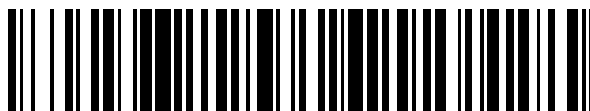


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 798 326**

51 Int. Cl.:

A61K 39/145 (2006.01)

A61K 39/12 (2006.01)

A61K 39/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **22.10.2011** **PCT/US2011/057406**

87 Fecha y número de publicación internacional: **26.04.2012** **WO12054907**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **22.10.2011** **E 11778762 (2)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **15.04.2020** **EP 2630155**

54 Título: **Nuevas proteínas de hemaglutinina 5 (H5) para tratamiento y prevención de infecciones gripales**

30 Prioridad:

22.10.2010 EP 10188576

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

10.12.2020

73 Titular/es:

**BOEHRINGER INGELHEIM VETMEDICA GMBH
(100.0%)
Binger Strasse 173
55216 Ingelheim am Rhein, DE**

72 Inventor/es:

**GONZALEZ-HERNANDEZ, PAULINO CARLOS;
LEON KEMPIS, MARIA DEL ROCIO;
REALPE-QUINTERO, MAURICIO ALBERTO;
STADLER, KONRAD y
VAUGHN, ERIC MARTIN**

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

ES 2 798 326 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

Nuevas proteínas de hemaglutinina 5 (H5) para tratamiento y prevención de infecciones gripales

Campo de la invención

La presente descripción se refiere al campo de la medicina, preferiblemente al campo de las enfermedades infecciosas. En particular, la presente descripción se refiere a las proteínas gripales, a las moléculas de ácido nucleico y vectores que codifican estas proteínas y a las vacunas. Muy particularmente, la presente descripción se refiere al uso de cualquiera de dichas proteínas, moléculas de ácido nucleico, vectores o vacunas para tratamiento y prevención de las infecciones gripales, preferiblemente de las infecciones por H5N1 de origen norteafricano y además para la prevención de la transmisión intra- o inter-especies del virus gripal.

Antecedentes de la invención

La infección gripal sigue siendo una infección importante en los animales y en los seres humanos. La gripe está causada por virus que sufren continuos cambios/modificaciones antigénicos y que tienen un reservorio animal. Por lo tanto, en el futuro pueden aparecer nuevas epidemias y pandemias, y la erradicación de la enfermedad será difícil de conseguir. Los virus gripales son bien conocidos en la técnica y están descritos con más detalle por ejemplo en *P. Palese, Nature Medicine, vol. 10, no. 12, págs. S82 a S86 de Diciembre de 2004*, con referencias adicionales. Dicho en pocas palabras, el genoma del virus gripal A consiste en ocho segmentos de cadena sencilla y las partículas virales tienen dos glicoproteínas principales en su superficie: la hemaglutinina (H) y la neuraminidasa (N). Con al menos 16 subtipos diferentes de hemaglutinina (H1 a H16) y 9 subtipos diferentes de neuraminidasa (N1 a N9) hay una variación antigénica considerable entre los virus gripales.

Se ha demostrado que el virus gripal de tipo virus de la peste aviar H5N1 infecta a las aves de corral, a los cerdos y a los seres humanos. Los virus se pueden transmitir también directamente de las especies avícolas a los seres humanos (*Claas et al., Lancet 1998, 351: 472; Suarez et al., J. Virol. 1998, 72: 6678; Subbarao et al., Science 1998, 279: 393; Shorridge, Vaccine 1999, 17 (Supl. 1): S26-S29*). La mortalidad en los casos clínicos humanos conocidos alcanza aproximadamente el 50%.

Durante el último siglo, los cerdos han sido un importante vector para las pandemias de gripe. Los cerdos, los camellos y las focas, preferiblemente los cerdos, pueden servir como una "cámara de mezcla" para los virus gripales aviares y, por lo tanto, representan un factor de riesgo potencial para superar las barreras entre especies desde las aves de corral, reservorio natural de los virus gripales, hasta los mamíferos. Esto tiene lugar normalmente por infecciones dobles de los animales susceptibles, por ejemplo cerdos, tanto con un virus establecido de mamífero (porcino) como con un virus gripal aviar. Esta doble infección puede crear nuevos virus recombinantes que pueden ser la causa de pandemias humanas o porcinas. Pruebas recientes, sin embargo, indican que una recombinación de las cepas H5 aviares comunes con los virus gripales de mamíferos no producirá recombinantes muy virulentos. Por otra parte, el virus gripal aviar puede infectar a los cerdos y, mediante mutaciones espontáneas, se puede adaptar a los cerdos. La barrera crítica se superará tan pronto como el virus pueda producir infecciones horizontales en una población de cerdos (u otro mamífero).

Además, una parte importante de los cerdos del sudeste asiático han sido infectados con cepas de virus gripal aviar (H5) originadas en explotaciones vecinas de aves de corral. Como estas infecciones han sido hasta ahora subclínicas, solo pueden ser diagnosticadas mediante métodos de laboratorio y, por lo tanto, frecuentemente no se tienen en cuenta. Hay un riesgo elevado de que estos cerdos infectados subclínicamente sirvan como una oportunidad para que el virus se adapte al sistema de los mamíferos, se extienda dentro de la población porcina e infecte también a los seres humanos.

Las vacunas gripales actuales incluyen una vacuna de subunidades (*Babai et al., Vaccine 1999, 17 (9-10): 1223-1238; Crawford et al., Vaccine 1999, 17 (18): 2265-2274; Johansson et al., Vaccine 1999, 17 (15-16): 2073-2080*), una vacuna atenuada (*Horimoto et al., Vaccine 2004, 22 (17-18): 2244-2247*), una vacuna de DNA (*Watabe et al., Vaccine 2001, 19 (31): 4434-4444*) y una vacuna de gripe inactivada (*Cao et al., Vaccine 1992, 10 (4): 238-242*), siendo esta última la más ampliamente usada a escala comercial (*Lipatov et al., J Virol 2004, 78 (17): 8951-8959*). WO2012047941 A2 describe varias secuencias de polipéptidos de la HA H5.

Las vacunas de subunidades, la hemaglutinina y la neuraminidasa recombinantes (*Babai et al., Vaccine 1999, 17 (9-10):1223-1238; Crawford et al., Vaccine 1999, 17 (18): 2265-2274; Johansson et al., Vaccine 1999, 17 (15-16): 2073-2080*) pueden ser una alternativa atractiva a la vacuna inactivada, aunque actualmente no hay ninguna en uso como vacuna comercial. La preparación de tales vacunas es obviamente más segura que la de una vacuna inactivada. Además, las vacunas de subunidades no generan respuestas de los anticuerpos frente a las proteínas internas del virus gripal y, por lo tanto, permiten distinguir entre los animales vacunados y los animales infectados. (*Crawford et al., Vaccine 1999, 17 (18): 2265-2274*).

La proteína hemaglutinina es la glicoproteína de fusión a la membrana y unión al receptor del virus gripal y la diana para los anticuerpos que neutralizan la capacidad de infectar. La proteína hemaglutinina (HA) completa del H5N1 está compuesta por 568 aminoácidos, con un peso molecular de 56 kDa. La molécula de HA consiste en las

subunidades HA1 y HA2, siendo la subunidad HA1 la que posibilita el contacto inicial con la membrana celular y siendo la subunidad HA2 la responsable de la fusión a la membrana (*Chizmadzhev, Bioelectrochemistry 2004, 63 (1-2):129-136*).

Los sistemas baculovirus/células de insecto han sido usados para expresar los genes de la hemaglutinina aislados de los subtipos de gripe aviar (*Babai et al., Vaccine 1999, 17 (9-10): 1223-1238; Crawford et al., Vaccine 1999, 17 (18): 2265-2274; Johansson et al., Vaccine 1999, 17 (15-16): 2073-2080; Nwe et al., BMC Microbiology 2006, 6 (16): DOI: 10.1186/1471-2180-6-16*). Sin embargo, las proteínas recombinantes parece que no son protectoras en ningún caso, o son solamente poco eficaces al menos para algunas especies (*Treanor et al., Vaccine 2001, 19: 1732-1737*).

Además, desde 2006, el H5N1 se ha extendido desde Asia hasta el norte de África, y se han desarrollado cepas particulares de H5N1 en países del norte de África, como Egipto y Sudán, a las que se hace referencia en este documento como "H5N1 de origen norteafricano". La infección causada por cualquiera de estas cepas H5N1 de origen norteafricano no puede tratarse ni prevenirse adecuadamente con los medicamentos ni las vacunas convencionales contra H5N1. Por lo tanto, existe una necesidad particular de proteínas, moléculas de ácido nucleico, vectores y vacunas para tratar y prevenir específicamente las infecciones gripales causadas por cepas H5N1 de origen norteafricano.

Además, es necesario aumentar la disponibilidad de vacunas mejoradas y nuevas formas de vacunación, en particular en los países del norte de África, para proporcionar mejores formas de controlar las infecciones gripales y tener un impacto positivo en la carga de la enfermedad.

Compendio y descripción de la invención

Antes de recitar las realizaciones de la presente invención, hay que indicar que, como se usan en la presente memoria y en las reivindicaciones adjuntas, las formas del singular "un", "una" y "el", "la", incluyen la referencia al plural, a no ser que en el contexto se indique claramente otra cosa. Así, por ejemplo, la referencia a "una preparación" incluye una pluralidad de estas preparaciones; la referencia al "vehículo" es una referencia a uno o más vehículos y sus equivalentes conocidos por los expertos en la técnica, y así sucesivamente. A no ser que se definan de otro modo, todos los términos técnicos y científicos usados en la presente memoria tienen los mismos significados que entiende generalmente un especialista habitual en la técnica a la que pertenece esta invención. Todos los intervalos y valores dados pueden variar de 1 a 5% a menos que se indique otra cosa o que la persona experta en la técnica conozca de otro modo, por ello, el término "aproximadamente" se ha omitido de la memoria descriptiva. Aunque algunos métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en la presente memoria se pueden usar en la práctica o en los ensayos de la presente invención, se describen ahora los métodos, dispositivos y materiales preferidos. Nada en este documento debe interpretarse como una admisión de que la invención no tiene derecho a anteceder dicha divulgación en virtud de la invención anterior.

La solución al problema técnico anterior se consigue por la descripción y las realizaciones caracterizadas en las reivindicaciones.

El virus H5N1 de la gripe aviar altamente patógeno (HPAI) está muy extendido en el norte de África, en particular en Egipto, en diferentes compartimentos de la industria avícola. En el trabajo que sustenta la descripción, solamente se han detectado virus que pertenecen al Clado 2.2.1. Estos virus se pueden dividir sorprendentemente en dos subpoblaciones (Subclados A y B) que son genéticamente y antigénicamente distintas. Los subclados A y B circulan conjuntamente en aves de corral de crianza intensiva y continúan evolucionando. Ambos subclados parecen evolucionar rápidamente y es posible la aparición de variantes antigénicas.

Se realizaron análisis de secuenciación, y todas las secuencias de HA (hemaglutinina) de los virus analizados estaban agrupadas en el clado 2.2.1. El análisis de los datos indica que los virus 2.2.1 que circulan en el norte de África son genéticamente y antigénicamente heterogéneos. Se pudieron identificar dos grupos genéticos principales dentro del clado 2.2.1 en el norte de África, denominados subclado A y subclado B.

Sin embargo, en comparación con el subclado A, los virus del subclado B son los más frecuentes en las muestras examinadas. De hecho, de 67 secuencias examinadas, 50 (75%) estaban en el subclado B y 17 (2,5%) en el subclado A. El subclado A es heterogéneo e incluye los virus aislados en el norte de África. Este grupo de virus, denominado aquí A1, está evolucionando y parece que llegará a ser el grupo dominante dentro del clado A. El subclado B es un grupo monofilético de virus en evolución continua y divergente. Dentro de este subclado se pueden identificar ramas separadas. Actualmente, el subclado B presenta características genéticas distintas y se puede clasificar como un nuevo clado emergente distinto, según la nomenclatura de la Organización Mundial de la Salud (OMS).

El análisis preliminar basado en los virus del subclado B indicó que en este subclado han tenido lugar varias mutaciones adicionales de AA (de aminoácidos) (13 a 23). Los ensayos de laboratorio basados en la inhibición de la hemaglutinina (HI) cruzada dan a entender que el subclado B es antigénicamente diferente del subclado A, lo que justifica los datos genéticos.

De hecho, el análisis de secuencia realizado en dos cepas prototipo que circulan, el clado A y el clado B, reveló doce diferencias de aminoácidos en la molécula HA. Diez de las doce se localizaron en el sitio de unión al receptor (RBS) con un impacto en la antigenicidad (como lo revela el ensayo de (HI)) y sobre la afinidad de unión al receptor del huésped.

- 5 La descripción se basa en el sorprendente hallazgo de que proteínas particulares, moléculas de ácido nucleico, y vectores basados en dicha información recibida, pueden servir como vacunas eficaces para el tratamiento y prevención de las infecciones gripales causadas por el virus H5N1 de origen norteafricano.

Proteínas gripales y moléculas de ácido nucleico que las codifican

La presente invención proporciona una vacuna que comprende

- 10 a) proteína H5 del virus gripal, en donde la proteína H5 consiste en o comprende una cualquiera de las secuencias representadas en las SEQ ID NO: 2 a 12, o 35 o 36 o 40;
- b) un vehículo y/o excipiente farmacéuticamente aceptable.

La presente invención proporciona además la vacuna como se describe en el presente documento para uso en un método de tratamiento o prevención de infecciones con el virus de H5N1 Subclado A de origen norteafricano.

- 15 En un aspecto, la presente descripción se refiere a una proteína H5 del virus gripal, donde la proteína H5 tiene
- (a) los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, en donde el término "145(-)", o modificación 145(-), respectivamente, significa que se ha perdido la posición del aminoácido 145 de H5, o
- (b) los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
- (c) los aminoácidos 145L, 172T, 254V, y

- 20 donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido o posiciones de aminoácidos, respectivamente, como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO: 1. En el contexto de la descripción, la proteína H5 según (a) es una proteína del subclado A, y la proteína H5 según (b) o (c) es una proteína del subclado B.

- 25 Dentro del contexto de la descripción, se entiende que el término "aminoácido" se refiere en particular a un resto de aminoácido o, respectivamente, a un aminoácido que se ha unido covalentemente mediante enlaces peptídicos a dos aminoácidos adicionales o, si el aminoácido está localizado en el extremo N o C de la secuencia peptídica, a otro aminoácido adicional.

- La presente descripción se refiere también a una proteína H5, que comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias que se indican en las SEQ ID NOs: 2 a 40. Preferiblemente, la proteína H5 comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias que se indican en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40, y donde tales proteínas H5 que
- 30 comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos indicada en la SEQ ID NO: 13 son más preferidas.

- Según la descripción, las proteínas que comprenden o consisten en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con la secuencia indicada en la SEQ ID NO: 40 son preferidas, puesto que debido a la combinación de las características de ambos subclados A y B,
- 40 pueden servir por tanto como una vacuna universal eficaz frente a las infecciones de gripe causadas por el virus H5N1 de origen norteafricano.

- En un aspecto preferido, la proteína H5 según la descripción tiene el aminoácido 239N. El término "239N" dado como ejemplo, significa que el aminoácido en la posición 239 – numerando según las posiciones de aminoácidos de la SEQ ID NO: 1 – codificará el aminoácido asparagina (N). En otras palabras, si se hace referencia a una "proteína H5 que tiene el aminoácido 239N", significa que en una molécula de aminoácido H5 que normalmente codifica la serina en la posición del aminoácido 239 - numerando según las posiciones de aminoácidos de la secuencia SEQ ID NO: 1, este aminoácido debe estar sustituido por una asparagina (N).
- 45

- En un aspecto preferido particular, la proteína H5 según la descripción no comprende la secuencia señal de hemaglutinina del H5N1 de la gripe A, donde dicha secuencia señal de hemaglutinina H5N1 de la gripe A de la proteína H5 comprende preferiblemente o consiste preferiblemente en los 16 primeros aminoácidos con N-terminal (código de una letra) MEKIVLLLAIVSLVKS (SEQ ID NO:44) o M1 E2 K3 I4 V5 L6 L7 L8 A9 I10 V11 S12 L13 V14 K15 S16, respectivamente, donde la numeración de las posiciones de los 16 primeros aminoácidos del extremo NI se refiere a las posiciones de los aminoácidos 1 a 16 como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO 1,
- 50

especialmente en referencia a la secuencia (código de tres letras) Met Glu Lys Ile Val Leu Leu Leu Ala Ile Val Ser Leu Val Lys Ser como se indica en la SEQ ID NO: 1.

En otro aspecto preferido, la proteína H5 según la descripción comprende o consiste por tanto en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40, donde dichas secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40 empiezan con el aminoácido D17, y donde la numeración de la posición de dicho primer aminoácido N-terminal (D17) se refiere a la posición del aminoácido 17 como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO 1.

La Tabla B proporciona las secuencias respectivas SEQ ID NO: 55 a 92 que corresponden a las variantes de las secuencias representadas en SEQ ID NO: 2 a 39, en donde las SEQ ID NO: 55 a 92 comienzan con el aminoácido respectivo D17 de SEQ ID NOs: 2 a 39, como se menciona aquí, y la Tabla D proporciona la variante respectiva de secuencia SEQ ID NO: 40, es decir, SEQ ID NO: 131, donde la secuencia variante comienza con el aminoácido D17, como se menciona aquí.

