWT-LST, SEC ID n.º: 13: Trp155 - Lys246 de SEC ID n.º: 33) se determinaron con bioinformática (datos no publicados). Los plásmidos con secuencias repetitivas fueron transferidos a cepa de *E. coli* Sure, todos los demás plásmidos al *E. coli* XL1BlueMRF.

Expresión y purificación de proteínas de fusión recombinante

[0078] La sobreexpresión de proteína y la purificación parcial se hizo esencialmente tal y como se ha descrito anteriormente por otros (Loessner *et al.*, 1996, Schmelcher *et al.*, 2010). En resumen, el plásmido que porta *E. coli* se cultivó en 250 ml de medio LB modificado (15 g/l triptosa, 8 g/l extracto de levadura, 5 g/l NaCl, pH 7,8) a una densidad óptica a 600nm (OD_{600nm}) de 0,4 a 0,6 y fue inducido con 1 mM IPTG. Las células fueron además incubadas durante 4 horas a 30°C, o 18 horas a 20°C, enfriadas a 4°C, y cosechadas por centrifugación. Los granulados celulares fueron suspendidos en 5 ml de tampón de inmovilización (50 mM NaH₂PO₄, 500 mM NaCl, 5 mM imidazol, 0,1% polisorbato20, pH 7,4). Los contenidos de *E. coli* citosólico que contenían proteínas recombinantes solubles fueron liberados por un pasaje doble a través de una French Pressure Cell Press (1200 psi, SLM Aminco, Urbana, IL, EE.UU.) accionada a 1200 psi. Otros pasos de procesamiento aguas abajo incluyeron la eliminación de detrito celular insoluble por centrifugación, esterilización con filtro (0,2 µm de membrana PES, Millipore) y purificación por cromatografía de afinidad por metal inmovilizado (IMAC) utilizando paquete de columnas MicroBiospin, (Bio-Rad, Hercules, CA, EE.UU.) con resina Ni-NTA Superflow de baja densidad (Chemie Brunschwig AG, Basilea, Suiza). Proteínas inmovilizadas Ni-NTA fueron lavadas en flujo por gravedad de columna con tampón de inmovilización de 5-10 volúmenes de columna. Fracciones de proteína fueron luego eluidas con tampón de elución (50 mM NaH₂PO₄, 500 mM NaCl, 125 mM imidazol, 0,1% polisorbato20, pH 7,4) y dializado contra dos cambios de tampón de diálisis (50 mM NaH₂PO₄, 100 mM NaCl, 0,1% polisorbato20, pH 7,4). Concentraciones de proteína fueron definidas en un espectrofotómetro Nanodrop ND-1000, corregido para absorbancia específica a 280 nm como se calcula a partir de la secuencia de aminoácidos primaria con el software Vector NTI (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE.UU.) y se estima para pureza por SDS-PAGE. Partes alícuotas fueron almacenadas a -20°C mezcladas con 50% de glicerol.

Liofilización de proteínas recombinantes

[0079] Proteínas purificadas IMAC fueron dializadas contra 3 cambios de 300 ml de parte alícuota de tampón de liofilización (50 mM fosfato o Tris, 500 mM sacarosa, 200 mM manitol, pH 7,4) y congeladas en la fase gaseosa de nitrógeno líquido. La liofilización fue hecha a -40°C y vacío a 75 mTorr durante 60 minutos, seguido de temperatura en aumento durante 5 horas a -10°C y otros 60 minutos a -10°C en los mismos niveles de vacío. Como paso final, la temperatura fue aumentada a 25°C durante 10 horas. Las muestras fueron reconstituidas antes de la prueba en ensayos de lisis por la adición de agua.

Ensayo de unión a la pared celular

[0080] Como un ensayo estándar para determinar la capacidad de un CBD para dirigir una fusión de GFP a la superficie bacteriana y mediar la unión firme al ligando de la pared celular, se usan las siguientes condiciones: bacterias, preferiblemente *S. aureus* BB255, de fase log tardía son cosechadas por centrifugación, resuspendidas en 1/10 volumen de PBS-T (50 mM NaH₂PO₄, 120 mM NaCl [pH 8,0], 0,01% de polisorbato 20) y almacenadas en hielo. Proteínas GFP-CBD, preferiblemente SEC ID n.º: 64, codificada por SEC ID n.º: 60, son diluidas en el mismo tampón a una concentración de 400 nM (2x GFP-CBD) y también almacenada en hielo. En un vaso microcentrífugo 1,5 ml, 100 µl células y 100 µl de 2x GFP-CBD se mezclan e incuban a temperatura ambiente durante 5 min. Las células son luego retiradas del sobrenadante por centrifugación en una microfuga (16000 g, 60 s). El sobrenadante fue descartado y las células fueron lavadas en 500 µl de tampón PBS-T. Para microscopía de fluorescencia, el granulado fue finalmente resuspendido en 50 µl de tampón. Para ensayos de fluorómetro, el granulado es finalmente resuspendido en 200 µl de PBS-T y transferido a un pocillo de microplaca. Ensayos de fluorescencia cuantitativos se pueden realizar utilizando un dispositivo contador Multilabel (Victor3, Perkin Elmer, Massachusetts, EE.UU.) con microplacas de poliestireno estériles, no tratadas, negras de 96 pocillos (Nunc, Roskilde, Dinamarca). Se puede usar GFP como control negativo.

Ensayos de fluorescencia cuantitativos

[0081] La dependencia de pH y sal en CBD2638 para interacción de ligando de superficie celular de *S. aureus* BB255 se investiga por incubación de células a partir de un volumen de 1 ml establecido a un OD_{600nm} 1 +/- 0,05 (~4 x 10⁹ células) con 7,5 µg proteína de fusión GFP-CBDS2638, SEC ID n.º: 64, codificada por SEC ID n.º: 60. Esta proporción célula a proteína está cerca del punto de saturación como se ha determinado en experimentos precedentes y permite la detección de variaciones en las eficiencias de unión. El pH variante se evalúa usando los tampones de citrato pH 4,5 a 6,5 y tampones de fosfato pH 6 a 9. Tras la incubación con proteína GFP-CBD2638 en el tampón de pH, las células se lavan con tampón de pH respectivo seguido de lavado con PBS-T estándar (pH 8). Finalmente, las células se ajustan a una OD_{595nm} = 0,3 para detectar fluorescencia a partir de 200 µl de suspensiones de las mismas con un contador Multilabel Victor³. Experimentos similares son realizados usando los tampones preparados con concentraciones de cloruro sódico en aumento (10 mM NaH₂PO₄, 0 - 1000 mM NaCl, 0,1% polisorbato 20, pH 6).

[0082] Cuantificación de la capacidad de enlace a CBD de cepas de *Staphylococcus* con propiedades de superficie celular alteradas se evalúa registrando unidades de fluorescencia relativas (RFU) de células lavadas e inactivadas por calor previamente incubadas con proteína GFP-CBD2638 excesiva. Fluorescencia de volúmenes iguales (200 µl) de células etiquetadas GFP-CBD2638, ajustadas a una OD_{595nm} = 0,3, son medidos utilizando sets de filtros apropiados en un dispositivo contador Multilabel. La comparación y la cuantificación de niveles de absorción de GFP-CBD2638 (SEC ID n.º: 64, codificada por SEC ID n.º: 60), GFP-CBD2638-CBD2638 (SEC ID n.º: 65 y/o 66, codificada por SEC ID n.º: 61 y 62, respectivamente) y GFP-CBD2638-CBD2638-CBD2638 (SEC ID n.º: 67, codificada por SEC ID n.º: 63) en células de *S. aureus* BB255 y células tratadas con SDS se hace de la misma manera.

Ensayos de lisis

[0083] Células de sustrato para ensayos de actividad lítica se cultivaron a una densidad óptica a 600nm (OD₆₀₀) de 0,4, se lavaron dos veces con PBST pH 7,4 y se resuspendieron en 15% de glicerol que contenía tampón de PBS, pH 7,4 concentrándolo a la vez 100 veces. Las células fueron almacenadas a -20°C. Para uso posterior en ensayos de unión o de actividad lítica las células fueron descongeladas, lavadas con PBS pH 7,4 y diluidas a una OD₆₀₀ de 1 ± 0,05. En los ensayos de actividad lítica estándar, muestras de proteína fueron diluidas a cantidades equimolares y distribuidas en placas de pruebas de cultivo de tejido transparentes de 96 pocillos (SPL life sciences, Pocheon, Corea). Células de sustrato fueron adicionadas a un volumen final y la caída en la densidad óptica a 595nm (OD_{595nm}) fue registrada durante aproximadamente 1 hora a 37°C.

[0084] La actividad lítica de constructos retroadaptados y de eliminación de Ply2638 fueron evaluados contra la cepa de propagación del fago 2638a de *S. aureus* SA2638/2854 a partir de caldo congelado en ensayos de lisis. Se evaluó la actividad en varias condiciones de tampón. Valores de pH de 4,6 a 9 en incrementos de 0,4 fueron evaluados usando tampones de citrato/fosfato (25 mM citrato, 25 mM fosfato, 120 mM NaCl, pH 4,6 - 6,6) y tampones Tris/fosfato (25 mM Tris, 25 mM fosfato, 120 mM NaCl). La actividad de derivados de Ply2638a a concentraciones de sal que varían de 0 a 1000 mM de cloruro sódico (en 10 mM de tampón fosfato pH 7,4) fue evaluada. Los derivados de Ply2638a fueron diluidos a una concentración final de 10 µM con MQ antes de su aplicación en los ensayos de lisis. Aquí, 4 µl de 10 µM de derivados de Ply2638a fueron aplicados a 196 µl de suspensiones de célula de sustrato utilizando una pipeta multicanal, dando como resultado una concentración de ensayo de 200 nM de proteína. Las suspensiones de célula de sustrato fueron preparadas a partir de caldos congelados, diluyendo éste con pH o tampones de sal y estandarizándolo

espectrofotométricamente (Libra S22, Biochrom) a una OD600 inicial de $1 \pm 0,05$. Reducción en la densidad óptica a 595 nm (OD595) fue medida utilizando un instrumento contador Victor3 1420 Multilabel (Perkin Elmer) durante 1 hora. Las placas fueron agitadas enérgicamente durante 1 segundo (doble órbita, 0,1mm diámetro) después de cada lectura única. Como control positivo sirvió la lisostafina N-terminal etiquetada 6xHis (HLST), lisostafina disponible comercialmente, (recombinante, originada de *E. coli*, Sigma). Como control negativo se aplicó agua MilliQ.

Influencia de iones metálicos bivalentes en la actividad de Ply2638

[0085] Parcialmente purificado Ply2638 (SEC ID n.º: 21) fue dializado durante 2 horas contra el tampón que contenía EDTA ((50 mM MOPS, 100 mM cloruro sódico, 0,005% polisorbato20, 10 mM EDTA) seguido de diálisis contra el tampón que contenía los iones metálicos bivalentes respectivos (50 mM MOPS, 100 mM cloruro sódico, 0,005% polisorbato20, y 10 mM CaCl₂, 10 mM MgCl₂, 1 mM CoCl₂, 1 mM CuCl₂, 1 mM MnSO₄ o 1 mM ZnCl₂, respectivamente). Las células usadas como sustrato fueron tratadas con SDS y lavadas con EDTA antes de su aplicación en los ensayos de lisis estándar.

Tabla 1. SEC ID n.º identificación

enzima/dominio/constructo/vector	secuencia de ácidos nucleicos	secuencia de aminoácidos	secuencia de aminoácidos domino con enlazador putativo	de ácidos nucleicos de constructo etiquetado His
Enzima madura				
Ply2638	SEC ID N.º: 1	SEC ID N.º: 21		SEC ID N.º: 44
LST	SEC ID N.º: 33	SEC ID N.º: 34		
Dominio				
CBD-2638	SEC ID N.º: 12	SEC ID N.º: 35	SEC ID N.º: 51	
CWT-LST	SEC ID N.º: 13	SEC ID N.º: 36	SEC ID N.º: 52	
M23-2638	SEC ID N.º: 14	SEC ID N.º: 37	SEC ID N.º: 53	
M23-LST	SEC ID N.º: 15	SEC ID N.º: 38	SEC ID N.º: 54	
Ami-2638	SEC ID N.º: 16	SEC ID N.º: 39	SEC ID N.º: 55	
Ami-Φ11	SEC ID N.º: 17	SEC ID N.º: 40	SEC ID N.º: 56	
CHAP- Φ11	SEC ID N.º: 18	SEC ID N.º: 41	SEC ID N.º: 57	
CHAP- ΦTwort	SEC ID N.º: 19	SEC ID N.º: 42	SEC ID N.º: 58	
Constructo retroadaptado				
CHAP11_M23-2638_Ami2638_CBD2638	SEC ID N.º: 5	SEC ID N.º: 25		SEC ID N.º: 45
Ami11_M23-2638_Ami2638_CBD2638	SEC ID N.º: 6	SEC ID N.º: 26		SEC ID N.º: 46
CHAPTW_Ami2638_M23-LST_CBD2638	SEC ID N.º: 7	SEC ID N.º: 27		SEC ID N.º: 47
M23-LST_Ami2638_CBD2638	SEC ID N.º: 9	SEC ID N.º: 29		SEC ID N.º: 48
M23-2638_Ami2638_CBD2638_CBD2638	SEC ID N.º: 20	SEC ID N.º: 32		SEC ID N.º: 49

enzima/dominio/constructo/vector	secuencia de ácidos nucleicos	secuencia de aminoácidos	secuencia de aminoácidos de domino con enlace putativo	secuencia de ácidos nucleicos de constructo etiquetado His
Ami2638-CBD2638		SEC ID N.º: 22		SEC ID N.º: 2
M23-2638-CBD2638		SEC ID N.º: 23		SEC ID N.º: 3
Ply2638-Ply2638		SEC ID N.º: 24		SEC ID N.º: 4
CHAPT _w _Ami2638_M23-LST_CWT-LST		SEC ID N.º: 28		SEC ID N.º: 8
LST_LST		SEC ID N.º: 30		SEC ID N.º: 10
M23-LST_M23-LST_CWT-LST		SEC ID N.º: 31		SEC ID N.º: 11
GFP_CBD2638		SEC ID N.º: 64		SEC ID N.º: 60
GFP_CBD2638_CBD2638 var.1		SEC ID N.º: 65		SEC ID N.º: 61
GFP_CBD2638_CBD2638 var. 2		SEC ID N.º: 66		SEC ID N.º: 62
GFP_CBD2638_CBD2638 CBD2638		SEC ID N.º: 67		SEC ID N.º: 63
Etiqueta				
6xHis-tag		SEC ID N.º: 43		
Vector				
pQE-30 vector	SEC ID N.º: 50			
pHGFP_CBD2638_c vector	SEC ID N.º: 59			

SEC ID n.º: 1 (Ply2638)

[0086]

ATGCTAACTGCTATTGACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCT
 GACCCTCGCACTTACGATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTAC
 CATGAAAACGGCATTAAATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTT
 TTGATGTTTACAGTAACGAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAA
 CAGTTATTGAAGCAAACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAG
 AGACGCTAACGATAACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAAT
 GCGATTTGTTGTAGGCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACA
 AGGTAATAGCAACTATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACA
 ATTACGCCCTAAAGACGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTG
 GTTTGGCTATGGAAAAATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATA
 AATCAAAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCAT
 ATTAAAGGTAACAAGATTACAGCACCAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTC
 ATCCACAATGATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTAT
 ATGCACGTGAGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATG
 CAAATAGAAACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGC
 ATTGTGGTAATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTG
 AGTCGTATCCTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAG
 CGACATTGAAAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTA
 ATCGCAACACTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACTTCTTGTCACA
 TCGTTCGTGGGACTTGTCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACACTACTAA
 TATTAATAAAAATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGA
 CGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACG
 TTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACA
 GATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCG
 TTCACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGG
 ACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATAT
 GATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTT
 GAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGG
 TAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 2 (Ami2638 CBD2638 + 6xHis y sitios de clonación)

[0087]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCTTACGCCCTAAAGAC
 GCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAAA
 ATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGGA
 GCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAGA
 TTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTATG
 GTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAATA
 ACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAAG
 TGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAAT
 GGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGTA
 GAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTAG
 CTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTAC
 GTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACTT
 GCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACACTACTAATATTAATAAAAATGAA
 AGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAGA
 AGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTA
 AAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAAT
 AAAGATGGCATTGTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTCACAGTGACAGCA
 CCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAA
 GCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAA
 TTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTA
 TACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACTGGTAAAGTTGGTAAGTTG
 5 TGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 3 (M23-2638 CBD2638 + 6xHis y sitios de clonación)

10 [0088]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGCTAACTGCTATT
 GACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCCTCGCACTTAC
 GATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTACCATGAAAACGGCATT
 AATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAGTA
 ACGAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGCAA
 ACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGATA
 ACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGTAG
 GCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAACT
 ATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACAATTACGCCCTAAAGA
 CGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAA
 AATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGG
 AGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAG
 ATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGAGCTCGGTGGAAAGCTAGAA
 GTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAA
 AAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATA
 AAGATGGCATTGTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCAC
 CAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAG
 CTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAAT
 TTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTAT
 ACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGTTGT
 GGGGCGAAATTAAATAA

5

SEC ID N.º: 4 (Ply2638-Ply2638 + 6x His y sitios de clonación)

[0089]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGCTAACTGCTATT
 GACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCCTCGCACTTAC
 GATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTACCATGAAAACGGCATT
 AATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAGTA
 ACGAAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGCAA
 ACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGATA
 ACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGTAG
 GCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAACT
 ATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACAATTACGCCCTAAAGA
 CGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAA
 AATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGG
 AGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAG
 ATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTAT
 GGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAAT
 AACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAA
 GTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAA
 TGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGT
 AGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTA

GCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTA
CGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACT
TGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACACTACTAATATTAATAAAATGA
AAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAG
AAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTT
AAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGA
ATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACACAGTGACAG
CACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCAC
AAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAA
AATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTG
TATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACTGGTAAAGTTGGTAAGT
TGTGGGGCGAAATTAAAGAGCTCATGCTAACTGCTATTGACTATCTTACGA
AAAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCCTCGCACTTACGATGGTTACCCTA
AAAACCTACGGCTACAGAAATTACCATGAAAACGGCATTAAATTATGATGAGT
TTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAGTAACGAACTAACGA
CGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGCAAACGATTACGGTAA
TTTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGATAACGATTGGATATAT
GGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGTAGGCGACAAAGTCAAT
CAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAACTATTACGACAATCCT
ATGAGTGTACATTTACATTTACAATTACGCCCTAAAGACGCAAAGAAAGAT
GAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAAAATATGACATTACA
AATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTT
GAAACATATCTATTCAAACCATATTAAGGTAACAAGATTACAGCACCAAA
ACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTATGGTAGTATGACACC
TAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAATAACGGTACACACGT
TAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAAGTGCTTTGGTATCA
TCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAATGGGCAAATGCTAA
CTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGTAGAATCTCGGACAA
ATTATTCTTAGAAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTAGCTGCGGATGTGAT
GAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTACGTCTGCATAACGA
ATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACTTGTCATGTTGGCAA
GGTGAGCCTTACACAACACTACTAATATTAATAAAATGAAAGACTACTTCATC
AAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGC

AGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAG
CAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATT
TGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAATT
ATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTA
CAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCAT
GTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTA
CGCACATGGGACGCTAAAACTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATT
AAATAA

SEC ID N.º: 5 (CHAP11 M23-2638 Ami2638 CBD2638)

5

[0090]

ATGCAAGCAAAATTAACATAAAAAATGAGTTTATAGAGTGGTTGAAAACCTTCT
GAGGGAAAACAATTCAATGTGGACTTATGGTATGGATTTCAATGCTTTGAT
TATGCCAATGCTGGTTGGAAAGTTTTGTTTGGATTACTTCTAAAAGGTTTAG
GTGCAAAAGATATTCCGTTTCGCTAACAACCTTCGACGGATTAGCTACTGTAT
ACCAAAATACACCGGACTTCTTAGCACAACTGGCGACATGGTGGTATTCG
GTAGCAACTACGGTGCTGGATATGGTCACGTTGCATGGGTAATTGAAGCAA
CTTTAGATTACATCATTGTATATGAGCAGAATTGGCTAGGCGGTGGCTGGA
CTGACGGAATCGAACAACCCGGCTGGGGTTGGGAAAAAGTTACAAGACGA
CAACATGCTTATGATTTCCCTATGTGGTTTATCCGTCCGAATTTTAAAAGTG
AGACAGCGCCACGATCAGTTCAATCTCCTACACAAGCACCTAAAAAAGAA
ACAGCTGGATCCATGCTAACTGCTATTGACTATCTTACGAAAAAAGGTTGG
AAAATATCATCTGACCCTCGCACTTACGATGGTTACCCTAAAAACTACGGC
TACAGAAATTACCATGAAAACGGCATTAAATTATGATGAGTTTTGTGGTGGT
TATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAGTAACGAACTAACGACGTGCCTGCT
GTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGCAAACGATTACGGTAATTTTGGTGGT
ACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGATAACGATTGGATATATGGGCATCTA
CAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGTAGGCGACAAAGTCAATCAAGGTGAC
ATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAACTATTACGACAATCCTATGAGTGTA
CATTTACATTTACAATTACGCCCTAAAGACGCAAAGAAAGATGAAAAATCA
CAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAAAATATGACATTACAAATTTAAAT
GCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATAT
CTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAGATTACAGCACCAAAACCTAGTAT
TCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATA

CTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTG
GGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGA
CTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGG
ATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTA
GAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTA
CGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGG
AACTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACTTGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCT
TACACAACACTACTAATATTAATAAAATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATC
AAACATTATTATGACGGTGGAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTAT
CAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAA
TTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAA
GCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGA
TACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGT
CAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTA
TCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGG
GACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 6 (Ami11 M23-2638 Ami2638 CBD2638)

5

[0091]

AAGCCACAACCTAAAGCAGTAGAACTTAAAATCATCAAAGATGTGGTTAA
AGGTTATGACCTACCTAAGCGTGGTAGTAACCCTAAAGGTATAGTTATACA
CAACGACGCAGGGAGCAAAGGGGGCGACTGCTGAAGCATATCGTAACGGAT
TAGTAAATGCACCTTTATCAAGATTAGAAGCGGGCATTGCGCATAGTTACG
TATCAGGCAACACAGTTTGGCAAGCCTTAGATGAATCACAAGTAGGTTGGC
ATACCGCTAATCAAATAGGTAATAAATATTATTACGGTATTGAAGTATGTC
AATCAATGGGCGCAGATAACGCGACATTCTTAAAAAATGAACAGGCAACTT
TCCAAGAATGCGCTAGATTGTTGAAAAAATGGGGATTACCAGCAAACAGA
AATACAATCAGATTGCACAATGAATTTACTTCAACATCATGCCCTCATAGA
AGTTCGGTTTTACACACTGGTTTTGACCCAGTAACTCGCGGTCTATTGCCAG
AAGACAAGCGGTTGCAACTTAAAGACTACTTTATCAAGCAGATTAGGGCGT
ACATGGATGGTAAAATACCGGTTGCCACTGTCTCTAATGAGTCAAGCGCTT
CAAGTAATACAGTTAAACCAGTTGCAAGTGCAGGATCCATGCTAACTGCTA
TTGACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCCTCGCACTT
ACGATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTACCATGAAAACGGCA

TTAATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAG
 TAACGAAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGC
 AAACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGA
 TAACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGT
 AGGCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAA
 CTATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACAATTACGCCCTAAA
 GACGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGA
 AAAATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATG
 GGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACA
 AGATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATT
 ATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGA
 ATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACG
 AAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATC
 AATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTG
 GTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAG
 TAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTG
 TACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGA
 CTTGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACCTACTAATATTAATAAAAT
 GAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCT
 AGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAG
 TTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAG
 AATAAAGATGGCATTTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACA
 GCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCA
 CAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAA
 AAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACT
 GTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACTGGTAAAGTTGGTAAG
 TTGTGGGGCGAAATTAAATAA

[0092]

ATGAAAACCCTGAAACAAGCAGAGTCCTACATTAAGAGTAAAGTAAATAC
AGGAACTGATTTTGATGGTTTATATGGGTATCAGTGTATGGACTTAGCAGT
AGATTATATTTACCATGTAACAGATGGTAAAATAAGAATGTGGGGTAATGC
TAAGGATGCGATAAATAACTCTTTTGGTGGTACTGCTACGGTATATAAAAA

CTACCCTGCTTTTAGACCTAAGTACGGTGATGTAGTCGTATGGACTACTGGT
 AATTTTGCAACTTATGGTCATATCGCAATAGTTACTAACCCTGACCCTTATG
 GAGACCTTCAATATGTTACAGTTCTTGAACAAAACCTGGAACGGTAACGGGA
 TTTATAAAACCGAGTTAGCTACAATCAGAACACACGATTACACAGGAATTA
 CACATTTTATTAAAGACGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTG
 GTTTGGCTATGGAAAAATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATA
 AATCAAAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCAT
 ATTAAAGGTAACAAGATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTC
 ATCCACAATGATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTAT
 ATGCACGTGAGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATG
 CAAATAGAAACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGC
 ATTGTGGTAATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTG
 AGTCGTATCCTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAAATGAAGAAG
 CGACATTGAAAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTA
 ATCGCAACACTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACA
 TCGTTCGTGGGACTTGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACCTACTAA
 TATTAATAAAATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGA
 CGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACG
 TTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACA
 GATGCTGCAACACATGAACATTCAGCACAAATGGTTGAATAATTACAAAAAA
 GGATATGGTTACGGTCCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTAC
 GGAGTTGATTTTTTTTATGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGC
 GGAAAAATAGTTGAAGCTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAAT
 AGGTCTTATTGAAAATGATGGAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAG
 TAAATATAATGTTAAAGTAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGG
 TTGGTCTGGAAGCACTGGTTATTCTACAGCACCATTTACACTTCCAAAGA
 ATGGTTAATTCATTTTCAAATTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAA
 AGAGCGCAGGATATGGAAAAGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAAT
 ACAGGTTGGAAACAGAATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCT
 TCGTTCACAGTGACAGCACCAAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCT
 TGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAA
 TATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACG

TTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAAC
GGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 8 (CHAPT_w Ami2638_M23-LST_CWT-LST +6xHis y sitio de clonación)

5

[0093]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGAAAACCCTGAAA
CAAGCAGAGTCCTACATTAAGAGTAAAGTAAATACAGGAACTGATTTTGAT
GGTTTATATGGGTATCAGTGTATGGACTTAGCAGTAGATTATATTTACCATG
TAACAGATGGTAAAATAAGAATGTGGGGTAATGCTAAGGATGCGATAAAT
AACTCTTTTGGTGGTACTGCTACGGTATATAAAAACCTACCCTGCTTTTAGAC
CTAAGTACGGTGATGTAGTCGTATGGACTACTGGTAATTTTGCAACTTATGG
TCATATCGCAATAGTTACTAACCCTGACCCTTATGGAGACCTTCAATATGTT
ACAGTTCTTGAACAAAACCTGGAACGGTAACGGGATTTATAAAACCGAGTTA
GCTACAATCAGAACACACGATTACACAGGAATTACACATTTTATTAAAGAC
GCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAAA
ATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGGA
GCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAGA
TTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTATG
GTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAATA
ACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAAG
TGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAAT
GGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGTA
GAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTAG
CTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTAC
GTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACTT
GCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACCTACTAATATTAATAAAAATGAA
AGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAGA
AGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTA
AAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATGCTGCAACACAT
GAACATTCAGCACAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGGATATGGTTACGGT
CCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGGAGTTGATTTTTTTA
TGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGGAAAAATAGTTGAAG
CTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAGGTCTTATTGAAAATG
ATGGAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTAAATATAATGTAAAG

TAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTTGGTCTGGAAGCACTG
GTTATTCTACAGCACCATTTACACTTCCAAAGAATGGTTAATTCATTTTC
AAATTCAAAGTCCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAAGAGCGCAGGATATGG
AAAAGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATACAGGTGGGAAAACAA
ACAAATATGGCACACTATATAAATCAGAGTCAGCTAGCTTCACACCTAATA
CAGATATAATAACAAGAACGACTGGTCCATTTAGAAGCATGCCGCAGTCAG
GAGTCTTAAAAGCAGGTCAAACAATTCATTATGATGAAGTGATGAAACAAG
ACGGTCATGTTTGGGTAGGTTATACAGGTAAACAGTGGCCAACGTATTTACT
TGCCTGTAAGAACATGGAATAAATCTACTAATACTTTAGGTGTTCTTTGGGG
AACTATAAAGTAA

5 SEC ID N.º: 9 (M23-LST_Ami2638_CBD2638)

[0094]

GCTGCAACACATGAACATTCAGCACAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGG
ATATGGTTACGGTCCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGG
AGTTGATTTTTTTTATGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGG
AAAAATAGTTGAAGCTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAG
GTCTTATTGAAAATGATGGAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTA
AATATAATGTTAAAGTAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTT
GGTCTGGAAGCACTGGTTATTCTACAGCACCACATTTACACTTCCAAAGAA
TGGTTAATTCATTTTCAAATTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAA
GAGCGCAGGATATGGAAAAGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATA
CAGGTGAGCTCTTACGCCCTAAAGACGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAA
GTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAAAATATGACATTACAAATTTAAATGCT
AAACAAGATAAATCAAAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTA
TTCAAACCATATTAAAGGTAACAAGATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCA
AGGTGTGGTCATCCACAATGATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTT
ACCATGGTTATATGCACGTGAGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGC
TAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTA
CGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATT
TGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGA
AAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACG
GATTACCAGTTAATCGCAACACTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAA
CTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACTTGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTA

CACAACTACTAATATTAATAAAAATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAA
ACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCA
AACAACTCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATT
GTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATTGTGGTATAAAGC
TGAACATGCTTCGTTCACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATA
CAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCA
AACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATC
GTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGG
ACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 10 (LST_LST + 6xHis y sitios de clonación)

5

[0095]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCGCTGCAACACATGAA
CATTCAGCACAAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGGATATGGTTACGGTCCT
TATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGGAGTTGATTTTTTTTATGA
ATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGGAAAAATAGTTGAAGCTG
GTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAGGTCTTATTGAAAATGATG
GAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTAAATATAATGTTAAAGTAG
GAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTTGGTCTGGAAGCACTGGTT
ATTCTACAGCACCACATTTACACTTCCAAAGAATGGTTAATTCATTTTCAA
TTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAAGAGCGCAGGATATGGAAA
AGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATACAGGTTGGAAAACAAACA
AATATGGCACACTATATAAATCAGAGTCAGCTAGCTTCACACCTAATACAG
ATATAATAACAAGAACGACTGGTCCATTTAGAAGCATGCCGCAGTCAGGAG
TCTTAAAAGCAGGTCAAACAATTCATTATGATGAAGTGATGAAACAAGACG
GTCATGTTTGGGTAGGTTATACAGGTAACAGTGGCCAACGTATTTACTTGCC
TGTAAGAACATGGAATAAATCTACTAATACTTTAGGTGTTCTTTGGGGAAC
TATAAAGGAGCTCGCTGCAACACATGAACATTCAGCACAAATGGTTGAATAA
TTACAAAAAAGGATATGGTTACGGTCCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGG
TATGCACTACGGAGTTGATTTTTTTTATGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCT
ATTTCAAGCGGAAAAATAGTTGAAGCTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGT
AATCAAATAGGTCTTATTGAAAATGATGGAGTGCATAGACAATGGTATATG
CATCTAAGTAAATATAATGTTAAAGTAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAA
ATAATCGGTTGGTCTGGAAGCACTGGTTATTCTACAGCACCACATTTACACT

TCCAAAGAATGGTTAATTCATTTTCAAATTCAACTGCCCAAGATCCAATGCC
TTTCTTAAAGAGCGCAGGATATGGAAAAGCAGGTGGTACAGTAACTCCAAC
GCCGAATACAGGTTGGAAAACAAACAAATATGGCACACTATATAAATCAG
AGTCAGCTAGCTTCACACCTAATACAGATATAATAACAAGAACGACTGGTC
CATTTAGAAGCATGCCGCAGTCAGGAGTCTTAAAAGCAGGTCAAACAATTC
ATTATGATGAAGTGATGAAACAAGACGGTCATGTTTGGGTAGGTTATACAG
GTAACAGTGGCCAACGTATTTACTTGCCTGTAAGAACATGGAATAAATCTA
CTAATACTTTAGGTGTTCTTTGGGGAACCTATAAAGTGA

SEC ID N.º: 11 (M23-LST M23-LST CWT-LST +6xHis y sitios de clonación)

5

[0096]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCGCTGCAACACATGAA
 CATTCAGCACAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGGATATGGTTACGGTCCT
 TATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGGAGTTGATTTTTTTATGA
 ATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGGAAAAATAGTTGAAGCTG
 GTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAGGTCTTATTGAAAATGATG
 GAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTAAATATAATGTTAAAGTAG
 GAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTTGGTCTGGAAGCACTGGTT
 ATTCTACAGCACCACATTTACACTTCCAAAGAATGGTTAATTCATTTTCAA
 TTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAAGAGCGCAGGATATGGAAA
 AGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATACAGGTGAGCTCGCTGCAAC
 ACATGAACATTCAGCACAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGGATATGGTTA
 CGGTCCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGGAGTTGATTTT
 TTTATGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGGAAAAATAGTT
 GAAGCTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAGGTCTTATTGAA
 AATGATGGAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTAAATATAATGTT
 AAAGTAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTTGGTCTGGAAGC
 ACTGGTTATTCTACAGCACCACATTTACACTTCCAAAGAATGGTTAATTCAT
 TTTCAAATTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAAGAGCGCAGGAT
 ATGGAAAAGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATACAGGTGGA
 ACAAACAAATATGGCACACTATATAAATCAGAGTCAGCTAGCTTCACACCT
 AATACAGATATAATAACAAGAACGACTGGTCCATTTAGAAGCATGCCGCAG
 TCAGGAGTCTTAAAAGCAGGTCAAACAATTCATTATGATGAAGTGATGAAA
 CAAGACGGTCATGTTTGGGTAGGTTATACAGGTAACAGTGGCCAACGTATT
 TACTTGCCTGTAAGAACATGGAATAAATCTACTAATACTTTAGGTGTTCTTT
 GGGGAACCTATAAAGTGA

[0097]

TGGAAACAGAATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTTC
ACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGAC
TGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGA
TGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGA
GGGCGAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACTGGTA
AAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

5 SEC ID N.º: 13 (CWT-LST)

[0098]

TGGAAAACAAACAAATATGGCACACTATATAAATCAGAGTCAGCTAGCTTC
ACACCTAATACAGATATAATAACAAGAACGACTGGTCCATTTAGAAGCATG
CCGCAGTCAGGAGTCTTAAAAGCAGGTCAAACAATTCATTATGATGAAGTG
ATGAAACAAGACGGTCATGTTTGGGTAGGTTATACAGGTAACAGTGGCCAA
CGTATTTACTTGCCTGTAAGAACATGGAATAAATCTACTAATACTTTAGGTG
TTCTTTGGGGAACTATAAAGTGA

10 SEC ID N.º: 14 (M23-2638)

[0099]

ATGCTAACTGCTATTGACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCT
GACCCTCGCACTTACGATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTAC
CATGAAAACGGCATTAAATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTT
TTGATGTTTACAGTAACGAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAA
CAGTTATTGAAGCAAACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAG
AGACGCTAACGATAACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAAT
GCGATTTGTTGTAGGCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACA
AGGTAATAGCAACTATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACA
ATTACGCCCTAAAGACGCAAAGAAAGAT

15 SEC ID N.º: 15 (M23-LST)

[0100]

GCTGCAACACATGAACATTCAGCACAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGG
ATATGGTTACGGTCCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGG

20

AGTTGATTTTTTTTATGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGG
 AAAAATAGTTGAAGCTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAG
 GTCTTATTGAAAATGATGGAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTA
 AATATAATGTTAAAGTAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTT
 GGTCTGGAAGCACTGGTTATTCTACAGCACCATTTTACACTTCCAAAGAA
 TGGTTAATTCATTTTCAAATTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAA
 GAGCGCAGGATAT

SEC ID N.º: 16 (Ami-2638)

5

[0101]

GGTAACAAGATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCAC
 AATGATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCAC
 GTGAGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATA
 GAAACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTG
 GTAATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGT
 ATCCTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACAT
 TGAAAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCA
 AACTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTC
 GTGGGACTTGTCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACCTACTAATATTAA
 TAAAATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGT

10 SEC ID N.º: 17 (Ami-Φ11)

[0102]

AAGCCACAACCTAAAGCAGTAGAACTTAAAATCATCAAAGATGTGGTTAA
 AGGTTATGACCTACCTAAGCGTGGTAGTAACCCTAAAGGTATAGTTATACA
 CAACGACGCAGGGAGCAAAGGGGGCGACTGCTGAAGCATATCGTAACGGAT
 TAGTAAATGCACCTTTATCAAGATTAGAAGCGGGCATTGCGCATAGTTACG
 TATCAGGCAACACAGTTTGGCAAGCCTTAGATGAATCACAAGTAGGTTGGC
 ATACCGCTAATCAAATAGGTAATAAATATTATTACGGTATTGAAGTATGTC
 AATCAATGGGCGCAGATAACGCGACATTCTTAAAAAATGAACAGGCAACTT
 TCCAAGAATGCGCTAGATTGTTGAAAAAATGGGGATTACCAGCAAACAGA
 AATACAATCAGATTGCACAATGAATTTACTTCAACATCATGCCCTCATAGA
 AGTTCGGTTTTACACACTGGTTTTGACCCAGTAACTCGCGGTCTATTGCCAG
 AAGACAAGCGGTTGCAACTTAAAGACTACTTTATCAAGCAGATTAGGGCGT
 ACATGGATGGTAAAATACCGGTTGCCACTGTCTCTAATGAGTCAAGCGCTT
 CAAGTAATACAGTTAAACCAGTTGCAAGTGCA

5

SEC ID N.º: 18 (CHAP-Φ11)

[0103]

ATGCAAGCAAAATTAACATAAAATGAGTTTATAGAGTGGTTGAAAACCTTCT
 GAGGGAAAACAATTCAATGTGGACTTATGGTATGGATTTCAATGCTTTGAT
 TATGCCAATGCTGGTTGGAAAGTTTTGTTTGGATTACTTCTAAAAGGTTTAG
 GTGCAAAAGATATTCCGTTTCGCTAACAACCTTCGACGGATTAGCTACTGTAT
 ACCAAAATACACCGGACTTCTTAGCACAACTGGCGACATGGTGGTATTCG
 GTAGCAACTACGGTGCTGGATATGGTCACGTTGCATGGGTAATTGAAGCAA
 CTTTAGATTACATCATTGTATATGAGCAGAATTGGCTAGGCGGTGGCTGGA
 CTGACGGAATCGAACAACCCGGCTGGGGTTGGGAAAAAGTTACAAGACGA
 CAACATGCTTATGATTTCCCTATGTGGTTTATCCGTCCGAATTTTAAAAGTG
 AGACAGCGCCACGATCAGTTCAATCTCCTACACAAGCACCTAAAAAAGAA
 ACAGCT

10

SEC ID N.º: 19 (CHAP-ΦTwort)

[0104]

ATGAAAACCCTGAAACAAGCAGAGTCCTACATTAAGAGTAAAGTAAATAC
AGGAACTGATTTTGGTGGTTATATGGGTATCAGTGTATGGACTTAGCAGT
AGATTATATTTACCATGTAACAGATGGTAAAATAAGAATGTGGGGTAATGC
TAAGGATGCGATAAATAACTCTTTTGGTGGTACTGCTACGGTATATAAAAA
CTACCCTGCTTTTAGACCTAAGTACGGTGATGTAGTCGTATGGACTACTGGT
AATTTTGCAACTTATGGTCATATCGCAATAGTTACTAACCCTGACCCTTATG
GAGACCTTCAATATGTTACAGTTCTTGAACAAAACCTGGAACGGTAACGGGA
TTTATAAAACCGAGTTAGCTACAATCAGAACACACGATTACACAGGAATTA
CACATTTTATT

5 SEC ID N.º: 20 (M23-2638_Ami2638_CBD2638_CBD2638)

[0105]

ATGCTAACTGCTATTGACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCT
GACCCTCGCACTTACGATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTAC
CATGAAAACGGCATTAAATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTT
TTGATGTTTACAGTAACGAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAA
CAGTTATTGAAGCAAACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAG
AGACGCTAACGATAACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAAT

GCGATTTGTTGTAGGCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACA
AGGTAATAGCAACTATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACA
ATTACGCCCTAAAGACGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTG
GTTTGGCTATGGAAAAATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATA
AATCAAAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCAT
ATTAAAGGTAACAAGATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTC
ATCCACAATGATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTAT
ATGCACGTGAGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATG
CAAATAGAAACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGC
ATTGTGGTAATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTG
AGTCGTATCCTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAG
CGACATTGAAAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTA
ATCGCAACACTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACA
TCGTTTCGTGGGACTTGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACCTACTAA
TATTAATAAAAATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGA
CGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACG
TTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACA
GATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATTTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCG
TTCACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGG
ACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATAT
GATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTT
GAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGG
TAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAAGAGCTCGGTGGAAAGCTAG
AAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTT
AAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGA
ATAAAGATGGCATTTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAG
CACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCAC
AAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAA
AATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTG
TATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGT
TGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 21 (Ply2638)

[0106]

MRGSHHHHHHGSMLTAIDYLTKKGWKISSDPRTYDGYPKNYGYRNYHENGI
 NYDEFCGGYHRAFDVYSNETNDVPAVTSGTVIEANDYGNFGGTFVIRDANDN
 DWIYGHLQRGSMRFVVGDKVNQGGDIIGLQGNSNYDNPMSVHLHLQLRPKD
 AKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITA
 PKPSIQGVVIHNDYGSMTSPSYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRNEVLW
 YHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESEYPGRISDKLFLENEEATLKVAADV
 MKSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKDYFI
 KRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIW
 YKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVW

5 VSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

SEC ID N.º: 22 (Ami2638 CBD2638)

[0107]

MRGSHHHHHHGSLRPKDAKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNG
 SVKELKHIYSNHIKGNKITAPKPSIQGVVIHNDYGSMTSPSYLPWLYARENNGT
 HVNGWASVYANRNEVLWYHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESEYPGRIS
 DKLFLENEEATLKVAADVMKSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVG
 KGEPYTTTNINKMKDYFIKRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAK
 QIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKG
 QTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

10

SEC ID N.º: 23 (M23-2638 CBD2638)

15 [0108]

MRGSHHHHHHGSMLTAIDYLTKKGWKISSDPRTYDGYPKNYGYRNYHENGI
 NYDEFCGGYHRAFDVYSNETNDVPAVTSGTVIEANDYGNFGGTFVIRDANDN
 DWIYGHLQRGSMRFVVGDKVNQGGDIIGLQGNSNYDNPMSVHLHLQLRPKD
 AKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITA
 PKPSIQGELGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIW
 YKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVW
 VSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

SEC ID N.º: 24 (Ply2638-Ply2638)

[0109]

MRGSHHHHHHGSMLTAIDYLTKKGWKISSDPRTYDGYPKNYGYRNYHENGI
NYDEFCGGYHRAFDVYSNETNDVPAVTSGTVIEANDYGNFGGTFVIRDANDN
5 DWIYGHLQRGSMRFVVGDKNVQGDIIIGLQGNSNYDNPMSVHLHLQLRPKD

AKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITA
PKPSIQGVVIHNDYGSMTSPSYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRNEVLW
YHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISDKLFLNEEATLKVAADV
MKSYPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKDYFI
KRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIW
YKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVW
VSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIKELMLTAIDYLTKKGWKISS
DPRTYDGYPKNYGYRNYHENGINYDEFCGGYHRAFDVYSNETNDVPAVTSGT
VIEANDYGNFGGTFVIRDANDNDWIYGHLQRGSMRFVVGDKNVQGDIIIGLQG
NSNYDNPMSVHLHLQLRPKDAKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKS
KNGSVKELKHIYSNHIKGNKITAPKPSIQGVVIHNDYGSMTSPSYLPWLYAREN
NGTHVNGWASVYANRNEVLWYHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYP
GRISDKLFLNEEATLKVAADVMKSYPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDL
HVGKGEPYTTTNINKMKDYFIKRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKK
QEAKQIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGV
LQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWG
EIK

10 SEC ID N.º: 25 (CHAP11_M23-2638_Ami2638_CBD2638)

[0110]

MRGSHHHHHHGSMQAKLTKNEFIEWLKTSEGKQFNVDLWYGFQCFDYANA
 GWKVLFGLLKGLGAKDIPFANNFDGLATVYQNTPDFLAQPGDMVVFGSNYG
 AGYGHVAWVIEATLDYIIVYEQNLGGGWTDGIEQPGWGWEKVTRRQHAYD
 FPMWFIRPNFKSETAPRSVQSPTQAPKKETAGSMLTAIDYLTKKGWKISSDPRT
 YDGYPKNYGYRNYHENGINYDEFCCGGYHRAFDVYSNETNDVPAVTS GTVIEA
 NDYGNFGGTFVIRDANDNDWIYGHLQRGSMRFVVGDKVNQGGDIIGLQGNSNY
 YDNPMSVHLHLQLRPKDAKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGS
 VKELKHIYSNHIKGNKITAPKPSIQGVVIHNDYGSMTPSQYLPWLYARENNGTH
 VNGWASVYANRNEVLWYHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISD
 KLFLNEEATLKVAADVMKSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHV GK
 GEPYTTTNINKMKDYFIKRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQE VKKQEAKQ
 IVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQ
 TIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

5 SEC ID N.º: 26 (Ami11_M23-2638_Ami2638_CBD2638)

[0111]

MRGSHHHHHHGSKPQPKAVELKIIKDVVKGYDLPKRGSNPKGIVIHNDAGSK
 GATAEAYRNGLVNAPLSRLEAGIAHSYVSGNTVWQALDESQVGWHTANQIGN
 KYYYGIEVCQSMGADNATFLKNEQATFQECARLLKKWGLPANRNTIRLHNEF
 TSTSCPHRSSVLHTGFDPVTRGLLPEDKRLQLKDYFIKQIRAYMDGKIPVATVS
 NESSASSNTVKPVASAGSMLTAIDYLTKKGWKISSDPRTYDGYPKNYGYRNYH
 ENGINYDEFCGGYHRAFDVYSNETNDVPAVTSGTVIEANDYGNFGGTFFVIRDA
 NDNDWIYGHLQRGSMRFVVGDKVNQGGDIIGLQGNSNYYDNPM SVHLHLQLR
 PKDAKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGN
 KITAPKPSIQGVVIHNDYGSMTPSQYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRNE
 VLWYHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISDKLFLENEEATLKVA
 ADVMKSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKD
 YFIKRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDG
 IWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHV
 WWSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

5 SEC ID N.º: 27 (CHAPTw_Ami2638_M23-LST_CBD2638)

[0112]

MRGSHHHHHHGSMKTLKQAESYIKSKVNTGTDFDGLYGYQCMDLAVDYIY
HVTDGKIRMWGNNAKDAINNSFGGTATVYKNYPAFRPKYGDVVVWTTGNFAT
YGHIAIVTNPDYPYGDLQYVTVLEQNWNGNGIYKTELATIRTHDYTGITHFIKDA
KKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITAP
KPSIQGVVIHNDYGSMTPSQYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRNEVLWY
HPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISDKLFLNEEATLKVAADVM
KSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKDYFIKR
IKHYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDAATHEHSAQWLN
NYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDFFMNIGTPVKAISSGKIVEAGWSNYGGG
NQIGLIENDGVHRQWYMHLSKYNVKGVDYVKAGQIIGWSGSTGYSTAPHLHF
QRMVNSFSNSTAQDPMPFLKSAGYGKAGGTVTPTPNTGWKQNKDGIWYKAE
HASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWE
TFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

5 SEC ID N.º: 28 (CHAPT_w Ami2638_M23-LST_CWT-LST)

[0113]

MRGSHHHHHHGSMKTLKQAESYIKSKVNTGTDFDGLYGYQCMDLAVDYIY

10

HVTDGKIRMWGNNAKDAINNSFGGTATVYKNYPAFRPKYGDVVVWTTGNFAT
 YGHIAIVTNPDYPYGDLQYVTVLEQNWNNGNGIYKTELATIRTHDYTGITHFIKDA
 KKDEKSQVCSGLAMEKEYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITAP
 KPSIQGVVIHNDYGSMTSPSYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRNEVLWY
 HPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISDKLFLNEEATLKVAADVM
 KSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKDYFIKR
 IKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDAATHEHSAQWLN
 NYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDFFMNIGTPVKAISSGKIVEAGWSNYGGG
 NQIGLIENDGVHRQWYMHLSKYNVKVG DYVKAGQIIGWSGSTGYSTAPHLHF
 QRMVNSFSNSTAQDPMPLKSAGYGKAGGTVTPTPNTGWKTNKYGTLYKSES
 ASFTPNTDIITRTTGPFRSMPQSGVLKAGQTIHYDEVMMKQDGHVWVG YTGNSG
 QRIYLPVRTWNNKSTNTLGV LWGTIK

SEC ID N.º: 29 (M23-LST_Ami2638_CBD2638)

5

[0114]

MRGSHHHHHHGSAATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDF
 MNIGTPVKAISSGKIVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHLSKYNVK
 VGDYVKAGQIIGWSGSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMPLKSAGY
 GKAGGTVTPTPNTGELLRPKDAKKDEKSQVCSGLAMEKEYDITNLNAKQDK
 SKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITAPKPSIQGVVIHNDYGSMTSPSYLPWLY
 ARENNGTHVNGWASVYANRNEVLWYHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVC
 ESYPGRISDKLFLNEEATLKVAADVMKSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPH
 RSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKDYFIKRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSD
 VKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGP
 WTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDA
 KTGKVGKLWGEIK

10 SEC ID N.º: 30 (LST LST)

[0115]

MRGSHHHHHHGSAATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDF
 MNIGTPVKAISSGKIVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHL SKYNVKV
 GDYVKAGQIIGWSGSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMPFLKSAGYGK
 AGGTVTPTPNTGWKTNKYGTLYKSESASFTPNTDIITRTTGPFERSMPQSGVLKA
 GQTIHYDEV MKQDGHVWVG YTGNSGQRIYLPVRTWNKSTNTLGVLWG TIKE
 LAATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDF FMNIGTPVKAISSG
 KIVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHL SKYNVKVGDYVKAGQIIGW
 SGSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMPFLKSAGYGKAGGTVTPTPNTG
 WKTNKYGTLYKSESASFTPNTDIITRTTGPFERSMPQSGVLKAGQTIHYDEV MK
 QDGHVWVG YTGNSGQRIYLPVRTWNKSTNTLGVLWG TIK

5

SEC ID N.º: 31 (M23-LST_M23-LST_CWT-LST)

[0116]

MRGSHHHHHHGSAATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDF
 MNIGTPVKAISSGKIVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHL SKYNVKV
 GDYVKAGQIIGWSGSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMPFLKSAGYGK
 AGGTVTPTPNTGELAATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDF
 FMNIGTPVKAISSGKIVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHL SKYNVK
 VGDYVKAGQIIGWSGSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMPFLKSAGYG
 KAGGTVTPTPNTGWKTNKYGTLYKSESASFTPNTDIITRTTGPFERSMPQSGVLK
 AGQTIHYDEV MKQDGHVWVG YTGNSGQRIYLPVRTWNKSTNTLGVLWG TIK

10

SEC ID N.º: 32 (M23-2638_Ami2638_CBD2638_CBD2638)

[0117]

MRGSHHHHHHGSMLTAIDYLTKKGWKISSDPRTYDGYPKNYGYRNYHENGI
NYDEFCCGGYHRAFDVYSNETNDVPAVTSGTVIEANDYGNFGGTFVIRDANDN
DWIYGHLQRGSMRFVVGDKNVQGDIIIGLQGNSNYNDNPMSVHLHLQLRPKD
AKKDEKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITA
PKPSIQGVVIHNDYGSMTPSQYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRNEVLW
YHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISDKLFLNEEATLKVAADV
MKSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKDYFI
KRIKHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIW
YKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVW
VSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIKELGGKLEVSKAATIKQSDV
KQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTG
HPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGK
VGKLWGEIK

5 SEC ID N.º: 33 (LST)

[0118]

GCTGCAACACATGAACATTCAGCACAAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGG
ATATGGTTACGGTCCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGG
AGTTGATTTTTTTTATGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGG

AAAAATAGTTGAAGCTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAG
GTCTTATTGAAAATGATGGAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTA
AATATAATGTTAAAGTAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGT
GGTCTGGAAGCACTGGTTATTCTACAGCACCATTTACACTTCCAAAGAA
TGGTTAATTCATTTTCAAATTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAA
GAGCGCAGGATATGGAAAAGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATA
CAGGTTGGAAAACAAACAAATATGGCACACTATATAAATCAGAGTCAGCT
AGCTTCACACCTAATACAGATATAATAACAAGAACGACTGGTCCATTTAGA
AGCATGCCGCAGTCAGGAGTCTTAAAAGCAGGTCAAACAATTCATTATGAT
GAAGTGATGAAACAAGACGGTCATGTTTGGGTAGGTTATACAGGTAACAGT
GGCCAACGTATTTACTTGCCTGTAAGAACATGGAATAAATCTACTAATACT
TTAGGTGTTCTTTGGGGAACTATAAAGTGA

SEC ID N.º: 34 (LST aa)

5

[0119]

AATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDFFMNIGTPVKAISSGK
IVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHLSKYNVKVGDYVKAGQIIGWS
GSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMPLKSAGYGKAGGTVTPTPNTGW
KTNKYGTLYKSESASFTPNTDIITRTTGPFRRSMPQSGVLKAGQTIHYDEVMKQD
GHVWVGTYTGNSGQRIYLPVRTWNKSTNTLGVLWGTIK

10 SEC ID N.º: 35 (CBD-2638)

[0120]

WKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDE
VQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

15

SEC ID N.º: 36 (CWT-LST)

[0121]

WKTNKYGTLYKSESASFTPNTDIITRTTGPFRRSMPQSGVLKAGQTIHYDEVMK
QDGHVWVGTYTGNSGQRIYLPVRTWNKSTNTLGVLWGTIK

20

SEC ID N.º: 37 (M23-2638)

[0122]

MLTAIDYLTKKGWKISSDPRTYDGYPKNYGYRNYHENGINYDEFCCGGYHRAF
DVYSNETNDVPAVTSGTVIEANDYGNFGGTFVIRDANDNDWIYGHLQRGSMR
FVVGDKNVQGGDIIGLQGNSNYDNPMSVHLHLQLRPKDAKKD

5 SEC ID N.º: 38 (M23-LST)

[0123]

AATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDFFMNIGTPVKAISSGK
IVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHLSKYNVKVGDYVKAGQIIGWS
GSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMPLKSAGY

10 SEC ID N.º: 39 (Ami-2638)

[0124]

NKITAPKPSIQGVVIHNDYGSMTSPQYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRN
EVLWYHPTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISDKLFLENEEATLKV
AADVMKSYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMK
DYFIKRIKHYYDG

15 SEC ID N.º: 40 (Ami-Φ11)

[0125]

NPKGIVIHNDAGSKGATAEAYRNGLVNAPLSRLEAGIAHSYVSGNTVWQALD
ESQVGWHTANQIGNKYYYGIEVCQSMGADNATFLKNEQATFQECARLLKKW
GLPANRNTIRLHNEFTSTSCPHRSSVLHTGFDPVTRGLLPEDKRLQLKDYFIKQI
RAYMD
SEC ID N.º: 41 (CHAP-Φ11)

25 [0126]

MSIIMEVATMQAKLTKNEFIEWLKTSEGKQFNVDLWYGFQCFDYANAGWKV
LFGLLLKGLGAKDIPFANNFDGLATVYQNTPDFLAQPGDMVVFGSNYGAGYG
HVAWVIEATLDYIIVYEQNWLGGGWTDGIEQPGWGWEKVTRRQHAYDFPMW
FIRP

SEC ID N.º: 42(CHAP-ΦTwort)

[0127]

MKTLKQAESYIKSVNTGTDFDGLYGYQCMDLAVDYIYHVTDGKIRMWGNA
KDAINNSFGGTATVYKNYPAFRPKYGDVVVWTTGNFATYGHIAIVTNPDYPG
DLQYVTVLEQNWNGNGIYKTELATIRTHDYTGITHFI

5 SEC ID N.º: 43 (etiqueta 6xHis N terminal)

[0128] MRGSHHHHHHGS

10 SEC ID N.º: 44 (Ply2638 + 6xHis y sitios de clonación)

[0129]

ES 2 589 784 T3

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGCTAACTGCTATT

GACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCCTCGCACTTAC
 GATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTACCATGAAAACGGCATT
 AATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAGTA
 ACGAAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGCAA
 ACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGATA
 ACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGTAG
 GCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAACT
 ATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACAATTACGCCCTAAAGA
 CGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAA
 AATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGG
 AGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAG
 ATTACAGCACCAAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTAT
 GGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAAT
 AACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAA
 GTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAA
 TGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGT
 AGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTA
 GCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTA
 CGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACT
 TGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACCTACTAATATTAATAAAATGA
 AAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAG
 AAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTT
 AAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGA
 ATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAG
 CACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCAC
 AAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAA
 AATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTG
 TATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGT
 TGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 45 (CHAP 11_ M23-2638_ Ami2638_ CBD2638+6xHis y sitios de clonación)

[0130]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGCAAGCAAAATTA

5 ACTAAAAATGAGTTTATAGAGTGGTTGAAAACCTTCTGAGGGAAAACAATTC

AATGTGGACTTATGGTATGGATTTCAATGCTTTGATTATGCCAATGCTGGTT
 GGAAAGTTTTGTTTGGATTACTTCTAAAAGGTTTAGGTGCAAAGATATTCC
 GTTCGCTAACAACTTCGACGGATTAGCTACTGTATACCAAATACACCGGA
 CTTCTTAGCACAACTGGCGACATGGTGGTATTCGGTAGCAACTACGGTGC
 TGGATATGGTCACGTTGCATGGGTAATTGAAGCAACTTTAGATTACATCATT
 GTATATGAGCAGAATTGGCTAGGCGGTGGCTGGACTGACGGAATCGAACA
 ACCCGGCTGGGGTTGGGAAAAAGTTACAAGACGACAACATGCTTATGATTT
 CCCTATGTGGTTTATCCGTCCGAATTTTAAAAGTGAGACAGCGCCACGATC
 AGTTCAATCTCCTACACAAGCACCTAAAAAAGAAACAGCTGGATCCATGCT
 AACTGCTATTGACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCC
 TCGCACTTACGATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTACCATGA
 AAACGGCATTAAATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGAT
 GTTTACAGTAACGAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTT
 ATTGAAGCAAACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGAC
 GCTAACGATAACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGA
 TTTGTTGTAGGCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGT
 AATAGCAACTATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACAATTAC
 GCCCTAAAGACGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTG
 GCTATGGAAAAATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCA
 AAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTTAA
 GGTAACAAGATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCAC
 AATGATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCAC
 GTGAGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATA
 GAAACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTG
 GTAATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGT
 ATCCTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAAATGAAGAAGCGACAT
 TGAAAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCA
 AACTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACTTCTTGTCCACATCGTTC
 GTGGGACTTGTCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACACTACTAATATTAA
 TAAAATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGG
 AAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGC
 AAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGG
 AAACAGAATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTTACA

GTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGT
CACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAG
GTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGC
GAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTT
GGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 46 (Ami11_M23-2638_Ami2638_CBD2638+6xHis y sitios de clonación)

5

[0131]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCAAGCCACAACCTAAA
 GCAGTAGAACTTAAAATCATCAAAGATGTGGTTAAAGGTTATGACCTACCT
 AAGCGTGGTAGTAACCCTAAAGGTATAGTTATACACAACGACGCAGGGAG
 CAAAGGGGCGACTGCTGAAGCATATCGTAACGGATTAGTAAATGCACCTTT
 ATCAAGATTAGAAGCGGGCATTGCGCATAGTTACGTATCAGGCAACACAGT
 TTGGCAAGCCTTAGATGAATCACAAGTAGGTTGGCATACCGCTAATCAAAT
 AGGTAATAAATATTATTACGGTATTGAAGTATGTCAATCAATGGGCGCAGA
 TAACGCGACATTCTTAAAAAATGAACAGGCAACTTTCCAAGAATGCGCTAG
 ATTGTTGAAAAAATGGGGATTACCAGCAAACAGAAATACAATCAGATTGC
 ACAATGAATTTACTTCAACATCATGCCCTCATAGAAGTTCGGTTTTACACAC
 TGGTTTTTGACCCAGTAACTCGCGGTCTATTGCCAGAAGACAAGCGGTTGCA
 ACTTAAAGACTACTTTATCAAGCAGATTAGGGCGTACATGGATGGTAAAAT
 ACCGGTTGCCACTGTCTCTAATGAGTCAAGCGCTTCAAGTAATACAGTTAA
 ACCAGTTGCAAGTGCAGGATCCATGCTAACTGCTATTGACTATCTTACGAA
 AAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCCTCGCACTTACGATGGTTACCCTAA
 AAACTACGGCTACAGAAATTACCATGAAAACGGCATTAAATTATGATGAGTT
 TTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAGTAACGAAACTAACGAC
 GTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGCAAACGATTACGGTAAT
 TTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGATAACGATTGGATATAT
 GGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGTAGGCGACAAAGTCAAT
 CAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAACTATTACGACAATCCT
 ATGAGTGTACATTTACATTTACAATTACGCCCTAAAGACGCAAAGAAAGAT
 GAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAAAATATGACATTACA
 AATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGGAGCGTGAAAGAGTT
 GAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAGATTACAGCACCAAA
 ACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTATGGTAGTATGACACC

TAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAATAACGGTACACACGT
 TAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAAGTGCTTTGGTATCA
 TCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAATGGGCAAATGCTAA
 CTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGTAGAATCTCGGACAA
 ATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTAGCTGCGGATGTGAT
 GAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTACGTCTGCATAACGA
 ATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACTTGCATGTTGGCAA
 GGTGAGCCTTACACAACACTACTAATATTAATAAAATGAAAGACTACTTCATC
 AAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGC
 AGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAG
 CAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATT
 TGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAATT
 ATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTA
 CAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCAT
 GTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTA
 CGCACATGGGACGCTAAAACTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATT
 AAATAA

SEC ID N.º: 47 (CHAPTw_Ami2638 M23-LST CBD2638 +6xHis y sitios de clonación)

5

[0132]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGAAAACCCTGAAA
CAAGCAGAGTCCTACATTAAGAGTAAAGTAAATACAGGAACTGATTTTGAT
GGTTTATATGGGTATCAGTGTATGGACTTAGCAGTAGATTATATTTACCATG
TAACAGATGGTAAAATAAGAATGTGGGGTAATGCTAAGGATGCGATAAAT
AACTCTTTTGGTGGTACTGCTACGGTATATAAAAACCTACCCTGCTTTTAGAC
CTAAGTACGGTGATGTAGTCGTATGGACTACTGGTAATTTTGCAACTTATGG
TCATATCGCAATAGTTACTAACCCTGACCCTTATGGAGACCTTCAATATGTT
ACAGTTCTTGAACAAAACCTGGAACGGTAACGGGATTTATAAAACCGAGTTA
GCTACAATCAGAACACACGATTACACAGGAATTACACATTTTATTAAAGAC
GCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAAA
ATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGGA
GCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAGA
TTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTATG
GTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAATA

ACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAAACGAAG
 TGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAAT
 GGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGTA
 GAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTAG
 CTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTAC
 GTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACTT
 GCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACACTACTAATATTAATAAAAATGAA
 AGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAAGCTAGA
 AGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTA
 AAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATGCTGCAACACAT
 GAACATTCAGCACAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGGATATGGTTACGGT
 CCTTATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGGAGTTGATTTTTTTTA
 TGAATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGGAAAAATAGTTGAAG
 CTGGTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAGGTCTTATTGAAAATG
 ATGGAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTAAATATAATGTTAAAG
 TAGGAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTTGGTCTGGAAGCACTG
 GTTATTCTACAGCACCACATTTACACTTCCAAAGAATGGTTAATTCATTTTC
 AAATTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAAGAGCGCAGGATATGG
 AAAAGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATACAGGTGGAACAGA
 ATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAG
 CACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCAC
 AAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAA
 AATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTG
 TATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGT
 TGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 48 (M23-LST_Ami2638 CBD2638 + 6xHis y sitios de clonación)

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCGCTGCAACACATGAA
CATTCAGCACAAATGGTTGAATAATTACAAAAAAGGATATGGTTACGGTCCT
TATCCATTAGGTATAAATGGCGGTATGCACTACGGAGTTGATTTTTTTATGA
ATATTGGAACACCAGTAAAAGCTATTTCAAGCGGAAAAATAGTTGAAGCTG
GTTGGAGTAATTACGGAGGAGGTAATCAAATAGGTCTTATTGAAAATGATG
GAGTGCATAGACAATGGTATATGCATCTAAGTAAATATAATGTTAAAGTAG

GAGATTATGTCAAAGCTGGTCAAATAATCGGTTGGTCTGGAAGCACTGGTT
 ATTCTACAGCACCACATTTACACTTCCAAAGAATGGTTAATTCATTTTCAAA
 TTCAACTGCCCAAGATCCAATGCCTTTCTTAAAGAGCGCAGGATATGGAAA
 AGCAGGTGGTACAGTAACTCCAACGCCGAATACAGGTGAGCTCTTACGCCC
 TAAAGACGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTA
 TGGAAAAATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAG
 AATGGGAGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGT
 AACAAGATTACAGCACCAAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAAT
 GATTATGGTAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTG
 AGAATAACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGTTTATGCAAATAGAA
 ACGAAGTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTA
 ATCAATGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATC
 CTGGTAGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGA
 AAGTAGCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACA
 CTGTACGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTG
 GGACTTGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACAACCTACTAATATTAATAA
 AATGAAAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGA
 GCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAG
 AAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAA
 CAGAATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTG
 ACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCAC
 CCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTT
 CAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAA
 ACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGT
 AAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

SEC ID N.º: 49 (M23-2638 Ami2638 CBD2638 CBD2638 + 6xHis y sitios de clonación)

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGCTAACTGCTATT
GACTATCTTACGAAAAAAGGTTGGAAAATATCATCTGACCCTCGCACTTAC
GATGGTTACCCTAAAAACTACGGCTACAGAAATTACCATGAAAACGGCATT
AATTATGATGAGTTTTGTGGTGGTTATCATAGAGCTTTTGATGTTTACAGTA
ACGAAACTAACGACGTGCCTGCTGTTACTAGCGGAACAGTTATTGAAGCAA

ACGATTACGGTAATTTTGGTGGTACATTCGTTATTAGAGACGCTAACGATA
 ACGATTGGATATATGGGCATCTACAACGTGGCTCAATGCGATTTGTTGTAG
 GCGACAAAGTCAATCAAGGTGACATTATTGGTTTACAAGGTAATAGCAACT
 ATTACGACAATCCTATGAGTGTACATTTACATTTACAATTACGCCCTAAAGA
 CGCAAAGAAAGATGAAAAATCACAAGTATGTAGTGGTTTGGCTATGGAAA
 AATATGACATTACAAATTTAAATGCTAAACAAGATAAATCAAAGAATGGG
 AGCGTGAAAGAGTTGAAACATATCTATTCAAACCATATTAAAGGTAACAAG
 ATTACAGCACCAAAACCTAGTATTCAAGGTGTGGTCATCCACAATGATTAT
 GG TAGTATGACACCTAGTCAATACTTACCATGGTTATATGCACGTGAGAAT
 AACGGTACACACGTTAACGGTTGGGCTAGTGT TTATGCAAATAGAAACGAA
 GTGCTTTGGTATCATCCGACAGACTACGTAGAGTGGCATTGTGGTAATCAA
 TGGGCAAATGCTAACTTAATCGGATTTGAAGTGTGTGAGTCGTATCCTGGT
 AGAATCTCGGACAAATTATTCTTAGAAAATGAAGAAGCGACATTGAAAGTA
 GCTGCGGATGTGATGAAGTCGTACGGATTACCAGTTAATCGCAACACTGTA
 CGTCTGCATAACGAATTCTTCGGAACCTTCTTGTCCACATCGTTCGTGGGACT
 TGCATGTTGGCAAAGGTGAGCCTTACACA ACTACTAATATTAATAAAATGA
 AAGACTACTTCATCAAACGCATCAAACATTATTATGACGGTGGAAGCTAG
 AAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTT
 AAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGA
 ATAAAGATGGCATT TTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAG
 CACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCAC
 AAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAA
 AATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTG
 TATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAA ACTGGTAAAGTTGGTAAGT
 TGTGGGGCGAAATTAAAGAGCTCGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCA
 GCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGC
 AAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATT
 TGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTA
 TCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTAC
 AAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATG
 TTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTAC
 GCACATGGGACGCTAAA ACTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTA
 AATAA

SEC ID N.º: 50 (vector pQE-30, disponible bajo el número de catálogo: 32915 en Qiagen - Hilden, Alemania)

[0135]

CTCGAGAAATCATAAAAAATTTATTTGCTTTGTGAGCGGATAACAATTATA
 ATAGATTCAATTGTGAGCGGATAACAATTTACACAGAATTCATTAAAGAG
 GAGAAATTA ACTATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCGCA
 TCGGAGCTCGGTACCCCGGGTCGACCTGCAGCCAAGCTTAATTAGCTGAGC
 TTGGACTCCTGTTGATAGATCCAGTAATGACCTCAGAACTCCATCTGGATTT
 GTTCAGAACGCTCGGTTGCCGCCGGGCGTTTTTTTATTGGTGAGAATCCAAG
 CTAGCTTGGCGAGATTTTCAGGAGCTAAGGAAGCTAAAATGGAGAAAAAA
 ATCACTGGATATAACCACCGTTGATATATCCCAATGGCATCGTAAAGAACAT
 TTTGAGGCATTTTCAGTCAGTTGCTCAATGTACCTATAACCAGACCGTTCAGC
 TGGATATTACGGCCTTTTTTAAAGACCGTAAAGAAAAATAAGCACAAGTTTT
 ATCCGGCCTTTATTCACATTCTTGCCCGCCTGATGAATGCTCATCCGGAATT
 TCGTATGGCAATGAAAGACGGTGAGCTGGTGATATGGGATAGTGTTACCCC
 TTGTTACACCGTTTTTCCATGAGCAAACCTGAAACGTTTTTCATCGCTCTGGAGT
 GAATACCACGACGATTTCCGGCAGTTTCTACACATATATTCGCAAGATGTG
 GCGTGTTACGGTGAAAACCTGGCCTATTTCCCTAAAGGGTTTTATTGAGAAT
 ATGTTTTTTCGTCTCAGCCAATCCCTGGGTGAGTTTCACCAGTTTTTGATTTAA
 ACGTGGCCAATATGGACAACCTTCTTCGCCCCCGTTTTTCACCATGGGCAAAT
 ATTATACGCAAGGCGACAAGGTGCTGATGCCGCTGGCGATTTCAGGTTCATC
 ATGCCGTTTGTGATGGCTTCCATGTCGGCAGAATGCTTAATGAATTACAAC
 AGTACTGCGATGAGTGGCAGGGCGGGGCGTAATTTTTTTAAGGCAGTTATT
 GGTGCCCTTAAACGCCTGGGGTAATGACTCTCTAGCTTGAGGCATCAAATA
 AAACGAAAGGCTCAGTCGAAAGACTGGGCCTTTCGTTTTATCTGTTGTTTGT
 CGGTGAACGCTCTCCTGAGTAGGACAAATCCGCCCTCTAGAGCTGCCTCGC
 GCGTTTCGGTGATGACGGTGAAAACCTCTGACACATGCAGCTCCCGGAGAC
 GGTCACAGCTTGTCTGTAAGCGGATGCCGGGAGCAGACAAGCCCGTCAGG
 GCGCGTCAGCGGGTGTTGGCGGGTGTCGGGGCGCAGCCATGACCCAGTCAC
 GTAGCGATAGCGGAGTGTATACTGGCTTA ACTATGCGGCATCAGAGCAGAT
 TGTA CTGAGAGTGCACCATATGCGGTGTGAAATACCGCACAGATGCGTAAG
 GAGAAAATACCGCATCAGGCGCTCTTCCGCTTCCTCGCTCACTGACTCGCTG
 CGCTCGGTTCGTTTCGGCTGCGGCGAGCGGTATCAGCTCACTCAAAGGCGGTA
 ATACGGTTATCCACAGAATCAGGGGATAACGCAGGAAAGAACATGTGAGC

AAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGGCCGCGTTGCTGGCGT
TTTTCCATAGGCTCCGCCCCCTGACGAGCATCACAAAAATCGACGCTCAA
GTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAAGATACCAGGCGTTTCCCC
CTGGAAGCTCCCTCGTGCGCTCTCCTGTTCCGACCCTGCCGCTTACCGGATA
CCTGTCCGCCTTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTTTCTCATAGCTCACGC
TGTAAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTCGTTGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGC
ACGAACCCCCCGTTCAGCCCGACCGCTGCGCCTTATCCGGTAACTATCGTCT
TGAGTCCAACCCGGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGG
TAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAA
GTGGTGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAGGACAGTATTTGGTATCTGCGC
TCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGG
CAAACAAACCACCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTTTGTGTTGCAAGCAGCAGAT
TACGCGCAGAAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTTCTACGGG
GTCTGACGCTCAGTGGAACGAAAACCTCACGTTAAGGGATTTTGGTCATGAG
ATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTAAATTA AAAATGAAGTTTT
AAATCAATCTAAAGTATATATGAGTAAACTTGGTCTGACAGTTACCAATGC
TTAATCAGTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTTGTTTCATCCATAG
TTGCCTGACTCCCCGTCGTGTAGATAACTACGATACGGGAGGGCTTACCAT
CTGGCCCCAGTGCTGCAATGATACCGCGAGACCCACGCTCACCGGCTCCAG
ATTTATCAGCAATAAAACCAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTGGT
CCTGCAACTTTATCCGCCTCCATCCAGTCTATTAATTGTTGCCGGGAAGCTA
GAGTAAGTAGTTCGCCAGTTAATAGTTTGC GCAACGTTGTTGCCATTGCTAC
AGGCATCGTGGTGTACGCTCGTCGTTTGGTATGGCTTCATTCAGCTCCGGT
TCCAACGATCAAGGCGAGTTACATGATCCCCCATGTTGTGCAAAAAAGCG
GTTAGCTCCTTCGGTCCTCCGATCGTTGTCAGAAGTAAGTTGGCCGCAGTGT
TATCACTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAATTCTCTTACTGTCATGCCATC
CGTAAGATGCTTTTCTGTGACTGGTGAGTACTCAACCAAGTCATTCTGAGA
ATAGTGTATGCGGCGACCGAGTTGCTCTTGCCCGGCGTCAATACGGGATAA
TACCGCGCCACATAGCAGAACTTTAAAAGTGCTCATCATTGGAAAACGTTT
TTCGGGGCGAAAACTCTCAAGGATCTTACCGCTGTTGAGATCCAGTTCGAT
GTAACCCACTCGTGCACCCAACTGATCTTCAGCATCTTTTACTTTACCCAGC
GTTTCTGGGTGAGCAAAAACAGGAAGGCAAAATGCCGCAAAAAAGGGAAT
AAGGGCGACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCTTCCTTTTCAATATTAT

TGAAGCATTATCAGGGTTATTGTCTCATGAGCGGATACATATTTGAATGTA
TTTAGAAAAATAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGAAAAAGTGC
CACCTGACGTCTAAGAAACCATTATTATCATGACATTAACCTATAAAAATA
GGCGTATCACGAGGCCCTTTCGTCTTCAC

SEC ID N.º: 51 (CBD-2638 con enlazador putativo indicado en negrita)

5

[0136]

GKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASF
TVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEG
ETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

10 SEC ID N.º: 52 (CWT-LST con enlazador putativo indicado en negrita)

[0137]

GKAGGTVTPNTGWKTNKYGTLYKSESASFTPNTDIITRTTGPFERSMPQSGV
LKAGQTIHYDEVKQDGHVWVGTYGNSGQRIYLPVRTWNKSTNTLGVLWGT
IK

15

SEC ID N.º: 53 (M23-2638 con enlazador putativo indicado en negrita)

[0138]

MLTAIDYLTKKGWKISSDPRTYDGYPKNYGYRNYHENGINYDEFCCGGYHRAF
DVYSNETNDVPAVTSGTVIEANDYGNFGGTFVIRDANDNDWIYGHLQRGSMR
FVVGDKVNQGDIIQLQNSNYDNPMSVHLHLQLRPKDAKKDEKSQVCSGL
AMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKG

20

SEC ID N.º: 54 (M23-LST con enlazador putativo indicado en negrita)

25

[0139]

AATHEHSAQWLNNYKKGYGYGPYPLGINGGMHYGVDFFMNIGTPVKAISSGK
IVEAGWSNYGGGNQIGLIENDGVHRQWYMHLSKYNVKVGDYVKAGQIIGWS
GSTGYSTAPHLHFQRMVNSFSNSTAQDPMFLKSAGY**GKAGGTVTPNTG**

SEC ID N.º: 55 (Ami-2638 con enlazador putativo indicado en negrita)

[0140]

EKSQVCSGLAMEKYDITNLNAKQDKSKNGSVKELKHIYSNHIKGNKITAPK
PSIQGVVIHNDYGSMTPSQYLPWLYARENNGTHVNGWASVYANRNEVLWYH
PTDYVEWHCGNQWANANLIGFEVCESYPGRISDKLFLNEEATLKVAADVMK
SYGLPVNRNTVRLHNEFFGTSCPHRSWDLHVGKGEPYTTTNINKMKDYFIKRI
KHYYDGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATD

5 SEC ID N.º: 56 (Ami-Φ11 con enlazador putativo indicado en negrita)

[0141]

PKKETAKPQPKAVELKIIKDVVVKGYDLPKRGSNPKGIVIHNDAGSKGATAE
AYRNGLVNAPLSRLEAGIAHSYVSGNTVWQALDESQVGWHTANQIGNKYYY
GIEVCQSMGADNATFLKNEQATFQECARLLKKWGLPANRNTIRLHNEFTSTSC
PHRSSVLHTGFDPVTRGLLPEDKRLQLKDYFIKQIRAYMDGKIPVATVSNESSA
SSNTVKPVASA

10 SEC ID N.º: 57 (CHAP-Φ11 con enlazador putativo indicado en negrita)

[0142]

MSIIMEVATMQAKLTKNEFIEWLKTSEGKQFNVDLWYGFQCFDYANAGWKV
LFGLLLKGLGAKDIPFANNFDGLATVYQNTPDFLAQPGDMVVFGSNYGAGYG
HVAWVIEATLDYIIVYEQNWLGGGWTDGIEQPGWGWEKVTRRQHAYDFPMW
FIRPNFKSETAPRSVQSPTQAPKKETAKPQPKAVELKIIKDVVVKGYDLPKRG

15 SEC ID N.º: 58 (CHAP-ΦTwort con enlazador putativo indicado en negrita)

[0143]

MKTLKQAESYIKSVNTGTDFDGLYGYQCMDLAVDYIYHVTDGKIRMWGNA
KDAINNSFGGTATVYKNYPAPFRPKYGDVVVWTTGNFATYGHIAIVTNPDYGG
DLQYVTVLEQNWNGNGIYKTELATIRTHDYTGITHFIRPNFATESSVKKKDTK
KKPKPSNRDGINKDKIVYDRTNINYNMVKRG

20 SEC ID N.º: 59 (pHGFP_CBD2638_c vector)

25 [0144]

CTCGAGAAATCATAAAAAATTTATTTGCTTTGTGAGCGGATAACAATTATA
 ATAGATTCAATTGTGAGCGGATAACAATTTACACAGAATTCATTAAAGAG
 GAGAAATTAACATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATG
 AGTAAAGGAGAAGAAGCTTTTCACTGGAGTTGTCCCAATTCTTGTTGAATTA
 GATGGTGATGTTAATGGGCACAAATTTTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGT
 GATGCAACATACGGAAAACCTTACCCTTAAATTTATTTGCACTACTGGAAAA
 CTACCTGTTCCATGGCCAACACTTGTCCTACTTTTCGCGTATGGTCTTCAAT
 GCTTTGCGAGATACCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTTTTCAAGAGTG
 CCATGCCCCGAAGGTTATGTACAGGAAAGAACTATATTTTTTCAAAGATGACG
 GGAAC TACAAGACACGTGCTGAAGTCAAGTTTGAAGGTGATACCCTTGTTA
 ATAGAATCGAGTTAAAAGGTATTGATTTTAAAGAAGATGGAAACATTCTTG
 GACACAAATTGGAATACAAC TATAACTCACACAATGTATACATCATGGCAG
 ACAAACAAAAGAATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAACATT

GAAGATGGAAGCGTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATT
GGCGATGGCCCTGTCCTTTTACCAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTG
CCCTTTCGAAAGATCCCAACGAAAAGAGAGACCACATGGTCCTTCTTGAGT
TTGTAACAGCTGCTGGGATTACACATGGCATGGATGAACTATACAAAGAGC
TCGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGAC
GTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAAC
AGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATTGTGGTATAAAGCTGAACATGCTTC
GTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTG
GACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATA
TGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTT
TGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACTG
GTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAATAAGTCGACCTGCAGCCAA
GCTTAATTAGCTGAGCTTGGACTCCTGTTGATAGATCCAGTAATGACCTCAG
AACTCCATCTGGATTTGTTCAGAACGCTCGGTTGCCGCCGGGCGTTTTTTAT
TGGTGAGAATCCAAGCTAGCTTGGCGAGATTTTCAGGAGCTAAGGAAGCTA
AAATGGAGAAAAAAATCACTGGATATAACCACCGTTGATATATCCCAATGGC
ATCGTAAAGAACATTTTGAGGCATTTTCAGTCAGTTGCTCAATGTACCTATAA
CCAGACCGTTCAGCTGGATATTACGGCCTTTTTTAAAGACCGTAAAGAAAAA
TAAGCACAAGTTTTATCCGGCCTTTATTCACATTCTTGCCCGCCTGATGAAT
GCTCATCCGGAATTTTCGTATGGCAATGAAAGACGGTGAGCTGGTGATATGG
GATAGTGTTACCCCTTGTTACACCGTTTTCCATGAGCAAACCTGAAACGTTTT
CATCGCTCTGGAGTGAATACCACGACGATTTCCGGCAGTTTCTACACATAT
ATTCGCAAGATGTGGCGTGTTACGGTGAAAACCTGGCCTATTTCCCTAAAG
GGTTTATTGAGAATATGTTTTTCGTCTCAGCCAATCCCTGGGTGAGTTTCAC
CAGTTTTGATTTAAACGTGGCCAATATGGACAACCTTCTTCGCCCCCGTTTTTC
ACCATGGGCAAATATTATACGCAAGGCGACAAGGTGCTGATGCCGCTGGCG
ATTCAGGTTTCATCATGCCGTTTGTGATGGCTTCCATGTCGGCAGAATGCTTA
ATGAATTACAACAGTACTGCGATGAGTGGCAGGGCGGGGCGTAATTTTTTTT
AAGGCAGTTATTGGTGCCCTTAAACGCCTGGGGTAATGACTCTCTAGCTTG
AGGCATCAAATAAAACGAAAGGCTCAGTCGAAAGACTGGGCCTTTCGTTTT
ATCTGTTGTTTGTTCGGTGAACGCTCTCCTGAGTAGGACAAATCCGCCCTCTA
GAGCTGCCTCGCGCGTTTCGGTGATGACGGTGAAAACCTCTGACACATGCA
GCTCCCGGAGACGGTCACAGCTTGTCTGTAAGCGGATGCCGGGAGCAGACA

AGCCCGTCAGGGCGCGTCAGCGGGTGTGGCGGGTGTGCGGGGCGCAGCCAT
 GACCCAGTCACGTAGCGATAGCGGAGTGTATACTGGCTTA ACTATGCGGCA
 TCAGAGCAGATTGTACTGAGAGTGCACCATATGCGGTGTGAAATACCGCAC
 AGATGCGTAAGGAGAAAATACCGCATCAGGCGCTCTTCCGCTTCCTCGCTC
 ACTGACTCGCTGCGCTCGGTTCGTTTCGGCTGCGGCGAGCGGTATCAGCTCAC
 TCAAAGGCGGTAATACGGTTATCCACAGAATCAGGGGATAACGCAGGAAA
 GAACATGTGAGCAAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGGCCG
 CGTTGCTGGCGTTTTTCCATAGGCTCCGCCCCCTGACGAGCATCACAAAA
 ATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAAGATAC
 CAGGCGTTTCCCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCGCTCTCCTGTTCCGACCCTGC
 CGCTTACCGGATACCTGTCCGCCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTTC
 TCATAGCTCACGCTGTAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTCGTTTCGCTCCAAG
 CTGGGCTGTGTGCACGAACCCCCCGTTCAGCCCGACCGCTGCGCCTTATCC
 GGTA ACTATCGTCTTGAGTCCAACCCGGTAAGACACGACTTATCGCCACTG
 GCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGC
 TACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAGGACAGT
 ATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGAAAAAGAGTTGG
 TAGCTCTTGATCCGGCAAACAAACACCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTTTTGTT
 TGCAAGCAGCAGATTACGCGCAGAAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTT
 GATCTTTTCTACGGGGTCTGACGCTCAGTGGAACGAAA ACTCACGTTAAGG
 GATTTTGGTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTAAAT
 TAAAAATGAAGTTTTTAAATCAATCTAAAGTATATATGAGTAAACTTGGTCT
 GACAGTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTAT
 TTCGTT CATCCATAGTTGCCTGACTCCCCGTCGTGTAGATAACTACGATACG
 GGAGGGCTTACCATCTGGCCCCAGTGCTGCAATGATACCGCGAGACCCACG
 CTCACCGGCTCCAGATTTATCAGCAATAAACCAGCCAGCCGGAAGGGCCGA
 GCGCAGAAGTGGTCCTGCAACTTTATCCGCCTCCATCCAGTCTATTAATTGT
 TGCCGGGAAGCTAGAGTAAGTAGTTCGCCAGTTAATAGTTTGCGCAACGTT
 GTTGCCATTGCTACAGGCATCGTGGTGTACGCTCGTCGTTTGGTATGGCTT
 CATT CAGCTCCGGTTCCCAACGATCAAGGCGAGTTACATGATCCCCCATGTT
 GTGCAAAAAAGCGGTTAGCTCCTTCGGTCCTCCGATCGTTGTCAGAAGTAA
 GTTGGCCGCAGTGTTATCACTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAATTCTCTT
 ACTGTCATGCCATCCGTAAGATGCTTTTCTGTGACTGGTGAGTACTCAACCA

AGTCATTCTGAGAATAGTGTATGCGGGCGACCGAGTTGCTCTTGCCCCGGCGT
CAATACGGGATAATACCGCGCCACATAGCAGAACTTTAAAAGTGCTCATCA
TTGGAAAACGTTCTTCGGGGCGAAAACCTCTCAAGGATCTTACCGCTGTTGA
GATCCAGTTCGATGTAACCCACTCGTGCACCCAACTGATCTTCAGCATCTTT
TACTTTCACCAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAACAGGAAGGCAAAATGCCGC
AAAAAAGGGAATAAGGGCGACACGGAAATGTTGAATACTCATACTCTTCCT
TTTTCAATATTATTGAAGCATTTATCAGGGTTATTGTCTCATGAGCGGATAC
ATATTTGAATGTATTTAGAAAAATAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATTT
CCCCGAAAAGTGCCACCTGACGTCTAAGAAACCATTATTATCATGACATTA
ACCTATAAAAATAGGCGTATCACGAGGCCCTTTCGTCTTCAC

SEC ID N.º: 60 (GFP_CBD2638)

5

[0145]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGAGTAAAGGAGA
 AGAACTTTTCACTGGAGTTGTCCCAATTCTTGTGAATTAGATGGTGATGTT
 AATGGGCACAAATTTTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATAC
 GGAAAACCTTACCCTTAAATTTATTTGCACTACTGGAAAACCTGTTCCAT
 GGCCAACTTGTCACTACTTTCGCGTATGGTCTTCAATGCTTTGCGAGATA
 CCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTTTCAAGAGTGCCATGCCCCGAAGG
 TTATGTACAGGAAAGAACTATATTTTTCAAAGATGACGGGAACTACAAGAC
 ACGTGCTGAAGTCAAGTTTGAAGGTGATACCCTTGTTAATAGAATCGAGTT
 AAAAGGTATTGATTTTAAAGAAGATGGAAACATTCTTGGACACAAATTGGA
 ATACAACTATAACTCACACAATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGA
 ATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAACATTGAAGATGGAAGC
 GTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGGCCCT
 GTCCTTTTACCAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTGCCCTTTCGAAAG
 ATCCCAACGAAAAGAGAGACCACATGGTCCTTCTTGAGTTTGTAACAGCTG
 CTGGGATTACACATGGCATGGATGAACTATACAAAGAGCTCGGTGGAAAG
 CTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGA
 AGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAAC
 AGAATAAAGATGGCATTGTGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGA
 CAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACC
 CACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTC
 AAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAA
 CTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTA
 AGTTGTGGGGCGAAATTAAATAA

5

SEC ID N.º: 61 (GFP_CBD2638_CBD2638 Variante 1. Sitios de restricción usados para construcción: BamHI - SacI -
 SacI- Sall. Codón de parada TAA derivado de 2º CBD2638)

10

[0146]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGAGTAAAGGAGA
 AGAACTTTTCACTGGAGTTGTCCCAATTCTTGTTGAATTAGATGGTGATGTT
 AATGGGCACAAATTTTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATAC
 GGAAAACCTTACCCTTAAATTTATTTGCACTACTGGAAAACCTACCTGTTCCAT
 GGCCAACACTTGTCCTACTTTTCGCGTATGGTCTTCAATGCTTTGCGAGATA
 CCCAGATCATATGAAACGGCATGACTTTTTTCAAGAGTGCCATGCCCCGAAGG
 TTATGTACAGGAAAGAACTATATTTTTTCAAAGATGACGGGAACTACAAGAC
 ACGTGCTGAAGTCAAGTTTGAAGGTGATACCCTTGTTAATAGAATCGAGTT
 AAAAGGTATTGATTTTAAAGAAGATGGAAACATTCTTGGACACAAATTGGA
 ATACAACTATAACTCACACAATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGA
 ATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAACATTGAAGATGGAAGC
 GTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGGCCCT
 GTCCTTTTACCAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTGCCCTTTCGAAAG
 ATCCCAACGAAAAGAGAGACCACATGGTCCTTCTTGAGTTTGTAACAGCTG
 CTGGGATTACACATGGCATGGATGAACTATACAAAGAGCTCGGTGGAAAG
 CTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGA
 AGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAAC
 AGAATAAAGATGGCATTGTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGA
 CAGCACCAGAGGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACC
 CACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTTC
 AAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAA
 CTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTA
 AGTTGTGGGGCGAAATTAAAGAGCTCGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAA
 GCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGA
 AGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCA
 TTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAA
 TTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTAT
 TACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTC

ATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGG
TACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAA
ATTAAATAAGTCGAC

5 SEC ID N.º: 62 (GFP CBD2638 CBD2638 Variante 2. Sitios de restricción usados para construcción: BamHI - SacI - KpnI - Sall. Codón de parada es codificado por vector)

[0147]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGAGTAAAGGAGA
 AGAACTTTTCACTGGAGTTGTCCCAATTCTTGTTGAATTAGATGGTGATGTT
 AATGGGCACAAATTTTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATAC
 GGAAAACCTTACCCTTAAATTTATTTGCACTACTGGAAAACCTGTTCCAT
 GGCCAACTTGTCACTACTTTTCGCGTATGGTCTTCAATGCTTTGCGAGATA
 CCCAGATCATATGAAACAGCATGACTTTTTTCAAGAGTGCCATGCCCCGAAGG
 TTATGTACAGGAAAGAACTATATTTTTTCAAAGATGACGGGAACTACAAGAC
 ACGTGCTGAAGTCAAGTTTGAAGGTGATACCCTTGTTAATAGAATCGAGTT
 AAAAGGTATTGATTTTAAAGAAGATGGAAACATTCTTGGACACAAATTGGA
 ATACAACTATAACTCACACAATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGA
 ATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAACATTGAAGATGGAAGC
 GTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGGCCCT
 GTCCTTTTACCAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTGCCCTTTCGAAAG
 ATCCCAACGAAAAGAGAGACCACATGGTCCTTCTTGAGTTTGTAACAGCTG
 CTGGGATTACACATGGCATGGATGAACTATACAAAGAGCTCGGTGGAAAG
 CTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGA
 AGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAAC
 AGAATAAAGATGGCATTGTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGA
 CAGCACCAGAGGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACC
 CACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTC
 AAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAA
 CTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTA
 AGTTGTGGGGCGAAATTAAAGGTACCGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAA
 GCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGA
 AGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCA
 TTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAA
 TTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTAT

TACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTC
ATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGG
TACGCACATGGGACGCTAAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAA
ATTAAAGTCGACCTGCAGCCAAGCTTAATTAGCTGA

5 SEC ID N.º: 63 (GFP CBD2638 CBD2638 CBD2638. Sitios de restricción usados para construcción: BamHI - SacI - KpnI- Sall - PstI. Codón de parada es codificado por vector)

[0148]

ATGAGAGGATCGCATCACCATCACCATCACGGATCCATGAGTAAAGGAGA
AGAACTTTTCACTGGAGTTGTCCCAATTCTTGTGAATTAGATGGTGATGTT
AATGGGCACAAATTTTCTGTCAGTGGAGAGGGTGAAGGTGATGCAACATAC
GGAAAACCTTACCCTTAAATTTATTTGCACTACTGGAAAACCTGTTCCAT
GGCCAACACTTGTCACTACTTTCGCGTATGGTCTTCAATGCTTTGCGAGATA
CCCAGATCATATGAAACAGCATGACTTTTTCAAGAGTGCCATGCCCCGAAGG
TTATGTACAGGAAAGAACTATATTTTTCAAAGATGACGGGAACTACAAGAC
ACGTGCTGAAGTCAAGTTTGAAGGTGATACCCTTGTTAATAGAATCGAGTT
AAAAGGTATTGATTTTAAAGAAGATGGAAACATTCTTGGACACAAATTGGA
ATACAACTATAACTCACACAATGTATACATCATGGCAGACAAACAAAAGA
ATGGAATCAAAGTTAACTTCAAAATTAGACACAACATTGAAGATGGAAGC
GTTCAACTAGCAGACCATTATCAACAAAATACTCCAATTGGCGATGGCCCT
GTCCTTTTACCAGACAACCATTACCTGTCCACACAATCTGCCCTTTCGAAAG
ATCCCAACGAAAAGAGAGACCACATGGTCCTTCTTGAGTTTGTAACAGCTG
CTGGGATTACACATGGCATGGATGAACTATACAAAGAGCTCGGTGGAAAG
CTAGAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGA
AGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAAC
AGAATAAAGATGGCATTGTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGA
CAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACC
CACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTC
AAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGGCGAAA
CTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTA
AGTTGTGGGGCGAAATTAAAGGTACCGGTGGAAAGCTAGAAGTAAGCAAA
GCAGCAACTATCAAACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGA
AGCAAAACAAATTGTGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCA
TTTGGTATAAAGCTGAACATGCTTCGTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAA

TTATCACAAGATACAAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTAT
TACAAAAAGGTCAAACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTC
ATGTTTGGGTATCGTGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGG
TACGCACATGGGACGCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAA
ATTAAAGTCGACGGTGGAAAGCTAGAAAGTAAGCAAAGCAGCAACTATCAA
ACAATCTGACGTTAAGCAAGAAGTTAAAAAGCAAGAAGCAAAACAAATTG
TGAAAGCAACAGATTGGAAACAGAATAAAGATGGCATTGTTGGTATAAAGCT
GAACATGCTTCGTTTACAGTGACAGCACCAGAGGGAATTATCACAAGATAC
AAAGGTCCTTGGACTGGTCACCCACAAGCTGGTGTATTACAAAAAGGTCAA
ACGATTAAATATGATGAGGTTCAAAAATTTGACGGTCATGTTTGGGTATCG
TGGGAAACGTTTGAGGGCGAAACTGTATACATGCCGGTACGCACATGGGAC
GCTAAAACCTGGTAAAGTTGGTAAGTTGTGGGGCGAAATTAAACTGCAGCCA
AGCTTAATTAGCTGA

SEC ID N.º: 64 (GFP_CBD2638 aa)

5

[0149]

MRGSHHHHHHGSMSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKFSVSGEGEDATY
GKLTLKFICTTGKLPVPWPTLVTTFA YGLQCFARYPDHMKRHDFFKSAMPEGY
VQERTIFFKDDGNYKTRA EVKFEGDTLVNRIELKGIDFKEDGNILGHKLEYNYN
SHNVYIMADKQKNGIKVNFKIRHNIEDGSVQLADHYQQNTPIGDGPVLLPDNH
YLSTQSALS KDPNEKRDH MVLLFVTAAGITHGMDELYKELGGKLEVSKAATI
KQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYK
GPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWD
AKTGKVGKLWGEIK

10 SEC ID N.º: 65 (GFP_CBD2638_CBD2638 Variante 1 aa)

[0150]

MRGSHHHHHHGSMSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKFSVSGEGEDATY
GKLTCLKFICTTGKLPVPWPTLVTTTFAYGLQCFARYPDHMKRHDFFKSAMPEGY
VQERTIFFKDDGNYKTRAEVKFEGDTLVNRIELKGIDFKEDGNILGHKLEYNYN
SHNVYIMADKQKNGIKVNFKIRHNIEDGSVQLADHYQQNTPIGDGPVLLPDNH
YLSTQSALS KDPNEKRDHMLLEFVTAAGITHGMDELYKELGGKLEVSKAATI
KQSDVKQEVKKQEAQKIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYK
GPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWD
AKTGKVGKLWGEIKELGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAQKIVKATDW
KQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEV
QKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIK

5

SEC ID N.º: 66 (GFP_CBD2638_CBD2638 Variante 2 aa)

[0151]

MRGSHHHHHHGSMSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKFSVSGEGEDATY
GKLTCLKFICTTGKLPVPWPTLVTTTFAYGLQCFARYPDHMKQHDFFKSAMPEGY
VQERTIFFKDDGNYKTRAEVKFEGDTLVNRIELKGIDFKEDGNILGHKLEYNYN
SHNVYIMADKQKNGIKVNFKIRHNIEDGSVQLADHYQQNTPIGDGPVLLPDNH
YLSTQSALS KDPNEKRDHMLLEFVTAAGITHGMDELYKELGGKLEVSKAATI
KQSDVKQEVKKQEAQKIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYK
GPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWD
AKTGKVGKLWGEIKGTGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAQKIVKATDW
KQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEV
QKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIKVDLQPSLIS

10

SEC ID N.º: 67 (GFP_CBD2638_CBD2638_CBD2638 aa)

[0152]

MRGSHHHHHHGSMSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKFSVSGEGEGDATY
GKLTCLKFICTTGKLPVPWPTLVTTFAAYGLQCFARYPDHMKQHDFFKSAMPEGY
VQERTIFFKDDGNYKTRAEVKFEGDTLVNRIELKGIDFKEDGNILGHKLEYNIN
SHNVYIMADKQKNGIKVNFKIRHNIEDGSVQLADHYQQNTPIGDGPVLLPDNH
YLSTQSALS KDPNEKRDHMLLEFVTAAGITHGMDELYKELGGKLEVSKAATI
KQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYK
GPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWD
AKTGKVGKLWGEIKGTGGKLEVSKAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDW
KQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGIITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEV
QKFDGHVWVSWETFEGETVYMPVRTWDAKTGKVGKLWGEIKVDGGKLEVS
KAATIKQSDVKQEVKKQEAKQIVKATDWKQNKDGIWYKAEHASFTVTAPEGI
ITRYKGPWTGHPQAGVLQKGQTIKYDEVQKFDGHVWVSWETFEGETVYMPV
RTWDAKTGKVGKLWGEIKLQPSLIS

5 LISTADO DE SECUENCIAS

[0153]

- <110> EBI Food Safety B.V.
- 10 <120> Un polipéptido
- <130> P6035159PCT
- <160> 67
- <170> PatentIn versión 3.3
- <210> 1
- 15 <211> 1461
- <212> ADN
- <213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

<400> 1

atgctaactg ctattgacta tcttacgaaa aaaggttgga aaatatcatc tgaccctcgc	60
acttacgatg gttaccctaa aaactacggc tacagaaatt accatgaaaa cggcattaat	120
tatgatgagt tttgtggtgg ttatcataga gcttttgatg tttacagtaa cgaaactaac	180
gacgtgcctg ctgttactag cggaacagtt attgaagcaa acgattacgg taattttggt	240
ggtacattcg ttattagaga cgctaacgat aacgattgga tatatgggca tctacaacgt	300
ggctcaatgc gatttggtgt aggcgacaaa gtcaatcaag gtgacattat tggttttacaa	360
ggtaatagca actattacga caatcctatg agtgtacatt tacatttaca attacgccct	420
aaagacgcaa agaaagatga aaaatcacaa gtatgtagtg gtttggctat ggaaaaatat	480
gacattacaa atttaaagtgc taaacaagat aaatcaaaga atgggagcgt gaaagagttg	540
aaacatatct attcaaacca tattaaaggt aacaagatta cagcaccaaa acctagtatt	600
caaggtgtgg tcatccacaa tgattatggt agtatgacac ctagtcaata cttaccatgg	660
ttatatgcac gtgagaataa cggtagacac gttaacgggt gggctagtgt ttatgcaa	720
agaaacgaag tgctttggta tcatccgaca gactacgtag agtggcattg tggtaatcaa	780
tgggcaaagt ctaacttaat cggatttgaa gtgtgtgagt cgtatcctgg tagaatctcg	840
gacaaattat tcttagaaaa tgaagaagcg acattgaaag tagctgcgga tgtgatgaag	900
tcgtacggat taccagttaa tcgcaacact gtacgtctgc ataacgaatt cttcggaact	960
tcttgtccac atcggttcgtg ggacttgcac gttggcaaag gtgagcctta cacaactact	1020
aatattaata aaatgaaaga ctacttcatc aaacgcatca aacattatta tgacgggtgga	1080
aagctagaag taagcaaagc agcaactatc aaacaatctg acgttaagca agaagttaa	1140
aagcaagaag caaaacaaat tgtgaaagca acagattgga aacagaataa agatggcatt	1200
tgggtataaag ctgaacatgc ttcgttcaca gtgacagcac cagaggggaat tatcacaaga	1260
tacaaagggtc cttggactgg tcaccacaaa gctggtgtat tacaaaaagg tcaaacgatt	1320
aaatatgatg aggttcaaaa atttgacggt catgtttggg tatcgtggga aacgtttgag	1380

ggcgaaactg tatacatgcc ggtacgcaca tgggacgcta aaactggtaa agttggtaag	1440
---	------

5

ttgtggggcg aaattaaata a	1461
-------------------------	------

<210> 2

<211> 1086

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> Ami2638_CBD2368 etiquetado His

<400> 2

atgagaggat	cgcatcacca	tcaccatcac	ggatccttac	gccctaaaga	cgcaaagaaa	60
gatgaaaaat	cacaagtatg	tagtggtttg	gctatggaaa	aatatgacat	tacaaattta	120
aatgctaaac	aagataaatc	aaagaatggg	agcgtgaaag	agttgaaaca	tatctattca	180
aaccatatta	aaggtaacaa	gattacagca	ccaaaaccta	gtattcaagg	tgtggtcatc	240
cacaatgatt	atggtagtat	gacacctagt	caatacttac	catggttata	tgcacgtgag	300
aataacggta	cacacgttaa	cggttgggct	agtgtttatg	caaatagaaa	cgaagtgcct	360
tggatatcatc	cgacagacta	cgtagagtgg	cattgtggta	atcaatgggc	aaatgctaac	420
ttaatcggat	ttgaagtgtg	tgagtcgtat	cctggtagaa	tctcggacaa	attattctta	480
gaaaatgaag	aagcgacatt	gaaagtagct	gcggatgtga	tgaagtcgta	cggattacca	540
gttaatcgca	acactgtacg	tctgcataac	gaattcttcg	gaacttcttg	tccacatcgt	600
tcgtgggact	tgcatgttgg	caaaggtgag	ccttacacaa	ctactaatat	taataaaatg	660
aaagactact	tcatcaaacg	catcaaacat	tattatgacg	gtggaaagct	agaagtaagc	720
aaagcagcaa	ctatcaaaca	atctgacgtt	aagcaagaag	ttaaaaagca	agaagcaaaa	780
caaattgtga	aagcaacaga	ttggaaacag	aataaagatg	gcattttggta	taaagctgaa	840
catgcttcgt	tcacagtgc	agcaccagag	ggaattatca	caagatacaa	aggtccttgg	900
actggtcacc	cacaagctgg	tgtattacaa	aaaggtcaaa	cgattaaata	tgatgaggtt	960
caaaaatttg	acggtcatgt	ttgggtatcg	tgggaaacgt	ttgagggcga	aactgtatac	1020
atgccggtac	gcacatggga	cgctaaaact	ggtaaagttg	gtaagttgtg	gggcgaaatt	1080
aaataa						1086

5 <210> 3

<211> 1035

<212> ADN

<213> artificial

<220>

10 <223> M23-2638_CBD2638 etiquetado His

<400> 3

atgagaggat	cgcacaccca	tcaccatcac	ggatccatgc	taactgctat	tgactatctt	60
acgaaaaaag	gttggaat	atcatctgac	cctcgcaactt	acgatgggta	ccctaaaaac	120
tacggctaca	gaaattacca	tgaaaacggc	attaattatg	atgagttttg	tggtgggttat	180
catagagctt	ttgatgttta	cagtaacgaa	actaacgacg	tgccctgctgt	tactagcggg	240
acagttattg	aagcaaacga	ttacggtaat	tttgggtggta	cattcggttat	tagagacgct	300
aacgataacg	attggatata	tgggcatcta	caacgtggct	caatgcgatt	tggtgtaggc	360
gacaaagtca	atcaaggtga	cattattggg	ttacaaggta	atagcaacta	ttacgacaat	420
cctatgagtg	tacatttaca	tttacaatta	cgccctaaag	acgcaaagaa	agatgaaaaa	480
tcacaagtat	gtagtggttt	ggctatggaa	aaatatgaca	ttacaaattt	aaatgctaaa	540
caagataaat	caaagaatgg	gagcgtgaaa	gagttgaaac	atatctattc	aaacctatatt	600
aaaggtaaca	agattacagc	acaaaaacct	agtattcaag	gtgagctcgg	tggaaagcta	660
gaagtaagca	aagcagcaac	tatcaaacia	tctgacgtta	agcaagaagt	taaaaagcaa	720
gaagcaaac	aaattgtgaa	agcaacagat	tggaaacaga	ataaagatgg	catttggtat	780
aaagctgaac	atgcttcggt	cacagtgaca	gcaccagagg	gaattatcac	aagatacaaa	840
ggtccttgga	ctggtcaccc	acaagctggg	gtattacaaa	aaggtcaaac	gattaaatat	900
gatgaggttc	aaaaatttga	cggatcatgtt	tgggtatcgt	gggaaacggt	tgagggcgaa	960
actgtatata	tgccggtacg	cacatgggac	gctaaaactg	gtaaagttgg	taagttgtgg	1020
ggcgaaatta	aataa					1035

<210> 4

<211> 2961

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> Ply2638_Ply2638 etiquetado His

<400> 4

atgagaggat cgcacccacca tcaccatcac ggatccatgc taactgctat tgactatctt	60
acgaaaaaag gttggaaaat atcatctgac cctcgcaactt acgatgggta ccctaaaaac	120
tacgggtaca gaaattacca tgaaaacggc attaatattg atgagttttg tgggtgggtat	180
catagagctt ttgatgttta cagtaacgaa actaacgacg tgcctgctgt tactagcggg	240
acagttattg aagcaaacga ttacggtaat tttgggtggta cattcggttat tagagacgct	300
aacgataacg attggatata tgggcatcta caacgtggct caatgcgatt tggtgtaggc	360
gacaaagtca atcaagggtga cattattggg ttacaaggta atagcaacta ttacgacaat	420
cctatgagtg tacattttaca ttacaatta cgccctaaag acgcaaagaa agatgaaaaa	480
tcacaagtat gtagtggttt ggctatggaa aaatatgaca ttacaaattt aaatgctaaa	540