Por tanto, en un ejemplo, la proteína H5 según la descripción preferiblemente comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con la secuencia polipeptídica

DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTTHAQDILEKTHNGKLCNLDGVKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDNFLNPEWSY
IVEKINPTNDLCYPGNFNDYEELKHLLSRINHFEEKIIPKNSWSDHEASGVSSACPYQGRSSFFRNVVWLTKNNAYP
TIKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYNPTTYSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSGRMEFFWTILKSN
DAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSTIMKSELEYGDCNTKQCTPIGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVLATGL
RNSPQGERRRRKKRGLFGAIGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQF
EAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNALGNGCFEF
YHRCDCNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMV (SEQ ID NO:45), en
donde esta secuencia corresponde a una variante de SEQ ID NO: 8, en donde la variante comienza con el
aminoácido D17 de SEQ ID NO: 8, donde la numeración de la posición del aminoácido N-terminal (D17) se refiere a
la posición del aminoácido 17 como se da a modo de ejemplo en la secuencia SEQ ID NO 1.

En otro ejemplo, la proteína H5 según la descripción preferiblemente comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con la secuencia polipeptídica

DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTTHAQDILEKTHNGKLCDLGGVKPLILRDCSVAGWLLG
NPMCDFFPNVSEWSYIVEKINPANDLCYPGNFNNYEELKHLLSRINRFEEKIQIIPKSSWPDHE
ASLGVSSACPYQGGPSFYRNVVWLIKNDTYPTIKESYHNTNQEDLLVLWGIHHPNNEEQKR
IYKNPTTYVSVGTSTLNQRLVPKIATRSKVNQSGRVEFFWTILKSNDTINFESNGNFIAPEN
AYKIVKKGDSTIMKSELEYGNCSTKQCTPIGAINTSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVLAT
GLRNSPQGEGRKKRGLFGAIGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGYAADKESTQKAIDGV
TNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLEKRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFH
DSNVKNLYDKVRLQLRDNALGNGCFEFYHRCDCNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEIS
GVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLFLWMCSNGSLQCRICI, (SEQ ID NO: 46)

en donde la secuencia corresponde a SEQ ID NO: 13 que comienza con el aminoácido D17, y en donde la numeración de la primera posición de aminoácido N-terminal (D17) se refiere a la posición de aminoácido 17 como se da a modo de ejemplo en SEQ ID NO: 1.

Por lo tanto, se entiende que el término "variantes de SEQ ID NO: 2 a 40" también se dirige preferiblemente a las secuencias de variantes que comienzan con el aminoácido D17 de SEQ ID NO: 2 a 40, y en donde las secuencias variantes de SEQ ID Los NO 2 a 39 que comienzan con el aminoácido D17 se dan en la Tabla B y corresponden a SEQ ID NO: 55 a 92, y en donde la secuencia de SEQ ID NO: 40 que comienza con el aminoácido D17 tiene la secuencia

DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCDLGDKPLILRDCSVAGWLLG
 NPMCDFPNVSEWSYIVEKINPANDLCYPGNFNNYEELKHLLSRINRFEKIQIIPKSSWPDHE
 ASLGVSSACPYQGGPSFYRNVVWLIKKNNPTYPTIKESYHNTNQEDLLVLWGIHHPNDEEEQTR
 IYKNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIASTRSKVNGQSGRVEFFWTILKSNDTINFESNGNFIAPEN
 AYKIVKKGDSTIMKSELEYGNCNTKCQTPIGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVLAT
 GLRNSPQGEGRKKRGLFGAIAAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGGYAADKESTQKAIDGV
 TNKVNSIIDKMNTQFEAVGREFNNLEKRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFH
 DSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEFYHRCNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEIS
 GVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLFLWMCSNGSLQCRICI (SEQ ID NO: 47).

En un aspecto adicional preferido la proteína H5 según la descripción comprende una secuencia C-terminal de longitud completa, donde la secuencia C-terminal de longitud completa corresponde preferiblemente a los aminoácidos 527 a 568, donde la numeración de las posiciones de dichos aminoácidos se refiere a las posiciones de los aminoácidos 527 a 568 que se dan como ejemplo en la SEQ ID NO 40. La secuencia C-terminal de longitud completa es, por lo tanto, preferiblemente la secuencia IGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLFLWMCSNGSLQCRICI (SEQ ID NO: 48), donde en un aspecto preferido adicional el resto de fenilalanina (F) es un resto de serina (S) o donde en otro aspecto preferido la secuencia IMVA (SEQ ID NO: 49) está sustituida por la secuencia IMMA (SEQ ID NO: 50). La secuencia C-terminal de longitud completa es por tanto preferiblemente la secuencia IGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLFLWMCSNGSLQCRICI (SEQ ID NO: 51) o la secuencia IGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLFLWMCSNGSLQCRICI (SEQ ID NO: 52) o la secuencia IGTYQILSIYSTVASSLALAIMMAGLFLWMCSNGSLQCRICI (SEQ ID NO: 53).

Por lo tanto, en otro aspecto preferido adicional, la proteína H5 según la descripción consiste en o comprende una secuencia de aminoácidos que es al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, aún más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% homóloga con cualquiera de las secuencias representadas en SEQ ID NO: 2 a 40, secuencias representadas en SEQ ID NO: 47, 93-130 que corresponden a variantes de SEQ ID NO: 2 a 40 que comienzan con el aminoácido D17 y además comprenden una secuencia C-terminal de longitud completa, en donde la numeración de la primera posición de aminoácido N-terminal (D17) se refiere a la posición de aminoácido 17 que se proporciona a modo de ejemplo en la SEQ ID NO: 1, y en donde la secuencia C-terminal de longitud completa corresponde a los aminoácidos 527 a 568, en donde la numeración de estas posiciones de aminoácidos se refiere a las posiciones de aminoácidos 527 a 568 que se proporcionan a modo de ejemplo en la SEQ ID NO 40.

La Tabla C presenta las secuencias respectivas SEQ ID NOs 93 a 130, donde dichas secuencias empiezan con el aminoácido D17 y comprenden una secuencia C-terminal de longitud completa, como se menciona aquí, y la Tabla D presenta la secuencia respectiva SEQ ID NO: 131, donde dicha secuencia empieza con el aminoácido D17 de SEQ ID NO: 40 y comprende una secuencia C-terminal de longitud completa, como se menciona aquí.

Así, en un ejemplo, la proteína H5 según la descripción preferiblemente comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con la secuencia polipeptídica

DQICIGYHANNSTEQVDTIMEKNVTVTHAQDILEKTHNGKLCNLDGDKPLILRDCSVAGWLLGNPMCDFLNPVPEWSY
 IVEKINPTNDLCYPGNFNNDYEELKHLLSRINHFKEKIIPKNSWSDHEASGVSSACPYQGRSSFFRNVVWLTKNNAYP
 TIKKSYNNTNQEDLLVLWGIHHPNDAAEQTRLYQNPTTYISVGTSTLNQRLVPKIASTRSKVNGQSGRMEFFWTILKSN
 DAINFESNGNFIAPENAYKIVKKGDSTIMKSELEYGDCNTKCQTPIGAINSSMPFHNIHPLTIGECPKYVKSRLVLATGL
 RNSPQGERRRKKRGLFGAIAAGFIEGGWQGMVDGWYGYHHSNEQSGGYAADKESTQKAIDGVTNKVNSIIDKMNTQF
 EAVGREFNNLERRIENLNKKMEDGFLDVWTYNAELLVLMENERTLDFHDSNVKNLYDKVRLQLRDNAKELGNGCFEF
 YHRCNECMESVRNGTYDYPQYSEEARLKREEISGVKLESIGTYQILSIYSTVASSLALAIMVAGLFLWMCSNGSLQ
 CRICI (SEQ ID NO:45), donde dicha secuencia corresponde a la SEQ ID NO: 8 que comienza con el aminoácido D17
 y que adicionalmente comprende una secuencia C-terminal de longitud completa, donde la numeración de la
 posición de dicho primer aminoácido N-terminal (D17) se refiere a la posición 17 de los aminoácidos como se da a
 modo de ejemplo en la SEQ ID NO 1, y donde la secuencia C-terminal de longitud completa corresponde a los
 aminoácidos 527 a 568, más particularmente a los aminoácidos 534 a 568, donde la numeración de las posiciones
 de dichos aminoácidos se refiere a las posiciones 527 a 568, o más particularmente a las posiciones de los
 aminoácidos 534 a 568, como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO 40. El término "SEQ ID NO: 8" según la
 invención, se refiere por tanto en particular preferiblemente también a la última secuencia. Aquí, esta secuencia,

SEQ ID NO: 45, y las secuencias que tienen diferentes secuencias C-terminales pueden ser designadas como una "variante de SEQ ID NO: 8".

Por lo tanto se debe entender también, que el término "SEQ ID NOs 2 a 40" se refiere también preferiblemente a las secuencias SEQ ID NOs: 2 a 40 que comienzan con el aminoácido D17 y que tienen la secuencia C-terminal de longitud completa, y donde dichas secuencias SEQ ID No 2 a 39 que comienzan con el aminoácido D17 y que tienen la secuencia C-terminal de longitud completa se dan en la Tabla C, y dicha secuencia SEQ ID NO: 40 que comienza con el aminoácido D17 y que tiene la secuencia C-terminal de longitud completa se da en la Tabla D.

Los términos "secuencias de variantes representadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40" o "secuencias de variantes de SEQ ID NOs: 2 a 40", como se usa aquí, se refiere preferiblemente también a las secuencias indicadas en la Tabla B o Tabla C, respectivamente, y, adicionalmente, a la secuencia representada en la Tabla D, respectivamente.

Se entiende en particular que el término "100% de homología con" como se menciona aquí, es equivalente al término "idéntico a".

Preferiblemente, dicha proteína H5 y cualquier otra proteína H5 es una proteína H5 aislada. Se ha encontrado sorprendentemente que las proteínas H5 que tienen las modificaciones descritas anteriormente son muy antigénicas en comparación con las proteínas H5 que no tienen los aminoácidos correspondientes.

El término "hemaglutinina 5 (H5)" o "virus H5 de la gripe aviar" o "proteína H5" como se usa en esta memoria significa, pero sin limitarse a ellas, cualquier proteína H5 existente de forma natural y cualquier forma modificada de la proteína H5, incluyendo cualquier mutante por delección, sustitución y/o inserción de la proteína H5, donde estas proteínas H5 tienen

- (a) los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, en donde el término "145(-)" significa que se ha perdido la posición del aminoácido 145 de H5, o
- (b) los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
- (c) los aminoácidos 145L, 172T, 254V,

o, más preferiblemente, tienen

- (d) los aminoácidos 87L, 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, o
- (e) los aminoácidos 87P, 113N, 126R, 145L, 160Y, 172T, 181H, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
- (f) los aminoácidos 87L, 113N, 126R, 145L, 156G, 160Y, 172T, 181H, 254V.

La numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 como se usa en la presente memoria, se refiere a la posición de aminoácido como se da a modo de ejemplo en la secuencia SEQ ID NO: 1. La SEQ ID NO: 1 representa la secuencia amino de la hemaglutinina de la cepa 1709-6, que es un viejo prototipo oficial de cepa egipcia para la evaluación de vacunas. En otras palabras, si se hace referencia al aminoácido en la posición 113 (aminoácido 113), significa que el resto aminoácido corresponde al aminoácido 113 en la secuencia SEQ ID NO: 1. Sin embargo, esto no significa que las proteínas H5 según la presente descripción tengan la secuencia de aminoácidos idéntica a SEQ ID NO: 1. Solo indica que los aminoácidos correspondientes de las proteínas H5 según la descripción codifican el resto aminoácido que se menciona explícitamente. En este caso, el aminoácido 113 sería la asparagina (N). El término "113D" dado como ejemplo significa que el aminoácido en la posición 113 – numerando según las posiciones de aminoácidos de la SEQ ID NO: 1 – codificará el aminoácido ácido aspártico (D). En otras palabras, si se hace referencia a una "proteína H5 que tiene el aminoácido 113D", significa que en una molécula de aminoácido de H5 que normalmente codifica la asparagina en la posición del aminoácido 113 – numerando según las posiciones de aminoácidos de la secuencia SEQ ID NO: 1 – este aminoácido debe estar sustituido por un ácido aspártico (D). El término "145(-)" o "modificación 145(-)" significa, que en la posición del aminoácido 145 de la proteína H5 – numerando según las posiciones de aminoácidos de la secuencia SEQ ID NO: 1 –, el aminoácido en dicha posición, que es un resto de serina en la secuencia SEQ ID NO: 1, se ha perdido o está ausente, respectivamente. Sin embargo, la mayor parte de las secuencias conocidas de H5 codifican la serina en la posición del aminoácido 145. En cualquiera de tales casos, la modificación del término 145(-) significa, que los restos que habitualmente flanquean dicha posición (por ejemplo, Serina144 y Glicina146 en la SEQ ID NO: 1) están directamente enlazados (por ejemplo, Serina144 y Glicina145). Tomando a modo de ejemplo la SEQ ID NO: 1, la secuencia modificada comprendería entonces la secuencia Alanina-Serina-Glicina-Valina (ASGV) (SEQ ID NO. 54).

Además, el término "hemaglutinina 5 (H5)" o "virus H5 de la gripe aviar" o "proteína H5" como se usa en esta memoria significa, pero sin limitarse a ellas, cualquier proteína H5 existente de forma natural y cualquier forma modificada de la proteína H5, incluido cualquier mutante de la proteína H5 con delección, sustitución y/o inserción, donde estas proteínas H5 comprenden o consisten en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40. Preferiblemente, la proteína H5 comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40, y donde tales proteínas H5 que comprenden o consisten en la secuencia

de aminoácidos indicada en la SEQ ID NO: 13 son en particular las más preferidas.

Por tanto, la presente descripción se refiere a la proteína H5 y a cualquier forma modificada de la proteína H5, incluyendo cualquier mutante de la proteína H5 con delección, sustitución y/o inserción, donde estas proteínas H5 tienen

- 5 (a) los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, en donde el término "145(-)" significa que se ha perdido la posición del aminoácido 145 de H5, o
 (b) los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
 (c) los aminoácidos 145L, 172T, 254V,

10 en donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO: 1; o

- (d) donde estas proteínas H5 comprenden o consisten en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40.

15 Preferiblemente, la proteína H5 comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40, y donde tales proteínas H5 que comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos indicada en la SEQ ID NO: 13 son en particular más preferidas.

20 Se explica por sí mismo, que cualquiera de las proteínas H5 que se proporcionan con la presente memoria es antigénica, lo que significa que presenta propiedades antigénicas en un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina para los virus gripales.

25 Según otro aspecto, la presente descripción se refiere también a cualquier parte de la proteína H5, lo que significa cualquier fragmento peptídico que presenta propiedades antigénicas en un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina, que tiene al menos

- (a) los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, en donde el término "145(-)" significa que se ha perdido la posición del aminoácido 145 de H5, o
 (b) los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
 (c) los aminoácidos 145L, 172T, 254V,

30 en donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO: 1.

Una proteína H5 presenta propiedades antigénicas si inhibe la hemaglutinación en un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina. Normalmente dicha parte antigénica de la proteína H5 comprende 200, 180, 160, 150, 140, 130, 120, 110 o lo más preferiblemente 105 aminoácidos contiguos de la secuencia de aminoácidos que codifica la proteína H5 como se ha mencionado antes, modificada o no modificada, que presenta propiedades antigénicas en un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina. Un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina por ejemplo está descrito también en Stephenson et al., Virus Research vol. 103, pp. 91-95 (2004) con referencias adicionales. Sin embargo, se debe entender que el ensayo HI como se describe a continuación, es el ensayo de referencia pertinente relacionado con todos los aspectos de la descripción como se describe en la presente memoria.

45 En pocas palabras, se realiza un ensayo HI para detectar la presencia de anticuerpos específicos para la HA. Se utiliza un H5N1 heterólogo a una concentración de cuatro unidades de hemaglutinación [4 unidades HA] en el ensayo HI. En placas de microtitulación con fondo en U se mezclan posteriormente diluciones en serie al doble en PBS con volúmenes iguales (25 µL) que contienen 4 unidades HA de virus, y se incuban a temperatura ambiente (aproximadamente 25 °C) durante 30 minutos. Se añaden glóbulos rojos de pollo a una concentración de 0,5% en PBS a los pocillos que contienen el virus en suero y se incuban durante 40 minutos a temperatura ambiente. Los títulos HI se determinan como la inversa de las diluciones más altas de suero en las que se observó inhibición de la hemaglutinación.

50 Hay que señalar que *Haesebrouck and Pensaert (1986)* encontraron que "puede existir una correlación entre los títulos de HI frente al virus de ataque y la protección del ataque". *Haesebrouck and Pensaert (1986)* determinaron también que los cerdos con títulos de HI ≥ 40 fueron "completamente resistentes al ataque y no se produjo ninguna replicación del virus en el tracto respiratorio durante el ataque". Por lo tanto, el desarrollo de títulos HI ≥ 40 en el ganado porcino vacunado deben estar correlacionados con la protección. (*F. Haesebrouck and M.B. Pensaert, 1986*). "Effect of intratracheal challenge of fattening pigs previously immunized with an inactivated influenza H1N1 vaccine" (*Veterinary Microbiology*, 11 (1986) 239-249). Se debe suponer que los títulos HI de la H5 equivalentes o al menos casi equivalentes también producirán una protección inmune completa del ganado porcino frente al virus

gripal aviar. Los títulos más bajos producen al menos una seroconversión de los animales vacunados y dan lugar a una protección inmune parcial de estos animales, lo cual también puede reducir de forma importante el riesgo de una pandemia.

Además, una parte antigénica de la proteína H5 según la descripción incluye, pero sin limitarse a ellos, los mutantes de la proteína H5 con delección que comprenden:

- i) una cualquiera de las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID NOs: 2 a 40;
- ii) cualquier péptido que tiene al menos el 85%, preferiblemente 95%, aún más preferiblemente 96%, aún más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, aún más preferiblemente 99%, lo más preferiblemente 100% de homología de secuencia con el polipéptido de i) y que comprende la inhibición de la hemaglutinina en un ensayo convencional de inhibición de hemaglutinina; o
- iii) cualquier parte de los polipéptidos de i) o ii) que comprende al menos 334 aminoácidos contiguos de cualquiera de dichos péptidos de i) o ii) y en donde cualquiera de dichos péptidos comprende la inhibición de la hemaglutinina en un ensayo convencional de inhibición de hemaglutinina.

Preferiblemente, la parte antigénica de la proteína H5 según la descripción comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40, y donde tales proteínas H5 que comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos indicada en la SEQ ID NO: 13 son en particular las más preferidas.

El término "modificación" en el contexto de la descripción, se refiere también en particular a las sustituciones de aminoácidos. Por ejemplo, el término "113D" en el contexto de la SEQ ID NO: 1 se refiere a la sustitución del aminoácido N113D, esto es el aminoácido asparagina (N) en la posición 113 ha sido sustituido por el aminoácido ácido aspártico (D).

"Homología de secuencia", tal como se utiliza en la presente memoria, se refiere a un método para determinar el grado de relación de dos secuencias. Para determinar la homología de secuencia, se alinean de forma óptima dos o más secuencias y, si es necesario, se introducen huecos. En contraposición con la identidad de la secuencia, las sustituciones conservadoras de aminoácidos se cuentan como un emparejamiento cuando se determina la homología de secuencia. En otras palabras, para obtener un polipéptido o polinucleótido que tiene 95% de homología de secuencia con una secuencia de referencia, 85%, preferiblemente 90%, incluso más preferiblemente 95% de los restos de aminoácidos o nucleótidos en la secuencia de referencia deben aparearse o comprender una sustitución conservadora con otro aminoácido o nucleótido, o un cierto número de aminoácidos o nucleótidos hasta 15%, preferiblemente hasta 10%, incluso más preferiblemente hasta 5% del total de restos de aminoácidos o nucleótidos, sin incluir las sustituciones conservadoras, en la secuencia de referencia pueden estar insertados en la secuencia de referencia. Preferiblemente, la secuencia homóloga comprende al menos un tramo de 50, incluso más preferiblemente de 100, incluso más preferiblemente de 250, incluso más preferiblemente de 500 nucleótidos. Tras dicha alineación, la homología de secuencia se constata sobre una base de posición-por-posición, por ejemplo las secuencias son "homólogas" en una posición particular si en esa posición los restos nucleotídicos o de aminoácidos son idénticos. El número total de dichas identidades de posición se divide entonces por el número total de restos de nucleótidos o de aminoácidos en la secuencia de referencia para dar el% de homología de secuencia. La homología de secuencia se puede calcular fácilmente por métodos conocidos, que incluyen, pero sin limitarse a ellos, los descritos en *Computational Molecular Biology*, Lesk, A. N., comp., Oxford University Press, Nueva York (1988), *Biocomputing: Informatics and Genome Projects*, Smith, D.W., ed., Academic Press, Nueva York (1993); *Computer Analysis of Sequence Data, Part I*, Griffin, A. M. and Griffin, H. G., eds., Humana Press, Nueva Jersey (1994); *Sequence Analysis in Molecular Biology*, von Heinge, G., Academic Press (1987); *Sequence Analysis Primer*, Gribskov, M. and Devereux, J., eds., M. Stockton Press, Nueva York (1991); y Carillo, H., and Lipman, D., *SIAM J. Applied Math.*, 48: 1073 (1988). Se han diseñado métodos preferidos para determinar la homología de secuencia para obtener el mayor emparejamiento entre las secuencias sometidas a ensayo. Los métodos para determinar la homología de secuencia se codifican en programas de ordenador disponibles públicamente que determinan la identidad de secuencia entre secuencias dadas. Ejemplos de este tipo de programas incluyen, pero sin limitarse a ellos, el paquete de programas GCG (Devereux, J., et al., *Nucleic Acids Research*, 12(1): 387 (1984)), BLASTP, BLASTN y FASTA (Altschul, S. F. et al., *J. Molec. Biol.*, 215:403-410 (1990)). El programa BLASTX está públicamente disponible de NCBI y de otras fuentes (BLAST Manual, Altschul, S. et al., *NCVI NLM NIH Bethesda, MD 20894*, Altschul, S. F. et al., *J. Molec. Biol.*, 215: 403-410 (1990)). Estos programas alinean de forma óptima las secuencias utilizando pesos de huecos por defecto con el fin de producir el nivel más alto de homología de secuencia entre la secuencia dada y la de referencia.

Otro aspecto preferible según la descripción es el uso de una proteína H5 que tiene los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, o preferiblemente que tiene los aminoácidos 87L, 113D, 126H, 145 (-), 156R, 160F, 167T, y 181N, en un método para tratar o prevenir las infecciones con un virus H5N1 de subclado A de origen norteafricano, donde la modificación 145(-) significa que la posición del aminoácido 145 de H5 se ha perdido y donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido dada como

ejemplo en la SEQ ID NO: 1, y donde dicha proteína H5 se administra a un sujeto que lo necesita.

A este respecto, especialmente para tratar o prevenir particularmente infecciones con un virus H5N1 de subclado A de origen norteafricano, se prefiere que la proteína H5 usada comprenda o consista en una secuencia de aminoácidos contiguos que tiene al menos 95%, preferiblemente al menos 96%, más preferiblemente al menos 97%, aún más preferiblemente al menos 98%, todavía más preferiblemente al menos 99%, o en particular preferiblemente 100% de homología o identidad con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 12, o 35 o 36.

Asimismo, una molécula de ácido nucleico que codifica cualquiera de tales proteínas H5, por ejemplo la secuencia indicada en la SEQ ID NO: 41, o un vector que comprende dicha molécula de ácido nucleico, como se menciona más adelante, se usan en un método para tratar o prevenir las infecciones con un virus H5N1 de subclado A administrando dicha molécula o vector a un sujeto que lo necesita.

En el contexto de la descripción, el término "virus H5N1 de subclado A de origen norteafricano" o "virus de subclado A", respectivamente, se refiere en particular a cualquier virus gripal H5N1 que comprende una proteína H5 que tiene los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, o preferiblemente que tiene los aminoácidos 87L, 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, donde la modificación 145(-) significa que se ha perdido la posición del aminoácido 145 de H5 y donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido dada como ejemplo en la SEQ ID NO: 1.

Más particularmente, el término "virus H5N1 de subclado A de origen norteafricano" o "virus de subclado A", respectivamente, se refiere a cualquier virus gripal H5N1 que comprende una proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente al menos 96%, más preferiblemente al menos 97%, aún más preferiblemente al menos 98%, todavía más preferiblemente al menos 99%, o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 12, o 35 o 36.

Otro aspecto preferible según la descripción es el uso de una proteína H5 que tiene los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o preferiblemente que tiene los aminoácidos 87P, 113N, 126R, 145L, 160Y, 172T, 181H, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G, o el uso de una proteína H5 que tiene los aminoácidos 145L, 172T, 254V o preferiblemente que tiene los aminoácidos 87L, 113N, 126R, 145L, 156G, 160Y, 172T, 181H, 254V, en un método para tratar o prevenir infecciones con un virus H5N1 de subclado B de origen norteafricano, donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido dado como ejemplo en la SEQ ID NO: 1, y donde dicha proteína H5 se administra a un sujeto que lo necesita.

A este respecto, especialmente para tratar o prevenir particularmente infecciones con un virus H5N1 de subclado B de origen norteafricano, se prefiere que la proteína H5 usada comprenda o consista en una secuencia de aminoácidos contiguos que tiene al menos 95%, preferiblemente al menos 96%, más preferiblemente al menos 97%, aún más preferiblemente al menos 98%, todavía más preferiblemente al menos 99%, o en particular preferiblemente 100% de homología o identidad con una cualquiera de las secuencias indicadas en la SEQ ID NOs: 13 a 34, o 37 a 39.

Asimismo, a este respecto, una molécula de ácido nucleico que codifica cualquiera de tales proteínas H5, por ejemplo la secuencia indicada en la SEQ ID NO: 42, o un vector que comprende dicha molécula de ácido nucleico, como se menciona más adelante, se usan en un método para tratar o prevenir las infecciones con un virus H5N1 de subclado B administrando dicha molécula o vector a un sujeto que lo necesita.

En el contexto de la descripción, el término "virus H5N1 de subclado B de origen norteafricano" o "virus de subclado B", respectivamente, se refiere en particular a cualquier virus gripal H5N1 que comprende una proteína H5 que tiene los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o preferiblemente que tiene los aminoácidos 87P, 113N, 126R, 145L, 160Y, 172T, 181H, 201E, 206I, 208K, 254T, y 341G, o que comprende una proteína H5 que tiene los aminoácidos 145L, 172T, 254V o preferiblemente que tiene los aminoácidos 87L, 113N, 126R, 145L, 156G, 160Y, 172T, 181H, y 254V, donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido dado como un ejemplo en la SEQ ID NO: 1.

Más particularmente, el término "virus H5N1 de subclado B de origen norteafricano" o "virus de subclado B", respectivamente, se refiere a cualquier virus gripal H5N1 que comprende una proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente al menos 96%, más preferiblemente al menos 97%, aún más preferiblemente al menos 98%, todavía más preferiblemente al menos 99%, o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 13 a 34, o 37 a 39.

Un aspecto particular preferido según la descripción es el uso de una proteína H5 que comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos contiguos que tiene al menos 95%, preferiblemente al menos 96%, más preferiblemente al menos 97%, aún más preferiblemente al menos 98%, todavía más preferiblemente al menos 99%, o en particular preferiblemente 100% de homología o identidad con la secuencia indicada en la SEQ ID NO: 40 en un método para tratar o prevenir infecciones con un virus H5N1 de subclado A de origen norteafricano y/o con un virus H5N1 de subclado B de origen norteafricano, y donde dicha proteína H5 se administra a un sujeto que lo necesita.

Asimismo, a este respecto, una molécula de ácido nucleico que codifica cualquiera de tales proteínas H5, tal como la secuencia indicada en la SEQ ID NO: 43, o un vector que comprende dicha molécula de ácido nucleico, como se

menciona más adelante, se usan en un método para tratar o prevenir las infecciones con un virus H5N1 de subclado A y/o un virus de subclado B administrando dicha molécula o vector a un sujeto que lo necesita.

Según un aspecto adicional, la presente invención se refiere también a moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de las proteínas H5 como se han descrito anteriormente. Preferiblemente, estas moléculas de ácido nucleico son moléculas de RNA, DNA o (c)DNA. Por lo tanto, la presente descripción se refiere a una molécula de ácido nucleico, preferiblemente una molécula de cDNA que codifica una proteína H5 o cualquiera de las formas modificadas de la proteína H5, incluyendo cualquier mutante por delección, sustitución y/o inserción de la proteína H5, donde estas proteínas H5 tienen

- (a) los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, en donde el término "145(-)" significa que se ha perdido la posición del aminoácido 145 de H5, o
- (b) los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
- (c) los aminoácidos 145L, 172T, 254V,

o, más preferiblemente, que tienen

- (d) los aminoácidos 87L, 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, o
- (e) los aminoácidos 87P, 113N, 126R, 145L, 160Y, 172T, 181H, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
- (f) los aminoácidos 87L, 113N, 126R, 145L, 156G, 160Y, 172T, 181H, 254V,

y donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido dada como ejemplo en la SEQ ID NO: 1.

Además, la presente descripción se refiere a una molécula de ácido nucleico, preferiblemente una molécula de cDNA que codifica una proteína H5 o cualquiera de las formas modificadas de la proteína H5, incluyendo cualquier mutante por delección, sustitución y/o inserción de la proteína H5, donde la proteína H5 comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40. Preferiblemente, la proteína H5 comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40, y donde tales proteínas H5 que comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos indicada en la SEQ ID NO: 13 son en particular más preferidas.

Según otro aspecto, la presente descripción se refiere también a una molécula de ácido nucleico, preferiblemente una molécula de cDNA que codifica cualquier parte de la proteína H5, lo que significa cualquier fragmento peptídico que presenta propiedades antigénicas en un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina como se ha descrito anteriormente, y que tiene

- (a) los aminoácidos 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, en donde el término "145(-)" significa que se ha perdido la posición del aminoácido 145 de H5, o
- (b) los aminoácidos 87P, 145L, 172T, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
- (c) los aminoácidos 145L, 172T, 254V,

o, más preferiblemente, que tiene

- (d) los aminoácidos 87L, 113D, 126H, 145(-), 156R, 160F, 167T, y 181N, o
- (e) los aminoácidos 87P, 113N, 126R, 145L, 160Y, 172T, 181H, 201E, 206I, 208K, 254T, 341G y 421K, o
- (f) los aminoácidos 87L, 113N, 126R, 145L, 156G, 160Y, 172T, 181H, 254V,

y donde la numeración de las posiciones de aminoácidos de la proteína H5 se refiere a la posición de aminoácido dada como ejemplo en la SEQ ID NO: 1. Normalmente, dichas moléculas de ácido nucleico que codifican una parte antigénica de la proteína H5 comprenden 600, 540, 480, 450, 420, 390, 360, 330 o más preferiblemente 315 nucleótidos contiguos de la secuencia de nucleótidos que codifica la proteína H5 como se ha mencionado anteriormente, modificada o no modificada, y que presenta propiedades antigénicas en un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina como se describe en la presente memoria.

Según otro aspecto, la presente descripción se refiere también a una molécula de ácido nucleico, preferiblemente una molécula de cDNA que codifica cualquier parte de la proteína H5, lo que significa que codifica cualquier fragmento peptídico que presenta propiedades antigénicas en un ensayo convencional de inhibición de la hemaglutinina como se ha descrito antes, donde la proteína H5 comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40. Preferiblemente, la proteína H5 comprende o consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de homología con una

cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40, y donde tales proteínas H5 que comprenden o consisten en la secuencia de aminoácidos indicada en la SEQ ID NO: 13 son en particular más preferidas.

Otros aspectos de las partes antigénicas de la proteína H5 se describen en la parte precedente. La construcción de cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico, preferiblemente moléculas de cDNA, que codifican la parte antigénica de la proteína H5 como se ha descrito anteriormente, es de conocimiento general de un experto en la técnica. Esto incluye también, pero sin limitarse a ella, la construcción de moléculas de ácido nucleico, preferiblemente de moléculas de cDNA, que codifican partes antigénicas de la proteína H5 como se ha mencionado antes.

Preferiblemente y a modo de ejemplo, la molécula de ácido nucleico mencionada antes comprende o consiste en una cualquiera de las secuencias de ácido nucleico indicadas en las SEQ ID NOs: 41 a 43.

Los métodos para introducir cualquiera de las modificaciones mencionadas anteriormente dentro de la secuencia de nucleótidos, incluyendo la secuencia que codifica la proteína H5 de un virus gripal, son bien conocidos en la técnica. La secuencia genómica completa del virus gripal se pueden modificar según la descripción, por ejemplo según los métodos descritos en el documento US 6.951.754, con referencias adicionales.

Además, se pueden emplear técnicas convencionales de biología molecular, microbiología y de DNA recombinante conocidas por el experto en la técnica para modificar una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un antígeno como se ha descrito en la presente memoria. Dichas técnicas están completamente explicadas en la bibliografía. Véase, por ejemplo, *Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Second Edition (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.; DNA Cloning: A Practical Approach, Volumes I and II (D. N. Glover ed. 1985); Oligonucleotide Synthesis (M. J. Gait ed. 1984); Nucleic Acid Hybridization [B. D. Hames & S. J. Higgins eds. (1985)]; Transcription And Translation [B. D. Hames & S. J. Higgins, eds. (1984)]; Animal Cell Culture [R. I. Freshney, ed. (1986)]; Immobilized Cells And Enzymes [IRL Press, (1986)]; B. Perbal, A Practical Guide To Molecular Cloning (1984); F. M. Ausubel et al. (eds.), Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, Inc. 1994).*

Según un aspecto adicional, la presente invención se refiere también a un vector que comprende cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico como se han descrito anteriormente. En otras palabras, la presente descripción se refiere a un vector que incluye la secuencia que codifica cualquiera de dichas proteínas H5, o una de sus partes, como se han descrito anteriormente. Preferiblemente, dicho vector es un vector de expresión que permite la expresión de cualquiera de dichas proteínas H5 o una de sus partes como se han descrito anteriormente. Los vectores según la descripción son aquellos que son adecuados para la transfección o infección de células bacterianas, de levaduras o animales, *in vitro* o *in vivo*.