ES 2 589 784 T3

caagataaat	caaagaatgg	gagcgtgaaa	gagttgaaac	atatctattc	aaaccatatt	600
aaaggttaaca	agattacagc	accaaaacct	agtattcaag	gtgtggtcat	ccacaatgat	660
tatggtagta	tgacacctag	tcaatactta	ccatgggttat	atgcacgtga	gaataacggt	720
acacacgtta	acggttgggc	tagtgtttat	gcaaatagaa	acgaagtgct	ttggtatcat	780
ccgacagact	acgtagagt	gcattgtggt	aatcaatggg	caaagtctaa	cttaatcggg	840
tttgaagtgt	gtgagtcgta	tcctggtaga	atctcggaca	aattattctt	agaaaaatgaa	900
gaagcgacat	tgaaagtagc	tgcggatgtg	atgaagtcgt	acggattacc	agttaatcgc	960
aacactgtac	gtctgcataa	cgaattcttc	ggaacttctt	gtccacatcg	ttcgtgggac	1020
ttgcatgttg	gcaaaggtga	gccttacaca	actactaata	ttaataaaaat	gaaagactac	1080
ttcatcaaac	gcatcaaaca	ttattatgac	ggtggaagc	tagaagtaag	caaagcagca	1140
actatcaaac	aatctgacgt	taagcaagaa	gttaaaaagc	aagaagcaaa	acaaattgtg	1200
aaagcaacag	attggaaaca	gaataaagat	ggcatttggt	ataaagctga	acatgcttcg	1260
ttcacagtga	cagcaccaga	gggaattatc	acaagataca	aaggtccttg	gactggtcac	1320
ccacaagctg	gtgtattaca	aaaaggtcaa	acgattaaat	atgatgaggt	tcaaaaattt	1380
gacggtcatg	tttgggtatc	gtgggaaacg	tttgagggcg	aaactgtata	catgccggta	1440
cgcacatggg	acgctaaaac	tggtaaagtt	ggtaagttgt	ggggcgaaat	taaagagctc	1500
atgctaactg	ctattgacta	tcttacgaaa	aaaggttgga	aaatatcatc	tgaccctcgc	1560
acttacgatg	gttaccctaa	aaactacggc	tacagaaatt	accatgaaaa	cggcattaat	1620
tatgatgagt	tttgtggtgg	ttatcataga	gcttttgatg	tttacagtaa	cgaaactaac	1680
gacgtgcctg	ctgttactag	cggaacagtt	attgaagcaa	acgattacgg	taattttggt	1740
ggtacattcg	ttattagaga	cgctaacgat	aacgattgga	tatatgggca	tctacaacgt	1800
ggctcaatgc	gatttgttgt	aggcgacaaa	gtcaatcaag	gtgacattat	tggtttacaa	1860
ggtaatagca	actattacga	caatcctatg	agtgtacatt	tacatttaca	attacgccct	1920
aaagacgcaa	agaaagatga	aaaatcacia	gtatgtagtg	gtttggctat	ggaaaaatat	1980
gacattacaa	atttaaatgc	taaacaagat	aaatcaaaga	atgggagcgt	gaaagagttg	2040
aaacatatct	attcaaacca	tattaaaggt	aacaagatta	cagcaccaaa	acctagtatt	2100
caaggtgtgg	tcatccacaa	tgattatggt	agtatgacac	ctagtcaata	cttaccatgg	2160
ttatatgcac	gtgagaataa	cggtagacac	gttaacggtt	gggctagtgt	ttatgcaaat	2220
agaaacgaag	tgctttggta	tcatccgaca	gactacgtag	agtggcattg	tggtaatcaa	2280
tgggcaaatg	ctaacttaat	cggatttgaa	gtgtgtgagt	cgtatcctgg	tagaatctcg	2340
gacaaattat	tcttagaaaa	tgaagaagcg	acattgaaag	tagctgcgga	tgtgatgaag	2400

tcgtacggat taccagttaa tcgcaacact gtacgtctgc ataacgaatt cttcggaact	2460
tcttgtccac atcgttcgtg ggacttgcac gttggcaaag gtgagcctta cacaactact	2520
aatattaata aaatgaaaga ctacttcac aaacgcatca aacattatta tgacggtgga	2580
aagctagaag taagcaaagc agcaactatc aaacaatctg acgttaagca agaagttaaa	2640
aagcaagaag caaaacaaat tgtgaaagca acagattgga aacagaataa agatggcatt	2700
tggtataaag ctgaacatgc ttcgttcaca gtgacagcac cagagggaat tatcacaaga	2760
tacaaaggctc cttggactgg tcaccacaa gctggtgtat tacaaaaagg tcaaacgatt	2820
aaatatgatg aggttcaaaa atttgacggt catgtttggg tatcgtggga aacgtttgag	2880
ggcgaaactg tatacatgcc ggtacgcaca tgggacgcta aaactggtaa agttggtaag	2940
ttgtggggcg aaattaaata a	2961

<210> 5

<211> 1983

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> CHAP11_M23-2638_Ami2638_CBD2638

5

<400> 5

atgcaagcaa aattaactaa aaatgagttt atagagtggg tgaaaacttc tgagggaaaa	60
caattcaatg tggacttatg gtatggattt caatgctttg attatgccaa tgctggttgg	120
aaagttttgt ttggattact tctaaaaggt ttaggtgcaa aagatattcc gttcgctaac	180
aacttcgacg gattagctac tgtataccaa aatacaccgg acttccttagc acaacctggc	240
gacatggtgg tattcggtag caactacggg gctggatatg gtcacgttgc atgggtaatt	300
gaagcaactt tagattacat cattgtatat gagcagaatt ggctaggcgg tggctggact	360
gacggaatcg aacaacccgg ctgggggttg gaaaaagtta caagacgaca acatgcttat	420
gatttcccta tgtggtttat ccgtccgaat tttaaaagtg agacagcgcc acgatcagtt	480
caatctccta cacaagcacc taaaaaagaa acagctggat ccatgctaac tgctattgac	540
tatcttacga aaaaagggtg gaaaatatca tctgaccctc gcacttacga tggttaccct	600
aaaaactacg gctacagaaa ttaccatgaa aacggcatta attatgatga gttttgtggg	660
ggttatcata gagcttttga tgtttacagt aacgaaacta acgacgtgcc tgctgttact	720
agcggaacag ttattgaagc aaacgattac ggtaattttg gtggtacatt cgttattaga	780
gacgctaacg ataacgattg gatatatggg catctacaac gtggctcaat gcgatttggt	840
gtaggcgaca aagtcaatca aggtgacatt attggtttac aaggtaatag caactattac	900
gacaatccta tgagtgtaca ttacatttta caattacgcc ctaaagacgc aaagaaagat	960
gaaaaatcac aagtatgtag tggtttggt atggaaaaat atgacattac aaatttaa	1020

gctaaacaag ataaatcaaa gaatgggagc gtgaaagagt tgaaacatat ctattcaaac	1080
catattaaag gtaacaagat tacagcacca aaacctagta ttcaagggtgt ggatcatccac	1140
aatgattatg gtagtatgac acctagtcaa tacttaccat gggtatatgc acgtgagaat	1200
aacggtacac acgttaacgg ttgggctagt gtttatgcaa atagaaacga agtgctttgg	1260
tatcatccga cagactacgt agagtggcat tgtggtaatc aatgggcaaa tgctaactta	1320
atcggatttg aagtgtgtga gtcgtatcct ggtagaatct cggacaaatt attcttagaa	1380
aatgaagaag cgacattgaa agtagctgcg gatgtgatga agtcgtacgg attaccagtt	1440
aatcgcaaca ctgtacgtct gcataacgaa ttcttcggaa cttcttgtcc acatcgttcg	1500
tgggacttgc atgttggcaa aggtgagcct tacacaacta ctaatatata taaaatgaaa	1560
gactacttca tcaaacgcat caaacattat tatgacgggtg gaaagctaga agtaagcaaa	1620
gcagcaacta tcaaacaatc tgacgttaag caagaagtta aaaagcaaga agcaaaaaca	1680
attgtgaaag caacagattg gaaacagaat aaagatggca tttggtataa agctgaacat	1740
gcttcggttca cagtgcagc accagaggga attatcacia gatacaaagg tccttggact	1800
ggtcacccac aagctgggtgt attacaaaaa ggtcaaacga ttaaatatga tgaggttcaa	1860
aaatttgacg gtcattgttg ggtatcgtgg gaaacgtttg agggcgaaac tgtatacatg	1920
ccggtacgca catgggacgc taaaactggt aaagttggta agttgtgggg cgaaattaaa	1980
taa	1983

<210> 6

<211> 2109

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> Ami11_M23-2638_Ami2638_CBD2638

ES 2 589 784 T3

<400> 6

aagccacaac ctaaagcagt agaacttaaa atcatcaaag atgtgggttaa aggttatgac	60
ctacctaaagc gtggtagtaa ccctaaaggt atagttatac acaacgacgc agggagcaaa	120
ggggcgactg ctgaagcata tcgtaacgga ttagtaaagt cacctttatc aagattagaa	180
gcgggcattg cgcatagtta cgtatcaggc aacacagttt ggcaagcctt agatgaatca	240
caagtagggtt ggcataccgc taatcaaata ggtaataaat attattacgg tattgaagta	300
tgtcaatcaa tgggcgagcaga taacgcgaca ttcttaaaaa atgaacaggc aactttccaa	360
gaatgcgcta gattgttgaa aaaatgggga ttaccagcaa acagaaatac aatcagattg	420
cacaatgaat ttacttcaac atcatgccct catagaagtt cggttttaca cactggtttt	480
gaccagtaa ctcgcggtct attgccagaa gacaagcggg tgcaacttaa agactacttt	540

atcaagcaga	ttagggcgta	catggatggg	aaaataaccg	ttgccactgt	ctctaagtga	600
tcaagcgctt	caagtaatac	agttaaacca	gttgcaagt	caggatccat	gctaactgct	660
attgactatc	ttacgaaaaa	aggttggaaa	atatcatctg	accctcgcac	ttacgatggg	720
taccctaaaa	actacggcta	cagaaattac	catgaaaacg	gcattaatta	tgatgagttt	780
tgtggtggtt	atcatagagc	ttttgatggt	tacagtaacg	aaactaacga	cgtgcctgct	840
gttactagcg	gaacagttat	tgaagcaaac	gattacggta	atthttgggtg	tacattcggt	900
attagagacg	ctaacgataa	cgattggata	tatgggcatc	tacaacgtgg	ctcaatgcga	960
tttggtgtag	gcgacaaagt	caatcaaggt	gacattattg	gtttacaagg	taatagcaac	1020
tattacgaca	atcctatgag	tgtacattta	catttacaat	tacgccctaa	agacgcaaag	1080
aaagatgaaa	aatcacaagt	atgtagtggt	ttggctatgg	aaaaatatga	cattacaaat	1140
ttaaatgcta	aacaagataa	atcaaagaat	gggagcgtga	aagagttgaa	acatatctat	1200
tcaaaccata	ttaaaggtaa	caagattaca	gcaccaaacc	ctagtattca	aggtgtgggc	1260
atccacaatg	attatggtag	tatgacacct	agtcaatact	taccatgggt	atatgcacgt	1320
gagaataacg	gtacacacgt	taacgggttg	gctagtgttt	atgcaaatag	aaacgaagt	1380
ctttggtatc	atccgacaga	ctacgtagag	tggcattgtg	gtaatcaatg	ggcaaagtgt	1440
aacttaatcg	gatttgaagt	gtgtgagtcg	tatcctggta	gaatctcgga	caaattattc	1500
ttagaaaatg	aagaagcgac	attgaaagta	gctgcggatg	tgatgaagtc	gtacggatta	1560
ccagttaatc	gcaacactgt	acgtctgcat	aacgaattct	tcggaacttc	ttgtccacat	1620
cgttcgtggg	acttgcatgt	tggcaaaggt	gagccttaca	caactactaa	tattaataaa	1680
atgaaagact	acttcatcaa	acgcatcaaa	cattattatg	acggtggaaa	gctagaagta	1740
agcaaagcag	caactatcaa	acaatctgac	gttaagcaag	aagttaaaaa	gcaagaagca	1800
aaacaaattg	tgaaagcaac	agattggaaa	cagaataaag	atggcatttg	gtataaagct	1860
gaacatgctt	cgttcacagt	gacagcacca	gagggaatta	tcacaagata	caaaggtcct	1920
tggactgggc	accacaagc	tgggtgtatta	caaaaagggc	aaacgattaa	atatgatgag	1980
gttcaaaaat	ttgacgggtc	tgthttgggt	tcgtgggaaa	cgtttgaggg	cgaaactgta	2040
tacatgccgg	tacgcacatg	ggacgctaaa	actggtaaa	ttggtaagtt	gtggggcgaa	2100
attaaataa						2109

5 <210> 7
 <211> 1923
 <212> ADN
 <213> artificial
 <220>
 <223> CHAPT_w_Ami2638_M23-LST_CBD2638

<400> 7

atgaaaaccc	tgaacaagc	agagtcctac	attaagagta	aagtaaatac	aggaactgat	60
tttgatgggt	tatatgggta	tcagtgtatg	gacttagcag	tagattatat	ttaccatgta	120
acagatggta	aaataagaat	gtggggtaat	gctaaggatg	cgataaataa	ctcttttggt	180
ggtactgcta	cggtatataa	aaactaccct	gcttttagac	ctaagtacgg	tgatgtagtc	240
gtatggacta	ctggtaat	tgcaacttat	ggcatatcg	caatagttac	taaccctgac	300
ccttatggag	accttcaata	tgttacagtt	cttgaacaaa	actggaacgg	taacgggatt	360
tataaaaccg	agttagctac	aatcagaaca	cacgattaca	caggaattac	acattttatt	420
aaagacgcaa	agaaagatga	aaaatcacaa	gtatgtagtg	gtttggctat	ggaaaaatat	480
gacattacaa	atttaaattgc	taaacaagat	aatcaaaga	atgggagcgt	gaaagagttg	540
aaacatatct	attcaaacca	tattaaaggt	aacaagatta	cagcaccaaa	acctagtatt	600
caaggtgtgg	tcatccacaa	tgattatgg	agtatgacac	ctagtcaata	cttaccatgg	660
ttatatgcac	gtgagaataa	cggtacacac	gttaacgggt	gggctagtgt	ttatgcaaat	720
agaaacgaag	tgctttggta	tcatccgaca	gactacgtag	agtggcattg	tggtaatcaa	780
tgggcaaagt	ctaacttaat	cggatttgaa	gtgtgtgagt	cgtatcctgg	tagaatctcg	840
gacaaattat	tcttagaaaa	tgaagaagcg	acattgaaag	tagctgcgga	tgtgatgaag	900
tcgtacggat	taccagttaa	tcgcaacact	gtacgtctgc	ataacgaatt	cttcggaact	960
tcttgtccac	atcgttcgtg	ggacttgcac	gttggaag	gtgagcctta	cacaactact	1020
aatattaata	aaatgaaaga	ctacttcac	aaacgcatca	aacattatta	tgacgggtgga	1080
aagctagaag	taagcaaagc	agcaactatc	aaacaatctg	acgttaagca	agaagttaaa	1140
aagcaagaag	caaaacaaat	tgtgaaagca	acagatgctg	caacacatga	acattcagca	1200
caatggttga	ataattacaa	aaaaggatat	ggttacggtc	cttatccatt	aggtataaat	1260
ggcggtatgc	actacggagt	tgattttttt	atgaatattg	gaacaccagt	aaaagctatt	1320
tcaagcggaa	aaatagttga	agctggttgg	agtaattacg	gaggaggtaa	tcaaataggt	1380
cttattgaaa	atgatggagt	gcatagacaa	tggtatatgc	atctaagtaa	atataatgtt	1440
aaagtaggag	attatgtcaa	agctgggtcaa	ataatcggtt	ggtctggaag	cactgggttat	1500
tctacagcac	cacatttaca	cttccaaaga	atggttaatt	cattttcaaa	ttcaactgcc	1560
caagatccaa	tgcttttctt	aaagagcgca	ggatatggaa	aagcaggtgg	tacagtaact	1620
ccaacgccga	atacaggttg	gaaacagaat	aaagatggca	tttgggtataa	agctgaacat	1680
gcttcggtca	cagtgcagc	accagaggga	attatcacaa	gatacaaagg	tccttggact	1740
ggtcaccac	aagctgggtg	attacaaaaa	ggtaaacga	ttaaatatga	tgagggttcaa	1800
aaatttgacg	gtcatgtttg	ggtatcgtgg	gaaacgtttg	agggcgaaac	tgtatacatg	1860

ccggtacgca catgggacgc taaaactggt aaagttggta agttgtgggg cgaaattaaa 1920

taa 1923

<210> 8

<211> 1953

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> CHAPT_w_Ami2638_M23-LST_CWT-LST etiquetado His

5

<400> 8

atgagaggat	cgcataacca	tcaccatcac	ggatccatga	aaaccctgaa	acaagcagag	60
tcctacatta	agagtaaagt	aaatacagga	actgattttg	atgggtttata	tgggtatcag	120
tgtatggact	tagcagtaga	ttatatattac	catgtaacag	atggtaaaat	aagaatgtgg	180
ggtaatgcta	aggatgcgat	aaataactct	tttggtggta	ctgctacggt	atataaaaac	240
taccctgctt	ttagacctaa	gtacgggtgat	gtagtcgtat	ggactactgg	taatttttgca	300
acttatggtc	atatcgcaat	agttactaac	cctgaccctt	atggagacct	tcaatatgtt	360
acagttcttg	aacaaaactg	gaacggtaac	gggattttata	aaaccgagtt	agctacaatc	420
agaacacacg	attacacagg	aattacacat	tttatttaaag	acgcaaagaa	agatgaaaaa	480
tcacaagtat	gtagtggttt	ggctatggaa	aaatatgaca	ttacaaattt	aatgctaaa	540
caagataaat	caaagaatgg	gagcgtgaaa	gagttgaaac	atatctattc	aaaccatatt	600
aaaggtaaca	agattacagc	accaaaacct	agtattcaag	gtgtgggtcat	ccacaatgat	660
tatggtagta	tgacacctag	tcaatactta	ccatgggttat	atgcacgtga	gaataacggt	720
acacacgtta	acggttgggc	tagtgtttat	gcaaatagaa	acgaagtgct	ttgggtatcat	780
ccgacagact	acgtagagtg	gcattgtggt	aatcaatggg	caaagtctaa	cttaatcgga	840
tttgaagtgt	gtgagtcgta	tcctggtaga	atctcggaca	aattattctt	agaaaatgaa	900
gaagcgacat	tgaaagtagc	tgccgatgtg	atgaagtcgt	acggattacc	agttaatcgc	960
aacactgtac	gtctgcataa	cgaattcttc	ggaacttctt	gtccacatcg	ttcgtgggac	1020
ttgcatgttg	gcaaagggtga	gccttacaca	actactaata	ttaataaaat	gaaagactac	1080
ttcatcaaac	gcatcaaaca	ttattatgac	ggtggaaagc	tagaagtaag	caaagcagca	1140
actatcaaac	aatctgacgt	taagcaagaa	gttaaaaagc	aagaagcaaa	acaaattgtg	1200
aaagcaacag	atgctgcaac	acatgaacat	tcagcacaat	ggttgaataa	ttacaaaaaa	1260
ggatatgggt	acggtcctta	tccattaggt	ataaatggcg	gtatgcacta	cggagttgat	1320
ttttttatga	atattggaac	accagtaaaa	gctatttcaa	gcggaaaaat	agttgaagct	1380
ggttgagta	attacggagg	aggtaatcaa	ataggtctta	ttgaaaatga	tggagtgcac	1440
agacaatggg	atatgcatct	aagtaaatat	aatgttaaag	taggagatta	tgtcaaagct	1500

ES 2 589 784 T3

```

ggtcaaataa tcggttggtc tggaagcact gggtattcta cagcaccaca ttacacttc 1560
caaagaatgg ttaattcatt ttcaaattca actgccaag atccaatgcc ttcttaaag 1620
agcgcaggat atggaaaagc aggtggtaca gtaactcaa cgccgaatac aggttgga 1680
acaacaaat atggcacact atataaatca gagtcagcta gcttcacacc taatacagat 1740
ataataacaa gaacgactgg tccatttaga agcatgccgc agtcaggagt cttaaaagca 1800
ggtcaaacaa ttcattatga tgaagtgatg aaacaagacg gtcatgtttg ggtaggttat 1860
acaggtaaca gtggccaacg tatttacttg cctgtaagaa catggaataa atctactaat 1920
actttagggtg ttctttgggg aactataaag taa 1953

```

<210> 9

<211> 1518

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> M23-LST_Ami2638_CBD2638

<400> 9

gctgcaacac	atgaacattc	agcacaatgg	ttgaataatt	acaaaaaagg	atatggttac	60
ggtccttatac	cattaggtat	aatggcggt	atgcactacg	gagttgattt	ttttatgaat	120
attggaacac	cagtaaaagc	tattttcaagc	ggaaaaatag	ttgaagctgg	ttggagtaat	180
tacggaggag	gtaatcaa	aggtcttatt	gaaaatgatg	gagtgcatag	acaatgggtat	240
atgcatctaa	gtaaataata	tgttaaagta	ggagattatg	tcaaagctgg	tcaaataatc	300
ggttgggtctg	gaagcactgg	ttattctaca	gcaccacatt	tacacttcca	aagaatgggt	360
aattcatttt	caaattcaac	tgcccaagat	ccaatgcctt	tcttaaagag	cgcaggatat	420
ggaaaagcag	gtggtacagt	aactccaacg	ccgaatacag	gtgagctctt	acgccctaaa	480
gacgcaaaga	aagatgaaaa	atcacaagta	tgtagtgggt	tggctatgga	aaaatatgac	540
attacaaatt	taaatgctaa	acaagataaa	tcaaagaatg	ggagcgtgaa	agagttgaaa	600
catatctatt	caaaccatat	taaaggtaac	aagattacag	cacccaaaacc	tagtattcaa	660
gggtgtggtca	tccacaatga	ttatggtagt	atgacaccta	gtcaataactt	accatgggtta	720
tatgcacgtg	agaataacgg	tacacacgtt	aacgggtggg	ctagtgttta	tgcaaataga	780
aacgaagtgc	tttgggtatca	tccgacagac	tacgtagagt	ggcattgtgg	taatcaatgg	840
gcaaatagcta	acttaatcgg	atttgaagtg	tgtgagtcgt	atcctggtag	aatctcggac	900
aaattattct	tagaaaatga	agaagcgaca	ttgaaagtag	ctgcggatgt	gatgaagtcg	960
tacggattac	cagttaatcg	caacactgta	cgtctgcata	acgaattctt	cggaaacttct	1020
tgtccacatc	gttcgtggga	cttgcattgt	ggcaaagggtg	agccttacac	aactactaat	1080
attaataaaa	tgaaagacta	cttcatcaaa	cgcatacaaac	attattatga	cgggtggaaag	1140
ctagaagtaa	gcaaagcagc	aactatcaaa	caatctgacg	ttaagcaaga	agttaaaaag	1200
caagaagcaa	aacaaattgt	gaaagcaaca	gattggaaac	agaataaaga	tggcatttgg	1260
tataaagctg	aacatgcttc	gttcacagtg	acagcaccag	agggaattat	cacaagatac	1320
aaaggctcctt	ggactgggtca	cccacaagct	gggtgtattac	aaaaagggtca	aacgattaaa	1380
tatgatgagg	ttcaaaaatt	tgacgggtcat	gtttgggtat	cgtgggaaac	gtttgagggc	1440
gaaactgtat	acatgccgggt	acgcacatgg	gacgctaaaa	ctggtaaagt	tggttaagttg	1500
tggggcgaaa	ttaaataa					1518

5

<210> 10

<211> 1521

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> LST_LST etiquetado His

5 <400> 10

atgagaggat	cgcataccca	tcaccatcac	ggatccgctg	caacacatga	acattcagca	60
caatgggttga	ataattacaa	aaaaggatat	ggttacggtc	cttatccatt	aggtataaat	120
ggcgggtatgc	actacggagt	tgattttttt	atgaatattg	gaacaccagt	aaaagctatt	180
tcaagcggaa	aaatagttga	agctgggttg	agtaattacg	gaggaggtaa	tcaaataagg	240
cttattgaaa	atgatggagt	gcatagacaa	tggtatatgc	atctaagtaa	atataatggt	300
aaagtaggag	attatgtcaa	agctgggtcaa	ataatcggtt	ggtctggaag	cactgggttat	360
tctacagcac	cacattttaca	cttccaaaga	atgggttaatt	catttttcaaa	ttcaactgcc	420
caagatccaa	tgcttttctt	aaagagcgca	ggatatggaa	aagcagggtg	tacagtaact	480
ccaacgccga	atacagggtg	gaaaacaaac	aaatatggca	cactatataa	atcagagtca	540
gctagcttca	cacctaatac	agatataata	acaagaacga	ctggtccatt	tagaagcatg	600
ccgcagtcag	gagtcttaaa	agcagggtcaa	acaattcatt	atgatgaagt	gatgaaacaa	660
gacgggtcatg	tttgggtagg	ttatacaggt	aacagtggcc	aacgtattta	cttgcctgta	720
agaacatgga	ataaatctac	taatacttta	ggtgttcttt	ggggaactat	aaaggagctc	780
gctgcaacac	atgaacattc	agcacaatgg	ttgaataatt	acaaaaaagg	atatgggttac	840
ggtccttatac	cattaggtat	aaatggcggt	atgcactacg	gagttgattt	ttttatgaat	900
attggaacac	cagtaaaagc	tattttcaagc	ggaaaaatag	ttgaagctgg	ttggagtaat	960
tacggaggag	gtaatcaaat	aggtcttatt	gaaaatgatg	gagtgcatag	acaatggtat	1020
atgcatctaa	gtaaataata	tgttaaagta	ggagattatg	tcaaagctgg	tcaaataatc	1080
ggttggtctg	gaagcactgg	ttattctaca	gcaccacatt	tacacttcca	aagaatggtt	1140

aattcatttt	caaattcaac	tgcccaagat	ccaatgcctt	tcttaaagag	cgcaggatat	1200
ggaaaagcag	gtggtacagt	aactccaacg	ccgaatacag	gttggaaaac	aaacaaatat	1260
ggcacactat	ataaatcaga	gtcagctagc	ttcacaccta	atacagatat	aataacaaga	1320
acgactgggc	catttagaag	catgccgcag	tcaggagtct	taaaagcagg	tcaaacaatt	1380
cattatgatg	aagtgatgaa	acaagacggg	catgtttggg	taggttatac	aggtaacagt	1440
ggccaacgta	tttacttgcc	tgtaagaaca	tggaataaat	ctactaatac	tttaggtggt	1500
ctttggggaa	ctataaagtg	a				1521

<210> 11

<211> 1245

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> M23-LST_M23_LST-CWT-LST etiquetado His

<400> 11

atgagaggat	cgcacacacca	tcacacacac	ggatccgctg	caacacatga	acattcagca	60
caatgggttga	ataattacaa	aaaaggatat	ggttacgggtc	cttatccatt	aggtataaat	120
ggcgggtatgc	actacggagt	tgatTTTTTT	atgaatattg	gaacaccagt	aaaagctatt	180
tcaagcggaa	aaatagttga	agctgggttg	agtaattacg	gaggaggtaa	tcaaataagg	240
cttattgaaa	atgatggagt	gcatagacaa	tggtatatgc	atctaagtaa	atataatggt	300
aaagtaggag	attatgtcaa	agctgggtcaa	ataatcggtt	gggtctggaag	cactgggttat	360
tctacagcac	cacatttaca	cttccaaaga	atgggttaatt	cattttcaaa	ttcaactgcc	420
caagatccaa	tgcccttctt	aaagagcgca	ggatatggaa	aagcaggtgg	tacagtaact	480
ccaacgccga	atacaggtga	gctcggctgca	acacatgaac	attcagcaca	atgggtgaat	540
aattacaaaa	aaggatatgg	ttacgggtcct	tatccattag	gtataaatgg	cggtatgcac	600
tacggagttg	atttttttat	gaatattgga	acaccagtaa	aagctatttc	aagcggaaaa	660
atagttgaag	ctgggtggag	taattacgga	ggaggtaatc	aaataggtct	tattgaaaat	720
gatggagtgc	atagacaatg	gtatatgcat	ctaagtaaat	ataatgttaa	agtaggagat	780
tatgtcaaag	ctgggtcaa	aatcggttg	tctggaagca	ctgggttattc	tacagcacca	840
catttacact	tccaaagaat	gggttaattca	ttttcaaatt	caactgcccc	agatccaatg	900
cctttcttaa	agagcgcagg	atatggaaaa	gcagggtggt	cagtaactcc	aacgccgaat	960
acaggttgga	aaacaaacaa	atatggcaca	ctatataaat	cagagtcagc	tagcttcaca	1020
cctaatacag	atataataac	aagaacgact	gggtccattta	gaagcatgcc	gcagtcagga	1080
gtcttaaaaag	caggtcaaac	aattcattat	gatgaagtga	tgaacaaga	cggtcatggt	1140
tggttaggtt	atacaggtaa	cagtggtccaa	cgtattttact	tgccctgtaag	aacatggaat	1200
aaatctacta	atactttagg	tggtcttttg	ggaactataa	agtga		1245

5

<210> 12

<211> 285

<212> ADN

<213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

	<400> 12	tggaaacaga ataaagatgg catttggtat aaagctgaac atgcttcggt cacagtgaca	60
		gcaccagagg gaattatcac aagatacaaa ggtccttgga ctggtcacc acaagctggt	120
		gtattacaaa aaggtcaaac gattaaatat gatgaggttc aaaaatttga cggatcatgtt	180
		tgggtatcgt gggaaacggt tgagggcgaa actgtatata tgccggtacg cacatgggac	240
		gctaaaactg gtaaagttgg taagttgtgg ggcgaaatta aataa	285
5	<210> 13		
	<211> 279		
	<212> ADN		
	<213> <i>Staphylococcus simulans</i>		
	<400> 13	tggaaaacaa acaaatatgg cacactatat aaatcagagt cagctagctt cacaccta	60
		acagatataa taacaagaac gactggtcca tttagaagca tgccgcagtc aggagtctta	120
		aaagcaggtc aaacaattca ttatgatgaa gtgatgaaac aagacggtca tgtttgggta	180
		ggttatacag gtaacagtgg ccaacgtatt tacttgccctg taagaacatg gaataaatct	240
		actaatactt taggtgttct ttggggaact ataaagtga	279
	<210> 14		
10	<211> 438		
	<212> ADN		
	<213> Bacteriófago de <i>Staphylococcus aureus</i> 2638a		
	<400> 14	atgctaactg ctattgacta tcttacgaaa aaagggttga aaatatcatc tgaccctcgc	60
		acttacgatg gttaccctaa aaactacggc tacagaaatt accatgaaaa cggcattaat	120
		tatgatgagt tttgtggtgg ttatcataga gcttttgatg tttacagtaa cgaaactaac	180
		gacgtgcctg ctgttactag cggaacagtt attgaagcaa acgattacgg taattttggt	240
		ggtacattcg ttattagaga cgctaacgat aacgattgga tatatgggca tctacaacgt	300
		ggctcaatgc gatttggtgt aggcgacaaa gtcaatcaag gtgacattat tgggtttacaa	360
		ggtaatagca actattacga caatcctatg agtgtacatt tacatttaca attacgccct	420
15		aaagacgcaa agaaagat	438
	<210> 15		
	<211> 420		
	<212> ADN		
	<213> <i>Staphylococcus simulans</i>		

5	<400> 15		
	gctgcaacac atgaacattc agcacaatgg ttgaataatt acaaaaaagg atatggttac	60	
	ggtccttatac cattaggtat aaatggcggt atgcactacg gagttgattt ttttatgaat	120	
	attggaacac cagtaaaagc tattttcaagc ggaaaaatag ttgaagctgg ttggagtaat	180	
	tacggaggag gtaatcaa at aggtccttatt gaaaatgatg gagtgcatac acaatgggtat	240	
	atgcatctaa gtaaatataa tgttaaagta ggagattatg tcaaagctgg tcaaataatc	300	
	ggttgggtctg gaagcactgg ttattctaca gcaccacatt tacacttcca aagaatgggt	360	
	aattcattttt caaattcaac tgcccaagat ccaatgcctt tcttaaagag cgcaggatat	420	
	<210> 16		
	<211> 510		
	<212> ADN		
	<213> Bacteriófago de <i>Staphylococcus aureus</i> 2638a		
	<400> 16		
	ggtaacaaga ttacagcacc aaaacctagt attcaaggtg tggtcatacca caatgattat	60	
	ggtagtatga cacctagtca atacttacca tggttatatg cacgtgagaa taacgggtaca	120	
	cacgttaacg gttgggctag tgtttatgca aatagaaacg aagtgccttg gtatcatccg	180	
	acagactacg tagagtggca ttgtggtaat caatgggcaa atgctaactt aatcggattt	240	
	gaagtgtgtg agtcgtatcc tggtagaatc tcggacaaat tattcttaga aaatgaagaa	300	
	gcgacattga aagtagctgc ggatgtgatg aagtcgtacg gattaccagt taatcgcaac	360	
	actgtacgtc tgcataacga attcttcgga acttcttgtc cacatcggtc gtgggacttg	420	
	catgttgga aaggtgagcc ttacacaact actaatatta ataaaatgaa agactacttc	480	
	atcaaacgca tcaaacatta ttatgacggt	510	
10	<210> 17		
	<211> 642		
	<212> ADN		
	<213> Fago de <i>Staphylococcus aureus</i> phi 11		
	<400> 17		
	aagccacaac ctaaagcagt agaacttaaa atcatcaaag atgtgggttaa aggttatgac	60	
	ctacctaagc gtggtagtaa ccctaaaggt atagttatac acaacgacgc agggagcaaa	120	
	ggggcgactg ctgaagcata tcgtaacgga ttagtaa atg cacctttatac aagattagaa	180	
	gcgggcattg cgcatagtta cgtatcaggc aacacagttt ggcaagcctt agatgaatca	240	
	caagtagggtt ggcataccgc taatcaaata ggtaataaat attattacgg tattgaagta	300	
	tgtcaatcaa tgggcgagca taacgcgaca ttcttaaaaa atgaacaggc aactttccaa	360	

	gaatgcgcta gattgttgaa aaaatgggga ttaccagcaa acagaaatac aatcagattg	420
	cacaatgaat ttacttcaac atcatgccct catagaagtt cggttttaca cactggtttt	480
	gacccagtaa ctgcggtct attgccagaa gacaagcggg tgcaacttaa agactacttt	540
	atcaagcaga ttagggcgta catggatggg aaaataccgg ttgccactgt ctctaagag	600
	tcaagcgctt caagtaatac agttaaacca gttgcaagtg ca	642
	<210> 18	
	<211> 516	
5	<212> ADN	
	<213> Fago de <i>Staphylococcus aureus</i> phi 11	
	<400> 18	
	atgcaagcaa aattaactaa aaatgagttt atagagtggg tgaaaacttc tgagggaaaa	60
	caattcaatg tggacttatg gtatggattt caatgctttg attatgccaa tgctgggttg	120
	aaagttttgt ttggattact tctaaaaggt ttaggtgcaa aagatattcc gttcgctaac	180
	aacttcgacg gattagctac tgtataccaa aatacacggg acttcttagc acaacctggc	240
	gacatgggtgg tattcggtag caactacggg gctggatatg gtcacgttgc atgggtaatt	300
	gaagcaactt tagattacat cattgtatat gagcagaatt ggctaggcgg tggctggact	360
	gacggaatcg aacaacccgg ctgggggttg gaaaaagtta caagacgaca acatgcttat	420
	gatttcctta tgtggtttat ccgtccgaat tttaaaagtg agacagcgcc acgatcagtt	480
	caatctccta cacaagcacc taaaaaagaa acagct	516
	<210> 19	
	<211> 420	
	<212> ADN	
	<213> Fago de <i>Staphylococcus</i> Twort	
	<400> 19	
	atgaaaacc tgaaacaagc agagtcctac attaagagta aagtaaatac aggaactgat	60
	tttgatgggt tatatgggta tcagtgtatg gacttagcag tagattatat ttaccatgta	120
	acagatggta aaataagaat gtgggggtaat gctaaggatg cgataaataa ctcttttggg	180
	ggtagtgcta cggatatata aaactaccct gcttttagac ctaagtacgg tgatgtagtc	240
	gtatggacta ctggtaattt tgcaacttat ggtcatatcg caatagttac taaccctgac	300
	ccttatggag accttcaata tgttacagtt cttgaacaaa actggaacgg taacgggatt	360
	tataaaaccg agttagctac aatcagaaca cacgattaca caggaattac acattttatt	420
	<210> 20	
	<211> 1851	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
	<220>	
20	<223> M23-2638_Ami2638_CBD2638_CBD2638	