Los vectores y los métodos para hacer y/o usar vectores (o recombinantes) para la expresión pueden ser los descritos, o análogos a los descritos en: las patentes estadounidenses N° 4.603.112, 4.769.330, 5.174.993, 5.505.941, 5.338.683, 5.494.807, 4.722.848, 5.942.235, 5.364.773, 5.762.938, 5.770.212, 5.942.235 y 382.425, las publicaciones PCT WO 94/16716, WO 96/39491 y WO 95/30018, *Paoletti, "Applications of pox virus vectors to vaccination: An update," PNAS USA 93: 11349-11353, Octubre de 1996, Moss, "Genetically engineered poxviruses for recombinant gene expression, vaccination, and safety," PNAS USA 93: 11341-11348, Octubre de 1996, Smith et al., patente estadounidense N° 4.745.051, (baculovirus recombinante), Richardson, C. D. (Editor), Methods in Molecular Biology 39, "Baculovirus Expression Protocols" (1995 Humana Press Inc.), Smith et al., "Production of Human Beta Interferon in Insect Cells Infected with a Baculovirus Expression Vector", Molecular and Cellular Biology, Dic., 1983, Vol. 3, N° 12, p. 2156-2165; Pennock et al., "Strong and Regulated Expression of Escherichia coli B-Galactosidase in Infect Cells with a Baculovirus vector," Molecular and Cellular Biology Mar. 1984, Vol. 4, N° 3, p. 399-406; EPA0 370 573, solicitud de patente estadounidense N° 920,197, presentada el 16 de Octubre de 1986, publicación de patente EP N° 265785, patente estadounidense N° 4.769.331 (virus del herpes recombinante), Roizman, "The function of herpes simplex virus genes: A primer for genetic engineering of novel vectors," PNAS USA 93:11307-11312, Octubre de 1996, Andreansky et al., "The application of genetically engineered herpes simplex virus to the treatment of experimental brain tumors," PNAS USA 93: 11313-11318, Octubre de 1996, Robertson et al. "Epstein-Barr virus vectors for gene delivery to B lymphocytes", PNAS USA 93: 11334-11340, Octubre 1996, Frolov et al., "Alphavirus-based expression vectors: Strategies and applications," PNAS USA 93: 11371-11377, Octubre 1996, Kitson et al., J. Virol. 65,3068-3075,1991; las patentes de Estados Unidos números. 5.591.439, 5.552.143, WO 98/00166, las solicitudes de Estados Unidos concedidas con números de serie 08/675.556, y 08/675.566 presentadas ambas el 3 de julio de 1996 (adenovirus recombinante), Grunhaus et al., 1992, "Adenovirus as cloning vectors," Seminars in Virology (Vol. 3) p. 237-52, 1993, Ballay et al. EMBO Journal, vol. 4, p. 3861-65, Graham, Tibtech 8,85-87, Abril, 1990, Prevec et al., J. Gen Virol. 70,42434, PCT WO 91/11525, Felgner et al. (1994), J. Biol. Chem. 269,2550-2561, Science, 259: 1745-49,1993 y McClements et al., "Immunization with DNA vaccines encoding glycoprotein D or glycoprotein B, alone or in combination, induces protective immunity in animal models of herpes simplex virus-2 disease", PNAS USA 93: 11414-11420, October 1996, y las patentes estadounidenses N° 5.591.639, 5.589.466 y 5.580.859, así como los documentos WO 90/11092, WO93/19183, WO94/21797, WO95/11307, WO95/20660, Tang et al., Nature y Furth et al. Analytical Biochemistry, relacionados con los vectores de expresión del DNA, entre otros. Véanse también los documentos WO 98/33510; Ju et al., Diabetologia, 41: 736-739,1998 (sistema de expresión lentiviral); Sanford et al., patente estadounidense N° 4.945.050; Fischbach et al. (Intracel), WO 90/01543; Robinson et al., seminars in Immunology vol. 9, pp. 271-283 (1997), (DNA vector systems); Szoka et al.,*

patente estadounidense N° (método para insertar DNA en células vivas); McCormick *et al.*, patente estadounidense N° 5.677.178 (uso de virus citopáticos); y la patente estadounidense N° 5.928.913 (vectores para la administración de genes), así como otros documentos citados en la presente memoria.

- 5 En la práctica de la descripción se usa ventajosamente un vector viral, por ejemplo, elegido entre los virus de herpes de cerdo, tal como el virus de la enfermedad de Aujeszky, adenovirus porcino, virus de la viruela, especialmente virus vaccinia, virus de la viruela aviar, virus de la viruela de los canarios y virus de la viruela porcina, así como vectores de DNA (plásmidos de DNA).

Métodos para producir las proteínas H5 según la presente descripción

- 10 Según otro aspecto, la presente invención proporciona métodos para producir y/o recuperar cantidades elevadas de proteína H5 recombinante, por medio de: i) permitir la infección de células susceptibles cultivadas con un vector viral recombinante que contiene secuencias codificadoras de DNA de la H5, donde la proteína H5 es expresada por el vector viral recombinante, y ii) recuperar a continuación la proteína H5 del cultivo celular. Cantidades elevadas de proteína H5 significan, pero sin estar limitadas a ellas, más de aproximadamente 20 µg/mL de cultivo celular, preferiblemente más de aproximadamente 25 µg/mL, incluso más preferiblemente más de aproximadamente 30 µg/mL, incluso más preferiblemente más de aproximadamente 40 µg/mL, incluso más preferiblemente más de aproximadamente 50 µg/mL, incluso más preferiblemente más de aproximadamente 60 µg/mL, incluso más preferiblemente más de aproximadamente 80 µg/mL, incluso más preferiblemente más de aproximadamente 100 µg/mL, incluso más preferiblemente más de aproximadamente 150 µg/mL y lo más preferiblemente más de aproximadamente 190 µg/mL.

- 20 Según un aspecto preferido, la proteína H5 se recupera recogiendo las células SF+ completas (es decir, intactas) que expresan la proteína H5.

- 25 Las células preferidas son aquellas susceptibles de infección con un vector viral recombinante apropiado que contiene un DNA de H5 y que expresa la proteína H5. Preferiblemente, las células son células de insectos y, más preferiblemente, incluyen las células de insectos vendidas bajo la marca registrada de células de insectos SF+ (Protein Sciences Corporation, Meriden, CT). Los cultivos de células preferidos tienen un recuento celular entre aproximadamente $0,3 - 2,0 \times 10^6$ células/mL, más preferiblemente de aproximadamente $0,35 - 1,9 \times 10^6$ células/mL, todavía más preferiblemente de aproximadamente $0,4 - 1,8 \times 10^6$ células/mL, incluso más preferiblemente de aproximadamente $0,45 - 1,7 \times 10^6$ células/mL, y lo más preferiblemente de aproximadamente $0,5 - 1,5 \times 10^6$ células/mL.

- 30 Los vectores virales preferidos incluyen baculovirus, tal como BaculoGold (BD Biosciences Pharmingen, San Diego, CA), en particular con la condición de que las células de producción sean células de insectos. A pesar de que se prefiere el sistema de expresión de baculovirus, se entiende por los expertos en la técnica que otros sistemas de expresión pueden servir para los fines de la presente descripción, principalmente la expresión de la H5 en el sobrenadante de un cultivo celular. Estos otros sistemas de expresión pueden requerir el uso de una secuencia señal con el fin de producir la expresión de H5 en los medios.

Los medios de crecimiento apropiados también podrán ser determinados por los expertos en la técnica, siendo un medio de crecimiento preferido el medio de células de insecto libre de suero, tal como Excell 420 (JRH Biosciences, Inc., Lenexa, KS) y similares.

- 40 El vector viral recombinante que contiene las secuencias de DNA de la H5 tiene una multiplicidad de infección (conocida generalmente como MOI por sus siglas en inglés: *multiplicity of infection*) preferida de aproximadamente 0,03 - 1,5, más preferiblemente de aproximadamente 0,05 - 1,3, todavía más preferiblemente de aproximadamente 0,09 - 1,1 y lo más preferiblemente de aproximadamente 0,1 - 1,0, cuando se utiliza para la infección de las células susceptibles. Preferiblemente, los valores de MOI mencionados antes se refieren a un mL de fluido del cultivo celular. Preferiblemente, el método descrito en la presente memoria comprende la infección de $0,35 - 1,9 \times 10^6$ células/mL, todavía más preferiblemente de aproximadamente $0,4 - 1,8 \times 10^6$ células/mL, incluso más preferiblemente de aproximadamente $0,45 - 1,7 \times 10^6$ células/mL, y lo más preferiblemente de aproximadamente $0,5 - 1,5 \times 10^6$ células/mL, con un vector viral recombinante que contiene un DNA de la H5 y que expresa la proteína H5 con una MOI (multiplicidad de infección) de aproximadamente 0,03 - 1,5, más preferiblemente de aproximadamente 0,05 - 1,3, todavía más preferiblemente de aproximadamente 0,09 - 1,1 y lo más preferiblemente de aproximadamente 0,1 - 1,0.

- 55 Las células infectadas se incuban luego a lo largo de un periodo de hasta diez días, más preferiblemente de aproximadamente dos días a aproximadamente diez días, todavía más preferiblemente de aproximadamente cuatro días a aproximadamente nueve días, y lo más preferiblemente de aproximadamente cinco días a aproximadamente ocho días. Las condiciones de incubación preferidas incluyen una temperatura de aproximadamente 22 - 32 °C, más preferiblemente de aproximadamente 24 - 30 °C, todavía más preferiblemente de aproximadamente 25 - 29 °C, incluso más preferiblemente de aproximadamente 26 - 28 °C, y lo más preferiblemente aproximadamente 27 °C. Preferiblemente, las células SF+ se observan después de la inoculación en cuanto a cambios característicos inducidos por baculovirus. Una observación de este tipo puede incluir la vigilancia de las tendencias de densidad

celular y la disminución en la viabilidad durante el periodo post - infección. Se encontró que el pico del título viral se observa 3 - 5 días después de la infección y el pico de la expresión de la proteína H5 en las células se obtiene entre los días 5 y 8 y/o cuando la viabilidad de las células desciende a menos del 10%.

Por lo tanto, un aspecto de la presente descripción proporciona un método para producir y/o recuperar proteína H5 recombinante, preferiblemente en las cantidades descritas anteriormente, por medio de i) permitir la infección de un cierto número de células susceptibles (véase anteriormente) en cultivo con un vector viral recombinante con una MOI como se ha definido anteriormente, ii) expresar la proteína H5 mediante el vector viral recombinante, y iii) recuperar a continuación la proteína H5 de las células obtenidas entre los días 5 y 8 después de la infección y/o cuando la viabilidad de las células desciende a menos del 10%. Preferiblemente, el vector viral recombinante es un baculovirus recombinante que contiene secuencias codificadoras de DNA de la H5 y las células son células SF+. Adicionalmente, se prefiere que el cultivo se examine periódicamente en cuanto a signos macroscópicos y microscópicos de contaminación o en cuanto a cambios atípicos en la morfología de la célula durante el periodo post-infección. Se debe desechar cualquier cultivo que presente alguna contaminación.

Para la recuperación de la proteína H5 que se utilizará en una composición inmunogénica o inmunológica, tal como una vacuna, se prefiere la inclusión de una etapa de inactivación con el fin de inactivar el vector viral.

Una "composición inmunogénica o inmunológica" se refiere a una composición de sustancia que comprende al menos un antígeno que induce una respuesta inmunológica en el hospedante de una respuesta inmune celular y/o mediada por anticuerpos a la composición o vacuna de interés. Habitualmente, una "respuesta inmunológica" incluye, pero sin limitarse a ellos, uno o más de los siguientes efectos: la producción o activación de anticuerpos, células B, células T auxiliares, células T supresoras y/o células T citotóxicas y/o células T gamma-delta, dirigidas específicamente a un antígeno o antígenos incluidos en la composición o vacuna de interés. Preferiblemente, el hospedante presentará una respuesta inmunológica terapéutica o protectora, de modo que la resistencia a una nueva infección resultará reforzada y/o la gravedad clínica de la enfermedad quedará reducida. Una protección de este tipo se demostrará por una reducción o carencia de los síntomas presentados normalmente por un hospedante infectado, un tiempo de recuperación más rápido y/o una disminución del título vírico en el hospedante infectado.

Por lo tanto, la presente descripción se refiere también a un método para producir y/o recuperar la proteína H5 recombinante, preferiblemente en las cantidades descritas anteriormente, por medio de i) permitir la infección de un cierto número de células susceptibles (véase anteriormente) en cultivo con un vector viral recombinante con una MOI como se ha definido anteriormente, ii) expresar la proteína H5 mediante el vector viral recombinante, iii) recuperar la proteína H5 expresada en las células obtenidas entre los días 5 y 8 después de la infección y/o cuando la viabilidad de las células desciende a menos del 10%, y iv) inactivar el vector viral recombinante.

Preferiblemente, esta inactivación se hace o bien justo antes o bien justo después de la etapa de filtración, siendo después de la etapa de filtración el tiempo preferido para la inactivación. Para los fines de la presente descripción se puede utilizar cualquier método de inactivación convencional. Así, la inactivación se puede efectuar mediante tratamientos químicos y/o físicos. En formas preferidas, se determina el volumen de los fluidos recolectados y la temperatura se lleva a un intervalo entre aproximadamente 32 - 42 °C, más preferiblemente entre aproximadamente 34 - 40 °C, y lo más preferiblemente entre aproximadamente 35 - 39 °C. Los métodos de inactivación preferidos incluyen la adición de etilenimina binaria (abreviada generalmente como BEI por sus iniciales en inglés: binary ethylenimine) ciclada, preferiblemente en una concentración de aproximadamente 1 a aproximadamente 20 mM, más preferiblemente de aproximadamente 2 a aproximadamente 10 mM, todavía más preferiblemente de aproximadamente 2 a aproximadamente 8 mM, todavía más preferiblemente de aproximadamente 3 a aproximadamente 7 mM y lo más preferiblemente de aproximadamente 5 mM. Por ejemplo, la inactivación incluye la adición a los fluidos de una solución de hidrobromuro de 2 - bromoetilenamina, preferiblemente aproximadamente 0,4 M, que ha sido ciclada a etilenimina binaria (BEI) 0,2 M en NaOH 0,3 N, para dar una concentración final de BEI aproximadamente 5 mM. Preferiblemente, los fluidos se agitan entonces continuamente durante 72 - 96 horas y los fluidos recolectados inactivados se pueden almacenar congelados a - 40 °C o por debajo o entre aproximadamente 1 - 7 °C. Después de haberse completado la inactivación, se añade una solución de tiosulfato de sodio, preferiblemente con una concentración 1,0 M para neutralizar cualquier BEI residual. Preferiblemente, el tiosulfato de sodio se añade en una cantidad equivalente comparada con la BEI añadida antes para la inactivación. Por ejemplo, en el caso de añadir BEI hasta una concentración final 5 mM, se añade una solución de tiosulfato de sodio 1,0 M para dar una concentración mínima final 5 mM para neutralizar toda la BEI residual.

Por lo tanto, un aspecto adicional de la presente descripción se refiere a un método para producir y/o recuperar la proteína H5 recombinante, preferiblemente en las cantidades descritas anteriormente, por medio de i) permitir la infección de un cierto número de células susceptibles (véase anteriormente) en cultivo con un vector viral recombinante con una MOI como se ha definido anteriormente, ii) expresar la proteína H5 mediante el vector viral recombinante, iii) recuperar la proteína H5 expresada en las células obtenidas entre los días 5 y 8 después de la infección y/o cuando la viabilidad de las células desciende a menos del 10%, y iv) inactivar el vector viral recombinante. Preferiblemente, el vector viral recombinante es un baculovirus que contiene secuencias codificadoras de DNA de la H5 y las células son células SF+. Las etapas de inactivación preferidas son las descritas anteriormente. Preferiblemente, la inactivación se efectúa entre aproximadamente 35-39 °C y en presencia de BEI 2 a 8 mM, todavía más preferiblemente en presencia de BEI aproximadamente 5 mM.

De acuerdo con un aspecto adicional de la presente descripción, el método descrito anteriormente incluye también una etapa de neutralización después de la etapa iv). Esta etapa v) comprende añadir una cantidad equivalente de un agente que neutraliza el agente de inactivación en la solución. Preferiblemente, si el agente de inactivación es la BEI, se prefiere la adición de tiosulfato de sodio en una cantidad equivalente. Por lo tanto, según un aspecto adicional, la etapa v) comprende añadir una solución de tiosulfato de sodio hasta una concentración final desde aproximadamente 1 hasta aproximadamente 20 mM, preferiblemente desde aproximadamente 2 hasta aproximadamente 10 mM, todavía más preferiblemente desde aproximadamente 2 hasta aproximadamente 8 mM, todavía más preferiblemente desde aproximadamente 3 hasta aproximadamente 7 mM y lo más preferiblemente de aproximadamente 5 mM, cuando el agente de inactivación es la BEI.

En formas preferidas y, especialmente, en formas que utilizarán la proteína H5 recombinante en una composición inmunogénica, tal como una vacuna, en cada lote de proteína H5 recolectada se analizará la inactivación mediante pases en células de insecto dependientes del anclaje susceptibles al baculovirus, tales como las células Sf9. En una forma preferida de este ensayo, se inoculan 150 cm² de monocapa de cultivo celular apropiado con 1,0 mL de fluidos de H5 inactivados y se mantienen a 25-29 °C durante 14 días con al menos dos pases. Al final del periodo de mantenimiento, se determina en las monocapas celulares el efecto citopatogénico (abreviado generalmente como CPE por sus iniciales en inglés) típico de baculovirus de H5. Preferiblemente, también se utilizan controles positivos de virus. Este tipo de controles pueden consistir en un cultivo de células Sf9 inoculadas con un baculovirus de H5 de referencia no inactivado y un matraz de células Sf9 que permanecen sin inocular. Después de la incubación y de los pases, la ausencia de células infectadas con virus en los fluidos virales tratados con BEI constituiría una prueba de inactivación satisfactoria. Las células de control inoculadas con el virus de referencia deberían presentar un CPE típico de baculovirus de H5 y el matraz no inoculado no debería mostrar evidencia alguna de CPE de baculovirus de H5. Alternativamente, al final del periodo de mantenimiento, las muestras de sobrenadante se podrían recoger e inocular en una placa de 96 pocillos con Sf9, que haya sido cargada con células Sf9, y luego se podrían mantener a 25-29 °C durante 5-6 días. La placa se fija entonces y se tiñe con anticuerpo anti-H5 conjugado con FITC o cualquier anticuerpo marcado dirigido a las proteínas específicas de baculovirus (por ejemplo gp64). La ausencia de CPE, expresión de la H5 o expresión de las proteínas específicas de baculovirus (por ejemplo gp64) en los fluidos virales tratados con BEI constituye una prueba de inactivación satisfactoria. Las células de control inoculadas con el virus de referencia deberían presentar un CPE y actividad IFA y el matraz no inoculado no debería mostrar evidencia alguna de CPE de baculovirus de H5 ni contener actividad IFA.

Por lo tanto, un aspecto adicional descrito en la presente memoria se refiere a un ensayo de inactivación para determinar la eficacia de la inactivación del vector viral de recombinación que expresa la proteína H5, que comprende las etapas de: i) poner en contacto al menos una porción del fluido de cultivo que contiene el vector viral recombinante con un agente inactivante, preferiblemente como se ha descrito anteriormente, ii) añadir un agente de neutralización para neutralizar el agente de inactivación, preferiblemente según se ha descrito anteriormente, y iii) determinar la infectividad residual mediante los ensayos que se han descrito anteriormente.

Después de la inactivación, la cantidad relativa de proteína H5 recombinante en una muestra se puede determinar por varias vías. Los métodos preferidos de cuantificación incluyen densitometría por SDS-PAGE, ELISA y estudios de vacunación en animales que se correlacionan con cantidades conocidas de vacuna con resultados clínicos (serología, etc.). Cuando se usa SDS-PAGE para la cuantificación, el material de la muestra que contiene una cantidad desconocida de proteína H5 recombinante se deposita sobre un gel junto con muestras que contienen diferentes cantidades conocidas de proteína H5 recombinante. Entonces se puede producir una curva patrón basada en las muestras conocidas y se puede determinar la cantidad de H5 recombinante en la muestra desconocida por comparación con esta curva patrón. Como los análisis por ELISA se reconocen generalmente como el patrón industrial para la cuantificación de antígenos, se prefieren para la cuantificación.

Vacunas que comprenden proteínas H5 o moléculas de ácido nucleico o vectores que las codifican

Según un aspecto adicional, la presente descripción se refiere a vacunas o composiciones farmacéuticas en general, que comprenden:

- i. una o más de las proteínas H5 como se han descrito en la presente memoria;
- ii. una o más de las moléculas de ácido nucleico como se han descrito en la presente memoria, que codifican cualquiera de tales proteínas H5; y/o
- iii. uno o más de los vectores como se han descrito en la presente memoria, que incluyen cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico y que codifican cualquiera de tales proteínas H5 como se han descrito en la presente memoria; y
- iv. un vehículo y/o excipiente farmacéuticamente aceptable.

El término "composición farmacéutica" o "composición farmacéutica/vacuna" como se ha descrito en la presente memoria incluye, pero sin limitarse a ellas, vacunas para la reducción o prevención de una infección o una composición de sustancia para el tratamiento y la disminución de una infección.

La preparación de vacunas basadas en ácidos nucleicos, preferiblemente vacunas de cDNA, que codifican la hemaglutinina de la gripe se describen por ejemplo en *Deck et al., Vaccine 1997; 15 (1): 71-78; Ulmer et al., Science 1993; 259: 1745-1749; Ulmer et al., Vaccine 1994; 12 (16):1541-1544*. Cualquiera de estos métodos se puede usar para la producción de vacunas basadas en ácidos nucleicos, preferiblemente vacunas de cDNA, que codifican la proteína H5 de la gripe como se describe en la presente memoria.

Además, una vacuna que comprende una proteína H5 o partes de la misma, como se describe en la presente memoria, se puede producir mediante métodos convencionales, por ejemplo mediante técnicas de expresión recombinante o mediante técnicas bioquímicas de purificación y separación. Los métodos de expresión recombinante, incluyendo la expresión en células de insectos son bien conocidos en la técnica y se describen por ejemplo en *Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Second Edición (1989) Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.; DNA Cloning: A Practical Approach, Volumes I and II (D. N. Glover ed. 1985); Oligonucleotide Synthesis (M. J. Gait ed. 1984); Nucleic Acid Hybridization [B. D. Hames & S. J. Higgins eds. (1985)]; Transcription And Translation [B. D. Hames & S. J. Higgins, eds. (1984)]; Animal Cell Culture [R. I. Freshney, ed. (1986)]; Immobilized Cells And Enzymes [IRL Press, (1986)]; B. Perbal, A Practical Guide To Molecular Cloning (1984); F. M. Ausubel et al. (eds.), Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, Inc. 1994*. Ejemplos adicionales de sistemas de expresión recombinante bien establecidos son los sistemas de expresión bacteriana, tales como *E. coli* o *B. subtilis*, sistemas de expresión basados en levaduras, tales como *S. cerevisiae* o *S. pombe*, o sistemas de expresión de células de mamíferos, tales como los sistemas de expresión basados en BHK, CHO y/o NS0. Tales sistemas son bien conocidos en la técnica y generalmente están disponibles, por ejemplo comercialmente a través de Clontech Laboratories, Inc. 4030 Fabian Way, Palo Alto, California 94303-4607, USA. Otras estrategias de expresión están descritas por ejemplo en *Lüschow et al., Vaccine no. 19 (2001), pp. 4249-4259*, o *Veit et al., PNAS vol. 103 (2006), pp. 8197-8202*. Además, los sistemas víricos adeno-asociados están bien establecidos y se describen por ejemplo en los documentos US 5.436.146 o WO200203872 con referencias adicionales. Además, los sistemas de expresión basados en virus de vaccinia (viruela), por ejemplo como se describen en el documento US 6.265.183 con referencias adicionales, también están bien establecidos y son adecuados para producir antígeno o antígenos recombinantes, composiciones antigénicas y para ser usados según la presente descripción. Sistemas de expresión adecuados adicionales utilizan virus de popova recombinantes, tales como SV40, virus de viruela de las aves de corral, virus de la pseudorrabia y retrovirus.

Las composiciones farmacéuticas/vacunas relevantes descritas en la presente memoria pueden comprender también virus inactivados que comprenden una proteína H5 como se ha descrito en la presente memoria, una versión apatogénica de un virus vivo que comprende una proteína H5 como se ha descrito en la presente memoria, una preparación y/o fragmentos de un virus, donde dicha preparación y/o fragmento comprende una proteína H5 como se ha descrito en la presente memoria.

Los expertos conocen componentes adicionales que pueden formar parte de dichas composiciones/vacunas junto con el antígeno (véase, por ejemplo, *Remington's Pharmaceutical Sciences. (1990). 18ª ed. Mack Publ., Easton*). Los expertos pueden utilizar soluciones estériles inyectables conocidas, fisiológicamente aceptables. Para preparar una solución lista para su uso hay soluciones isotónicas acuosas fácilmente disponibles, tales como, por ejemplo, solución salina o soluciones correspondientes de proteínas en plasma. La composición farmacéutica/vacuna puede estar presente en forma de liofilizados o preparaciones secas, las cuales se pueden reconstituir con una solución inyectable conocida directamente antes del uso en condiciones estériles, por ejemplo en forma de un kit en partes.

Además, las composiciones farmacéuticas/vacunas de la presente descripción pueden incluir uno o más vehículos aceptables desde el punto de vista veterinario. Tal como se emplea en la presente memoria, "un vehículo aceptable desde el punto de vista veterinario" incluye, pero sin limitarse a ellos, disolventes, medios dispersantes, recubrimientos, adyuvantes, agentes estabilizantes, diluyentes, conservantes, agentes antibacterianos y antifúngicos, agentes isotónicos, agentes que retrasan la adsorción y similares.

Los diluyentes pueden incluir agua, solución salina, dextrosa, etanol, glicerol y similares. Los agentes isotónicos pueden incluir cloruro de sodio, dextrosa, manitol, sorbitol y lactosa, entre otros. Los estabilizantes incluyen albúmina y sales alcalinas de ácido etilendiaminetetracético, entre otros.

Un conservante, tal como se utiliza en la presente memoria, se refiere a un agente activo anti-microbiológico tal como, por ejemplo, gentamicina, mertiolato y similares. En particular, la adición de un conservante es lo más preferido para la preparación de una composición en multi-dosis. Esos agentes activos anti-microbiológicos se añaden en concentraciones eficaces para prevenir cualquier contaminación microbiológica de la composición de interés o para la inhibición de cualquier crecimiento microbiológico en la composición de interés.

Los "adyuvantes" como se usan aquí, pueden incluir hidróxido de aluminio y fosfato de aluminio, saponinas por ejemplo, Quil A, QS-21 (Cambridge Biotech Inc., Cambridge MA), GPI-0100 (Galenica Pharmaceuticals, Inc., Birmingham, AL), emulsión agua-en-aceite, emulsión aceite-en-agua, emulsión agua-en-aceite-en-agua, en donde un adyuvante basado en Emulsigen es particularmente preferido según la descripción.

La emulsión se puede basar, en particular, en aceite de parafina líquido ligero (tipo de la Farmacopea Europea); aceite isoprenoide, tal como escalano o escaleno; aceite resultante de la oligomerización de alquenos, en particular

de isobuteno o deceno; ésteres de ácidos o de alcoholes que contienen un grupo alquilo lineal, más particularmente aceites vegetales, oleato de etilo, di-(caprilato/caprato) de propilenglicol, tri-(caprilato/caprato) de glicerilo o dioleato de propilenglicol; ésteres de ácidos grasos o alcoholes ramificados, en particular ésteres de ácido isoesteárico. El aceite se utiliza en combinación con emulsionantes para formar la emulsión. Los emulsionantes son preferiblemente tensioactivos no iónicos, en particular ésteres de sorbitán, de manida (por ejemplo, oleato de anhidromanitol), de glicol, de poliglicerol, de propilenglicol y de ácido oleico, isoesteárico, ricinoleico o hidroxiesteárico, que están opcionalmente etoxilados, y copolímeros de bloques de polioxipropileno-polioxietileno, en particular los productos Pluronic, especialmente L121. Véase Hunter *et al.*, *The Theory and Practical Application of Adjuvants* (Ed. Stewart-Tull, D.E.S.), *John Wiley and Sons*, NY, págs. 51-94 (1995) y Todd *et al.*, *Vaccine* 15: 564-570 (1997). Ejemplos de emulsiones adecuadas de aceite-en-agua son los adyuvantes basados en Emulsigen, tales como EMULSIGEN®, EMULSIGEN-D®, EMULSIGEN-P®, EMULSIGEN-75® (MVP Laboratories, Inc. Omaha, NE, Estados Unidos). Sorprendentemente, se ha encontrado que las composiciones farmacéuticas/vacunas que comprenden una proteína H5, preferiblemente una proteína H5 recombinante como se ha descrito en la presente memoria, se han preparado de forma eficaz con emulsiones de aceite-en-agua como adyuvantes, preferiblemente con tales adyuvantes basados en Emulsigen, más preferiblemente con EMULSIGEN® y EMULSIGEN-D®.

Además, es posible utilizar la emulsión SPT descrita en la página 147 de "*Vaccine Design, The Subunit and Adjuvant Approach*" editada por M. Powell and M. Newman, Plenum Press, 1995, y la emulsión MF59 descrita en la página 183 de este mismo libro.

Un ejemplo adicional de un adyuvante es un compuesto elegido entre los polímeros de ácido acrílico o metacrílico y los copolímeros de anhídrido maleico y derivado de alqueniolo. Compuestos adyuvantes ventajosos son los polímeros de ácido acrílico o metacrílico que están reticulados, especialmente con polialqueniolo-éteres de azúcares o polialcoholes. Estos compuestos se conocen con el nombre de carbómeros (Pharmeuropa, vol. 8, n° 2, junio de 1996). Los expertos en la técnica pueden consultar también la patente de Estados Unidos n° 2.909.462 que describe polímeros acrílicos de este tipo, reticulados con un compuesto polihidroxilado que tiene al menos 3 grupos hidroxilo, preferiblemente no más de 8, estando reemplazados los átomos de hidrógeno de al menos tres hidroxilos por radicales alifáticos insaturados que tienen al menos 2 átomos de carbono. Los radicales preferidos son los que contienen de 2 a 4 átomos de carbono, por ejemplo, vinilos, alilos y otros grupos etilénicamente insaturados. Los propios radicales insaturados pueden contener también otros sustituyentes, tales como metilo. Los productos vendidos con el nombre de Carbopol; (BF Goodrich, Ohio, Estados Unidos) son particularmente apropiados. Están reticulados con una alisacarosa o con alilpentaeritritol. Entre ellos, se pueden mencionar Carbopol 974P, 934P y 971P. El más preferido es el uso de Carbopol 971P. Entre los copolímeros de anhídrido maleico y derivado de alqueniolo, los copolímeros EMA (Monsanto) que son copolímeros de anhídrido maleico y etileno. La disolución de estos polímeros en agua produce una solución ácida que será neutralizada, preferiblemente hasta un pH fisiológico, con el fin de obtener la solución de adyuvante en la que se incorporará la propia composición inmunógena, inmunológica o vacuna.

Adyuvantes adecuados adicionales incluyen, pero sin estar limitados a ellos, el sistema adyuvante RIBI (Ribi Inc.), co-polímero de bloques (CytRx, Atlanta GA), SAF-M (Chiron, Emeryville CA), monofosforil-lípido A, adyuvante de lípido-amina Avridina, enterotoxina térmicamente lábil procedente de *E. coli* (recombinante o de otro modo), toxina del cólera o dipéptido muramilo, entre muchos otros.

Preferiblemente, el adyuvante se añade en una cantidad desde aproximadamente 100 µg hasta aproximadamente 10 mg por dosis. Incluso más preferiblemente, el adyuvante se añade en una cantidad desde aproximadamente 100 µg hasta aproximadamente 10 mg por dosis. Incluso más preferiblemente, el adyuvante se añade en una cantidad desde aproximadamente 500 µg hasta aproximadamente 5 mg por dosis. Incluso más preferiblemente, el adyuvante se añade en una cantidad desde aproximadamente 750 µg hasta aproximadamente 2,5 mg por dosis. Lo más preferido, el adyuvante se añade en una cantidad de aproximadamente 1 mg por dosis.

Las composiciones farmacéuticas/vacunas pueden incluir además uno o más de otros agentes inmunomoduladores, tales como por ejemplo, interleucinas, interferones u otras citocinas. Las composiciones farmacéuticas/vacunas también pueden incluir gentamicina y mertiolato. Aunque las cantidades y concentraciones de los adyuvantes y aditivos útiles en el contexto de la presente descripción pueden ser fácilmente determinadas por los expertos en la técnica, la presente descripción contempla composiciones que comprenden de aproximadamente 50 µg a aproximadamente 2000 µg de adyuvante y preferiblemente aproximadamente 250 µg/mL de dosis de la composición de vacuna. En otra realización preferida, la presente descripción contempla composiciones de vacuna que comprenden desde aproximadamente 1 µg/mL hasta aproximadamente 60 µg/mL de antibióticos, y más preferiblemente menos de aproximadamente 30 µg/mL de antibióticos.

Por lo tanto, según un aspecto adicional, la presente descripción se refiere también a una composición farmacéutica/vacuna que comprende:

- I) una cantidad terapéuticamente eficaz de una cualquiera de las proteínas H5 del virus gripal como se ha descrito anteriormente,
- II) y adyuvantes farmacéuticamente aceptables como se han descrito anteriormente.

Preferiblemente, el adyuvante se elige entre el grupo que consiste en:

- a) EMULSIGEN®, una emulsión de aceite-en-agua (abreviada generalmente como o/w);
 - b) EMULSIGEN-D®, una emulsión de aceite-en-agua (o/w) con bromuro de dimetildiocetadecilamonio (DDA);
 - c) un Poligen, un copolímero;
 - 5 d) EMULSIGEN-P®, una emulsión de aceite-en-agua (o/w) con un inmunoestimulante patentado
 - e) Carbigen, un polímero reticulado
 - f) EMULSIGEN-75®, un adyuvante doble que comprende una emulsión de aceite-en-agua (o/w) con un polímero reticulado
 - g) ISA 70, una emulsión de agua-en-aceite (w/o)
- 10 Más preferiblemente, el adyuvante es una emulsión de aceite-en-agua tal como un adyuvante basado en un emulsigen elegido entre el grupo que consiste en EMULSIGEN®, EMULSIGEN-D®, EMULSIGEN-P®, EMULSIGEN-75®, EMULSIGEN® y EMULSIGEN-P®. Más preferiblemente, se usan EMULSIGEN® y EMULSIGEN-P® en la formulación de la presente descripción.
- 15 Según un aspecto adicional, las composiciones farmacéuticas/vacunas como se proporcionan en la presente memoria comprenden uno o más antígenos. Preferiblemente, este antígeno adicional es un antígeno de un patógeno de ave de corral o de mamífero. Según aspecto adicional, este antígeno adicional es un antígeno de gripe adicional, tal como hemaglutinina H3, H7, H9 o cualquier otra hemaglutinina del virus gripal. El antígeno o antígenos adicionales se pueden añadir en una forma purificada, como parte de una preparación antigénica, en forma de un microorganismo muerto o en forma de un microorganismo vivo modificado.
- 20 El término "antígeno", como se usa en la presente memoria, significa, pero sin limitarse a ellos, péptidos, polipéptidos, glicopéptidos o polisacáridos que son capaces de interactuar específicamente con una molécula del sistema inmune de reconocimiento de un antígeno, tal como una inmunoglobulina (anticuerpo) o receptor antigénico de células T con el fin de inducir, activar o estimular una respuesta inmunitaria dirigida a dicho antígeno en un hospedante al que se le administra dicho antígeno. El término "antígeno" se refiere también a moléculas de ácido nucleico, preferiblemente moléculas de DNA o RNA, cada una de las cuales codifica y expresa un péptido,
- 25 polipéptido o glicopéptido que es capaz de interactuar específicamente con una molécula de reconocimiento de un antígeno del sistema inmune, tal como una inmunoglobulina (anticuerpo) o receptor antigénico de células T con el fin de inducir, activar o estimular una respuesta inmune frente al antígeno que es codificado por la molécula de ácido nucleico. El antígeno usado para la preparación de la composición farmacéutica que se usa según la descripción es un microorganismo o una parte y/o preparación antigénica de dicho microorganismo. En este sentido, el término "inmunización", como se usa en la presente memoria, significa, pero sin estar limitado a ello, cualquier causa o aumento de una respuesta inmune. El término "respuesta inmune" ya ha sido descrito anteriormente.
- 30 Las estrategias de administración de las vacunas de la gripe son bien conocidas en la técnica. Se contemplan estrategias de vacunación por vía mucosal para las vacunas de virus inactivados y atenuados. Aunque la mucosa puede ser el objetivo para la administración local de una vacuna, se han empleado diferentes estrategias para la administración de proteínas inmunogénicas a la mucosa.
- 35 En un aspecto específico, la vacuna se puede administrar mezclada o como un conjugado o proteína de fusión quimérica con toxina del cólera, tal como toxina B del cólera o una toxina quimérica A/B del cólera (*Hajishengallis, J Immunol.*, 154: 4322-32, 1995; *Jobling y Holmes, Infect Immun.*, 60: 4915-24, 1992). Se han descrito vacunas para vía mucosal basadas en el uso de la subunidad B de la toxina del cólera (*Lebens and Holmgren, Dev Biol Stand* 82: 215-27, 1994). En otro aspecto, se puede preparar una mezcla con una enterotoxina térmicamente lábil (LT) para la vacunación por vía mucosal.
- 40 Otras estrategias de inmunización por vía mucosal incluyen encapsular el virus en microcápsulas (véanse los documentos US 5.075.109, US 5.820.883 y US 5.853.763) y usar un vehículo membranoso inmunopotenciador (véase el documento WO 98/0558). La inmunogenicidad de los inmunógenos administrados oralmente puede ser mejorada usando glóbulos rojos sanguíneos (rbc) o rbc fantasmas (véase el documento US 5.643.577) o usando un antígeno de la enfermedad de la lengua azul (véase el documento US 5.690.938).
- 45 Según otro aspecto, la presente descripción se refiere a un método para preparar una composición farmacéutica/vacuna como se ha descrito anteriormente, preferiblemente un método para producir una vacuna que comprende una proteína H5 recombinante expresada en baculovirus, como se ha descrito anteriormente. Generalmente, este método incluye las etapas de transfectar un constructo en un virus, donde el constructo comprende i) cDNA de H5 recombinante como se ha descrito en la presente memoria, ii) infectar las células en medios de crecimiento con el virus transfectado, iii) hacer que el virus exprese la proteína H5 recombinante como se ha descrito en la presente memoria, iv) recuperar la proteína H5 expresada a partir del cultivo, y v) preparar la
- 50

composición por mezcla de la proteína H5 expresada con un adyuvante adecuado y/u otro vehículo farmacéuticamente aceptable.