<400> 20

atgctaactg	ctattgacta	tcttacgaaa	aaagggttga	aaatatcatc	tgaccctcgc	60
acttacgatg	gttaccctaa	aaactacggc	tacagaaatt	accatgaaaa	cggcattaat	120
tatgatgagt	tttgtggtgg	ttatcataga	gctttttgatg	tttacagtaa	cgaaactaac	180
gacgtgcctg	ctgttactag	cggaacagtt	attgaagcaa	acgattacgg	taatttttgg	240
ggtacattcg	ttattagaga	cgctaacgat	aacgattgga	tatatgggca	tctacaacgt	300
ggctcaatgc	gatttggtgt	aggcgacaaa	gtcaatcaag	gtgacattat	tggttttaca	360
ggtaatagca	actattacga	caatcctatg	agtgtacatt	tacatttaca	attacgcctt	420
aaagacgcaa	agaaagatga	aaaatcacao	gtatgtagtg	gtttggctat	ggaaaaatat	480
gacattacaa	atttaaattgc	taaacaagat	aatcaaaga	atgggagcgt	gaaagagttg	540
aaacatatct	attcaaacca	tattaaaggt	aacaagatta	cagcaccaaa	acctagtatt	600
caagggtgtg	tcatccacaa	tgattatggt	agtatgacac	ctagtcaata	cttaccatgg	660
ttatatgcac	gtgagaataa	cggtaacac	gttaacggtt	gggctagtgt	ttatgcaa	720
agaaacgaag	tgcttttggt	tcatccgaca	gactacgtag	agtggcattg	tggtaatcaa	780
tgggcaaattg	ctaactta	cggatttgaa	gtgtgtgagt	cgtatcctgg	tagaatctcg	840
gacaaattat	tcttagaaaa	tgaagaagcg	acattgaaag	tagctgcgga	tgtgatgaag	900
tcgtacggat	taccagttaa	tcgcaacact	gtacgtctgc	ataacgaatt	cttcggaact	960
tcttgtccac	atcgttcgtg	ggacttgc	gttggtgcaa	gtgagcctta	cacaactact	1020
aatattaata	aatgaaaga	ctacttc	aaacgc	catcaaac	attattat	1080
aagctagaag	taagcaaagc	agcaactatc	aaacaatctg	acgttaagca	agaagttaa	1140
aagcaagaag	caaaacaa	tgtgaaagca	acagattgga	aacagaataa	agatggcatt	1200
tggtataaag	ctgaacatgc	ttcgttcaca	gtgacagcac	cagagggga	tatcacaaga	1260
tacaaaggtc	cttggactgg	tcaccacaa	gctggtgtat	tacaaaaagg	tcaaacgatt	1320
aaatatgatg	aggttcaaaa	atttgacgg	catgtttggg	tatcgtggga	aacgtttgag	1380
ggcgaaaactg	tatacatgcc	ggtacgcaca	tgggacgcta	aaactggtaa	agttggtaag	1440
ttgtggggcg	aaattaaaga	gctcgggtgga	aagctagaag	taagcaaagc	agcaactatc	1500
aaacaatctg	acgttaagca	agaagttaa	aagcaagaag	caaaacaa	tgtgaaagca	1560
acagattgga	aacagaataa	agatggcatt	tggtataaag	ctgaacatgc	ttcgttcaca	1620
gtgacagcac	cagagggga	tatcacaaga	tacaaaggtc	cttggactgg	tcaccacaa	1680
gctggtgtat	tacaaaaagg	tcaaacgatt	aaatatgatg	aggttcaaaa	atttgacgg	1740
catgtttggg	tatcgtggga	aacgtttgag	ggcgaaaactg	tatacatgcc	ggtacgcaca	1800

	tgggacgcta aaactggtaa agttggtaag ttgtggggcg aaattaaata a	1851
	<210> 21	
	<211> 498	
5	<212> PRT	
	<213> artificial	
	<220>	
	<223> Ply2638 etiquetado His	

ES 2 589 784 T3

<400> 21

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

Ile Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Gly Trp Lys Ile Ser Ser Asp Pro Arg
20 25 30

Thr Tyr Asp Gly Tyr Pro Lys Asn Tyr Gly Tyr Arg Asn Tyr His Glu
35 40 45

Asn Gly Ile Asn Tyr Asp Glu Phe Cys Gly Gly Tyr His Arg Ala Phe
50 55 60

Asp Val Tyr Ser Asn Glu Thr Asn Asp Val Pro Ala Val Thr Ser Gly
65 70 75 80

Thr Val Ile Glu Ala Asn Asp Tyr Gly Asn Phe Gly Gly Thr Phe Val
85 90 95

Ile Arg Asp Ala Asn Asp Asn Asp Trp Ile Tyr Gly His Leu Gln Arg
100 105 110

Gly Ser Met Arg Phe Val Val Gly Asp Lys Val Asn Gln Gly Asp Ile
115 120 125

Ile Gly Leu Gln Gly Asn Ser Asn Tyr Tyr Asp Asn Pro Met Ser Val
130 135 140

His Leu His Leu Gln Leu Arg Pro Lys Asp Ala Lys Lys Asp Glu Lys
145 150 155 160

Ser Gln Val Cys Ser Gly Leu Ala Met Glu Lys Tyr Asp Ile Thr Asn
165 170 175

Leu Asn Ala Lys Gln Asp Lys Ser Lys Asn Gly Ser Val Lys Glu Leu
180 185 190

Lys His Ile Tyr Ser Asn His Ile Lys Gly Asn Lys Ile Thr Ala Pro
195 200 205

ES 2 589 784 T3

Lys Pro Ser Ile Gln Gly Val Val Ile His Asn Asp Tyr Gly Ser Met
 210 215 220
 Thr Pro Ser Gln Tyr Leu Pro Trp Leu Tyr Ala Arg Glu Asn Asn Gly
 225 230 235 240
 Thr His Val Asn Gly Trp Ala Ser Val Tyr Ala Asn Arg Asn Glu Val
 245 250 255
 Leu Trp Tyr His Pro Thr Asp Tyr Val Glu Trp His Cys Gly Asn Gln
 260 265 270
 Trp Ala Asn Ala Asn Leu Ile Gly Phe Glu Val Cys Glu Ser Tyr Pro
 275 280 285
 Gly Arg Ile Ser Asp Lys Leu Phe Leu Glu Asn Glu Glu Ala Thr Leu
 290 295 300
 Lys Val Ala Ala Asp Val Met Lys Ser Tyr Gly Leu Pro Val Asn Arg
 305 310 315 320
 Asn Thr Val Arg Leu His Asn Glu Phe Phe Gly Thr Ser Cys Pro His
 325 330 335
 Arg Ser Trp Asp Leu His Val Gly Lys Gly Glu Pro Tyr Thr Thr Thr
 340 345 350
 Asn Ile Asn Lys Met Lys Asp Tyr Phe Ile Lys Arg Ile Lys His Tyr
 355 360 365
 Tyr Asp Gly Gly Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln
 370 375 380
 Ser Asp Val Lys Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val
 385 390 395 400
 Lys Ala Thr Asp Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala
 405 410 415
 Glu His Ala Ser Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg
 420 425 430
 Tyr Lys Gly Pro Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys
 435 440 445
 Gly Gln Thr Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val

450

455

460

Trp Val Ser Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val
465 470 475 480

Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu
485 490 495

Ile Lys

<210> 22

<211> 361

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> Ami2638_CBD2638 etiquetado His

5

ES 2 589 784 T3

<400> 22

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Leu Arg Pro Lys
1 5 10 15

Asp Ala Lys Lys Asp Glu Lys Ser Gln Val Cys Ser Gly Leu Ala Met
20 25 30

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

Asn Gly Ser Val Lys Glu Leu Lys His Ile Tyr Ser Asn His Ile Lys
50 55 60

Gly Asn Lys Ile Thr Ala Pro Lys Pro Ser Ile Gln Gly Val Val Ile
65 70 75 80

His Asn Asp Tyr Gly Ser Met Thr Pro Ser Gln Tyr Leu Pro Trp Leu
85 90 95

Tyr Ala Arg Glu Asn Asn Gly Thr His Val Asn Gly Trp Ala Ser Val
100 105 110

Tyr Ala Asn Arg Asn Glu Val Leu Trp Tyr His Pro Thr Asp Tyr Val
115 120 125

Glu Trp His Cys Gly Asn Gln Trp Ala Asn Ala Asn Leu Ile Gly Phe
130 135 140

Glu Val Cys Glu Ser Tyr Pro Gly Arg Ile Ser Asp Lys Leu Phe Leu
145 150 155 160

ES 2 589 784 T3

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

<210> 23

<211> 344

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> M23-2638_CBD2638 etiquetado His

<400> 23

ES 2 589 784 T3

Met	Arg	Gly	Ser	His	His	His	His	His	His	Gly	Ser	Met	Leu	Thr	Ala	1	5	10	15
Ile	Asp	Tyr	Leu	Thr	Lys	Lys	Gly	Trp	Lys	Ile	Ser	Ser	Asp	Pro	Arg	20	25	30	
Thr	Tyr	Asp	Gly	Tyr	Pro	Lys	Asn	Tyr	Gly	Tyr	Arg	Asn	Tyr	His	Glu	35	40	45	
Asn	Gly	Ile	Asn	Tyr	Asp	Glu	Phe	Cys	Gly	Gly	Tyr	His	Arg	Ala	Phe	50	55	60	
Asp	Val	Tyr	Ser	Asn	Glu	Thr	Asn	Asp	Val	Pro	Ala	Val	Thr	Ser	Gly	65	70	75	80
Thr	Val	Ile	Glu	Ala	Asn	Asp	Tyr	Gly	Asn	Phe	Gly	Gly	Thr	Phe	Val	85	90	95	
Ile	Arg	Asp	Ala	Asn	Asp	Asn	Asp	Trp	Ile	Tyr	Gly	His	Leu	Gln	Arg	100	105	110	
Gly	Ser	Met	Arg	Phe	Val	Val	Gly	Asp	Lys	Val	Asn	Gln	Gly	Asp	Ile	115	120	125	
Ile	Gly	Leu	Gln	Gly	Asn	Ser	Asn	Tyr	Tyr	Asp	Asn	Pro	Met	Ser	Val	130	135	140	
His	Leu	His	Leu	Gln	Leu	Arg	Pro	Lys	Asp	Ala	Lys	Lys	Asp	Glu	Lys	145	150	155	160
Ser	Gln	Val	Cys	Ser	Gly	Leu	Ala	Met	Glu	Lys	Tyr	Asp	Ile	Thr	Asn	165	170	175	
Leu	Asn	Ala	Lys	Gln	Asp	Lys	Ser	Lys	Asn	Gly	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	180	185	190	
Lys	His	Ile	Tyr	Ser	Asn	His	Ile	Lys	Gly	Asn	Lys	Ile	Thr	Ala	Pro	195	200	205	
Lys	Pro	Ser	Ile	Gln	Gly	Glu	Leu	Gly	Gly	Lys	Leu	Glu	Val	Ser	Lys	210	215	220	
Ala	Ala	Thr	Ile	Lys	Gln	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Glu	Val	Lys	Lys	Gln	225	230	235	240
Glu	Ala	Lys	Gln	Ile	Val	Lys	Ala	Thr	Asp	Trp	Lys	Gln	Asn	Lys	Asp	245	250	255	

Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser Phe Thr Val Thr Ala Pro
260 265 270

Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr Gly His Pro Gln
275 280 285

Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln
290 295 300

Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu
305 310 315 320

Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val
325 330 335

Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
340

<210> 24

<211> 986

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> Ply2638_Ply2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 24

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

Ile Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Gly Trp Lys Ile Ser Ser Asp Pro Arg
20 25 30

Thr Tyr Asp Gly Tyr Pro Lys Asn Tyr Gly Tyr Arg Asn Tyr His Glu
35 40 45

Asn Gly Ile Asn Tyr Asp Glu Phe Cys Gly Gly Tyr His Arg Ala Phe
50 55 60

Asp Val Tyr Ser Asn Glu Thr Asn Asp Val Pro Ala Val Thr Ser Gly
65 70 75 80

Thr Val Ile Glu Ala Asn Asp Tyr Gly Asn Phe Gly Gly Thr Phe Val
85 90 95

Ile Arg Asp Ala Asn Asp Asn Asp Trp Ile Tyr Gly His Leu Gln Arg
100 105 110

ES 2 589 784 T3

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

ES 2 589 784 T3

Tyr Asp Gly Gly Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln
 370 375 380
 Ser Asp Val Lys Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val
 385 390 395 400
 Lys Ala Thr Asp Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala
 405 410 415
 Glu His Ala Ser Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg
 420 425 430
 Tyr Lys Gly Pro Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys
 435 440 445
 Gly Gln Thr Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val
 450 455 460
 Trp Val Ser Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val
 465 470 475 480
 Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu
 485 490 495
 Ile Lys Glu Leu Met Leu Thr Ala Ile Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Gly
 500 505 510
 Trp Lys Ile Ser Ser Asp Pro Arg Thr Tyr Asp Gly Tyr Pro Lys Asn
 515 520 525
 Tyr Gly Tyr Arg Asn Tyr His Glu Asn Gly Ile Asn Tyr Asp Glu Phe
 530 535 540
 Cys Gly Gly Tyr His Arg Ala Phe Asp Val Tyr Ser Asn Glu Thr Asn
 545 550 555 560
 Asp Val Pro Ala Val Thr Ser Gly Thr Val Ile Glu Ala Asn Asp Tyr
 565 570 575
 Gly Asn Phe Gly Gly Thr Phe Val Ile Arg Asp Ala Asn Asp Asn Asp
 580 585 590
 Trp Ile Tyr Gly His Leu Gln Arg Gly Ser Met Arg Phe Val Val Gly
 595 600 605
 Asp Lys Val Asn Gln Gly Asp Ile Ile Gly Leu Gln Gly Asn Ser Asn

ES 2 589 784 T3

610		615		620
Tyr Tyr Asp Asn Pro Met Ser Val His Leu His Leu Gln Leu Arg Pro				
625		630		635
Lys Asp Ala Lys Lys Asp Glu Lys Ser Gln Val Cys Ser Gly Leu Ala				
		645		650
Met Glu Lys Tyr Asp Ile Thr Asn Leu Asn Ala Lys Gln Asp Lys Ser				
		660		665
Lys Asn Gly Ser Val Lys Glu Leu Lys His Ile Tyr Ser Asn His Ile				
		675		680
Lys Gly Asn Lys Ile Thr Ala Pro Lys Pro Ser Ile Gln Gly Val Val				
		690		695
Ile His Asn Asp Tyr Gly Ser Met Thr Pro Ser Gln Tyr Leu Pro Trp				
705		710		715
Leu Tyr Ala Arg Glu Asn Asn Gly Thr His Val Asn Gly Trp Ala Ser				
		725		730
Val Tyr Ala Asn Arg Asn Glu Val Leu Trp Tyr His Pro Thr Asp Tyr				
		740		745
Val Glu Trp His Cys Gly Asn Gln Trp Ala Asn Ala Asn Leu Ile Gly				
		755		760
Phe Glu Val Cys Glu Ser Tyr Pro Gly Arg Ile Ser Asp Lys Leu Phe				
		770		775
Leu Glu Asn Glu Glu Ala Thr Leu Lys Val Ala Ala Asp Val Met Lys				
785		790		795
Ser Tyr Gly Leu Pro Val Asn Arg Asn Thr Val Arg Leu His Asn Glu				
		805		810
Phe Phe Gly Thr Ser Cys Pro His Arg Ser Trp Asp Leu His Val Gly				
		820		825
Lys Gly Glu Pro Tyr Thr Thr Thr Asn Ile Asn Lys Met Lys Asp Tyr				
		835		840
Phe Ile Lys Arg Ile Lys His Tyr Tyr Asp Gly Gly Lys Leu Glu Val				
		850		855
				860

Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp Val Lys Gln Glu Val Lys
865 870 875 880

Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr Asp Trp Lys Gln Asn
885 890 895

Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser Phe Thr Val Thr
900 905 910

Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr Gly His
915 920 925

Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr Asp Glu
930 935 940

Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr Phe Glu
945 950 955 960

Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly
965 970 975

Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
980 985

<210> 25

<211> 672

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> CHAP11_M23-2638_Ami2638_CBD2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 25

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Met Gln Ala Lys
1 5 10 15

Leu Thr Lys Asn Glu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Thr Ser Glu Gly Lys
20 25 30

Gln Phe Asn Val Asp Leu Trp Tyr Gly Phe Gln Cys Phe Asp Tyr Ala
35 40 45

Asn Ala Gly Trp Lys Val Leu Phe Gly Leu Leu Leu Lys Gly Leu Gly
50 55 60

Ala Lys Asp Ile Pro Phe Ala Asn Asn Phe Asp Gly Leu Ala Thr Val
65 70 75 80

Tyr Gln Asn Thr Pro Asp Phe Leu Ala Gln Pro Gly Asp Met Val Val

ES 2 589 784 T3

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

ES 2 589 784 T3

Val	Cys	Ser	Gly	Leu	Ala	Met	Glu	Lys	Tyr	Asp	Ile	Thr	Asn	Leu	Asn		
			340					345					350				
Ala	Lys	Gln	Asp	Lys	Ser	Lys	Asn	Gly	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Lys	His		
		355					360					365					
Ile	Tyr	Ser	Asn	His	Ile	Lys	Gly	Asn	Lys	Ile	Thr	Ala	Pro	Lys	Pro		
	370					375					380						
Ser	Ile	Gln	Gly	Val	Val	Ile	His	Asn	Asp	Tyr	Gly	Ser	Met	Thr	Pro		
385					390					395					400		
Ser	Gln	Tyr	Leu	Pro	Trp	Leu	Tyr	Ala	Arg	Glu	Asn	Asn	Gly	Thr	His		
				405					410						415		
Val	Asn	Gly	Trp	Ala	Ser	Val	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Glu	Val	Leu	Trp		
			420					425					430				
Tyr	His	Pro	Thr	Asp	Tyr	Val	Glu	Trp	His	Cys	Gly	Asn	Gln	Trp	Ala		
		435					440					445					
Asn	Ala	Asn	Leu	Ile	Gly	Phe	Glu	Val	Cys	Glu	Ser	Tyr	Pro	Gly	Arg		
	450					455					460						
Ile	Ser	Asp	Lys	Leu	Phe	Leu	Glu	Asn	Glu	Glu	Ala	Thr	Leu	Lys	Val		
465					470					475					480		
Ala	Ala	Asp	Val	Met	Lys	Ser	Tyr	Gly	Leu	Pro	Val	Asn	Arg	Asn	Thr		
				485					490						495		
Val	Arg	Leu	His	Asn	Glu	Phe	Phe	Gly	Thr	Ser	Cys	Pro	His	Arg	Ser		
			500					505						510			
Trp	Asp	Leu	His	Val	Gly	Lys	Gly	Glu	Pro	Tyr	Thr	Thr	Thr	Asn	Ile		
		515					520						525				
Asn	Lys	Met	Lys	Asp	Tyr	Phe	Ile	Lys	Arg	Ile	Lys	His	Tyr	Tyr	Asp		
	530					535					540						
Gly	Gly	Lys	Leu	Glu	Val	Ser	Lys	Ala	Ala	Thr	Ile	Lys	Gln	Ser	Asp		
545					550					555					560		
Val	Lys	Gln	Glu	Val	Lys	Lys	Gln	Glu	Ala	Lys	Gln	Ile	Val	Lys	Ala		
				565					570						575		
Thr	Asp	Trp	Lys	Gln	Asn	Lys	Asp	Gly	Ile	Trp	Tyr	Lys	Ala	Glu	His		
			580					585						590			

Ala Ser Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys
595 600 605

Gly Pro Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln
610 615 620

Thr Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val
625 630 635 640

Ser Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr
645 650 655

Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
660 665 670

<210> 26

<211> 714

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> Ami11_M23-2638_Ami2638_CBD2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 26

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Lys Pro Gln Pro
1 5 10 15

Lys Ala Val Glu Leu Lys Ile Ile Lys Asp Val Val Lys Gly Tyr Asp
20 25 30

Leu Pro Lys Arg Gly Ser Asn Pro Lys Gly Ile Val Ile His Asn Asp
35 40 45

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

Asn Ala Pro Leu Ser Arg Leu Glu Ala Gly Ile Ala His Ser Tyr Val
65 70 75 80

Ser Gly Asn Thr Val Trp Gln Ala Leu Asp Glu Ser Gln Val Gly Trp
85 90 95

His Thr Ala Asn Gln Ile Gly Asn Lys Tyr Tyr Tyr Gly Ile Glu Val
100 105 110

Cys Gln Ser Met Gly Ala Asp Asn Ala Thr Phe Leu Lys Asn Glu Gln
115 120 125

ES 2 589 784 T3

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

ES 2 589 784 T3

Met	Glu	Lys	Tyr	Asp	Ile	Thr	Asn	Leu	Asn	Ala	Lys	Gln	Asp	Lys	Ser	385	390	395	400
Lys	Asn	Gly	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Lys	His	Ile	Tyr	Ser	Asn	His	Ile	405	410	415	
Lys	Gly	Asn	Lys	Ile	Thr	Ala	Pro	Lys	Pro	Ser	Ile	Gln	Gly	Val	Val	420	425	430	
Ile	His	Asn	Asp	Tyr	Gly	Ser	Met	Thr	Pro	Ser	Gln	Tyr	Leu	Pro	Trp	435	440	445	
Leu	Tyr	Ala	Arg	Glu	Asn	Asn	Gly	Thr	His	Val	Asn	Gly	Trp	Ala	Ser	450	455	460	
Val	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Glu	Val	Leu	Trp	Tyr	His	Pro	Thr	Asp	Tyr	465	470	475	480
Val	Glu	Trp	His	Cys	Gly	Asn	Gln	Trp	Ala	Asn	Ala	Asn	Leu	Ile	Gly	485	490	495	
Phe	Glu	Val	Cys	Glu	Ser	Tyr	Pro	Gly	Arg	Ile	Ser	Asp	Lys	Leu	Phe	500	505	510	
Leu	Glu	Asn	Glu	Glu	Ala	Thr	Leu	Lys	Val	Ala	Ala	Asp	Val	Met	Lys	515	520	525	
Ser	Tyr	Gly	Leu	Pro	Val	Asn	Arg	Asn	Thr	Val	Arg	Leu	His	Asn	Glu	530	535	540	
Phe	Phe	Gly	Thr	Ser	Cys	Pro	His	Arg	Ser	Trp	Asp	Leu	His	Val	Gly	545	550	555	560
Lys	Gly	Glu	Pro	Tyr	Thr	Thr	Thr	Asn	Ile	Asn	Lys	Met	Lys	Asp	Tyr	565	570	575	
Phe	Ile	Lys	Arg	Ile	Lys	His	Tyr	Tyr	Asp	Gly	Gly	Lys	Leu	Glu	Val	580	585	590	
Ser	Lys	Ala	Ala	Thr	Ile	Lys	Gln	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Glu	Val	Lys	595	600	605	
Lys	Gln	Glu	Ala	Lys	Gln	Ile	Val	Lys	Ala	Thr	Asp	Trp	Lys	Gln	Asn	610	615	620	
Lys	Asp	Gly	Ile	Trp	Tyr	Lys	Ala	Glu	His	Ala	Ser	Phe	Thr	Val	Thr	625	630	635	640

Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr Gly His
645 650 655

Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr Asp Glu
660 665 670

Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr Phe Glu
675 680 685

Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly
690 695 700

Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
705 710

<210> 27

<211> 652

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> CHAPT_w_Ami2638_M23-LST_CBD2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 27

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

Lys Gln Ala Glu Ser Tyr Ile Lys Ser Lys Val Asn Thr Gly Thr Asp
20 25 30

Phe Asp Gly Leu Tyr Gly Tyr Gln Cys Met Asp Leu Ala Val Asp Tyr
35 40 45

Ile Tyr His Val Thr Asp Gly Lys Ile Arg Met Trp Gly Asn Ala Lys
50 55 60

Asp Ala Ile Asn Asn Ser Phe Gly Gly Thr Ala Thr Val Tyr Lys Asn
65 70 75 80

Tyr Pro Ala Phe Arg Pro Lys Tyr Gly Asp Val Val Val Trp Thr Thr
85 90 95

Gly Asn Phe Ala Thr Tyr Gly His Ile Ala Ile Val Thr Asn Pro Asp
100 105 110

Pro Tyr Gly Asp Leu Gln Tyr Val Thr Val Leu Glu Gln Asn Trp Asn
115 120 125

ES 2 589 784 T3

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

ES 2 589 784 T3

Ser Asp Val Lys Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val
 385 390 395 400
 Lys Ala Thr Asp Ala Ala Thr His Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn
 405 410 415
 Asn Tyr Lys Lys Gly Tyr Gly Tyr Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn
 420 425 430
 Gly Gly Met His Tyr Gly Val Asp Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro
 435 440 445
 Val Lys Ala Ile Ser Ser Gly Lys Ile Val Glu Ala Gly Trp Ser Asn
 450 455 460
 Tyr Gly Gly Gly Asn Gln Ile Gly Leu Ile Glu Asn Asp Gly Val His
 465 470 475 480
 Arg Gln Trp Tyr Met His Leu Ser Lys Tyr Asn Val Lys Val Gly Asp
 485 490 495
 Tyr Val Lys Ala Gly Gln Ile Ile Gly Trp Ser Gly Ser Thr Gly Tyr
 500 505 510
 Ser Thr Ala Pro His Leu His Phe Gln Arg Met Val Asn Ser Phe Ser
 515 520 525
 Asn Ser Thr Ala Gln Asp Pro Met Pro Phe Leu Lys Ser Ala Gly Tyr
 530 535 540
 Gly Lys Ala Gly Gly Thr Val Thr Pro Thr Pro Asn Thr Gly Trp Lys
 545 550 555 560
 Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser Phe Thr
 565 570 575
 Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr
 580 585 590
 Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr
 595 600 605
 Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr
 610 615 620
 Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys

625

630

635

640

Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
645 650

<210> 28

<211> 650

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> CHAPT_w_Ami2638_M23-LST_CWT-LST etiquetado His

5

ES 2 589 784 T3

<400> 28

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

Lys Gln Ala Glu Ser Tyr Ile Lys Ser Lys Val Asn Thr Gly Thr Asp
20 25 30

Phe Asp Gly Leu Tyr Gly Tyr Gln Cys Met Asp Leu Ala Val Asp Tyr
35 40 45

Ile Tyr His Val Thr Asp Gly Lys Ile Arg Met Trp Gly Asn Ala Lys
50 55 60

Asp Ala Ile Asn Asn Ser Phe Gly Gly Thr Ala Thr Val Tyr Lys Asn
65 70 75 80

Tyr Pro Ala Phe Arg Pro Lys Tyr Gly Asp Val Val Val Trp Thr Thr
85 90 95

Gly Asn Phe Ala Thr Tyr Gly His Ile Ala Ile Val Thr Asn Pro Asp
100 105 110

Pro Tyr Gly Asp Leu Gln Tyr Val Thr Val Leu Glu Gln Asn Trp Asn
115 120 125

Gly Asn Gly Ile Tyr Lys Thr Glu Leu Ala Thr Ile Arg Thr His Asp
130 135 140

Tyr Thr Gly Ile Thr His Phe Ile Lys Asp Ala Lys Lys Asp Glu Lys
145 150 155 160

Ser Gln Val Cys Ser Gly Leu Ala Met Glu Lys Tyr Asp Ile Thr Asn
165 170 175

Leu Asn Ala Lys Gln Asp Lys Ser Lys Asn Gly Ser Val Lys Glu Leu
180 185 190

ES 2 589 784 T3

Lys His Ile Tyr Ser Asn His Ile Lys Gly Asn Lys Ile Thr Ala Pro
 195 200 205
 Lys Pro Ser Ile Gln Gly Val Val Ile His Asn Asp Tyr Gly Ser Met
 210 215 220
 Thr Pro Ser Gln Tyr Leu Pro Trp Leu Tyr Ala Arg Glu Asn Asn Gly
 225 230 235 240
 Thr His Val Asn Gly Trp Ala Ser Val Tyr Ala Asn Arg Asn Glu Val
 245 250 255
 Leu Trp Tyr His Pro Thr Asp Tyr Val Glu Trp His Cys Gly Asn Gln
 260 265 270
 Trp Ala Asn Ala Asn Leu Ile Gly Phe Glu Val Cys Glu Ser Tyr Pro
 275 280 285
 Gly Arg Ile Ser Asp Lys Leu Phe Leu Glu Asn Glu Glu Ala Thr Leu
 290 295 300
 Lys Val Ala Ala Asp Val Met Lys Ser Tyr Gly Leu Pro Val Asn Arg
 305 310 315 320
 Asn Thr Val Arg Leu His Asn Glu Phe Phe Gly Thr Ser Cys Pro His
 325 330 335
 Arg Ser Trp Asp Leu His Val Gly Lys Gly Glu Pro Tyr Thr Thr Thr
 340 345 350
 Asn Ile Asn Lys Met Lys Asp Tyr Phe Ile Lys Arg Ile Lys His Tyr
 355 360 365
 Tyr Asp Gly Gly Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln
 370 375 380
 Ser Asp Val Lys Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val
 385 390 395 400
 Lys Ala Thr Asp Ala Ala Thr His Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn
 405 410 415
 Asn Tyr Lys Lys Gly Tyr Gly Tyr Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn
 420 425 430
 Gly Gly Met His Tyr Gly Val Asp Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro

ES 2 589 784 T3

435		440		445											
Val	Lys	Ala	Ile	Ser	Ser	Gly	Lys	Ile	Val	Glu	Ala	Gly	Trp	Ser	Asn
450						455					460				
Tyr	Gly	Gly	Gly	Asn	Gln	Ile	Gly	Leu	Ile	Glu	Asn	Asp	Gly	Val	His
465					470					475					480
Arg	Gln	Trp	Tyr	Met	His	Leu	Ser	Lys	Tyr	Asn	Val	Lys	Val	Gly	Asp
				485					490					495	
Tyr	Val	Lys	Ala	Gly	Gln	Ile	Ile	Gly	Trp	Ser	Gly	Ser	Thr	Gly	Tyr
			500					505					510		
Ser	Thr	Ala	Pro	His	Leu	His	Phe	Gln	Arg	Met	Val	Asn	Ser	Phe	Ser
		515					520					525			
Asn	Ser	Thr	Ala	Gln	Asp	Pro	Met	Pro	Phe	Leu	Lys	Ser	Ala	Gly	Tyr
	530					535					540				
Gly	Lys	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Pro	Thr	Pro	Asn	Thr	Gly	Trp	Lys
545					550					555					560
Thr	Asn	Lys	Tyr	Gly	Thr	Leu	Tyr	Lys	Ser	Glu	Ser	Ala	Ser	Phe	Thr
				565					570					575	
Pro	Asn	Thr	Asp	Ile	Ile	Thr	Arg	Thr	Thr	Gly	Pro	Phe	Arg	Ser	Met
			580					585					590		
Pro	Gln	Ser	Gly	Val	Leu	Lys	Ala	Gly	Gln	Thr	Ile	His	Tyr	Asp	Glu
		595					600					605			
Val	Met	Lys	Gln	Asp	Gly	His	Val	Trp	Val	Gly	Tyr	Thr	Gly	Asn	Ser
	610					615					620				
Gly	Gln	Arg	Ile	Tyr	Leu	Pro	Val	Arg	Thr	Trp	Asn	Lys	Ser	Thr	Asn
625					630					635					640
Thr	Leu	Gly	Val	Leu	Trp	Gly	Thr	Ile	Lys						
				645					650						

5 <210> 29
 <211> 517
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220>
 <223> M23-LST_Ami2638_CBD2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 29

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Ala Ala Thr His
1 5 10 15

Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn Asn Tyr Lys Lys Gly Tyr Gly Tyr
20 25 30

Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn Gly Gly Met His Tyr Gly Val Asp
35 40 45

Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro Val Lys Ala Ile Ser Ser Gly Lys
50 55 60

Ile Val Glu Ala Gly Trp Ser Asn Tyr Gly Gly Gly Asn Gln Ile Gly
65 70 75 80

Leu Ile Glu Asn Asp Gly Val His Arg Gln Trp Tyr Met His Leu Ser
85 90 95

Lys Tyr Asn Val Lys Val Gly Asp Tyr Val Lys Ala Gly Gln Ile Ile
100 105 110

Gly Trp Ser Gly Ser Thr Gly Tyr Ser Thr Ala Pro His Leu His Phe
115 120 125

Gln Arg Met Val Asn Ser Phe Ser Asn Ser Thr Ala Gln Asp Pro Met
130 135 140

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

Pro Thr Pro Asn Thr Gly Glu Leu Leu Arg Pro Lys Asp Ala Lys Lys
165 170 175

Asp Glu Lys Ser Gln Val Cys Ser Gly Leu Ala Met Glu Lys Tyr Asp
180 185 190

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

Lys Glu Leu Lys His Ile Tyr Ser Asn His Ile Lys Gly Asn Lys Ile
210 215 220

Thr Ala Pro Lys Pro Ser Ile Gln Gly Val Val Ile His Asn Asp Tyr
225 230 235 240

Gly Ser Met Thr Pro Ser Gln Tyr Leu Pro Trp Leu Tyr Ala Arg Glu

ES 2 589 784 T3

				245				250				255			
Asn	Asn	Gly	Thr	His	Val	Asn	Gly	Trp	Ala	Ser	Val	Tyr	Ala	Asn	Arg
				260						265					
												270			
Asn	Glu	Val	Leu	Trp	Tyr	His	Pro	Thr	Asp	Tyr	Val	Glu	Trp	His	Cys
				275						280					
												285			
Gly	Asn	Gln	Trp	Ala	Asn	Ala	Asn	Leu	Ile	Gly	Phe	Glu	Val	Cys	Glu
				290						295					
												300			
Ser	Tyr	Pro	Gly	Arg	Ile	Ser	Asp	Lys	Leu	Phe	Leu	Glu	Asn	Glu	Glu
				305						310					
												315			
Ala	Thr	Leu	Lys	Val	Ala	Ala	Asp	Val	Met	Lys	Ser	Tyr	Gly	Leu	Pro
				325						330					
												335			
Val	Asn	Arg	Asn	Thr	Val	Arg	Leu	His	Asn	Glu	Phe	Phe	Gly	Thr	Ser
				340						345					
												350			
Cys	Pro	His	Arg	Ser	Trp	Asp	Leu	His	Val	Gly	Lys	Gly	Glu	Pro	Tyr
				355						360					
												365			
Thr	Thr	Thr	Asn	Ile	Asn	Lys	Met	Lys	Asp	Tyr	Phe	Ile	Lys	Arg	Ile
				370						375					
												380			
Lys	His	Tyr	Tyr	Asp	Gly	Gly	Lys	Leu	Glu	Val	Ser	Lys	Ala	Ala	Thr
				385						390					
												395			
Ile	Lys	Gln	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Glu	Val	Lys	Lys	Gln	Glu	Ala	Lys
				405						410					
												415			
Gln	Ile	Val	Lys	Ala	Thr	Asp	Trp	Lys	Gln	Asn	Lys	Asp	Gly	Ile	Trp
				420						425					
												430			
Tyr	Lys	Ala	Glu	His	Ala	Ser	Phe	Thr	Val	Thr	Ala	Pro	Glu	Gly	Ile
				435						440					
												445			
Ile	Thr	Arg	Tyr	Lys	Gly	Pro	Trp	Thr	Gly	His	Pro	Gln	Ala	Gly	Val
				450						455					
												460			
Leu	Gln	Lys	Gly	Gln	Thr	Ile	Lys	Tyr	Asp	Glu	Val	Gln	Lys	Phe	Asp
				465						470					
												475			
Gly	His	Val	Trp	Val	Ser	Trp	Glu	Thr	Phe	Glu	Gly	Glu	Thr	Val	Tyr
				485						490					
												495			

ES 2 589 784 T3

Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu
500 505 510

Trp Gly Glu Ile Lys
515

5 <210> 30
<211> 506
<212> PRT
<213> artificial
<220>
<223> LST_LST etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 30

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Ala Ala Thr His
1 5 10 15

Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn Asn Tyr Lys Lys Gly Tyr Gly Tyr
20 25 30

Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn Gly Gly Met His Tyr Gly Val Asp
35 40 45

Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro Val Lys Ala Ile Ser Ser Gly Lys
50 55 60