Los adyuvantes preferidos son los descritos anteriormente. Por lo tanto, según un aspecto adicional, el método para preparar una composición antigénica tal como, por ejemplo, una vacuna, para producir una respuesta inmune frente a las infecciones de gripe comprende i) preparar y recuperar una proteína H5, y ii) mezclar ésta con un adyuvante adecuado.

Además, las composiciones para vacuna de la presente descripción pueden incluir también diluyentes, agentes isotónicos, estabilizantes y/o conservantes. Los diluyentes pueden incluir agua, solución salina, dextrosa, etanol, glicerol y similares. Los agentes isotónicos pueden incluir sales inorgánicas u orgánicas, por ejemplo cloruro de sodio, dextrosa, manitol, sorbitol y lactosa, sacáridos, trehalosa, manitol y sacarosa, entre otros. Los estabilizantes incluyen albúmina y sales alcalinas de ácido etilendiaminotetracético, entre otros. Los adyuvantes adecuados son los descritos anteriormente.

Uso medicinal de cualquiera de dichas proteínas H5, moléculas de ácido nucleico, vectores y vacunas

Las proteínas H5 como se proporcionan en la presente memoria, las moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, los vectores que comprenden cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, como se han descrito en la presente memoria, y cualquier composición farmacéutica/vacuna que comprende cualquiera de dichas proteínas H5, moléculas de ácido nucleico o vectores, se pueden usar como un medicamento, preferiblemente para el tratamiento y la profilaxis de infecciones producidas por el virus gripal, más preferiblemente por el virus gripal A. Las proteínas H5 como se proporcionan en la presente memoria, las moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, los vectores que comprenden cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, como se han descrito en la presente memoria, y cualquier composición farmacéutica/vacuna que comprende cualquiera de dichas proteínas H5, moléculas de ácido nucleico o vectores, como se han descrito en la presente memoria, se pueden usar para el tratamiento o la profilaxis de seres humanos, así como en medicina veterinaria. Cuando se usan en medicina veterinaria, se prefiere el tratamiento de aves de corral, preferiblemente pájaros, pollos, patos, pavos y similares, así como de mamíferos, preferiblemente cerdos, ganado vacuno, caballos, focas, camellos, perros, gatos, hámster, ratones y similares.

Por lo tanto, según otro aspecto, la presente descripción se refiere al uso de las proteínas H5 como se proporcionan en la presente memoria, de las moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, de los vectores que comprenden cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, como se han descrito en la presente memoria, y de cualquier composición farmacéutica/vacuna que comprende cualquiera de dichas proteínas H5, moléculas de ácido nucleico o vectores, como se han descrito en la presente memoria, que se pueden usar como un medicamento, preferiblemente para seres humanos y/o como medicina veterinaria.

Además, las proteínas H5 como se proporcionan en la presente memoria, las moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, los vectores que comprenden cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, como se han descrito en la presente memoria, se pueden usar en la preparación de una composición farmacéutica, como se ha descrito en la presente memoria, para la profilaxis o el tratamiento de infecciones causadas por la gripe viral. Como se ha mencionado anteriormente, estas composiciones farmacéuticas/vacunas se pueden usar para el tratamiento y/o la profilaxis de seres humanos así como para el tratamiento y/o la profilaxis de animales, tales como aves de corral, preferiblemente pájaros, pollos, patos, pavos y similares, así como mamíferos, preferiblemente cerdos, ganado vacuno, caballos, focas, camellos, perros, gatos, hámster, ratones y similares.

Según la descripción, se prefiere el uso de la proteína H5 como se describe aquí para la preparación de una composición farmacéutica para la profilaxis o tratamiento de infecciones causadas por la gripe viral, preferiblemente debidas a infecciones con H5N1 de origen norteafricano, en particular debidas a infecciones con un virus que comprende una proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia, con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40, preferiblemente con las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40. El uso de las proteínas H5 codificadas por las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40 es particularmente preferido.

Se entiende por tanto que el término "H5N1 de origen norteafricano" según la descripción se dirige en particular a un virus H5N1 que comprende la proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40. Preferiblemente el término "H5N1 de origen norteafricano" según la descripción se dirige en particular a un virus H5N1 que comprende la proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 o 40. Según otra realización preferida, el término

"H5N1 de origen norteafricano" según la invención se dirige en particular a un virus H5N1 que comprende una proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia con la secuencia indicada en la SEQ ID NO: 13. Según otra realización preferida, el término "H5N1 de origen norteafricano" según la invención se dirige en particular a un virus H5N1 que comprende una proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia con la secuencia indicada en la SEQ ID NO: 8.

Por consiguiente, la frase "infección o infecciones con H5N1 de origen norteafricano" como se describe en esta memoria, se refiere en particular a una infección con dicho virus.

La descripción se dirige además al uso de la molécula de ácido nucleico según la descripción, tal como una molécula de ácido nucleico que comprende o consiste en una cualquiera de las secuencias de ácido nucleico indicadas en las SEQ ID NOs: 41 a 43, para la preparación de una composición farmacéutica para la profilaxis o tratamiento de infecciones causadas por la gripe viral, preferiblemente causadas por H5N1 de origen norteafricano, en particular causadas por un virus que comprende la proteína H5 con al menos 95%, preferiblemente 96%, más preferiblemente 97%, aún más preferiblemente 98%, todavía más preferiblemente 99% o en particular preferiblemente 100% de identidad de secuencia con una cualquiera de las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 40, donde las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 8, 13 y 40 son particularmente preferidas.

Asimismo, la descripción comprende el uso del vector según la descripción para la preparación de una composición farmacéutica para la profilaxis o tratamiento de infecciones causadas por la gripe viral, preferiblemente causadas por H5N1 de origen norteafricano. En particular el vector codifica alguna proteína H5 como se ha descrito.

Las proteínas H5 como se proporcionan en la presente memoria, las moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, los vectores que comprenden cualquiera de dichas moléculas de ácido nucleico que codifican cualquiera de dichas proteínas H5, como se han descrito en la presente memoria, se pueden usar para la preparación de una composición farmacéutica, como se ha descrito en la presente memoria, y son adecuadas para el tratamiento y la profilaxis de infecciones de gripe viral, que preferiblemente están causadas por el virus de la gripe aviar, porcina o humana, o cualquiera de sus combinaciones o híbridos.

Según un aspecto adicional, la presente descripción se refiere también a un método para el tratamiento o la profilaxis de infecciones del virus gripal, donde el método comprende la administración de una cantidad terapéuticamente eficaz de la proteína H5, como se ha descrito en la presente memoria, a un sujeto que necesita dicho tratamiento. Además, la presente descripción se refiere también a un método para el tratamiento y/o la profilaxis de infecciones por el virus gripal, donde el método comprende la administración de una cantidad terapéuticamente eficaz de cualquier molécula de ácido nucleico o vector de la H5, como se han descrito en la presente memoria, que codifica cualquier proteína H5, como se ha descrito en la presente memoria, a un sujeto que necesita dicho tratamiento. Además, la presente descripción se refiere también a un método para el tratamiento y/o la profilaxis de infecciones del virus gripal, donde el método comprende la administración de una cantidad terapéuticamente eficaz de la vacuna que comprende cualquier proteína H5, molécula de ácido nucleico o vector, como se han descrito en la presente memoria, a un sujeto que necesita dicho tratamiento. El sujeto que lo necesita puede ser un ser humano así como un animal, preferiblemente ave de corral, incluso más preferiblemente un pájaro, pollo, pato o pavo, o un mamífero, preferiblemente cerdo, ganado vacuno, caballo, foca, camello, perro, gato, hámster, ratón y similares.

Preferiblemente, cuando se vacunan pollos, la proteína H5, como se describe en la presente memoria, se puede usar para la vacunación a la edad de 1 día o más tarde, por ejemplo en el décimo día, o entre el día 1 y el 10, o en el décimo día o más tarde.

Preferiblemente, la infección de la gripe que se puede tratar mediante la administración de cualquier proteína H5, de la molécula de ácido nucleico o del vector que codifica cualquiera de dichas proteínas H5, o de cualquier composición farmacéutica/vacuna, como se ha descrito en la presente memoria, está causada por un virus gripal aviar, porcina o humana o cualquiera de sus combinaciones o híbridos.

Según otro aspecto, la presente descripción se refiere a un kit en partes que comprende i) cualquiera de dichas proteínas H5, como se han descrito en la presente memoria, la molécula de ácido nucleico o el vector que codifica cualquiera de dichas proteínas H5, o cualquier composición farmacéutica/vacuna que comprende cualquiera de dichas proteínas H5, moléculas de ácido nucleico o vectores como se han descrito en la presente memoria, y ii) un prospecto que indica el uso de dicha proteína H5, molécula de ácido nucleico, vector o vacuna para el tratamiento o la profilaxis de infecciones causadas por el virus gripal. Cuando se vacunan pollos, la proteína H5 como se describe en la presente memoria se puede usar para la vacunación con 1 día de edad o más tarde.

Según un aspecto adicional, este kit en partes comprende al menos un antígeno adicional de un patógeno de ave de corral o de mamífero y la información que indica el uso medicinal, humano o veterinario, de dicho antígeno adicional.

Ejemplos

Los siguientes ejemplos indican los materiales y procedimientos preferidos de acuerdo con la presente invención. Se debe entender, sin embargo, que estos ejemplos se proporcionan solamente a modo de ilustración, y nada en ellos se debe considerar una limitación del alcance global de la invención.

5 Ejemplo 1

A. Información molecular sobre aislados egipcios

Esta información se basa en el esquema de clasificación propuesto por Dr. G. Cattoli. Se ha notificado hace tiempo la presencia del subclado 2.2.1 del AIV H5N1 HP en el área del norte de África. Actualmente, la variación genética ha dado un salto a los sublinajes A y B, que estaban circulando en Egipto durante 2010. La clasificación mencionada antes sigue las recomendaciones internacionales disponibles en:

http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/guidelines/nomenclature/en/

a) Homología entre los aislados del norte de África.

Considerando las secuencias del gen de hemaglutinina H5 en muestras positivas de 2010, las distancias de los nucleótidos en parejas dentro de cada linaje están en el intervalo de 0,5 a 1,4, que es menor del 1,5% (las secuencias tienen una similitud superior al 98,5%).

Los valores anteriores, siguen el criterio definido para clasificar nuevos aislados como posibles sublinajes, según las guías de la OMS/FAO/OIE.

El porcentaje de similitud entre secuencias del sublinaje A y del sublinaje B, del subclado 2.2.1 que circulaban en el norte de África en 2010, está entre 96-98%.

b) Diferencias entre aislados de H5N1 egipcios frente a otros H5N1.

En la siguiente tabla se encuentran los porcentajes de similitud de secuencias representativas de los sublinajes A y B del H5N1 de la gripe aviar altamente patógeno (HPAI) de 2010, que circula actualmente en el norte de África, en comparación con las correspondientes secuencias de las cepas prototipo del H5N1.

Cepa representativa	Sublinaje A	Sublinaje B
Subclado 1 (Vietnam-1304-2004)	94,5	93,3
Subclado 2.3.4 (Anhui-1-2005)	94,3	92,8
Subclado 2.1 (Indonesia-5-2005)	94,8	94

c) Secuencias de aminoácidos;

Las 38 secuencias proporcionadas por IZSve (Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie) se encuentran a continuación y en el listado de secuencias.

B. Criterios de identificación para la selección de cepas de vacuna, motivos relevantes en la secuencia

Criterio 1

Distancias genéticas relacionadas con el análisis filogenético. La separación de taxones en un árbol filogenético es el soporte para deducir los aislados relacionados más distantes según la secuencia HA H5. Se seleccionaron los aislados más distantes.

Criterio 2

Frecuencia de cada sublinaje en el muestreo de 2010. No está relacionada con la medida en que las muestras representan la circulación de campo del virus H5N1 HPAI. La prevalencia de cada sublinaje en el conjunto de datos de 2010 fue la base para recoger los aislados y proponerlos como nuevas cepas de ataque.

Además, se utilizó el análisis basado en las secuencias para confirmar los hallazgos filogenéticos. Asimismo, los cambios en la secuencia HA de H5 dentro o alrededor del sitio de unión al receptor (RBS) se consideraron importantes para definir nuevas cepas de vacuna. En la imagen que sigue (FIG. 1, explicación bajo C.), se muestra la variación de la secuencia del antígeno.

Se espera que la secuencia de consenso combine las propiedades de todas las secuencias disponibles. Esto es, en el caso en que la secuencia de consenso no exista en la naturaleza por razones desconocidas, la plataforma de expresión utilizada para la vacuna, ofrece la oportunidad de expresar una proteína que podría proporcionar

características antigénicas únicas.

Tabla 1. Posición de las diferencias de AA entre el subclado A (1709-1) y el subclado B (1709-6) en su emergencia

HA	3	90	RBS									
			126	136	139	156	157	160	178	181	200	242
1709-1	E	P	H	N	S	R	S	F	R	N	A	M
1709-6	K	S	R	S	P	G	P	Y	K	H	E	V

Tabla 2. Posición de las diferencias de AA en el subclado B entre la cepa prototipo de 2008 (1709-6) y algunos aislados del subclado B (1556) recientes (2010)

	61	87	99	131	145	155	158	170	171	172	175	193	201	204	205	208	214	215	233	235	254	267	277	291	295
1709-6	D	L	I	Q	S	G	G	D	N	A	K	D	A	T	L	Q	I	V	S	S	A	E	D	N	I
1553-2	G	P	I	Q	L	G	G	N	D	T	E	N	E	K	I	K	V	V	S	S	T	E	D	S	I
1553-6	D	P	T	K	L	G	E	N	N	T	E	D	E	T	I	K	I	V	S	S	T	E	D	S	V
1553-13	D	P	I	K	L	R	G	N	N	T	K	D	E	T	I	K	I	V	S	S	T	E	D	N	I
1553-26	D	P	I	K	L	G	G	N	N	T	E	D	E	T	I	K	I	I	S	R	T	E	D	N	I
1553-28	D	P	I	Q	L	G	E	N	N	T	E	D	E	K	I	K	I	V	P	S	T	K	S	S	I

	303	341	378	384	421	462	489	495	510	540	548	549	553	diferencias de aa en comparación con 1709-6	
1709-6	S	T	S	K	R	K	R	M	E	A	M	V	F		
1553-2	T	G	S	K	K	R	R	M	E	A	M	V	F	19 AA	
1553-6	S	G	S	R	K	K	R	I	E	A	I	V	F	19 AA	
1553-13	S	G	S	K	K	K	R	M	E	A	M	M	F	13 AA	
1553-26	S	G	S	K	K	K	R	M	E	A	M	M	F	15 AA	
1553-28	S	G	T	K	K	R	K	M	K	T	M	V	S	23 AA	

C. Criterios de identificación para la selección de cepas de ataque, motivos relevantes en la secuencia

Los criterios para la selección de las cepas de ataque fueron esencialmente los mismos criterios de las cepas de vacuna mencionadas anteriormente.

10 Criterio 1.

Distancias genéticas relacionadas con el análisis filogenético. La separación de taxones en un árbol filogenético es el soporte para deducir los aislados relacionados más distantes según la secuencia HA H5. Se seleccionaron los aislados más distantes.