Ile Val Glu Ala Gly Trp Ser Asn Tyr Gly Gly Gly Asn Gln Ile Gly
65 70 75 80

Leu Ile Glu Asn Asp Gly Val His Arg Gln Trp Tyr Met His Leu Ser
85 90 95

Lys Tyr Asn Val Lys Val Gly Asp Tyr Val Lys Ala Gly Gln Ile Ile
100 105 110

Gly Trp Ser Gly Ser Thr Gly Tyr Ser Thr Ala Pro His Leu His Phe
115 120 125

Gln Arg Met Val Asn Ser Phe Ser Asn Ser Thr Ala Gln Asp Pro Met
130 135 140

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

Pro Thr Pro Asn Thr Gly Trp Lys Thr Asn Lys Tyr Gly Thr Leu Tyr
165 170 175

Lys Ser Glu Ser Ala Ser Phe Thr Pro Asn Thr Asp Ile Ile Thr Arg

ES 2 589 784 T3

180							185							190																
Thr	Thr	Gly	Pro	Phe	Arg	Ser	Met	Pro	Gln	Ser	Gly	Val	Leu	Lys	Ala															
		195					200					205																		
Gly	Gln	Thr	Ile	His	Tyr	Asp	Glu	Val	Met	Lys	Gln	Asp	Gly	His	Val															
	210					215					220																			
Trp	Val	Gly	Tyr	Thr	Gly	Asn	Ser	Gly	Gln	Arg	Ile	Tyr	Leu	Pro	Val															
225					230					235					240															
Arg	Thr	Trp	Asn	Lys	Ser	Thr	Asn	Thr	Leu	Gly	Val	Leu	Trp	Gly	Thr															
				245					250					255																
Ile	Lys	Glu	Leu	Ala	Ala	Thr	His	Glu	His	Ser	Ala	Gln	Trp	Leu	Asn															
			260					265					270																	
Asn	Tyr	Lys	Lys	Gly	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Pro	Tyr	Pro	Leu	Gly	Ile	Asn															
		275					280					285																		
Gly	Gly	Met	His	Tyr	Gly	Val	Asp	Phe	Phe	Met	Asn	Ile	Gly	Thr	Pro															
	290					295					300																			
Val	Lys	Ala	Ile	Ser	Ser	Gly	Lys	Ile	Val	Glu	Ala	Gly	Trp	Ser	Asn															
305					310					315					320															
Tyr	Gly	Gly	Gly	Asn	Gln	Ile	Gly	Leu	Ile	Glu	Asn	Asp	Gly	Val	His															
				325					330					335																
Arg	Gln	Trp	Tyr	Met	His	Leu	Ser	Lys	Tyr	Asn	Val	Lys	Val	Gly	Asp															
			340					345					350																	
Tyr	Val	Lys	Ala	Gly	Gln	Ile	Ile	Gly	Trp	Ser	Gly	Ser	Thr	Gly	Tyr															
		355					360					365																		
Ser	Thr	Ala	Pro	His	Leu	His	Phe	Gln	Arg	Met	Val	Asn	Ser	Phe	Ser															
			370			375					380																			
Asn	Ser	Thr	Ala	Gln	Asp	Pro	Met	Pro	Phe	Leu	Lys	Ser	Ala	Gly	Tyr															
385					390					395					400															
Gly	Lys	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Pro	Thr	Pro	Asn	Thr	Gly	Trp	Lys															
				405					410					415																
Thr	Asn	Lys	Tyr	Gly	Thr	Leu	Tyr	Lys	Ser	Glu	Ser	Ala	Ser	Phe	Thr															
			420					425					430																	

Pro Asn Thr Asp Ile Ile Thr Arg Thr Thr Gly Pro Phe Arg Ser Met
435 440 445

Pro Gln Ser Gly Val Leu Lys Ala Gly Gln Thr Ile His Tyr Asp Glu
450 455 460

Val Met Lys Gln Asp Gly His Val Trp Val Gly Tyr Thr Gly Asn Ser
465 470 475 480

Gly Gln Arg Ile Tyr Leu Pro Val Arg Thr Trp Asn Lys Ser Thr Asn
485 490 495

Thr Leu Gly Val Leu Trp Gly Thr Ile Lys
500 505

<210> 31

<211> 414

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> M23-LST_M23-LST_CWT-LST etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 31

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Ala Ala Thr His
1 5 10 15

Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn Asn Tyr Lys Lys Gly Tyr Gly Tyr
20 25 30

Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn Gly Gly Met His Tyr Gly Val Asp
35 40 45

Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro Val Lys Ala Ile Ser Ser Gly Lys
50 55 60

Ile Val Glu Ala Gly Trp Ser Asn Tyr Gly Gly Gly Asn Gln Ile Gly
65 70 75 80

Leu Ile Glu Asn Asp Gly Val His Arg Gln Trp Tyr Met His Leu Ser
85 90 95

Lys Tyr Asn Val Lys Val Gly Asp Tyr Val Lys Ala Gly Gln Ile Ile
100 105 110

Gly Trp Ser Gly Ser Thr Gly Tyr Ser Thr Ala Pro His Leu His Phe
115 120 125

Gln Arg Met Val Asn Ser Phe Ser Asn Ser Thr Ala Gln Asp Pro Met

ES 2 589 784 T3

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

Thr Gly Asn Ser Gly Gln Arg Ile Tyr Leu Pro Val Arg Thr Trp Asn
385 390 395 400

Lys Ser Thr Asn Thr Leu Gly Val Leu Trp Gly Thr Ile Lys
405 410

5 <210> 32
<211> 628
<212> PRT
<213> artificial
<220>
<223> M23-2638_Ami2638_CBD2638_CBD2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 32

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

Ile Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Gly Trp Lys Ile Ser Ser Asp Pro Arg
20 25 30

Thr Tyr Asp Gly Tyr Pro Lys Asn Tyr Gly Tyr Arg Asn Tyr His Glu
35 40 45

Asn Gly Ile Asn Tyr Asp Glu Phe Cys Gly Gly Tyr His Arg Ala Phe
50 55 60

Asp Val Tyr Ser Asn Glu Thr Asn Asp Val Pro Ala Val Thr Ser Gly
65 70 75 80

Thr Val Ile Glu Ala Asn Asp Tyr Gly Asn Phe Gly Gly Thr Phe Val
85 90 95

Ile Arg Asp Ala Asn Asp Asn Asp Trp Ile Tyr Gly His Leu Gln Arg
100 105 110

Gly Ser Met Arg Phe Val Val Gly Asp Lys Val Asn Gln Gly Asp Ile
115 120 125

Ile Gly Leu Gln Gly Asn Ser Asn Tyr Tyr Asp Asn Pro Met Ser Val
130 135 140

His Leu His Leu Gln Leu Arg Pro Lys Asp Ala Lys Lys Asp Glu Lys
145 150 155 160

Ser Gln Val Cys Ser Gly Leu Ala Met Glu Lys Tyr Asp Ile Thr Asn
165 170 175

Leu Asn Ala Lys Gln Asp Lys Ser Lys Asn Gly Ser Val Lys Glu Leu

ES 2 589 784 T3

180							185							190																
Lys	His	Ile	Tyr	Ser	Asn	His	Ile	Lys	Gly	Asn	Lys	Ile	Thr	Ala	Pro															
		195					200					205																		
Lys	Pro	Ser	Ile	Gln	Gly	Val	Val	Ile	His	Asn	Asp	Tyr	Gly	Ser	Met															
	210					215					220																			
Thr	Pro	Ser	Gln	Tyr	Leu	Pro	Trp	Leu	Tyr	Ala	Arg	Glu	Asn	Asn	Gly															
225					230					235					240															
Thr	His	Val	Asn	Gly	Trp	Ala	Ser	Val	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Glu	Val															
				245					250					255																
Leu	Trp	Tyr	His	Pro	Thr	Asp	Tyr	Val	Glu	Trp	His	Cys	Gly	Asn	Gln															
			260					265					270																	
Trp	Ala	Asn	Ala	Asn	Leu	Ile	Gly	Phe	Glu	Val	Cys	Glu	Ser	Tyr	Pro															
	275						280					285																		
Gly	Arg	Ile	Ser	Asp	Lys	Leu	Phe	Leu	Glu	Asn	Glu	Glu	Ala	Thr	Leu															
	290					295					300																			
Lys	Val	Ala	Ala	Asp	Val	Met	Lys	Ser	Tyr	Gly	Leu	Pro	Val	Asn	Arg															
305					310					315					320															
Asn	Thr	Val	Arg	Leu	His	Asn	Glu	Phe	Phe	Gly	Thr	Ser	Cys	Pro	His															
				325					330					335																
Arg	Ser	Trp	Asp	Leu	His	Val	Gly	Lys	Gly	Glu	Pro	Tyr	Thr	Thr	Thr															
			340					345					350																	
Asn	Ile	Asn	Lys	Met	Lys	Asp	Tyr	Phe	Ile	Lys	Arg	Ile	Lys	His	Tyr															
		355					360					365																		
Tyr	Asp	Gly	Gly	Lys	Leu	Glu	Val	Ser	Lys	Ala	Ala	Thr	Ile	Lys	Gln															
	370					375					380																			
Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Glu	Val	Lys	Lys	Gln	Glu	Ala	Lys	Gln	Ile	Val															
385					390					395					400															
Lys	Ala	Thr	Asp	Trp	Lys	Gln	Asn	Lys	Asp	Gly	Ile	Trp	Tyr	Lys	Ala															
				405					410					415																
Glu	His	Ala	Ser	Phe	Thr	Val	Thr	Ala	Pro	Glu	Gly	Ile	Ile	Thr	Arg															
			420					425					430																	

Tyr Lys Gly Pro Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys
435 440 445

Gly Gln Thr Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val
450 455 460

Trp Val Ser Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val
465 470 475 480

Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu
485 490 495

Ile Lys Glu Leu Gly Gly Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile
500 505 510

Lys Gln Ser Asp Val Lys Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln
515 520 525

Ile Val Lys Ala Thr Asp Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr
530 535 540

Lys Ala Glu His Ala Ser Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile
545 550 555 560

Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu
565 570 575

Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly
580 585 590

His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met
595 600 605

Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp
610 615 620

Gly Glu Ile Lys
625

<210> 33

<211> 741

<212> ADN

<213> *Staphylococcus simulans*

```

<400> 33
gctgcaacac atgaacattc agcacaatgg ttgaataatt acaaaaaagg atatggttac      60
ggtccttatac cattaggtat aaatggcggg atgcactacg gagttgattt ttttatgaat      120
attggaacac cagtaaaagc tatttcaagc ggaaaaatag ttgaagctgg ttggagtaat      180
tacggaggag gtaatcaaat aggtcttatt gaaaatgatg gagtgcatag acaatggtat      240
atgcatctaa gtaaatataa tgttaaagta ggagattatg tcaaagctgg tcaaataatc      300
ggttggtctg gaagcactgg ttattctaca gcaccacatt tacacttcca aagaatggtt      360
aattcatttt caaattcaac tgcccaagat ccaatgcctt tcttaaagag cgcaggatat      420
ggaaaagcag gtggtacagt aactccaacg ccgaatacag gttggaaaac aaacaaatat      480
ggcacactat ataaatcaga gtcagctagc ttcacaccta atacagatat aataacaaga      540
acgactgggc catttagaag catgccgcag tcaggagtct taaaagcagg tcaaacaatt      600
cattatgatg aagtgatgaa acaagacggg catgtttggg taggttatac aggtaacagt      660
ggccaacgta tttacttgcc tgtaagaaca tggaataaat ctactaatac tttaggtggt      720
5  ctttggggaa ctataaagtg a                                          741
<210> 34
<211> 246
<212> PRT
<213> Staphylococcus simulans

```

ES 2 589 784 T3

<400> 34

Ala Ala Thr His Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn Asn Tyr Lys Lys
1 5 10 15

Gly Tyr Gly Tyr Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn Gly Gly Met His
20 25 30

Tyr Gly Val Asp Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro Val Lys Ala Ile
35 40 45

Ser Ser Gly Lys Ile Val Glu Ala Gly Trp Ser Asn Tyr Gly Gly Gly
50 55 60

Asn Gln Ile Gly Leu Ile Glu Asn Asp Gly Val His Arg Gln Trp Tyr
65 70 75 80

Met His Leu Ser Lys Tyr Asn Val Lys Val Gly Asp Tyr Val Lys Ala
85 90 95

Gly Gln Ile Ile Gly Trp Ser Gly Ser Thr Gly Tyr Ser Thr Ala Pro
100 105 110

His Leu His Phe Gln Arg Met Val Asn Ser Phe Ser Asn Ser Thr Ala
115 120 125

Gln Asp Pro Met Pro Phe Leu Lys Ser Ala Gly Tyr Gly Lys Ala Gly
130 135 140

Gly Thr Val Thr Pro Thr Pro Asn Thr Gly Trp Lys Thr Asn Lys Tyr
145 150 155 160

Gly Thr Leu Tyr Lys Ser Glu Ser Ala Ser Phe Thr Pro Asn Thr Asp
165 170 175

Ile Ile Thr Arg Thr Thr Gly Pro Phe Arg Ser Met Pro Gln Ser Gly
180 185 190

Val Leu Lys Ala Gly Gln Thr Ile His Tyr Asp Glu Val Met Lys Gln
195 200 205

Asp Gly His Val Trp Val Gly Tyr Thr Gly Asn Ser Gly Gln Arg Ile
210 215 220

Tyr Leu Pro Val Arg Thr Trp Asn Lys Ser Thr Asn Thr Leu Gly Val
225 230 235 240

Leu Trp Gly Thr Ile Lys
245

<210> 35

<211> 94

<212> PRT

<213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

<400> 35

Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser
1 5 10 15

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

Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile
35 40 45

Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp
50 55 60

Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp
65 70 75 80

Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
85 90

<210> 36
 <211> 92
 <212> PRT
 <213> *Staphylococcus simulans*
 5 <400> 36
 Trp Lys Thr Asn Lys Tyr Gly Thr Leu Tyr Lys Ser Glu Ser Ala Ser
 1 5 10 15

 Phe Thr Pro Asn Thr Asp Ile Ile Thr Arg Thr Thr Gly Pro Phe Arg
 20 25 30

 Ser Met Pro Gln Ser Gly Val Leu Lys Ala Gly Gln Thr Ile His Tyr
 35 40 45

 Asp Glu Val Met Lys Gln Asp Gly His Val Trp Val Gly Tyr Thr Gly
 50 55 60

 Asn Ser Gly Gln Arg Ile Tyr Leu Pro Val Arg Thr Trp Asn Lys Ser
 65 70 75 80

 Thr Asn Thr Leu Gly Val Leu Trp Gly Thr Ile Lys
 85 90
 <210> 37
 <211> 146
 <212> PRT
 10 <213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

<400> 37

Met Leu Thr Ala Ile Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Gly Trp Lys Ile Ser
1 5 10 15

Ser Asp Pro Arg Thr Tyr Asp Gly Tyr Pro Lys Asn Tyr Gly Tyr Arg
20 25 30

Asn Tyr His Glu Asn Gly Ile Asn Tyr Asp Glu Phe Cys Gly Gly Tyr
35 40 45

His Arg Ala Phe Asp Val Tyr Ser Asn Glu Thr Asn Asp Val Pro Ala
50 55 60

Val Thr Ser Gly Thr Val Ile Glu Ala Asn Asp Tyr Gly Asn Phe Gly
65 70 75 80

Gly Thr Phe Val Ile Arg Asp Ala Asn Asp Asn Asp Trp Ile Tyr Gly
85 90 95

His Leu Gln Arg Gly Ser Met Arg Phe Val Val Gly Asp Lys Val Asn
100 105 110

Gln Gly Asp Ile Ile Gly Leu Gln Gly Asn Ser Asn Tyr Tyr Asp Asn
115 120 125

Pro Met Ser Val His Leu His Leu Gln Leu Arg Pro Lys Asp Ala Lys
130 135 140

Lys Asp
145

5

<210> 38

<211> 140

<212> PRT

<213> *Staphylococcus simulans*

<400> 38

Ala Ala Thr His Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn Asn Tyr Lys Lys
1 5 10 15

Gly Tyr Gly Tyr Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn Gly Gly Met His
20 25 30

Tyr Gly Val Asp Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro Val Lys Ala Ile
35 40 45

Ser Ser Gly Lys Ile Val Glu Ala Gly Trp Ser Asn Tyr Gly Gly Gly
50 55 60

Asn Gln Ile Gly Leu Ile Glu Asn Asp Gly Val His Arg Gln Trp Tyr
65 70 75 80

Met His Leu Ser Lys Tyr Asn Val Lys Val Gly Asp Tyr Val Lys Ala
85 90 95

Gly Gln Ile Ile Gly Trp Ser Gly Ser Thr Gly Tyr Ser Thr Ala Pro
100 105 110

His Leu His Phe Gln Arg Met Val Asn Ser Phe Ser Asn Ser Thr Ala
115 120 125

Gln Asp Pro Met Pro Phe Leu Lys Ser Ala Gly Tyr
130 135 140

<210> 39

<211> 169

<212> PRT

<213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

<400> 39

Asn Lys Ile Thr Ala Pro Lys Pro Ser Ile Gln Gly Val Val Ile His
1 5 10 15

Asn Asp Tyr Gly Ser Met Thr Pro Ser Gln Tyr Leu Pro Trp Leu Tyr
20 25 30

Ala Arg Glu Asn Asn Gly Thr His Val Asn Gly Trp Ala Ser Val Tyr
35 40 45

Ala Asn Arg Asn Glu Val Leu Trp Tyr His Pro Thr Asp Tyr Val Glu
50 55 60

Trp His Cys Gly Asn Gln Trp Ala Asn Ala Asn Leu Ile Gly Phe Glu
65 70 75 80

Val Cys Glu Ser Tyr Pro Gly Arg Ile Ser Asp Lys Leu Phe Leu Glu
85 90 95

Asn Glu Glu Ala Thr Leu Lys Val Ala Ala Asp Val Met Lys Ser Tyr
100 105 110

Gly Leu Pro Val Asn Arg Asn Thr Val Arg Leu His Asn Glu Phe Phe
115 120 125

Gly Thr Ser Cys Pro His Arg Ser Trp Asp Leu His Val Gly Lys Gly
130 135 140

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

Lys Arg Ile Lys His Tyr Tyr Asp Gly
165

<210> 40

<211> 163

<212> PRT

<213> Fago de *Staphylococcus aureus* phi 11

ES 2 589 784 T3

<400> 40

Asn Pro Lys Gly Ile Val Ile His Asn Asp Ala Gly Ser Lys Gly Ala
1 5 10 15

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

Leu Glu Ala Gly Ile Ala His Ser Tyr Val Ser Gly Asn Thr Val Trp
35 40 45

Gln Ala Leu Asp Glu Ser Gln Val Gly Trp His Thr Ala Asn Gln Ile
50 55 60

Gly Asn Lys Tyr Tyr Tyr Gly Ile Glu Val Cys Gln Ser Met Gly Ala
65 70 75 80

Asp Asn Ala Thr Phe Leu Lys Asn Glu Gln Ala Thr Phe Gln Glu Cys
85 90 95

Ala Arg Leu Leu Lys Lys Trp Gly Leu Pro Ala Asn Arg Asn Thr Ile
100 105 110

Arg Leu His Asn Glu Phe Thr Ser Thr Ser Cys Pro His Arg Ser Ser
115 120 125

Val Leu His Thr Gly Phe Asp Pro Val Thr Arg Gly Leu Leu Pro Glu
130 135 140

Asp Lys Arg Leu Gln Leu Lys Asp Tyr Phe Ile Lys Gln Ile Arg Ala
145 150 155 160

Tyr Met Asp

5

<210> 41

<211> 158

<212> PRT

<213> Fago de *Staphylococcus aureus* phi 11

ES 2 589 784 T3

<400> 41

Met Ser Ile Ile Met Glu Val Ala Thr Met Gln Ala Lys Leu Thr Lys
1 5 10 15

Asn Glu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Thr Ser Glu Gly Lys Gln Phe Asn
20 25 30

Val Asp Leu Trp Tyr Gly Phe Gln Cys Phe Asp Tyr Ala Asn Ala Gly
35 40 45

Trp Lys Val Leu Phe Gly Leu Leu Leu Lys Gly Leu Gly Ala Lys Asp
50 55 60

Ile Pro Phe Ala Asn Asn Phe Asp Gly Leu Ala Thr Val Tyr Gln Asn
65 70 75 80

Thr Pro Asp Phe Leu Ala Gln Pro Gly Asp Met Val Val Phe Gly Ser
85 90 95

Asn Tyr Gly Ala Gly Tyr Gly His Val Ala Trp Val Ile Glu Ala Thr
100 105 110

Leu Asp Tyr Ile Ile Val Tyr Glu Gln Asn Trp Leu Gly Gly Gly Trp
115 120 125

Thr Asp Gly Ile Glu Gln Pro Gly Trp Gly Trp Glu Lys Val Thr Arg
130 135 140

Arg Gln His Ala Tyr Asp Phe Pro Met Trp Phe Ile Arg Pro
145 150 155

5

<210> 42

<211> 140

<212> PRT

<213> Fago de *Staphylococcus* Twort

ES 2 589 784 T3

<400> 42

Met Lys Thr Leu Lys Gln Ala Glu Ser Tyr Ile Lys Ser Lys Val Asn
1 5 10 15

Thr Gly Thr Asp Phe Asp Gly Leu Tyr Gly Tyr Gln Cys Met Asp Leu
20 25 30

Ala Val Asp Tyr Ile Tyr His Val Thr Asp Gly Lys Ile Arg Met Trp
35 40 45

Gly Asn Ala Lys Asp Ala Ile Asn Asn Ser Phe Gly Gly Thr Ala Thr
50 55 60

Val Tyr Lys Asn Tyr Pro Ala Phe Arg Pro Lys Tyr Gly Asp Val Val
65 70 75 80

Val Trp Thr Thr Gly Asn Phe Ala Thr Tyr Gly His Ile Ala Ile Val
85 90 95

Thr Asn Pro Asp Pro Tyr Gly Asp Leu Gln Tyr Val Thr Val Leu Glu
100 105 110

Gln Asn Trp Asn Gly Asn Gly Ile Tyr Lys Thr Glu Leu Ala Thr Ile
115 120 125

Arg Thr His Asp Tyr Thr Gly Ile Thr His Phe Ile
130 135 140

<210> 43

<211> 12

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> Etiqueta His

<400> 43

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser
1 5 10

<210> 44

<211> 1497

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> Ply2638 etiquetado His

<400> 44

atgagaggat	cgcacacacca	tcacacacac	ggatccatgc	taactgctat	tgactatctt	60
acgaaaaaag	gttggaatat	atcatctgac	cctcgcaactt	acgatgggtta	ccctaaaaac	120
tacggctaca	gaaattacca	tgaaaacggc	attaattatg	atgagttttg	tggtgggttat	180
catagagctt	ttgatgttta	cagtaacgaa	actaacgacg	tgcttgctgt	tactagcggg	240
acagttattg	aagcaaacga	ttacggtaat	tttgggtggt	cattcggttat	tagagacgct	300
aacgataacg	attggatata	tgggcatcta	caacgtggct	caatgcgatt	tggtgtaggc	360
gacaaagtca	atcaaggtga	cattattggg	ttacaaggta	atagcaacta	ttacgacaat	420
cctatgagtg	tacatttaca	tttacaatta	cgccctaaag	acgcaaagaa	agatgaaaaa	480
tcacaagtat	gtagtggttt	ggctatggaa	aaatatgaca	ttacaaattt	aaatgctaaa	540
caagataaat	caaagaatgg	gagcgtgaaa	gagttgaaac	atatctattc	aaacctatatt	600
aaaggtaaca	agattacagc	acaaaaacct	agtattcaag	gtgtgggtcat	ccacaatgat	660
tatggtagta	tgacacctag	tcaatactta	ccatgggttat	atgcacgtga	gaataacggg	720
acacacgtta	acgggtgggc	tagtggttat	gcaaatagaa	acgaagtgc	ttgggtatcat	780
ccgacagact	acgtagagtg	gcattgtggg	aatcaatggg	caaagtctaa	cttaatcggg	840
tttgaagtgt	gtgagtcgta	tcctggtaga	atctcggaca	aattattctt	agaaaatgaa	900
gaagcgacat	tgaaagtagc	tgccggatgtg	atgaagtcgt	acggattacc	agttaatcgc	960
aacactgtac	gtctgcataa	cgaattcttc	ggaacttctt	gtccacatcg	ttcgtggggac	1020
ttgcatgttg	gcaaaggtga	gccttacaca	actactaata	ttaataaaaat	gaaagactac	1080
ttcatcaaac	gcatcaaaca	ttattatgac	gggtggaaagc	tagaagtaag	caaagcagca	1140
actatcaaac	aatctgacgt	taagcaagaa	gttaaaaagc	aagaagcaaa	acaaattgtg	1200
aaagcaacag	attggaaaca	gaataaagat	ggcatttggt	ataaagctga	acatgcttcg	1260
ttcacagtga	cagcaccaga	gggaattatc	acaagataca	aaggtccttg	gactgggtcac	1320
ccacaagctg	gtgtattaca	aaaagggtcaa	acgattaaat	atgatgaggt	tcaaaaattt	1380
gacgggtcatg	tttgggtatc	gtgggaaacg	tttgaggggcg	aaactgtata	catgccggta	1440
cgcacatggg	acgctaaaaac	tggttaaagtt	ggtaagttgt	ggggcgaaat	taaataa	1497

5

<210> 45

<211> 2019

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> CHAP11-M23-2638_Ami2638_CBD2638 etiquetado His

<400> 45

atgagaggat	cgcatcacca	tcaccatcac	ggatccatgc	aagcaaaatt	aactaaaaat	60
gagtttatag	agtggttgaa	aacttctgag	ggaaaacaat	tcaatgtgga	cttatgggtat	120
ggatttcaat	gctttgatta	tgccaatgct	ggttggaaag	ttttgtttgg	attacttcta	180
aaaggtttag	gtgcaaaaga	tattccgttc	gctaacaact	tcgacggatt	agctactgta	240
taccaaaata	caccggactt	cttagcacaa	cctggcgaca	tggtgggtatt	cggtagcaac	300
tacggtgctg	gatatgggtca	cgttgcatgg	gtaattgaag	caactttaga	ttacatcatt	360
gtatatgagc	agaattggct	aggcgggtggc	tggactgacg	gaatcgaaca	acccggctgg	420
ggttgggaaa	aagttacaag	acgacaacat	gcttatgatt	tccttatgtg	gtttatccgt	480
ccgaatttta	aaagtgagac	agcgccacga	tcagttcaat	ctcctacaca	agcacctaaa	540
aaagaaacag	ctggatccat	gctaactgct	attgactatc	ttacgaaaaa	aggttggaaa	600
atatcatctg	accctcgcac	ttacgatggg	taccctaaaa	actacggcta	cagaaattac	660
catgaaaacg	gcattaatta	tgatgagttt	tgtgggtggt	atcatagagc	ttttgatggt	720
tacagtaacg	aaactaacga	cgtgcctgct	gttactagcg	gaacagttat	tgaagcaaac	780
gattacggta	attttggtgg	tacattcggt	attagagacg	ctaacgataa	cgattggata	840
tatgggcatc	tacaacgtgg	ctcaatgcga	tttggtgtag	gcgacaaagt	caatcaaggt	900
gacattattg	gtttacaagg	taatagcaac	tattacgaca	atcctatgag	tgtacattta	960
catttacaat	tacgccctaa	agacgcaaag	aaagatgaaa	aatcacaagt	atgtagtggt	1020
ttggctatgg	aaaaatatga	cattacaaat	ttaaagtcta	aacaagataa	atcaaagaat	1080
gggagcgtga	aagagttgaa	acatatctat	tcaaaccata	ttaaaggtaa	caagattaca	1140
gcaccaaaac	ctagtattca	aggtgtgggc	atccacaatg	attatggtag	tatgacacct	1200
agtcaatact	taccatgggt	atatgcacgt	gagaataacg	gtacacacgt	taacggttgg	1260
gctagtgttt	atgcaaatag	aaacgaagtg	ctttgggtatc	atccgacaga	ctacgtagag	1320
tggcattgtg	gtaatcaatg	ggcaaatgct	aacttaatcg	gatttgaagt	gtgtgagtcg	1380
tatcctggta	gaatctcgga	caaattattc	ttagaaaatg	aagaagcgac	attgaaagta	1440

gctgcggtatg tgatgaagtc gtacggatta ccagttaatc gcaacactgt acgtctgcat	1500
aacgaattct tcggaacttc ttgtccacat cgttcgtggg acttgcatgt tggcaaaggt	1560
gagccttaca caactactaa tattaataaa atgaaagact acttcatcaa acgcatcaaa	1620
cattattatg acggtggaaa gctagaagta agcaaagcag caactatcaa acaatctgac	1680
gttaagcaag aagttaaaaa gcaagaagca aaacaaattg tgaaagcaac agattggaaa	1740
cagaataaag atggcatttg gtataaagct gaacatgctt cgttcacagt gacagcacca	1800
gagggaatta tcacaagata caaaggtcct tggactggtc acccacaagc tgggtgtatta	1860
caaaaagggtc aaacgattaa atatgatgag gttcaaaaat ttgacgggtca tgtttgggta	1920
tcgtgggaaa cgtttgaggg cgaaactgta tacatgccgg tacgcacatg ggacgctaaa	1980
actggtaaag ttggtaagtt gtggggcgaa attaaataa	2019

<210> 46

<211> 2145

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> Ami11_M23-2638_Ami2638_CBD2638 etiquetado His

<400> 46

atgagaggat	cgcacacacca	tcaccatcac	ggatccaagc	cacaacctaa	agcagtagaa	60
cttaaaatca	tcaaagatgt	ggttaaaggt	tatgacctac	ctaagcgtgg	tagtaaccct	120
aaaggatatag	ttatacacia	cgacgcaggg	agcaaagggg	cgactgctga	agcatatcgt	180
aacggattag	taaatgcacc	tttatcaaga	ttagaagcgg	gcattgcgca	tagttacgta	240
tcaggcaaca	cagtttggca	agccttagat	gaatcacaa	taggttggca	taccgcta	300
caaataaggta	ataaatatta	ttacgggtatt	gaagtatgtc	aatcaatggg	cgcagataac	360
gcgacattct	taaaaaatga	acaggcaact	ttccaagaat	gcgctagatt	gttgaaaaaa	420
tggggattac	cagcaaacag	aaatacaatc	agattgcaca	atgaatttac	ttcaacatca	480
tgccctcata	gaagttcggg	tttacacact	ggttttgacc	cagtaactcg	cggtctattg	540
ccagaagaca	agcggttgca	acttaaagac	tactttatca	agcagattag	ggcgtacatg	600
gatggtaaaa	taccggttgc	cactgtctct	aatgagtcaa	gcgcttcaag	taatacagtt	660
aaaccagttg	caagtgcagg	atccatgcta	actgctattg	actatcttac	gaaaaaaggt	720
tggaaaatat	catctgaccc	tcgcacttac	gatggttacc	ctaaaaacta	cggctacaga	780
aattaccatg	aaaacggcat	taattatgat	gagttttgtg	gtggttatca	tagagctttt	840
gatgtttaca	gtaacgaaac	taacgacgtg	cctgctgtta	ctagcggaac	agttattgaa	900
gcaaacgatt	acggtaattt	tggtgggtaca	ttcgttatta	gagacgctaa	cgataacgat	960

tgatataatg ggcattctaca acgtggctca atgcgatttg ttgtaggcga caaagtcaat	1020
caaggtgaca ttattggttt acaaggtaat agcaactatt acgacaatcc tatgagtgt	1080
catttacatt tacaattacg ccctaaagac gcaaagaaag atgaaaaatc acaagtatgt	1140
agtggtttg ctatggaaaa atatgacatt acaaatttaa atgctaaaca agataaatca	1200
aagaatggga gcgtgaaaga gttgaaacat atctattcaa accatattaa aggtaacaag	1260
attacagcac caaacctag tattcaaggt gtggatcatcc acaatgatta tggtagtatg	1320
acacctagtc aatacttacc atggttatat gcacgtgaga ataacggtac acacgttaac	1380
ggttgggcta gtgtttatgc aaatagaaac gaagtgcctt ggtatcatcc gacagactac	1440
gtagagtggc attgtggtaa tcaatgggca aatgctaact taatcggatt tgaagtgtgt	1500
gagtcgtatc ctggtagaat ctgggacaaa ttattcttag aaaatgaaga agcgacattg	1560
aaagtagctg cggatgtgat gaagtcgtac ggattaccag ttaatcgcaa cactgtacgt	1620
ctgcataacg aattcttcgg aacttcttgt ccacatcgtt cgtgggactt gcatgttggc	1680
aaaggtgagc cttacacaac tactaatatt aataaaatga aagactactt catcaaacgc	1740
atcaaacatt attatgacgg tggaaagcta gaagtaagca aagcagcaac tatcaaaca	1800
tctgacgtta agcaagaagt taaaaagcaa gaagcaaaac aaattgtgaa agcaacagat	1860
tggaaacaga ataaagatgg catttggtat aaagctgaac atgcttcgtt cacagtgaca	1920
gcaccagagg gaattatcac aagatacaaa ggtccttgga ctggtcaccc acaagctgg	1980
gtattacaaa aaggtcaaac gattaaatat gatgaggttc aaaaatttga cggatcatgtt	2040
tgggtatcgt gggaaacgtt tgagggcgaa actgtatata tgccgggtacg cacatgggac	2100
gctaaaactg gtaaagttgg taagttgtgg ggcgaaatta aataa	2145

<210> 47

<211> 1959

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> CHAPTw_Ami2638_M23-LST_CBD2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 47

atgagaggat cgcacaccca tcaccatcac ggatccatga aaaccctgaa acaagcagag	60
tcctacatta agagtaaagt aaatacagga actgattttg atggttttata tgggtatcag	120
tgtatggact tagcagtaga ttatatattac catgtaacag atggtaaaat aagaatgtgg	180
ggtaatgcta aggatgcat aaataactct tttggtggta ctgctacggg atataaaaac	240
taccctgctt ttagacctaa gtacgggtgat gtagtcgtat ggactactgg taattttgca	300
acttatgggc atatcgcaat agttactaac cctgaccctt atggagacct tcaatatgtt	360
acagttcttg aacaaaactg gaacggtaac gggattttata aaaccgagtt agctacaatc	420

agaacacacg	attacacagg	aattacacat	tttatttaaag	acgcaaagaa	agatgaaaaa	480
tcacaagtat	gtagtggttt	ggctatggaa	aaatatgaca	ttacaaattt	aatgctaaa	540
caagataaat	caaagaatgg	gagcgtgaaa	gagttgaaac	atatctattc	aaaccatatt	600
aaaggtaaca	agattacagc	acaaaaacct	agtattcaag	gtgtgggtcat	ccacaatgat	660
tatggtagta	tgacacctag	tcaataactta	ccatgggttat	atgcacgtga	gaataacggt	720
acacacgtta	acggttgggc	tagtggttat	gcaaatagaa	acgaagtgct	ttggtatcat	780
ccgacagact	acgtagagtg	gcattgtggg	aatcaatggg	caaagtctaa	cttaatcgga	840
tttgaagtgt	gtgagtcgta	tcctggtaga	atctcggaca	aattattctt	agaaaatgaa	900
gaagcgacat	tgaaagtagc	tgcggatgtg	atgaagtcgt	acggattacc	agttaatcgc	960
aacactgtac	gtctgcataa	cgaattcttc	ggaacttctt	gtccacatcg	ttcgtgggac	1020
ttgcatgttg	gcaaagggtga	gccttacaca	actactaata	ttaataaaaat	gaaagactac	1080
ttcatcaaac	gcatcaaaca	ttattatgac	gggtggaaagc	tagaagtaag	caaagcagca	1140
actatcaaac	aatctgacgt	taagcaagaa	gttaaaaagc	aagaagcaaa	acaaattgtg	1200
aaagcaacag	atgctgcaac	acatgaacat	tcagcacaat	ggttgaataa	ttacaaaaaa	1260
ggatatgggt	acggtcctta	tccattaggt	ataaatggcg	gtatgcacta	cggagttgat	1320
ttttttatga	atattggaac	accagtaaaa	gctatttcaa	gcggaaaaat	agttgaagct	1380
ggttggagta	attacggagg	aggtaatcaa	ataggtctta	ttgaaaatga	tggagtgcac	1440
agacaatggg	atatgcatct	aagtaaatat	aatgttaaag	taggagatta	tgtcaaagct	1500
ggtcaaataa	tcggttggtc	tggaagcact	ggttattcta	cagcaccaca	tttactcttc	1560
caaagaatgg	ttaattcatt	ttcaaattca	actgcccaag	atccaatgcc	tttcttaaag	1620
agcgcaggat	atggaaaagc	aggtggtaca	gtaactccaa	cgccgaatac	aggttggtgaa	1680
cagaataaag	atggcatttg	gtataaagct	gaacatgctt	cggtcacagt	gacagcacca	1740
gagggaaatta	tcacaagata	caaaggctct	tggactgggtc	accacaagc	tggtgtatta	1800
caaaaagggtc	aaacgattaa	atatgatgag	gttcaaaaat	ttgacgggtca	tgtttgggta	1860
tcgtgggaaa	cgtttgaggg	cgaaactgta	tacatgccgg	tacgcacatg	ggacgctaaa	1920
actggtaaag	ttggtaagtt	gtggggcgaa	attaaataa			1959

<210> 48

<211> 1554

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> M23-LST_Ami2638_CBD2638 etiquetado His

<400> 48

atgagaggat	cgcacacacca	tcacacacac	ggatccgctg	caacacatga	acattcagca	60
caatgggttga	ataattacaa	aaaaggatat	ggttacggtc	cttatccatt	aggtataaat	120
ggcgggtatgc	actacggagt	tgatTTTTTT	atgaatattg	gaacaccagt	aaaagctatt	180
tcaagcggaa	aaatagttga	agctgggttg	agtaattacg	gaggaggtaa	tcaaataagg	240
cttattgaaa	atgatggagt	gcatagacaa	tggtatatgc	atctaagtaa	atataatggt	300
aaagtaggag	attatgtcaa	agctgggtcaa	ataatcggtt	gggtctggaag	cactgggttat	360
tctacagcac	cacatttaca	cttccaaaga	atgggttaatt	cattttcaaa	ttcaactgcc	420
caagatccaa	tgcccttctt	aaagagcgca	ggatatggaa	aagcaggtgg	tacagtaact	480
ccaacgccga	atacaggtga	gctcttacgc	cctaaagacg	caaagaaaga	tgaaaaatca	540
caagtatgta	gtgggttggc	tatggaaaaa	tatgacatta	caaattttaa	tgctaaacaa	600
gataaatcaa	agaatgggag	cgtgaaagag	ttgaaacata	tctattcaaa	ccatatttaa	660
ggtaacaaga	ttacagcacc	aaaacctagt	attcaagggtg	tggtcatcca	caatgattat	720
ggtagtatga	cacctagtca	atacttacca	tggttatatg	cacgtgagaa	taacgggtaca	780
cacgttaacg	gttgggctag	tgtttatgca	aatagaaacg	aagtgccttg	gtatcatccg	840
acagactacg	tagagtggca	ttgtggtaat	caatgggcaa	atgctaactt	aatcggattt	900
gaagtgtgtg	agtcgtatcc	tggtagaatc	tcggacaaat	tattcttaga	aaatgaagaa	960
gcgacattga	aagtagctgc	ggatgtgatg	aagtcgtacg	gattaccagt	taatcgcaac	1020
actgtacgtc	tgcataacga	attcttcgga	acttcttgtc	cacatcggtc	gtgggacttg	1080
catgttggca	aaggtgagcc	ttacacaact	actaatatta	ataaaatgaa	agactacttc	1140
atcaaacgca	tcaaacatta	ttatgacggt	ggaaagctag	aagtaagcaa	agcagcaact	1200
atcaaacaat	ctgacgttaa	gcaagaagtt	aaaaagcaag	aagcaaaaca	aattgtgaaa	1260
gcaacagatt	ggaaacagaa	taaagatggc	atttgggtata	aagctgaaca	tgcttcggtc	1320
acagtgacag	caccagaggg	aattatcaca	agatacaaag	gtccttggac	tggtcaccga	1380
caagctggtg	tattacaaaa	aggtcaaacg	attaaatatg	atgaggttca	aaaatttgac	1440
gggtcatgttt	gggtatcgtg	ggaaacgttt	gagggcgaaa	ctgtatacat	gccggtacgc	1500
acatgggacg	ctaaaactgg	taaagttggt	aagttgtggg	gcgaaattaa	ataa	1554

<210> 49

<211> 1887

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> M23-2638_Ami2638_CBD2638_CBD2638 etiquetado His

<400> 49

atgagaggat cgcattacca tcaccattac ggatccatgc taactgctat tgactatctt

60

acgaaaaaag gttggaaaat atcatctgac cctcgactt acgatggtta ccctaaaaac	120
tacggctaca gaaattacca tgaaaacggc attaattatg atgagttttg tgggtggttat	180
catagagctt ttgatgttta cagtaacgaa actaacgacg tgcctgctgt tactagcggg	240
acagttattg aagcaaacga ttacggtaat tttgggtgga cattcggttat tagagacgct	300
aacgataacg attggatata tgggcatcta caacgtggct caatgcgatt tgttgtaggc	360
gacaaagtca atcaaggtga cattattggt ttacaaggta atagcaacta ttacgacaat	420
cctatgagtg tacatttaca ttacaatta cgccctaaag acgcaaagaa agatgaaaaa	480
tcacaagtat gtagtggttt ggctatggaa aatatgaca ttacaaattt aaatgctaaa	540
caagataaat caaagaatgg gagcgtgaaa gagttgaaac atatctattc aaaccatatt	600
aaaggtaaca agattacagc accaaaacct agtattcaag gtgtgggtcat ccacaatgat	660
tatggtagta tgacacctag tcaatactta ccatggttat atgcacgtga gaataacggg	720
acacacgtta acggttgggc tagtggttat gcaaatagaa acgaagtgtt ttggtatcat	780
ccgacagact acgtagagtg gcattgtggt aatcaatggg caaatgctaa cttaatcgga	840
tttgaagtgt gtgagtcgta tcctggtaga atctcggaca aattattctt agaaaatgaa	900
gaagcgacat tgaaagtagc tgcggatgtg atgaagtcgt acggattacc agttaatcgc	960
aacactgtac gtctgcataa cgaattcttc ggaacttctt gtccacatcg ttcgtgggac	1020
ttgcatgttg gcaaagggtga gccttacaca actactaata ttaataaaat gaaagactac	1080
ttcatcaaac gcatcaaaca ttattatgac ggtggaaagc tagaagtaag caaagcagca	1140
actatcaaac aatctgacgt taagcaagaa gttaaaaagc aagaagcaaa acaaattgtg	1200
aaagcaacag attggaaaca gaataaagat ggcatttggt ataaagctga acatgcttcg	1260
ttcacagtga cagcaccaga gggaattatc acaagataca aaggtccttg gactggtcac	1320
ccacaagctg gtgtattaca aaaagggtcaa acgattaaat atgatgaggt tcaaaaattt	1380
gacgggtcatg tttgggtatc gtgggaaacg tttgagggcg aaactgtata catgccggta	1440
cgcacatggg acgctaaaac tggtaaagtt ggtaagttgt ggggcgaaat taaagagctc	1500
ggtggaaagc tagaagtaag caaagcagca actatcaaac aatctgacgt taagcaagaa	1560
gttaaaaagc aagaagcaaa acaaattgtg aaagcaacag attggaaaca gaataaagat	1620
ggcatttggt ataaagctga acatgcttcg ttcacagtga cagcaccaga gggaattatc	1680
acaagataca aaggtccttg gactggtcac ccacaagctg gtgtattaca aaaagggtcaa	1740
acgattaaat atgatgaggt tcaaaaattt gacgggtcatg tttgggtatc gtgggaaacg	1800
tttgagggcg aaactgtata catgccggta cgcacatggg acgctaaaac tggtaaagtt	1860
ggtaagttgt ggggcgaaat taaataa	1887

5 <210> 50
 <211> 3461
 <212> ADN
 <213> artificial
 <220>
 <223> Vector pQE-30

<400> 50

ctcgagaaat	cataaaaaat	ttatttgctt	tgtgagcgga	taacaattat	aatagattca	60
attgtgagcg	gataacaatt	tcacacagaa	ttcattaaag	aggagaaatt	aactatgaga	120
ggatcgcac	accatcacca	tcacggatcc	gcatgcgagc	tcggtacccc	gggtcgacct	180
gcagccaagc	ttaattagct	gagcttggac	tcctgttgat	agatccagta	atgacctcag	240
aactccatct	ggatttggtc	agaacgctcg	gttgccgccc	ggcgtttttt	attggtgaga	300
atccaagcta	gcttggcgag	atcttcagga	gctaaggaag	ctaaaatgga	gaaaaaaatc	360
actggatata	ccaccgttga	tatatcccaa	tggcatcgta	aagaacattt	tgaggcattt	420
cagtcagttg	ctcaatgtac	ctataaccag	accgttcagc	tggatattac	ggccttttta	480
aagaccgtaa	agaaaaataa	gcacaagttt	tatccggcct	ttattcacat	tcttgcccgc	540
ctgatgaatg	ctcatccgga	atttcgtatg	gcaatgaaag	acggtgagct	ggtgatatgg	600
gatagtgttc	acccttggtt	caccgttttc	catgagcaaa	ctgaaacggt	ttcatcgctc	660
tggagtgaat	accacgacga	tttccggcag	tttctacaca	tatattcgca	agatgtggcg	720
tgttacgggtg	aaaacctggc	ctatttcctt	aaagggttta	ttgagaatat	gtttttcgtc	780
tcagccaatc	cctgggtgag	tttcaccagt	tttgatttaa	acgtggccaa	tatggacaac	840
ttcttcgccc	ccgttttcac	catgggcaaa	tattatacgc	aaggcgacaa	ggtgctgatg	900
ccgctggcga	ttcagggttc	tcatgccgtt	tgtgatggct	tccatgtcgg	cagaatgctt	960
aatgaattac	aacagtactg	cgatgagtgg	cagggcgggg	cgtaattttt	ttaaggcagt	1020
tattggtgcc	cttaaacgcc	tggggtaatg	actctctagc	ttgaggcatc	aaataaaacg	1080
aaaggctcag	tcgaaagact	gggcctttcg	ttttatctgt	tgtttgtcgg	tgaacgctct	1140
cctgagtagg	acaaatccgc	cctctagagc	tgcctcgcg	gtttcggtga	tgacggtgaa	1200
aacctctgac	acatgcagct	cccggagacg	gtcacagctt	gtctgtaagc	ggatgccggg	1260
agcagacaag	cccgtcaggg	cgcgtcagcg	ggtgttggcg	ggtgtcgggg	cgcagccatg	1320
accagtcac	gtagcgatag	cggagtgtat	actggcttaa	ctatgcggca	tcagagcaga	1380
ttgtactgag	agtgcaccat	atgcggtgtg	aaataccgca	cagatgcgta	aggagaaaat	1440
accgcatcag	gcgctcttcc	gcttcctcgc	tcactgactc	gctgcgctcg	gtcggtcggc	1500
tgcggcgagc	ggtatcagct	cactcaaagg	cggtaatacg	gttatccaca	gaatcagggg	1560
ataacgcagg	aaagaacatg	tgagcaaaag	gccagcaaaa	ggccaggaac	cgtaaaaagg	1620

ccgcgttgct ggcgtttttc cataggctcc gccccctga cgagcatcac aaaaatcgac 1680
gctcaagtca gaggtggcga aaccgcagac gactataaag ataccaggcg tttccccctg 1740
gaagctccct cgtgcgctct cctgttccga ccctgccgct taccggatac ctgtccgcct 1800
ttctcccttc gggaagcgtg gcgctttctc atagctcacg ctgtaggtat ctcagttcgg 1860
tgtaggtcgt tcgctccaag ctgggctgtg tgcacgaacc ccccgttcag cccgaccgct 1920
gcgccttatc cggtactat cgtcttgagt ccaaccgggt aagacacgac ttatcgccac 1980
tggcagcagc cactggtaac aggattagca gagcgaggta tgtaggcggg gctacagagt 2040
tcttgaagtg gtggcctaac tacggctaca ctagaaggac agtatttggt atctgcgctc 2100
tgctgaagcc agttaccttc ggaaaaagag ttggtagctc ttgatccggc aaacaaacca 2160
ccgctggtag cggtgggtttt tttgtttgca agcagcagat tacgcgcaga aaaaaaggat 2220
ctcaagaaga tcctttgatc ttttctacgg ggtctgacgc tcagtggaac gaaaactcac 2280
gttaagggat tttgggtcatg agattatcaa aaaggatctt cacctagatc cttttaaat 2340
aaaaatgaag ttttaaatca atctaaagta tatatgagta aacttgggtc gacagttacc 2400
aatgcttaat cagtgaggca cctatctcag cgatctgtct atttcggtca tccatagttg 2460
cctgactccc cgtcgtgtag ataactacga tacgggaggg cttaccatct ggccccagtg 2520
ctgcaatgat accgcgagac ccacgctcac cggctccaga tttatcagca ataaaccagc 2580
cagccggaag ggccgagcgc agaagtggtc ctgcaacttt atccgcctcc atccagtcta 2640
ttaattgttg ccgggaagct agagtaagta gttcgccagt taatagtttg cgcaacgttg 2700
ttgccattgc tacaggcatc gtggtgtcac gctcgtcgtt tggtagggct tcattcagct 2760
ccggttccca acgatcaagg cgagttacat gatccccat gttgtgcaaa aaagcggtta 2820
gctccttcgg tcctccgatc gttgtcagaa gtaagttggc cgcagtgtta tcaactcatg 2880
ttatggcagc actgcataat tctcttactg tcatgccatc cgtaagatgc ttttctgtga 2940
ctggtgagta ctcaaccaag tcattctgag aatagtgtat gcggcgaccg agttgctctt 3000
gccggcgctc aatacgggat aataccgcgc cacatagcag aactttaaaa gtgctcatca 3060
ttggaaaacg ttcttcgggg cgaaaactct caaggatctt accgctgttg agatccagtt 3120
cgatgtaacc cactcgtgca cccaactgat cttcagcatc ttttactttc accagcgttt 3180
ctgggtgagc aaaaacagga aggcaaatg ccgcaaaaaa gggaataagg gcgacacgga 3240
aatgttgaat actcatactc ttcttttttc aatattattg aagcatttat cagggttatt 3300
gtctcatgag cggatacata tttgaatgta tttagaaaaa taaacaaata ggggttccgc 3360
gcacatttcc ccgaaaagtg ccacctgacg tctaagaaac cattattatc atgacattaa 3420
cctataaaaa taggcgtatc acgaggccct ttcgtcttca c 3461

<210> 51

<211> 127

<212> PRT

<213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

<400> 51

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

Lys Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr
20 25 30

Asp Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala
35 40 45

Ser Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly
50 55 60

Pro Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr
65 70 75 80

Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser
85 90 95

Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp
100 105 110

Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
115 120 125

<210> 52

<211> 106

<212> PRT

<213> *Staphylococcus simulans*

<400> 52

Gly Lys Ala Gly Gly Thr Val Thr Pro Thr Pro Asn Thr Gly Trp Lys
1 5 10 15

Thr Asn Lys Tyr Gly Thr Leu Tyr Lys Ser Glu Ser Ala Ser Phe Thr
20 25 30

Pro Asn Thr Asp Ile Ile Thr Arg Thr Thr Gly Pro Phe Arg Ser Met
35 40 45

Pro Gln Ser Gly Val Leu Lys Ala Gly Gln Thr Ile His Tyr Asp Glu
50 55 60

Val	Met	Lys	Gln	Asp	Gly	His	Val	Trp	Val	Gly	Tyr	Thr	Gly	Asn	Ser
65					70					75					80

Gly	Gln	Arg	Ile	Tyr	Leu	Pro	Val	Arg	Thr	Trp	Asn	Lys	Ser	Thr	Asn
				85					90					95	

Thr	Leu	Gly	Val	Leu	Trp	Gly	Thr	Ile	Lys
			100					105	

<210> 53

<211> 190

<212> PRT

<213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

5

ES 2 589 784 T3

<400> 53

Met Leu Thr Ala Ile Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Gly Trp Lys Ile Ser
1 5 10 15

Ser Asp Pro Arg Thr Tyr Asp Gly Tyr Pro Lys Asn Tyr Gly Tyr Arg
20 25 30

Asn Tyr His Glu Asn Gly Ile Asn Tyr Asp Glu Phe Cys Gly Gly Tyr
35 40 45

His Arg Ala Phe Asp Val Tyr Ser Asn Glu Thr Asn Asp Val Pro Ala
50 55 60

Val Thr Ser Gly Thr Val Ile Glu Ala Asn Asp Tyr Gly Asn Phe Gly
65 70 75 80

Gly Thr Phe Val Ile Arg Asp Ala Asn Asp Asn Asp Trp Ile Tyr Gly
85 90 95

His Leu Gln Arg Gly Ser Met Arg Phe Val Val Gly Asp Lys Val Asn
100 105 110

Gln Gly Asp Ile Ile Gly Leu Gln Gly Asn Ser Asn Tyr Tyr Asp Asn
115 120 125

Pro Met Ser Val His Leu His Leu Gln Leu Arg Pro Lys Asp Ala Lys
130 135 140

Lys Asp Glu Lys Ser Gln Val Cys Ser Gly Leu Ala Met Glu Lys Tyr
145 150 155 160

Asp Ile Thr Asn Leu Asn Ala Lys Gln Asp Lys Ser Lys Asn Gly Ser
165 170 175

Val Lys Glu Leu Lys His Ile Tyr Ser Asn His Ile Lys Gly
180 185 190

5

<210> 54

<211> 154

<212> PRT

<213> *Staphylococcus simulans*

<400> 54

Ala Ala Thr His Glu His Ser Ala Gln Trp Leu Asn Asn Tyr Lys Lys
1 5 10 15

Gly Tyr Gly Tyr Gly Pro Tyr Pro Leu Gly Ile Asn Gly Gly Met His
20 25 30

Tyr Gly Val Asp Phe Phe Met Asn Ile Gly Thr Pro Val Lys Ala Ile
35 40 45

Ser Ser Gly Lys Ile Val Glu Ala Gly Trp Ser Asn Tyr Gly Gly Gly
50 55 60

Asn Gln Ile Gly Leu Ile Glu Asn Asp Gly Val His Arg Gln Trp Tyr
65 70 75 80

Met His Leu Ser Lys Tyr Asn Val Lys Val Gly Asp Tyr Val Lys Ala
85 90 95

Gly Gln Ile Ile Gly Trp Ser Gly Ser Thr Gly Tyr Ser Thr Ala Pro
100 105 110

His Leu His Phe Gln Arg Met Val Asn Ser Phe Ser Asn Ser Thr Ala
115 120 125

Gln Asp Pro Met Pro Phe Leu Lys Ser Ala Gly Tyr Gly Lys Ala Gly
130 135 140

Gly Thr Val Thr Pro Thr Pro Asn Thr Gly
145 150

<210> 55

<211> 246

<212> PRT

<213> Bacteriófago de *Staphylococcus aureus* 2638a

ES 2 589 784 T3

<400> 55

Glu	Lys	Ser	Gln	Val	Cys	Ser	Gly	Leu	Ala	Met	Glu	Lys	Tyr	Asp	Ile
1				5					10					15	

Thr Asn Leu Asn Ala Lys Gln Asp Lys Ser Lys Asn Gly Ser Val Lys

ES 2 589 784 T3

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

<210> 56
<211> 220
<212> PRT
<213> Fago de *Staphylococcus aureus* phi 11

<400> 56

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

ES 2 589 784 T3

<210> 57

<211> 206

<212> PRT

<213> Fago de *Staphylococcus aureus* phi 11

5

<400> 57

Met Ser Ile Ile Met Glu Val Ala Thr Met Gln Ala Lys Leu Thr Lys
1 5 10 15

Asn Glu Phe Ile Glu Trp Leu Lys Thr Ser Glu Gly Lys Gln Phe Asn
20 25 30

Val Asp Leu Trp Tyr Gly Phe Gln Cys Phe Asp Tyr Ala Asn Ala Gly
35 40 45

Trp Lys Val Leu Phe Gly Leu Leu Leu Lys Gly Leu Gly Ala Lys Asp
50 55 60

Ile Pro Phe Ala Asn Asn Phe Asp Gly Leu Ala Thr Val Tyr Gln Asn
65 70 75 80

Thr Pro Asp Phe Leu Ala Gln Pro Gly Asp Met Val Val Phe Gly Ser
85 90 95

Asn Tyr Gly Ala Gly Tyr Gly His Val Ala Trp Val Ile Glu Ala Thr
100 105 110

Leu Asp Tyr Ile Ile Val Tyr Glu Gln Asn Trp Leu Gly Gly Gly Trp
115 120 125

Thr Asp Gly Ile Glu Gln Pro Gly Trp Gly Trp Glu Lys Val Thr Arg
130 135 140

Arg Gln His Ala Tyr Asp Phe Pro Met Trp Phe Ile Arg Pro Asn Phe
145 150 155 160

Lys Ser Glu Thr Ala Pro Arg Ser Val Gln Ser Pro Thr Gln Ala Pro
165 170 175

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

Ile Lys Asp Val Val Lys Gly Tyr Asp Leu Pro Lys Arg Gly
195 200 205

ES 2 589 784 T3

<210> 58

<211> 187

<212> PRT

<213> Fago de *Staphylococcus* Twort

5 <400> 58

Met Lys Thr Leu Lys Gln Ala Glu Ser Tyr Ile Lys Ser Lys Val Asn

1

5

10

15

Thr Gly Thr Asp Phe Asp Gly Leu Tyr Gly Tyr Gln Cys Met Asp Leu
20 25 30

Ala Val Asp Tyr Ile Tyr His Val Thr Asp Gly Lys Ile Arg Met Trp
35 40 45

Gly Asn Ala Lys Asp Ala Ile Asn Asn Ser Phe Gly Gly Thr Ala Thr
50 55 60

Val Tyr Lys Asn Tyr Pro Ala Phe Arg Pro Lys Tyr Gly Asp Val Val
65 70 75 80

Val Trp Thr Thr Gly Asn Phe Ala Thr Tyr Gly His Ile Ala Ile Val
85 90 95

Thr Asn Pro Asp Pro Tyr Gly Asp Leu Gln Tyr Val Thr Val Leu Glu
100 105 110

Gln Asn Trp Asn Gly Asn Gly Ile Tyr Lys Thr Glu Leu Ala Thr Ile
115 120 125

Arg Thr His Asp Tyr Thr Gly Ile Thr His Phe Ile Arg Pro Asn Phe
130 135 140

Ala Thr Glu Ser Ser Val Lys Lys Lys Asp Thr Lys Lys Lys Pro Lys
145 150 155 160

Pro Ser Asn Arg Asp Gly Ile Asn Lys Asp Lys Ile Val Tyr Asp Arg
165 170 175

Thr Asn Ile Asn Tyr Asn Met Val Lys Arg Gly
180 185

<210> 59

<211> 4546

<212> ADN

<213> artificial

10

ES 2 589 784 T3

<220>

<223> Vector pHGFP_CBD2638_c

<400> 59

ctcgagaaat cataaaaaat ttatttgctt tgtgagcgga taacaattat aatagattca	60
attgtgagcg gataacaatt tcacacagaa ttcattaaag aggagaaatt aactatgaga	120
ggatcgcac accatcacca tcacggatcc atgagtaaag gagaagaact tttcactgga	180
gttgtcccaa ttcttggtga attagatggt gatgttaatg ggcacaaatt ttctgtcagt	240

5

ggagaggggtg aaggtgatgc aacatacggg aaacttacct ttaaatttat ttgcactact 300
 ggaaaactac ctgttccatg gccaacactt gtcactactt tcgcgtatgg tcttcaatgc 360
 tttgcgagat acccagatca tatgaaacgg catgactttt tcaagagtgc catgcccga 420
 gggttatgtac aggaaagaac tatatttttc aaagatgacg ggaactacaa gacacgtgct 480
 gaagtcaagt ttgaaggtga tacccttggt aatagaatcg agttaaagg tattgatttt 540
 aaagaagatg gaaacattct tggacacaaa ttggaataca actataactc acacaatgta 600
 tacatcatgg cagacaaaca aaagaatgga atcaaagtta acttcaaat tagacacaac 660
 attgaagatg gaagcgttca actagcagac cattatcaac aaaatactcc aattggcgat 720
 ggccctgtcc ttttaccaga caaccattac ctgtccacac aatctgccct ttcgaaagat 780
 cccaacgaaa agagagacca catggtcctt cttgagtttg taacagctgc tgggattaca 840
 catggcatgg atgaactata caaagagctc ggtggaaagc tagaagtaag caaagcagca 900
 actatcaaac aatctgacgt taagcaagaa gttaaaaagc aagaagcaaa acaaattgtg 960
 aaagcaacag attggaaaca gaataaagat ggcatttggt ataaagctga acatgcttcg 1020
 ttcacagtga cagcaccaga gggaattatc acaagataca aaggtccttg gactggtcac 1080
 ccacaagctg gtgtattaca aaaaggtcaa acgattaaat atgatgaggt tcaaaaattt 1140
 gacggcatg tttgggtatc gtgggaaacg tttgagggcg aaactgtata catgccggta 1200
 cgcacatggg acgctaaaac tggtaaagtt ggtaagttgt ggggcgaaat taaataagtc 1260
 gacctgcagc caagcttaat tagctgagct tggactcctg ttgatagatc cagtaatgac 1320
 ctcagaactc catctggatt tgttcagaac gctcggttgc cgccgggctg tttttattgg 1380
 tgagaatcca agctagcttg gcgagatttt caggagctaa ggaagctaaa atggagaaaa 1440
 aatcactgg atataccacc gttgatatat cccaatggca tcgtaaagaa cattttgagg 1500
 catttcagtc agttgctcaa tgtacctata accagaccgt tcagctggat attacggcct 1560
 ttttaaagac cgtaaagaaa aataagcaca agttttatcc ggcctttatt cacattcttg 1620
 cccgctgat gaatgctcat ccggaatttc gtatggcaat gaaagacggg gagctggtga 1680
 tatgggatag tgttcaccct tgttacaccg ttttccatga gcaactgaa acgttttcat 1740
 cgctctggag tgaataccac gacgatttcc ggcagtttct acacatatat tcgcaagatg 1800
 tggcgtgtta cggtgaaaac ctggcctatt tccctaaagg gtttattgag aatatgtttt 1860
 tcgtctcagc caatccctgg gtgagtttca ccagttttga tttaaactg gccaatatgg 1920
 acaacttctt cgcccccggt ttcaccatgg gcaaataata tacgcaaggc gacaagggtgc 1980
 tgatgccgct ggcgattcag gttcatcatg ccgtttgtga tggcttccat gtcggcagaa 2040
 tgcttaatga attacaacag tactgcatg agtggcaggg cggggcgtaa tttttttaag 2100

gcagttattg gtgcccttaa acgcctgggg taatgactct ctagcttgag gcatcaaata 2160
aaacgaaagg ctgagtcgaa agactggggc ttctgtttta tctgttggtt gtcggtgaac 2220
gctctcctga gtaggacaaa tccgccctct agagctgcct cgcgcgtttc ggtgatgacg 2280
gtgaaaacct ctgacacatg cagctcccg gacgggtcac agcttgctctg taagcggatg 2340
ccgggagcag acaagcccgt cagggcgcgt cagcgggtgt tggcgggtgt cggggcgcag 2400
ccatgaccca gtcacgtagc gatagcggag tgtatactgg cttaactatg cggcatcaga 2460
gcagattgta ctgagagtgc accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag 2520
aaaataccgc atcaggcgcgt cttccgcttc ctgcctcact gactcgcctg gctcggctct 2580
tcggctgcgg cgagcggtat cagctcactc aaaggcggta atacggttat ccacagaatc 2640
aggggataac gcaggaaaga acatgtgagc aaaaggccag caaaaggcca ggaaccgtaa 2700
aaaggccgcg ttgctggcgt ttttccatag gctccgcccc cctgacgagc atcacaaaaa 2760
tcgacgctca agtcagaggt ggcgaaaccc gacaggacta taaagatacc aggcgtttcc 2820
ccctggaagc tccctcgtgc gctctcctgt tccgaccctg ccgcttaccg gatacctgtc 2880
cgcctttctc ctttcgggaa gcgtggcgtt ttctcatagc tcacgctgta ggtatctcag 2940
ttcgggtgtag gtcgttcgct ccaagctggg ctgtgtgcac gaaccccccg ttcagccga 3000
ccgctgcgcc ttatccggtg actatcgtct tgagtcacac ccggtgaagc acgacttacc 3060
gccactggca gcagccactg gtaacaggat tagcagagcg aggtatgtag gcggtgctac 3120
agagttcttg aagtgggtggc ctaactacgg ctacactaga aggacagtat ttggtatctg 3180
cgctctgctg aagccagtta ccttcggaaa aagagttggg agctcttgat ccggcaaaca 3240
aaccaccgct ggtagcgggt gtttttttgt ttgcaagcag cagattacgc gcagaaaaaa 3300
aggatctcaa gaagatcctt tgatcttttc tacgggggtc gacgctcagt ggaacgaaaa 3360
ctcacgttaa gggatttttg tcatgagatt atcaaaaagg atcttcacct agatcctttt 3420
aaattaaaaa tgaagtttta aatcaatcta aagtatatat gagtaaaact ggtctgacag 3480
ttaccaatgc ttaatcagtg aggcacctat ctacgcgac tgtctatttc gttcatccat 3540
agttgcctga ctccccgtcg tgtagataac tacgatacgg gagggcttac catctggccc 3600
cagtgcctga atgataccgc gagaccacg ctaccgggct ccagatttat cagcaataaa 3660
ccagccagcc ggaaggggcg agcgcagaag tggctctgca actttatccg cctccatcca 3720
gtctattaat tgttgccggg aagctagagt aagtagttcg ccagttaata gtttgcgcaa 3780
cgttggtgcc attgctacag gcacgtggg gtcacgctcg tcgtttggta tggcttcatt 3840
cagctccggt tcccaacgat caaggcgagt tacatgatcc cccatggtgt gcaaaaaagc 3900
ggttagctcc ttcggtcctc cgatcggtgt cagaagtaag ttggccgcag tggtatcact 3960
catggttatg gcagcactgc ataattctct tactgtcatg ccatccgtaa gatgcttttc 4020

tgtgactggg	gagtactcaa	ccaagtcatt	ctgagaatag	tgtatgcggc	gaccgagttg	4080
ctcttgcccc	gcgtcaatac	gggataatac	cgcgccacat	agcagaactt	taaaagtgct	4140
catcattgga	aaacgttctt	cggggcgaaa	actctcaagg	atcttaccgc	tgttgagatc	4200
cagttcgatg	taaccactc	gtgcacccaa	ctgatcttca	gcattcttta	ctttcaccag	4260
cgtttctggg	tgagcaaaaa	caggaaggca	aaatgccgca	aaaaagggaa	taagggcgac	4320
acggaaatgt	tgaatactca	tactcttcct	ttttcaatat	tattgaagca	tttatcaggg	4380
ttattgtctc	atgagcggat	acatatttga	atgtatttag	aaaaataaac	aaataggggt	4440
tccgcgcaca	tttccccgaa	aagtgccacc	tgacgtctaa	gaaaccatta	ttatcatgac	4500
attaacctat	aaaaataggc	gtatcacgag	gccctttcgt	cttcac		4546

<210> 60

<211> 1143

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> GFP_CBD2638 etiquetado His

5

	<400> 60	
	atgagaggat cgcacaccca tcaccatcac ggatccatga gtaaaggaga agaacttttc	60
	actggagttg tcccaattct tgttgaatta gatggatgatg ttaatgggca caaatattct	120
	gtcagtggag agggatgaagg tgatgcaaca tacggaaaac ttacccttaa atttatttgc	180
	actactggaa aactacctgt tccatggcca acacttgtca ctactttcgc gtatgggtctt	240
	caatgctttg cgagataccc agatcatatg aaacggcatg actttttcaa gaggccatg	300
	cccgaagggt atgtacagga aagaactata tttttcaaag atgacgggaa ctacaagaca	360
	cgtgctgaag tcaagtttga aggtgatacc cttgttaata gaatcgagtt aaaagggtatt	420
	gatttttaaag aagatggaaa cattcttgga cacaatttg aatacaacta taactcacac	480
	aatgtatata tcatggcaga caaacaaaag aatggaatca aagttaactt caaaattaga	540
	cacaacattg aagatggaag cgttcaacta gcagaccatt atcaacaaaa tactccaatt	600
	ggcagatggcc ctgtcctttt accagacaac cattacctgt ccacacaatc tgccctttcg	660
	aaagatccca acgaaaagag agaccacatg gtccttcttg agtttgtaac agctgctggg	720
	attacacatg gcatggatga actatacaaa gagctcgggtg gaaagctaga agtaagcaaa	780
	gcagcaacta tcaaacaatc tgacgttaag caagaagtta aaaagcaaga agcaaaacaa	840
	attgtgaaag caacagattg gaaacagaat aaagatggca tttggtataa agctgaacat	900
	gcttcgttca cagtgcagc accagaggga attatcacia gatacaaagg tccttggact	960
	ggtcacccac aagctggtgt attacaaaaa ggtcaaacga ttaaatatga tgaggttcaa	1020
	aaatttgacg gtcatgtttg ggtatcgtgg gaaacgtttg agggcgaaac tgtatacatg	1080
	ccggtacgca catgggacgc taaaactggt aaagttggta agttgtgggg cgaaattaaa	1140
5	taa	1143
	<210> 61	
	<211> 1539	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
10	<220>	
	<223> GFP_CBD2638_CBD2638 var.1 etiquetado His	

<400> 61

atgagaggat	cgcacaccca	tcaccatcac	ggatccatga	gtaaaggaga	agaacttttc	60
actggagttg	tcccaattct	tgttgaatta	gatggtgatg	ttaatgggca	caaattttct	120
gtcagtggag	aggggtgaagg	tgatgcaaca	tacggaaaac	ttacccttaa	atttatttgc	180
actactggaa	aactacctgt	tccatggcca	acacttgtca	ctactttcgc	gtatggtctt	240
caatgctttg	cgagataccc	agatcatatg	aaacggcatg	actttttcaa	gagtgccatg	300
cccgaagggt	atgtacagga	aagaactata	tttttcaaag	atgacgggaa	ctacaagaca	360
cgtgctgaag	tcaagtttga	aggtgatacc	cttggttaata	gaatcgagtt	aaaagggtatt	420
gatttttaaag	aagatggaaa	cattcttggg	cacaaattgg	aatacaacta	taactcacac	480
aatgtataca	tcattggcaga	caaacaaaag	aatggaatca	aagttaactt	caaaattaga	540
cacaacattg	aagatggaag	cgttcaacta	gcagaccatt	atcaacaaaa	tactccaatt	600
ggcgatggcc	ctgtcctttt	accagacaac	cattacctgt	ccacacaatc	tgccctttcg	660
aaagatccca	acgaaaagag	agaccacatg	gtccttcttg	agtttgtaac	agctgctggg	720
attacacatg	gcatggatga	actatacaaa	gagctcgggtg	gaaagctaga	agtaagcaaa	780
gcagcaacta	tcaaacaatc	tgacgttaag	caagaagtta	aaaagcaaga	agcaaaacaa	840
attgtgaaag	caacagattg	gaaacagaat	aaagatggca	tttgggtataa	agctgaacat	900
gcttcggtca	cagtgcacgc	accagaggga	attatcacia	gatacaaagg	tccttggact	960
ggtcacccac	aagctgggtg	attacaaaaa	gggtcaaacga	ttaaataatga	tgagggttcaa	1020
aaatttgacg	gtcatgtttg	ggatcgtgg	gaaacgtttg	agggcgaaac	tgtatacatg	1080
ccggtacgca	catgggacgc	taaaactggg	aaagttggta	agttgtgggg	cgaaattaaa	1140
gagctcgggtg	gaaagctaga	agtaagcaaa	gcagcaacta	tcaaacaatc	tgacgttaag	1200
caagaagtta	aaaagcaaga	agcaaaacaa	attgtgaaag	caacagattg	gaaacagaat	1260
aaagatggca	tttgggtataa	agctgaacat	gcttcggtca	cagtgcacgc	accagaggga	1320
attatcacia	gatacaaagg	tccttggact	ggtcacccac	aagctgggtg	attacaaaaa	1380
ggtcacacga	ttaaataatga	tgagggttcaa	aaatttgacg	gtcatgtttg	ggatcgtgg	1440
gaaacgtttg agggcgaaac tgtatacatg ccggtacgca catgggacgc taaaactggg						1500
aaagttggta agttgtgggg cgaaattaaa taagtcgac						1539

5	<210> 62	
	<211> 1560	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
	<220>	
	<223> GFP_CBD2638_CBD2638 var. 2 etiquetado His	
	<400> 62	
	atgagaggat cgcataacca tcaccatcac ggatccatga gtaaaggaga agaacttttc	60
	actggagttg tcccaattct tgttgaatta gatggatgatg ttaatgggca caaattttct	120
	gtcagtggag aggggtgaagg tgatgcaaca tacggaaaac ttacccttaa atttatttgc	180
	actactggaa aactacctgt tccatggcca acacttgtca ctactttcgc gtatgggtctt	240
	caatgctttg cgagataccc agatcatatg aaacagcatg actttttcaa gagtgccatg	300
	cccgaagggt atgtacagga aagaactata tttttcaaag atgacgggaa ctacaagaca	360
	cgtgctgaag tcaagtttga aggtgatacc cttgttaata gaatcgagtt aaaaggtatt	420
	gatttttaaag aagatggaaa cattcttgga cacaatttg aatacaacta taactcacac	480
	aatgtatata tcatggcaga caaacaaga aatggaatca aagttaactt caaaattaga	540
	cacaacattg aagatggaag cgttcaacta gcagaccatt atcaacaaaa tactccaatt	600
	ggcgtatggc ctgtcctttt accagacaac cattacctgt ccacacaatc tgccctttcg	660
	aaagatccca acgaaaagag agaccacatg gtccttcttg agtttgtaac agctgctggg	720
	attacacatg gcatggatga actatacaaa gagctcgggtg gaaagctaga agtaagcaaa	780
	gcagcaacta tcaaacaatc tgacgttaag caagaagtta aaaagcaaga agcaaaacaa	840
	attgtgaaag caacagattg gaaacagaat aaagatggca tttggtataa agctgaacat	900
	gcttcgttca cagtgcagc accagaggga attatcacia gatacaaagg tccttggact	960
	ggtcacccac aagctgggtgt attacaaaaa ggtcaaacga ttaaatatga tgaggttcaa	1020
	aaatttgacg gtcatgtttg ggtatcgtgg gaaacgtttg agggcgaaac tgtatacatg	1080
	ccggtacgca catgggacgc taaaactgggt aaagttggta agttgtgggg cgaaattaaa	1140
	ggtagcgggt gaaagctaga agtaagcaaa gcagcaacta tcaaacaatc tgacgttaag	1200
	caagaagtta aaaagcaaga agcaaaacaa attgtgaaag caacagattg gaaacagaat	1260
	aaagatggca tttggtataa agctgaacat gcttcgttca cagtgcagc accagaggga	1320
	attatcacia gatacaaagg tccttggact ggtagcaccac aagctgggtgt attacaaaaa	1380
	ggtcaaacga ttaaatatga tgaggttcaa aaatttgacg gtcatgtttg ggtatcgtgg	1440