Criterio 2.

15 Frecuencia de cada sublinaje en el muestreo de 2010. No está relacionada con la medida en que las muestras representan la circulación de campo del virus H5N1 HPAI. La prevalencia de cada sublinaje en el conjunto de datos de 2010 fue la base para recoger los aislados y proponerlos como nuevas cepas de ataque.

Además, se utilizó el análisis basado en las secuencias para confirmar los hallazgos filogenéticos. Asimismo, los cambios en la secuencia HA de H5 dentro o alrededor del sitio de unión al receptor (RBS) se consideraron importantes para definir nuevas cepas de vacuna o de ataque. En la figura que sigue se muestra la variación de la secuencia.

La Tabla 1 representa la posición de las diferencias de AA (aminoácidos) entre el subclado A (1709-1) y el subclado B (1709-6) en su emergencia, y la Tabla 2 representa la posición de las diferencias de AA en el subclado B entre la cepa prototipo de 2008 (1709-6) y algunos aislados del subclado B (1553) recientes (2010).

D. Construcción de un baculovirus recombinante que codifica y expresa antígenos de la H5 HA

El baculovirus recombinante que contiene el antígeno de la HA H5 se genera como sigue: las secuencias codificadoras de la HA H5 (SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 40) se sintetizan químicamente y se subclonan en el vector de transferencia pVL1392 (BD Biosciences Pharmingen, San Diego, CA). Los plásmidos pVL1392 que contienen los genes que codifican cada antígeno HA H5 son entonces co-transfectados con DNA de baculovirus DiamondBac® (Sigma) a células de insectos Sf9 (BD Biosciences Pharmingen) para generar el baculovirus recombinante que contiene los genes HA H5. Los baculovirus recombinantes que contienen los genes que codifican HA H5 se purifican en placas y los Virus de Siembra Master (MSVs) se propagan sobre la línea celular SF+, se dividen en alícuotas, y se conservan a -70 °C. Las células de insectos infectadas con baculovirus HA H5 como se ha descrito antes para generar MSV o Virus de Siembra de Trabajo expresan el antígeno HA H5 como se detecta mediante anticuerpos séricos monoclonales o policlonales en un ensayo indirecto de anticuerpos fluorescentes o de transferencia Western.

Después de sembrar con las cantidades apropiadas de baculovirus recombinantes (HA H5 para cada secuencia de antígeno, respectivamente), se incuban entonces los matraces giratorios que contienen las células SF+ (Protein Sciences, Inc., Meriden, CT) a 27 ± 2 °C durante 7 días y con agitación a 100 rpm durante este tiempo. Los matraces utilizaron tapones ventilados para permitir el flujo de aire. Se recogen de cada cultivo, el cultivo celular completo crudo que contiene las células SF+ infectadas por baculovirus y los sobrenadantes del cultivo celular.

E. Datos sobre la HI, respuesta serológica de los aislados egipcios frente a la vacuna H5 BEST (por sus iniciales en inglés, Baculovirus Expression System Technology) (construcción actual)

En la siguiente tabla, se encuentran los valores de los títulos HI y los correspondientes GMT (títulos como media geométrica), para grupos de pollos vacunados con la vacuna AI BEST + KV ND (Tecnología de sistema de expresión de baculovirus y enfermedad de Newcastle, virus muertos) a los 3 meses de edad. Los mismos grupos experimentales se enfrentaron con las cepas egipcias H5N1 HPAI mencionadas y se incluye el nivel de protección para confirmar que el nivel de anticuerpos está correlacionado con un alto grado de protección.

La siguiente tabla representa: Prototipos de vacuna que contienen el antígeno HA H5 que producen una buena respuesta inmunitaria. Títulos HI, como medida de los niveles de anticuerpos, procedentes de pollos vacunados a los 10 días de edad presentaron valores por encima del logaritmo en base 2 de 4. En la tabla, se muestran los datos originales de cada animal vacunado y el correspondiente GMT por grupo. Se confirmó el nivel de anticuerpos para los dos grupos que confirió protección antes del enfrentamiento utilizando las cepas que se muestran en la parte inferior. Las cepas incluían un aislado de campo reciente de 2010 del AIV H5N1 HP ("1553-2"), y de la cepa oficial ("1709-6") que el gobierno egipcio utiliza para evaluar los lotes de vacuna.

Grupo 1A		Grupo 1C	
Antígeno	H5BEST	Antígeno	H5BEST
ID. Animal	Log ₂ título HI	ID. Animal	Log ₂ título HI
1	7	14	7
5	8	15	6
6	7	16	7
7	7	17	6
8	7	23	7
9	8	24	7
10	6	26	7
11	7	28	9
12	7	29	7
13	8	30	7
GMT	7,2	GMT	7
GRUPO	Tasa de supervivencia	Virus de ataque	
1A	90%	A/chicken/Egypt/1553-2/2010	
1C	90%	A/chicken/Egypt/1709-6/2008	

Ejemplo 2

Preparación de composiciones farmacéuticas (vacunas) que comprenden diferentes antígenos HA H5

- 5 Se recoge la proteína HA H5 cruda de células completas expresada en células de insectos mediante un sistema de expresión basado en baculovirus. Se inactivan los baculovirus en presencia de etilenimina binaria ciclada (BEI) 10 mM (concentración final) entre aproximadamente 32 y 39 °C durante 72 a 96 horas. Una vez completada la inactivación se añade una solución 0,3 M de tiosulfato de sodio hasta una concentración final 10 mM para neutralizar la BEI residual. Después de la neutralización se añaden varios adyuvantes y se generan las siguientes composiciones farmacéuticas/vacunas.

VACUNAS

Nombre genérico del producto	501
Antígeno	Proteína HA H5 de clado A cruda de célula completa expresada en células de insecto mediante un sistema de expresión basado en baculovirus.
Formulación	Una vacuna experimental que comprende células de insecto cultivadas y sobrenadante que expresan la HA H5 recombinante. La vacuna lleva como adyuvante Emulsigen.
Nombre genérico del producto	502
Antígeno	Proteína HA H5 de clado A cruda de célula completa expresada en células de insecto mediante un sistema de expresión basado en baculovirus.
Formulación	Una vacuna experimental que comprende células de insecto cultivadas y sobrenadante que expresan la HA H5 recombinante. La vacuna lleva como adyuvante Emulsigen-D.
Nombre genérico del producto	503
Antígeno	Proteína HA H5 de clado A cruda de célula completa expresada en células de insecto mediante un sistema de expresión basado en baculovirus.
Formulación	Una vacuna experimental que comprende células de insecto cultivadas y sobrenadante que expresan la HA H5 recombinante. La vacuna lleva como adyuvante Polygen.
Nombre genérico del producto	504
Antígeno	Proteína HA H5 de clado A cruda de célula completa expresada en células de insecto mediante un sistema de expresión basado en baculovirus.
Formulación	Una vacuna experimental que comprende células de insecto cultivadas y sobrenadante que expresan la HA H5 recombinante. La vacuna lleva como adyuvante Emulsigen-P.
Nombre genérico del producto	505
Antígeno	Proteína HA H5 de clado A cruda de célula completa expresada en células de insecto mediante un sistema de expresión basado en baculovirus.
Formulación	Una vacuna experimental que comprende células de insecto cultivadas y sobrenadante que expresan la HA H5 recombinante. La vacuna lleva como adyuvante Carbigen.
Nombre genérico del producto	506
Antígeno	Proteína HA H5 de clado A cruda de célula completa expresada en células de insecto mediante un sistema de expresión basado en baculovirus.

Formulación	Una vacuna experimental que comprende células de insecto cultivadas y sobrenadante que expresan la HA H5 recombinante. La vacuna lleva como adyuvante Emulsigen-75.
Nombre genérico del producto	507
Antígeno	Proteína HA H5 de clado A cruda de célula completa expresada en células de insecto mediante un sistema de expresión basado en baculovirus.
Formulación	Una vacuna experimental que comprende células de insecto cultivadas y sobrenadante que expresan la HA H5 recombinante. La vacuna lleva como adyuvante ISA 70.

La Serie 501 a 507 corresponde al mismo antígeno HA H5 clado A formulado utilizando siete adyuvantes diferentes. La Serie 508-514 es la serie que corresponde al antígeno HA H5 clado B. La Serie 515-521 es la serie que corresponde al antígeno HA H5 clado de consenso. La Serie 522-528 es la serie que corresponde al antígeno HA H5 clado de la OMS.

Ejemplo 3

Vacunación de aves contra la gripe aviar

Introducción

El propósito de este estudio es determinar la capacidad de las vacunas experimentales que contienen un extracto crudo de antígeno de la hemaglutinina H5 recombinante para inducir los títulos de inhibición de la hemaglutinación (HI) en los pollos y proporcionar protección frente al ataque con el virus gripal aviar (AIV) H5N1 altamente patógeno (HP). En adición, se utiliza como control una vacuna convencional inactivada Volvac® AI (Boehringer Ingelheim Vetmedica, Mexico).

Diseño del estudio:

Se vacunan aves SPF (15-25) independientemente con diferentes vacunas experimentales a la edad de 1 o 10 días por vía subcutánea con 0,2 o 0,5 mL en la parte posterior del cuello; todas las aves se mantienen en aisladores durante el experimento. Se les proporciona alimento y agua *ad libitum*. El ataque se realiza 21 días después de la vacunación con una cepa de gripe aviar H5N1 altamente patógena.

Se obtienen muestras de suero mediante sangrado de las aves por la vena yugular los días 7, 14, y 21 después de la vacunación. Los sueros obtenidos se conservan a 4 °C hasta la realización del ensayo de inhibición de la hemaglutinación (HI), como se ha descrito antes, para obtener los títulos de anticuerpos.

Vacunas y virus de ataque:

Se evalúan independientemente cuatro formulaciones diferentes:

- HA H5 clado A: El antígeno HA H5 se formula en una emulsión oleosa basada en los procedimientos de Boehringer Ingelheim Vetmedica.
- HA H5 clado B: El antígeno HA H5 se formula en una emulsión oleosa basada en los procedimientos de Boehringer Ingelheim Vetmedica.
- HA H5 clado de consenso: El antígeno HA H5 se formula en una emulsión oleosa basada en los procedimientos de Boehringer Ingelheim Vetmedica.
- HA H5 clado de la OMS: El antígeno HA H5 se formula en una emulsión oleosa basada en los procedimientos de Boehringer Ingelheim Vetmedica.

Se usa como control, una vacuna contra la gripe aviar, en emulsión oleosa, de Boehringer Ingelheim Vetmedica, Volvac® AI (Boehringer Ingelheim Vetmedica, Mexico).

Los ataques se realizan en pollos vacunados y no vacunados mediante inoculación por vía intranasal con 0,2 mL que contienen $10^{6.0}$ EID-50/mL del virus de ataque H5N1 por ave. Después del ataque, se registran los síntomas y la mortalidad. Diez días después de la inoculación todos los pollos supervivientes se sacrifican siguiendo los protocolos de los laboratorios de animales.

Ejemplo del diseño experimental de los prototipos, formulación y estudios clínicos

Se prepara una emulsión agua/aceite que incluye 500 HAU / dosis (HAU= Unidades de Hemaglutinación) para cada construcción egipcia-BEST (Tecnología de sistema de expresión de baculovirus). Se prevén tres construcciones, basadas en estudios recientes. Se vacunaron pollos SPF (libres de patógenos específicos) una vez el décimo día de edad utilizando 0,5 mL de cada prototipo de vacuna por ave, por vía subcutánea en la parte posterior del cuello.

El control positivo de la protección se vacuna administrando 0,5 mL de VOLVAC® AI + ND KV (Boehringer Ingelheim Vetmedica, Mexico) por vía subcutánea en la parte posterior del cuello.

Prototipo de vacuna	Edad de vacunación	Edad de ataque	Frotis cloacales y traqueales
Subclado A egipcio-BEST	1-10	31	3, 5, 7, 10, postinfección
Subclado B egipcio-BEST	1-10	31	3, 5, 7, 10, postinfección
Consenso egipcio-BEST	1-10	31	3, 5, 7, 10, postinfección
OMS egipcio-BEST	1-10	31	3, 5, 7, 10, postinfección
VOLVAC® AI + ND KV	1-10	31	3, 5, 7, 10, postinfección
Control (no vacunado)	-	31	3, 5, 7, 10, postinfección

Cada ave se enfrenta con 10 a 6 EID₅₀/0,1 mL de dosis viral oronasalmente. La infección experimental utiliza la cepa de ataque de Egipto (A/chicken/Egypt/1063/2010).

Resultados:

Se considera un título positivo de suero log₂ 4 de acuerdo con los estándares de la OIE. Basándose en este criterio, los resultados serológicos son positivos. Los mejores títulos serológicos se observan con la vacuna formulada con los antígenos HA H5, tanto en las aves vacunadas el día 1 de edad como a los 10 días de edad. Los títulos serológicos más bajos se observan con la vacuna Volvac®. En el estudio de enfrentamiento se observa que todos los prototipos de vacunas confieren protección completa. La protección más baja en el estudio de enfrentamiento se observa con la vacuna Volvac®, cuando se administra, tanto a la edad de 1 día como a la edad de 10 días.

En el listado de secuencias (SEQ ID NOs: 1 a 43):

SEQ ID NO: 1 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1709-6",

SEQ ID NO: 2 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1553-1/A1",

SEQ ID NO: 3 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1553-15/A1",

SEQ ID NO: 4 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-50/A1",

SEQ ID NO: 5 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-2/A1",

SEQ ID NO: 6 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-5/A1",

SEQ ID NO: 7 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-7/A1",

SEQ ID NO: 8 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-8/A1",

SEQ ID NO: 9 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-9/A1",

SEQ ID NO: 10 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-12/A1",

SEQ ID NO: 11 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-20/A1",

SEQ ID NO: 12 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-44/A1",

SEQ ID NO: 13 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1553-2/B1",

SEQ ID NO: 14 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1553-6/B1",

SEQ ID NO: 15 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1553-13/B2",

SEQ ID NO: 16 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1553-26/B2",

SEQ ID NO: 17 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "1553-28/B1",

ES 2 798 326 T3

- SEQ ID NO: 18 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-39/B2",
SEQ ID NO: 19 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-46/B1",
SEQ ID NO: 20 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-49/B1",
SEQ ID NO: 21 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-65/B1",
5 SEQ ID NO: 22 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-68/B2",
SEQ ID NO: 23 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-70/B2",
SEQ ID NO: 24 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-73/B2",
SEQ ID NO: 25 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "2095-75/B2",
SEQ ID NO: 26 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-3/B1",
10 SEQ ID NO: 27 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-4/B1",
SEQ ID NO: 28 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-13/B1",
SEQ ID NO: 29 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-14/B2",
SEQ ID NO: 30 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-19/B3",
SEQ ID NO: 31 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-21/B2",
15 SEQ ID NO: 32 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-43/B1",
SEQ ID NO: 33 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-50/B1",
SEQ ID NO: 34 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-52/B1",
SEQ ID NO: 35 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-55/A1",
SEQ ID NO: 36 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-56/A1",
20 SEQ ID NO: 37 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "3982-78/B2",
SEQ ID NO: 38 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "4794-17/B",
SEQ ID NO: 39 corresponde a la secuencia H5 de H5N1 "4794-18/B",
SEQ ID NO: 40 corresponde a la secuencia H5 traducida de la SEQ ID NO: 43.
SEQ ID NO: 41 codifica una secuencia H5 de H5N1 "3982-8/A1" (SEQ ID NO: 8),
25 SEQ ID NO: 42 codifica una secuencia H5 de H5N1 "1553-2/B1" (SEQ ID NO: 13),
SEQ ID NO: 43 corresponde a la secuencia de consenso obtenida después del análisis de las 38 secuencias del gen HA H5 que codifica las SEQ ID NOs: 2 a 39.