ES 2 589 784 T3

gaaacgtttg agggcgaaac tgtatacatg ccggtacgca catgggacgc taaaactggt 1500

aaagttggta agttgtgggg cgaaattaa gtcgacctgc agccaagctt aattagctga 1560

<210> 63

<211> 1944

<212> ADN

<213> artificial

<220>

<223> GFP_CBD2638_CBD2638_CBD2638 etiquetado His

5

<400> 63

atgagaggat	cgcacaccca	tcacccatcac	ggatccatga	gtaaaggaga	agaacttttc	60
actggagttg	tcccaattct	tggtgaatta	gatggatgatg	ttaatgggca	caaattttct	120
gtcagtggag	agggtgaagg	tgatgcaaca	tacggaaaac	ttacccttaa	atttatattgc	180
actactggaa	aactacctgt	tccatggcca	acacttgtca	ctactttcgc	gtatgggtctt	240
caatgctttg	cgagataccc	agatcatatg	aaacagcatg	actttttcaa	gagtgccatg	300
cccgaagggt	atgtacagga	aagaactata	tttttcaaag	atgacgggaa	ctacaagaca	360
cgtgctgaag	tcaagtttga	agggtgatacc	cttggttaata	gaatcgagtt	aaaagggtatt	420
gatttttaaag	aagatggaaa	cattcttgga	cacaaattgg	aatacaacta	taactcacac	480
aatgtatata	tcatggcaga	caaacaaaag	aatggaatca	aagttaactt	caaaattaga	540
cacaacattg	aagatggaag	cgttcaacta	gcagaccatt	atcaacaaaa	tactccaatt	600
ggcgtatggc	ctgtcctttt	accagacaac	cattacctgt	ccacacaatc	tgccctttcg	660
aaagatccca	acgaaaagag	agaccacatg	gtccttcttg	agtttgtaac	agctgctggg	720
attacacatg	gcatggatga	actatacaaa	gagctcgggtg	gaaagctaga	agtaagcaaa	780
gcagcaacta	tcaaacaatc	tgacgttaag	caagaagtta	aaaagcaaga	agcaaaaacaa	840
attgtgaaag	caacagattg	gaaacagaat	aaagatggca	tttgggtataa	agctgaacat	900
gcttcgttca	cagtgcacgc	accagagggga	attatcacaa	gatacaaagg	tccttggact	960
ggtcacccac	aagctggtgt	attacaaaaa	ggtcaaaacga	ttaaatatga	tgagggttcaa	1020
aaatttgacg	gtcatgtttg	ggtatcgtgg	gaaacgtttg	agggcgaaac	tgtatacatg	1080
ccggtacgca	catgggacgc	taaaactggg	aaagttggta	agttgtgggg	cgaaattaaa	1140
ggtagcgggtg	gaaagctaga	agtaagcaaa	gcagcaacta	tcaaacaatc	tgacgttaag	1200
caagaagtta	aaaagcaaga	agcaaaaacaa	attgtgaaag	caacagattg	gaaacagaat	1260
aaagatggca	tttgggtataa	agctgaacat	gcttcgttca	cagtgcacgc	accagagggga	1320
attatcacaa	gatacaaagg	tccttggact	ggtcacccac	aagctggtgt	attacaaaaa	1380
ggtcaaaacga	ttaaatatga	tgagggttcaa	aaatttgacg	gtcatgtttg	ggtatcgtgg	1440
gaaacgtttg	agggcgaaac	tgtatacatg	ccggtacgca	catgggacgc	taaaactggg	1500

aaagttggta agttgtgggg cgaaattaaa gtcgacggtg gaaagctaga agtaagcaaa	1560
gcagcaacta tcaaacaatc tgacgttaag caagaagtta aaaagcaaga agcaaaacaa	1620
attgtgaaag caacagattg gaaacagaat aaagatggca tttggtataa agctgaacat	1680
gcttcgttca cagtgacagc accagagggga attatcacia gatacaaagg tccttggact	1740
ggtcacccac aagctgggtgt attacaaaaa ggtcaaacga tttaatataa tgaggttcaa	1800
aaatttgacg gtcattgtttg ggtatcgtgg gaaacgtttg agggcgaaac tgtatacatg	1860
ccggtacgca catgggacgc taaaactggt aaagttggta agttgtgggg cgaaattaaa	1920
ctgcagccaa gcttaattag ctga	1944

<210> 64

<211> 380

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> GFP_CBD2638 etiquetado His

5

ES 2 589 784 T3

<400> 64

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Met Ser Lys Gly
1 5 10 15

Glu Glu Leu Phe Thr Gly Val Val Pro Ile Leu Val Glu Leu Asp Gly
20 25 30

Asp Val Asn Gly His Lys Phe Ser Val Ser Gly Glu Gly Glu Gly Asp
35 40 45

Ala Thr Tyr Gly Lys Leu Thr Leu Lys Phe Ile Cys Thr Thr Gly Lys
50 55 60

Leu Pro Val Pro Trp Pro Thr Leu Val Thr Thr Phe Ala Tyr Gly Leu
65 70 75 80

Gln Cys Phe Ala Arg Tyr Pro Asp His Met Lys Arg His Asp Phe Phe
85 90 95

Lys Ser Ala Met Pro Glu Gly Tyr Val Gln Glu Arg Thr Ile Phe Phe
100 105 110

Lys Asp Asp Gly Asn Tyr Lys Thr Arg Ala Glu Val Lys Phe Glu Gly
115 120 125

Asp Thr Leu Val Asn Arg Ile Glu Leu Lys Gly Ile Asp Phe Lys Glu
130 135 140

ES 2 589 784 T3

Asp Gly Asn Ile Leu Gly His Lys Leu Glu Tyr Asn Tyr Asn Ser His
145 150 155 160

Asn Val Tyr Ile Met Ala Asp Lys Gln Lys Asn Gly Ile Lys Val Asn
165 170 175

Phe Lys Ile Arg His Asn Ile Glu Asp Gly Ser Val Gln Leu Ala Asp
180 185 190

His Tyr Gln Gln Asn Thr Pro Ile Gly Asp Gly Pro Val Leu Leu Pro
195 200 205

Asp Asn His Tyr Leu Ser Thr Gln Ser Ala Leu Ser Lys Asp Pro Asn
210 215 220

Glu Lys Arg Asp His Met Val Leu Leu Glu Phe Val Thr Ala Ala Gly
225 230 235 240

Ile Thr His Gly Met Asp Glu Leu Tyr Lys Glu Leu Gly Gly Lys Leu
245 250 255

Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp Val Lys Gln Glu
260 265 270

Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr Asp Trp Lys
275 280 285

Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser Phe Thr
290 295 300

Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr
305 310 315 320

Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr
325 330 335

Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr
340 345 350

Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys
355 360 365

Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
370 375 380

<210> 65
<211> 510
<212> PRT
<213> artificial
5 <220>
<223> GFP_CBD2638_CBD2638 var.1 etiquetado His

<400> 65

ES 2 589 784 T3

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

ES 2 589 784 T3

Glu Lys Arg Asp His Met Val Leu Leu Glu Phe Val Thr Ala Ala Gly
225 230 235 240

Ile Thr His Gly Met Asp Glu Leu Tyr Lys Glu Leu Gly Gly Lys Leu
245 250 255

Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp Val Lys Gln Glu
260 265 270

Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr Asp Trp Lys
275 280 285

Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser Phe Thr
290 295 300

Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr
305 310 315 320

Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr
325 330 335

Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr
340 345 350

Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys
355 360 365

Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys Glu Leu Gly Gly
370 375 380

Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp Val Lys
385 390 395 400

Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr Asp
405 410 415

Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser
420 425 430

Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro
435 440 445

Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile
450 455 460

Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp
465 470 475 480

Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp
 485 490 495

Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
 500 505 510

- 5
 <210> 66
 <211> 519
 <212> PRT
 <213> artificial
 <220>
 <223> GFP_CBD2638_CBD2638 var. 2 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 66

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Met Ser Lys Gly
1 5 10 15

Glu Glu Leu Phe Thr Gly Val Val Pro Ile Leu Val Glu Leu Asp Gly
20 25 30

Asp Val Asn Gly His Lys Phe Ser Val Ser Gly Glu Gly Glu Gly Asp
35 40 45

Ala Thr Tyr Gly Lys Leu Thr Leu Lys Phe Ile Cys Thr Thr Gly Lys
50 55 60

Leu Pro Val Pro Trp Pro Thr Leu Val Thr Thr Phe Ala Tyr Gly Leu
65 70 75 80

Gln Cys Phe Ala Arg Tyr Pro Asp His Met Lys Gln His Asp Phe Phe
85 90 95

Lys Ser Ala Met Pro Glu Gly Tyr Val Gln Glu Arg Thr Ile Phe Phe
100 105 110

Lys Asp Asp Gly Asn Tyr Lys Thr Arg Ala Glu Val Lys Phe Glu Gly
115 120 125

Asp Thr Leu Val Asn Arg Ile Glu Leu Lys Gly Ile Asp Phe Lys Glu
130 135 140

Asp Gly Asn Ile Leu Gly His Lys Leu Glu Tyr Asn Tyr Asn Ser His
145 150 155 160

Asn Val Tyr Ile Met Ala Asp Lys Gln Lys Asn Gly Ile Lys Val Asn
165 170 175

ES 2 589 784 T3

Phe Lys Ile Arg His Asn Ile Glu Asp Gly Ser Val Gln Leu Ala Asp
 180 185 190
 His Tyr Gln Gln Asn Thr Pro Ile Gly Asp Gly Pro Val Leu Leu Pro
 195 200 205
 Asp Asn His Tyr Leu Ser Thr Gln Ser Ala Leu Ser Lys Asp Pro Asn
 210 215 220
 Glu Lys Arg Asp His Met Val Leu Leu Glu Phe Val Thr Ala Ala Gly
 225 230 235 240
 Ile Thr His Gly Met Asp Glu Leu Tyr Lys Glu Leu Gly Gly Lys Leu
 245 250 255
 Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp Val Lys Gln Glu
 260 265 270
 Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr Asp Trp Lys
 275 280 285
 Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser Phe Thr
 290 295 300
 Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro Trp Thr
 305 310 315 320
 Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile Lys Tyr
 325 330 335
 Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp Glu Thr
 340 345 350
 Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp Ala Lys
 355 360 365
 Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys Gly Thr Gly Gly
 370 375 380
 Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp Val Lys
 385 390 395 400
 Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr Asp
 405 410 415
 Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser
 420 425 430

Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro
435 440 445

Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile
450 455 460

Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp
465 470 475 480

Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp
485 490 495

Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys Val Asp
500 505 510

Leu Gln Pro Ser Leu Ile Ser
515

<210> 67

<211> 647

<212> PRT

<213> artificial

<220>

<223> GFP_CBD2638_CBD2638_CBD2638 etiquetado His

ES 2 589 784 T3

<400> 67

Met Arg Gly Ser His His His His His His Gly Ser Met Ser Lys Gly
1 5 10 15

Glu Glu Leu Phe Thr Gly Val Val Pro Ile Leu Val Glu Leu Asp Gly
20 25 30

Asp Val Asn Gly His Lys Phe Ser Val Ser Gly Glu Gly Glu Gly Asp
35 40 45

Ala Thr Tyr Gly Lys Leu Thr Leu Lys Phe Ile Cys Thr Thr Gly Lys
50 55 60

Leu Pro Val Pro Trp Pro Thr Leu Val Thr Thr Phe Ala Tyr Gly Leu
65 70 75 80

Gln Cys Phe Ala Arg Tyr Pro Asp His Met Lys Gln His Asp Phe Phe
85 90 95

Lys Ser Ala Met Pro Glu Gly Tyr Val Gln Glu Arg Thr Ile Phe Phe
100 105 110

ES 2 589 784 T3

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

ES 2 589 784 T3

Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys Gly Thr Gly Gly
 370 375 380
 Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp Val Lys
 385 390 395 400
 Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala Thr Asp
 405 410 415
 Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His Ala Ser
 420 425 430
 Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys Gly Pro
 435 440 445
 Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln Thr Ile
 450 455 460
 Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val Ser Trp
 465 470 475 480
 Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr Trp Asp
 485 490 495
 Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys Val Asp
 500 505 510
 Gly Gly Lys Leu Glu Val Ser Lys Ala Ala Thr Ile Lys Gln Ser Asp
 515 520 525
 Val Lys Gln Glu Val Lys Lys Gln Glu Ala Lys Gln Ile Val Lys Ala
 530 535 540
 Thr Asp Trp Lys Gln Asn Lys Asp Gly Ile Trp Tyr Lys Ala Glu His
 545 550 555 560
 Ala Ser Phe Thr Val Thr Ala Pro Glu Gly Ile Ile Thr Arg Tyr Lys
 565 570 575
 Gly Pro Trp Thr Gly His Pro Gln Ala Gly Val Leu Gln Lys Gly Gln
 580 585 590
 Thr Ile Lys Tyr Asp Glu Val Gln Lys Phe Asp Gly His Val Trp Val
 595 600 605
 Ser Trp Glu Thr Phe Glu Gly Glu Thr Val Tyr Met Pro Val Arg Thr
 211

610

615

620

Trp Asp Ala Lys Thr Gly Lys Val Gly Lys Leu Trp Gly Glu Ile Lys
625 630 635 640

Leu Gln Pro Ser Leu Ile Ser
645

REIVINDICACIONES

1. Molécula de ácido nucleico que comprende una primera secuencia de nucleótidos, donde dicha secuencia de nucleótidos tiene al menos 85% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 12, donde dicha primera secuencia de nucleótidos codifica un dominio de enlace a la pared celular que enlaza la pared celular del peptidoglicano del género *Staphylococcus*, y donde dicha molécula de ácido nucleico comprende además una secuencia de nucleótidos heteróloga que codifica un dominio lítico que muestra actividad de hidrolasa del peptidoglicano.
2. Molécula de ácido nucleico según la reivindicación 1, donde dicha molécula de ácido nucleico tiene al menos 80% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 1.
3. Molécula de ácido nucleico según la reivindicación 1 o 2, donde dicho dominio lítico es una segunda y tercera secuencia de nucleótidos, y donde dicha segunda secuencia de nucleótidos codifica un dominio de endopeptidasa M23 y dicha tercera secuencia de nucleótidos codifica un dominio de amidasa, preferiblemente, donde dichas segunda y tercera secuencias de nucleótidos se originan a partir de un gen que codifica una enzima seleccionada del grupo que consiste en la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a, la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ11, la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* ΦTwort y la lisostafina de *S. Simulans*.
4. Molécula de ácido nucleico según la reivindicación 3, donde dicha segunda secuencia de nucleótidos tiene al menos 80% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 14 o 15 y dicha tercera secuencia de nucleótidos tiene al menos 80% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 16 o 17, preferiblemente, donde dicha molécula de ácido nucleico tiene al menos 80% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 9.
5. Molécula de ácido nucleico según la reivindicación 3 o 4, que comprende además una cuarta secuencia de nucleótidos que codifica un dominio CHAP (cisteína, amidohidrolasas/peptidasas dependientes de histidina), preferiblemente, donde dicha cuarta secuencia de nucleótidos se origina a partir de la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ11 o del bacteriófago de *S. aureus* Φ Twort, más preferiblemente, donde dicha cuarta secuencia de nucleótidos tiene al menos 80% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 18 o SEC ID n.º: 19.
6. Molécula de ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 3 - 5 que codifica un polipéptido que tiene la misma o una actividad lítica aumentada y/o el mismo o un pH óptimo disminuido en comparación con la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* Φ2638a codificada por SEC ID n.º: 1.
7. Polipéptido codificado por una molécula de ácido nucleico tal y como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1 - 6, que comprende:
 - un dominio de enlace a la pared celular, y
 - un dominio de endopeptidasa y/o un dominio de amidasa.
8. Constructo de ácidos nucleicos que comprende una molécula de ácido nucleico tal y como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1 - 6.
9. Vector de expresión que comprende un constructo de ácidos nucleicos tal y como se define en la reivindicación 8, operativamente enlazado a una o más secuencias de control, que dirigen la producción o la expresión del polipéptido codificado en una célula, un sujeto o un sistema de expresión libre de células.
10. Célula que comprende el constructo de ácidos nucleicos tal y como se define en la reivindicación 8 o el vector de expresión tal y como se define en la reivindicación 9, dicha célula es una célula microbiana, procariota o eucariota.
11. Método para la producción, opcionalmente la purificación y opcionalmente el secado por congelación de un polipéptido codificado por una molécula de ácido nucleico que comprende una primera secuencia de nucleótidos, donde dicha secuencia de nucleótidos tiene al menos 85% de identidad de secuencia con SEC ID n.º: 12, donde dicha primera secuencia de nucleótidos codifica un dominio de enlace a la pared celular que enlaza la pared celular del peptidoglicano del género *Staphylococcus*, dicho método incluye las etapas de:
 - i) producción de dicho polipéptido en una célula tal y como se define en la reivindicación 10 que comprende un constructo de ácidos nucleicos tal y como se define en la reivindicación 8, opcionalmente
 - ii) purificación de dicho polipéptido, y opcionalmente
 - iii) secado por congelación de dicho polipéptido purificado.
12. Método para la producción de un polipéptido con una actividad lítica mejorada por el tratamiento de un polipéptido tal y como se define en la reivindicación 7, donde dicho método comprende las etapas de:
 - i) diálisis de dicho polipéptido contra un tampón que comprende un compuesto quelante,

ii) diálisis de dicho polipéptido contra un tampón que contiene iones metálicos bivalentes, preferiblemente dichos iones metálicos bivalentes se seleccionan del grupo que consiste en Co^{2+} , Cu^{2+} , Mn^{2+} y Zn^{2+} .

- 5 13. Composición que comprende una molécula de ácido nucleico tal y como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1 - 6, un polipéptido tal y como se define en la reivindicación 7 y/o un constructo de ácidos nucleicos tal y como se define en la reivindicación 8 y/o un vector tal y como se define en la reivindicación 9 y/o una célula tal y como se define en la reivindicación 10, preferiblemente que comprende además uno o varios ingredientes activos adicionales, preferiblemente seleccionados del grupo que consiste en un bacteriófago y un antibiótico.
- 10 14. Composición según la reivindicación 13 para su uso como un medicamento, preferiblemente para su uso como un medicamento en el tratamiento de una enfermedad infecciosa.
- 15 15. Uso *in vitro* de una molécula de ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 1 - 6, un polipéptido según la reivindicación 7, un constructo de ácidos nucleicos según la reivindicación 8, un vector tal y como se define en la reivindicación 9, una célula tal y como se define en la reivindicación 10 y/o una composición según la reivindicación 13 como un antimicrobiano, preferiblemente como un aditivo alimentario o un desinfectante.
- 20 16. Uso *in vitro* de una molécula de ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 1 - 6, un polipéptido según la reivindicación 7, un constructo de ácidos nucleicos según la reivindicación 8, un vector tal y como se define en la reivindicación 9, una célula tal y como se define en la reivindicación 10 y/o una composición según la reivindicación 13 para la detección de un *Staphylococcus*, preferiblemente en una aplicación de diagnóstico.

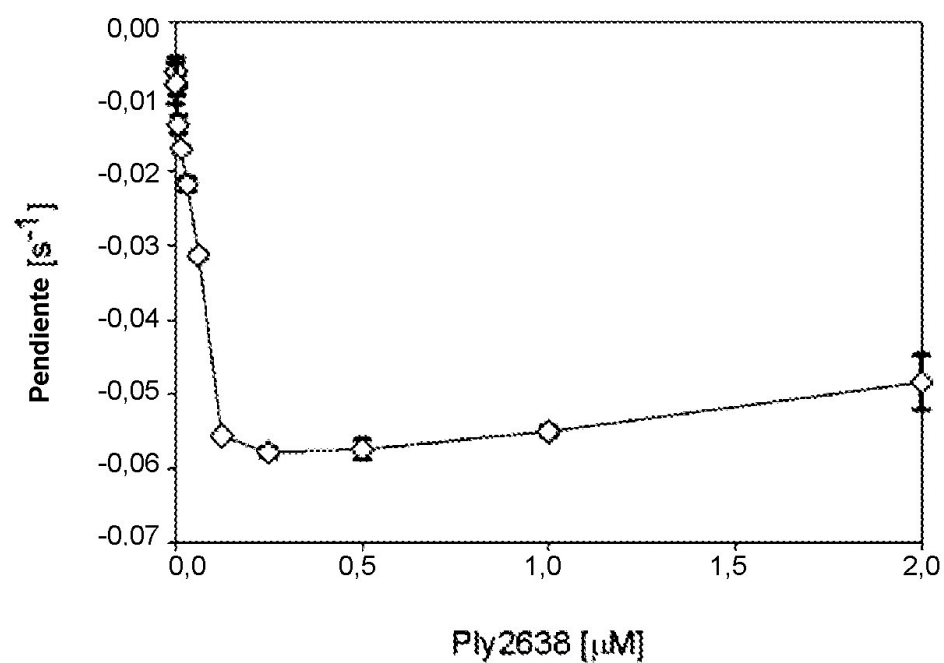
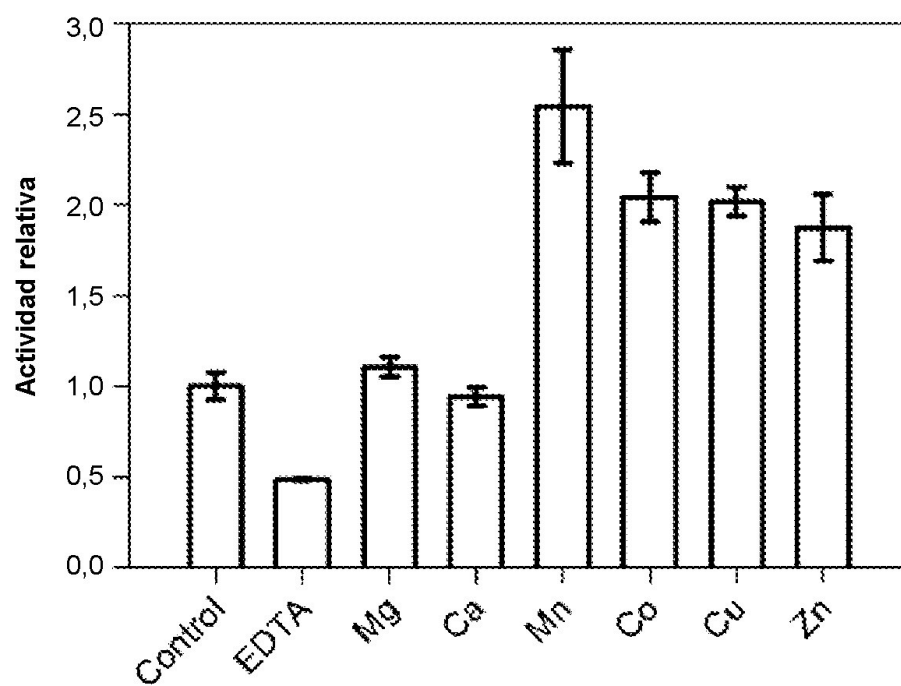
Fig 1*Fig 2*

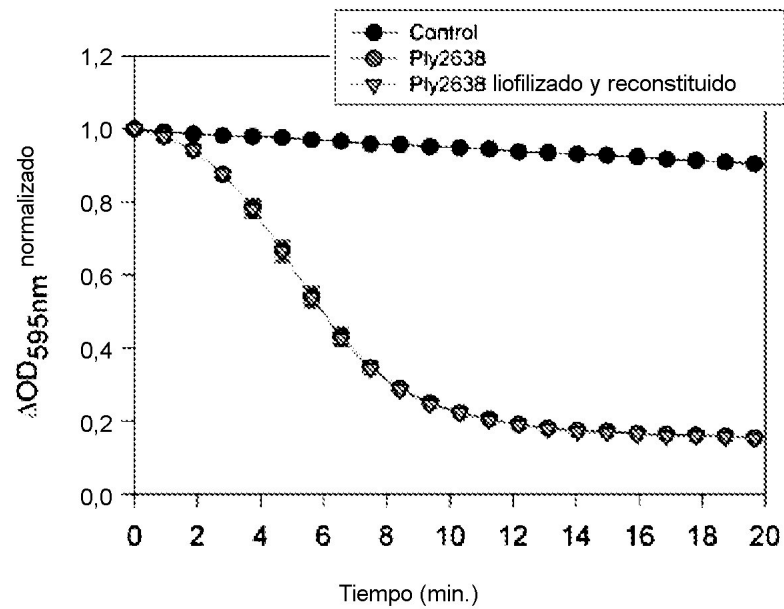
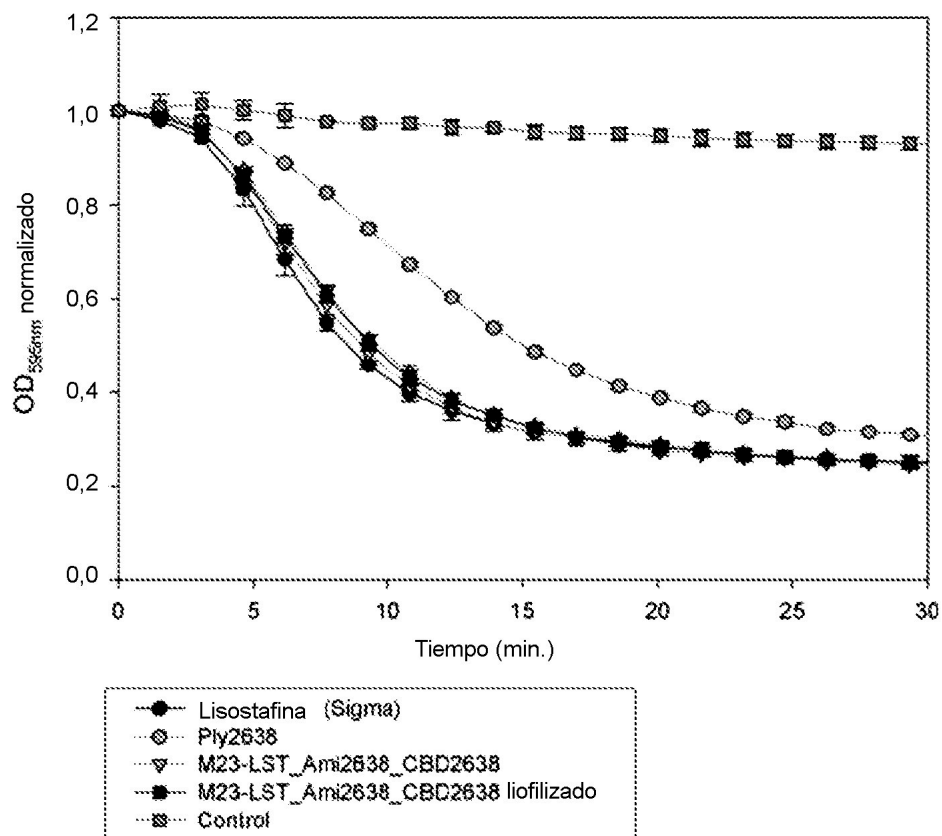
Fig 3*Fig 4*

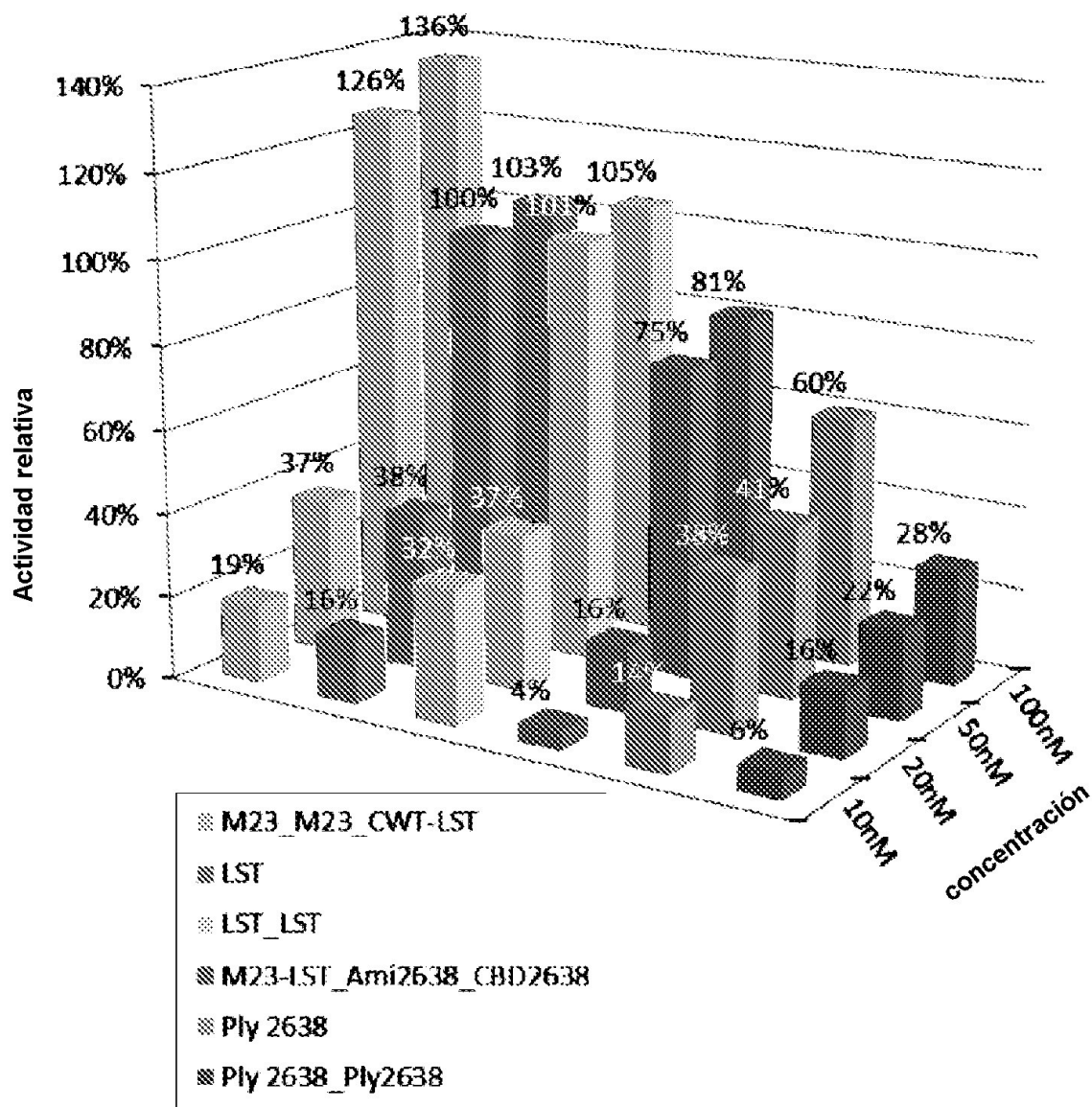
Fig 5

Fig 6a

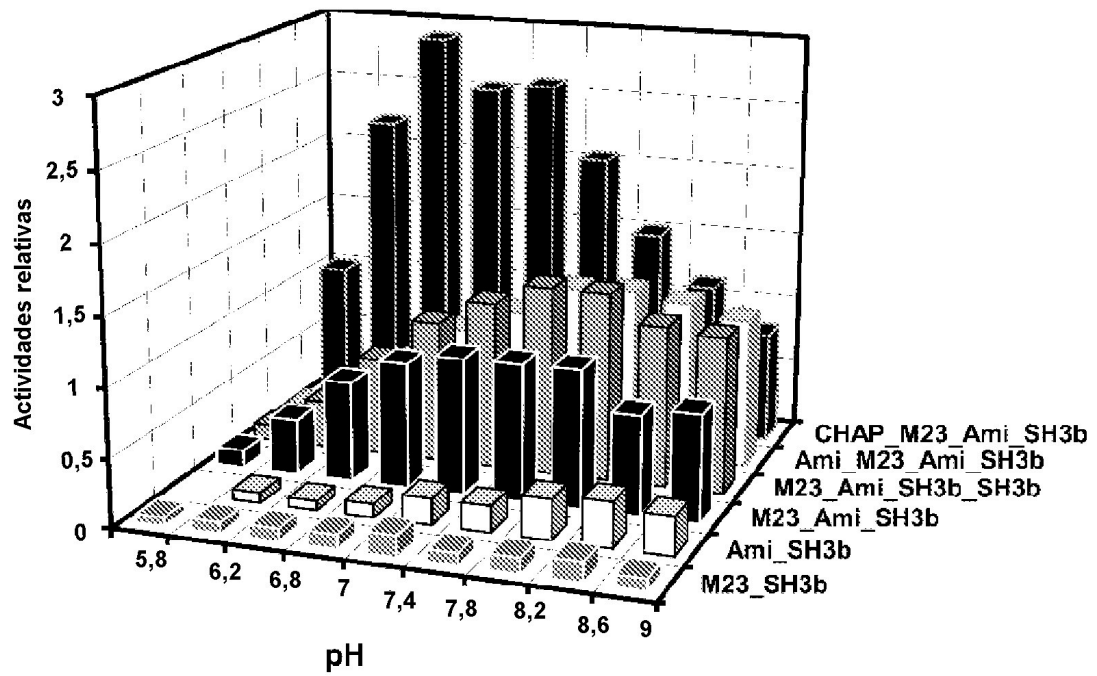


Fig 6b

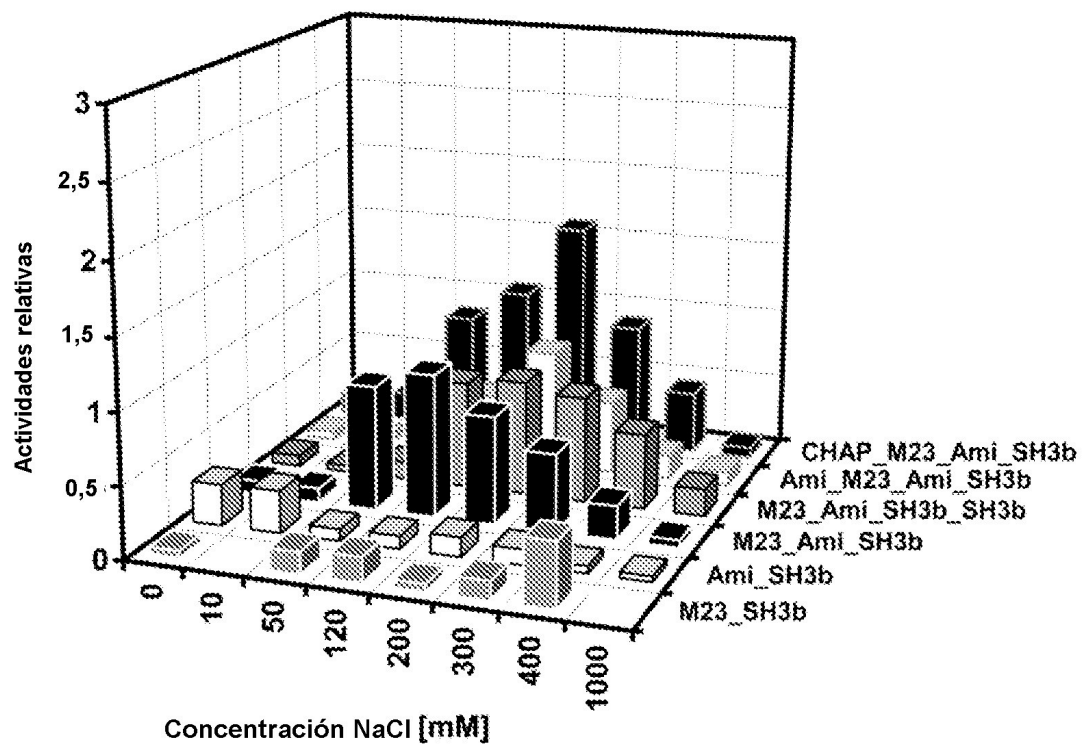


Fig 7