Tabla A: La siguiente lista (Tabla A) es una alineación de las secuencias indicadas en las SEQ ID Nos: 2 a 39, en las que se usa el código de una letra para los aminoácidos:

						
	5	15	25	35	45	55
1553-1/A1	MEKIMLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
1553-15/A1	MEKIVLLAI	VSIVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
2095-50/A1	MEKIVLLAI	VSLVKGDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-2/A1	-----XLLAI	VSIVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-5/A1	-----	--XVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-7/A1	-----	--XVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-8/A1	-----XI	VSIVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-9/A1	-----	--XVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-12/A1	-----	XSIVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-20/A1	-----XI	VSIVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-44/A1	-----	--XVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
1553-2/B1	MEKIVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-6/B1	MEKIVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-13/B2	MEKIVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-26/B2	MEKIVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-28/B1	MEKIVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-39/B2	MEKIVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-46/B1	-----XLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-49/B1	----VLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-65/B1	---XVLLAI	ISLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-68/B2	---IVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-70/B2	-----LLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-73/B2	---IVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-75/B2	---IVLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-3/B1	----XLLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-4/B1	-----	--XVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-13/B1	-----	----XSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-14/B2	-----	----KGDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-19/B3	-----	-----	--XHANNSTE	QVDTIMEKNI	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-21/B2	-----	-XLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-43/B1	-----	----KSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-50/B1	-----	--XVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-52/B1	-----	-XLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-55/A1	-----	--XVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-56/A1	-----	-----	--XHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-78/B2	-----	-----	---HANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
4794-17/B	-----LLAI	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
4794-18/B	-----XLA	VSLVKSDQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL

						
	65	75	85	95	105	115
1553-1/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGK	FNDYEELKHL
1553-15/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
2095-50/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIY	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-2/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLDVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-5/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNV-	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-7/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDKFLNVP	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-8/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-9/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-12/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-20/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-44/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
1553-2/B1	GGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-6/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-13/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-26/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-28/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-39/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-46/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-49/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-65/B1	DGVKPLILRG	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-68/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-70/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-73/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-75/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-3/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-4/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-13/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-14/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-19/B3	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-21/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-43/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-50/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-52/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-55/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDKFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGD	FNDYEELKHL
3982-56/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVL	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-78/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
4794-17/B	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
4794-18/B	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
						
	125	135	145	155	165	175

1553-1/A1	LSRINHFEKI	QIIPRNSWSD	HETS-GVSSA	CQYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYSTIKRSY
1553-15/A1	LSRINHFEKI	QIIPKGSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
2095-50/A1	LSRINHFEKI	QIIPKSSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYPTIKKSY
3982-2/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HETS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	TAYPTIKKSY
3982-5/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNYWS	HETS-GVSSA	CPYQGRPSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-7/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-8/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-9/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NXYPTIKKSY
3982-12/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-20/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-44/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYPTIKRSY
1553-2/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	DTYPTIKESY
1553-6/B1	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
1553-13/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGRGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
1553-26/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
1553-28/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-39/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGRPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-46/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
2095-49/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
2095-65/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-68/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
2095-70/B2	LSRINRFEKI	KIIPKXSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-73/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQEGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
2095-75/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGXSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
3982-3/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
3982-4/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
3982-13/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
3982-14/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
3982-19/B3	LSRINRFEKI	QIISKNSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGLSFY	RNVVWLIEKN	NTYPLIKKNY
3982-21/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGRGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
3982-43/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	DTYPTIKESY
3982-50/B1	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
3982-52/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	DTYPTIKESY
3982-55/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-56/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQRRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-78/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
4794-17/B	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
4794-18/B	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY
.....						
	185	195	205	215	225	235
1553-1/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-15/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-50/A1	NNTNQEDLLI	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG

3982-2/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-5/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-7/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-8/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-9/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTKLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-12/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-20/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	NRSKVNGQSG
3982-44/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-2/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNNE	EEQKRIYKNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-6/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-13/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-26/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-28/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-39/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLIPKIA	TRSKVNGQSG
2095-46/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-49/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-65/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-68/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-70/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-73/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-75/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-3/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LTQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-4/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-13/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-14/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	NTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-19/B3	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	AEQXRLYKNS	TTYISVGTST	LXQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-21/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-43/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-50/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-52/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-55/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTMLYQNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-56/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-78/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
4794-17/B	HNINKEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQIRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
4794-18/B	HNINKEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQIRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG

....					
245	255	265	275	285	295

1553-1/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSIT	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-15/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSIT	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-50/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSIT	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-2/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSIT	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-5/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSIT	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-7/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSIT	MKSELEYGDC	NTKCQTPIGA

3982-8/A1 RMEFFWTILK SNDAINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGDC NTKCQTPIGA
 3982-9/A1 RMEFFWTILK SNDAINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 3982-12/A1 RMEFFWTILK SNDAINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 3982-20/A1 RMEFFWTILK SNDAINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 3982-44/A1 RMEFFWTILK SNDAINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 1553-2/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 1553-6/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC STKCQTPVGA
 1553-13/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 1553-26/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 1553-28/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPKNAY KIVKKGSSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 2095-39/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 2095-46/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPKNAY KIVKKGSSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 2095-49/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPKNAY KIVKKGSSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 2095-65/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPKNAY KIVKKGSSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 2095-68/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 2095-70/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 2095-73/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 2095-75/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 3982-3/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPKNAY KIVKKGSSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 3982-4/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPKNAY KIVKKGSSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 3982-13/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPKNAY KIVKKGSSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 3982-14/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 3982-19/B3 RVEFFWTILK SNDVINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSDLEYGNC STKCQTPIGA
 3982-21/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 3982-43/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 3982-50/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC STKCQTPVGA
 3982-52/B1 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC STKCQTPIGA
 3982-55/A1 RMEFFWTILK SNDAINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 3982-56/A1 RMEFFWTILK SNDAINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 3982-78/B2 RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 4794-17/B RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA
 4794-18/B RVEFFWTILK SNTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA

.....||||||||
 305 315 325 335 345 355

1553-1/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQEE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 1553-15/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 2095-50/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 3982-2/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPHGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 3982-5/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 3982-7/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 3982-8/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 3982-9/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW
 3982-12/A1 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE RRRKKRGLFG AIAGFIEGGW

3982-20/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-44/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-2/B1	INTSM PFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-6/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-13/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-26/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-28/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-39/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-46/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-49/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-65/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-68/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-70/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-73/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-75/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TXLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-3/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-4/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-13/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-14/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQEE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-19/B3	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-21/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-43/B1	INTSM PFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-50/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-52/B1	INTSM PFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-55/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-56/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-78/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
4794-17/B	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
4794-18/B	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW

....					
365	375	385	395	405	415

1553-1/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
1553-15/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
2095-50/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-2/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-5/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-7/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-8/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-9/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-12/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-20/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-44/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
1553-2/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE

1553-6/B1	QGMVDGWYGY	HHSNXQSGY	AADRESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-13/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-26/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-28/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-39/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-46/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-49/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-65/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-68/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-70/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-73/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-75/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-3/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-4/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-13/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-14/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-19/B3	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-21/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-43/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	INGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-50/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADRESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-52/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-55/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-56/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-78/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
4794-17/B	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
4794-18/B	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE

....					
425	435	445	455	465	475

1553-1/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-15/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDRVRL	QLRDNAKELG
2095-50/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-2/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-5/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-7/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-8/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-9/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-12/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-20/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-44/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-2/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-6/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-13/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-26/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG

1553-28/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-39/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-46/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-49/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-65/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-68/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-70/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-73/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-75/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-3/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-4/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-13/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-14/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-19/B3	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-21/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-43/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-50/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-52/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-55/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-56/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-78/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
4794-17/B	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
4794-18/B	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG

....					
485	495	505	515	525	535

1553-1/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-15/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-50/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-2/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-5/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-7/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-8/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-9/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QIL-----
3982-12/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-20/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYX---
3982-44/A1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-2/B1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-6/B1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-13/B2	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-26/B2	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-28/B1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVT
2095-39/B2	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-46/B1	NGCFEYHRC	DNECMESVRN	GTIDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA

2095-49/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-65/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-68/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLNREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-70/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-73/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-75/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-3/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-4/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-13/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-14/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-19/B3	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GAKLESIGTY	QIX-----
3982-21/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVKN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-43/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-50/B1	NGCFEFYHRC	DNECIESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-52/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLEX----	-----
3982-55/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTX	QI-----
3982-56/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTX	QIX-----
3982-78/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QIL*IYSTVA
4794-17/B	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
4794-18/B	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA

....|....||....||....

545

555

565

1553-1/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI*
1553-15/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI*
2095-50/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	X-----
3982-2/A1	SSLALAIMVX	-----	-----
3982-5/A1	SSLALAIM--	-----	-----
3982-7/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	X-----
3982-8/A1	SSLALAIMVX	-----	-----
3982-9/A1	-----	-----	-----
3982-12/A1	SSLALAIX--	-----	-----
3982-20/A1	-----	-----	-----
3982-44/A1	SSLALAIX--	-----	-----
1553-2/B1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI*
1553-6/B1	SSLALAIIVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI*
1553-13/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI*
1553-26/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI*
1553-28/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCNSG	SLQCRICI*
2095-39/B2	SSLALAIMMA	GLFLWX----	-----
2095-46/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCNSX-	-----
2095-49/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCNSG	SLQCRICI-
2095-65/B1	SSLALAIMVA	GLSLWM----	-----
2095-68/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCNSG	X-----

2095-70/B2	GSLALAIMMA	GLFLWMCSNG	SLQ-----
2095-73/B2	SSLALAIMVX	-----	-----
2095-75/B2	GSLALAIMVX	-----	-----
3982-3/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCSNG	SLQ-----
3982-4/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCSNG	SLQCRX---
3982-13/B1	SSLALAIMVA	X-----	-----
3982-14/B2	SSLALAIMVA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
3982-19/B3	-----	-----	-----
3982-21/B2	SSLALAIM--	-----	-----
3982-43/B1	SSLALAIM--	-----	-----
3982-50/B1	SSLALAIM--	-----	-----
3982-52/B1	-----	-----	-----
3982-55/A1	-----	-----	-----
3982-56/A1	-----	-----	-----
3982-78/B2	SSLALAX---	-----	-----
4794-17/B	SSLALAI---	-----	-----
4794-18/B	SSLALAIMMA	GLFLWMCSNG	X-----

Tabla B: La siguiente lista (Tabla B) presenta las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs:2 a 39 que comienzan con el aminoácido con N-terminal D17, donde la numeración de la posición de dicho primer aminoácido con N-terminal (D17) se refiere a la posición 17 de aminoácidos como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO 1:

						
	5	15	25	35	45	55
1553-1/A1	(SEQ ID NO: 55)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
1553-15/A1	(SEQ ID NO: 56)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
2095-50/A1	(SEQ ID NO: 57)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-2/A1	(SEQ ID NO: 58)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-5/A1	(SEQ ID NO: 59)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-7/A1	(SEQ ID NO: 60)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-8/A1	(SEQ ID NO: 61)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-9/A1	(SEQ ID NO: 62)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-12/A1	(SEQ ID NO: 63)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-20/A1	(SEQ ID NO: 64)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-44/A1	(SEQ ID NO: 65)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
1553-2/B1	(SEQ ID NO: 66)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-6/B1	(SEQ ID NO: 67)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-13/B2	(SEQ ID NO: 68)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-26/B2	(SEQ ID NO: 69)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-28/B1	(SEQ ID NO: 70)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-39/B2	(SEQ ID NO: 71)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-46/B1	(SEQ ID NO: 72)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-49/B1	(SEQ ID NO: 73)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-65/B1	(SEQ ID NO: 74)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL

ES 2 798 326 T3

2095-68/B2	(SEQ ID NO: 75)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-70/B2	(SEQ ID NO: 76)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-73/B2	(SEQ ID NO: 77)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-75/B2	(SEQ ID NO: 78)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-3/B1	(SEQ ID NO: 79)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-4/B1	(SEQ ID NO: 80)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-13/B1	(SEQ ID NO: 81)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-14/B2	(SEQ ID NO: 82)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-19/B3	(SEQ ID NO: 83)	DQIC	IGXHANNSTE	QVDTIMEKNI	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-21/B2	(SEQ ID NO: 84)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-43/B1	(SEQ ID NO: 85)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-50/B1	(SEQ ID NO: 86)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-52/B1	(SEQ ID NO: 87)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-55/A1	(SEQ ID NO: 88)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-56/A1	(SEQ ID NO: 89)	DQIC	IGXHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-78/B2	(SEQ ID NO: 90)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
4794-17/B	(SEQ ID NO: 91)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
4794-18/B	(SEQ ID NO: 92)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL

						
	65	75	85	95	105	115
1553-1/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGK	FNDYEELKHL
1553-15/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
2095-50/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIY	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-2/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLDVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-5/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNV-	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-7/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDKFLNVP	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-8/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-9/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-12/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-20/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-44/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
1553-2/B1	GGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-6/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-13/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-26/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-28/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-39/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-46/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-49/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-65/B1	DGVKPLILRG	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-68/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-70/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-73/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFPNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL

2095-75/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-3/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-4/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-13/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-14/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-19/B3	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-21/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-43/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-50/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-52/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-55/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDKFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGD	FNDYEELKHL
3982-56/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVL	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-78/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
4794-17/B	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
4794-18/B	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEFNPVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL

						
	125	135	145	155	165	175
1553-1/A1	LSRINHFEKI	QIIPRNSWSD	HETS-GVSSA	CQYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYSTIKRSY
1553-15/A1	LSRINHFEKI	QIIPKGSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
2095-50/A1	LSRINHFEKI	QIIPKSSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYPTIKKSY
3982-2/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HETS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	TAYPTIKKSY
3982-5/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNYWS	HETS-GVSSA	CPYQGRPSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-7/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-8/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-9/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NXYPTIKKSY
3982-12/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-20/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-44/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYPTIKRSY
1553-2/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	DTYPTIKESY
1553-6/B1	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
1553-13/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQRGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
1553-26/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
1553-28/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-39/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGRPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-46/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
2095-49/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
2095-65/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-68/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
2095-70/B2	LSRINRFEKI	KIIPKXSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
2095-73/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
2095-75/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGXSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
3982-3/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
3982-4/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY

ES 2 798 326 T3

3982-13/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKENY
3982-14/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
3982-19/B3	LSRINRFEKI	QIISKNSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGLSFY	RNVVWLIKKN	NTYPLIKKNY
3982-21/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQRGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
3982-43/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	DTYPTIKESY
3982-50/B1	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGEPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
3982-52/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	DTYPTIKESY
3982-55/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-56/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQRRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-78/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKKSY
4794-17/B	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGPSFY	RNVVWLIKKN	NTYPTIKESY
4794-18/B	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSAA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY

						
	185	195	205	215	225	235
1553-1/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-15/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-50/A1	NNTNQEDLLI	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-2/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-5/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-7/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-8/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-9/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTKLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-12/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-20/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	NRSKVNGQSG
3982-44/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-2/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNNE	EEQKRIYKNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-6/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-13/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-26/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-28/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-39/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-46/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-49/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-65/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-68/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-70/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-73/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-75/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-3/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LTQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-4/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-13/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-14/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	NTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-19/B3	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	AEQXRLYKNS	TTYISVGTST	LXQRLVPKIA	TRPKVNGQSG

3982-21/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-43/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-50/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-52/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-55/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTMLYQNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-56/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQIRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-78/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
4794-17/B	HNINKEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQIRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
4794-18/B	HNINKEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQIRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG

						
	245	255	265	275	285	295
1553-1/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-15/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-50/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-2/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-5/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-7/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGDC	NTKCQTPIGA
3982-8/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGDC	NTKCQTPIGA
3982-9/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-12/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-20/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-44/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-2/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
1553-6/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPVGA
1553-13/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-26/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-28/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-39/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-46/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-49/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-65/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-68/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEHGNC	NTKCQTPIGA
2095-70/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-73/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-75/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-3/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-4/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-13/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-14/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-19/B3	RVEFFWTILK	SNDVINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSDLEYGNC	STKCQTPIGA
3982-21/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-43/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-50/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPVGA

ES 2 798 326 T3

3982-52/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-55/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-56/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-78/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
4794-17/B	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
4794-18/B	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA

....					
305	315	325	335	345	355

1553-1/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQEE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-15/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-50/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-2/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPHGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-5/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-7/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-8/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-9/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-12/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-20/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-44/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-2/B1	INTSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-6/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-13/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-26/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-28/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-39/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-46/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-49/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-65/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-68/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-70/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-73/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-75/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TXLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-3/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-4/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-13/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-14/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQEE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-19/B3	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-21/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-43/B1	INTSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-50/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-52/B1	INTSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-55/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-56/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW

ES 2 798 326 T3

3982-78/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
4794-17/B	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
4794-18/B	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNS PQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
						
	365	375	385	395	405	415
1553-1/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-15/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-50/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-2/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-5/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-7/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-8/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-9/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-12/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-20/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-44/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-2/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-6/B1	QGMVDGWYGY	HHSNXQSGSY	AADRESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-13/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-26/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-28/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-39/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-46/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-49/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-65/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-68/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-70/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-73/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-75/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-3/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-4/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-13/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-14/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-19/B3	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-21/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-43/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	INGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-50/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADRESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-52/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-55/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-56/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-78/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
4794-17/B	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
4794-18/B	QGMVDGWYGY	HHSNEQSGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE

						
	425	435	445	455	465	475
1553-1/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-15/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDRVRL	QLRDNAKELG
2095-50/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-2/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-5/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-7/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-8/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-9/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-12/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-20/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-44/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-2/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-6/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-13/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-26/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-28/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-39/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-46/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-49/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-65/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-68/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-70/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-73/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-75/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-3/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-4/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-13/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-14/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-19/B3	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-21/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-43/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-50/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-52/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-55/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-56/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-78/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
4794-17/B	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
4794-18/B	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
						
	485	495	505	515	525	535

1553-1/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-15/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-50/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-2/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-5/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-7/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-8/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-9/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QIL-----
3982-12/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-20/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYX---
3982-44/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-2/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-6/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-13/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-26/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-28/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-39/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-46/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-49/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-65/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-68/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-70/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-73/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-75/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-3/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-4/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-13/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-14/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-19/B3	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-21/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-43/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-50/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-52/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-55/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-56/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-78/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
4794-17/B	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
4794-18/B	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA

....		
545	555	565

1553-1/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
1553-15/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
2095-50/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCSNG	X-----

3982-2/A1	SSLALAIMVX	-----	-----
3982-5/A1	SSLALAIM--	-----	-----
3982-7/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCSNG	X-----
3982-8/A1	SSLALAIMVX	-----	-----
3982-9/A1	-----	-----	-----
3982-12/A1	SSLALAIX--	-----	-----
3982-20/A1	-----	-----	-----
3982-44/A1	SSLALAIX--	-----	-----
1553-2/B1	SSLALAIMVA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
1553-6/B1	SSLALAIIVA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
1553-13/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
1553-26/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
1553-28/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCSNG	SLQCRICI*
2095-39/B2	SSLALAIMMA	GLFLWX----	-----
2095-46/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCSX--	-----
2095-49/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCSNG	SLQCRICI-
2095-65/B1	SSLALAIMVA	GLSLWM----	-----
2095-68/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCSNG	X-----
2095-70/B2	GSLALAIMMA	GLFLWMCSNG	SLQ-----
2095-73/B2	SSLALAIMVX	-----	-----
2095-75/B2	GSLALAIMVX	-----	-----
3982-3/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCSNG	SLQ-----
3982-4/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCSNG	SLQCRX---
3982-13/B1	SSLALAIMVA	X-----	-----
3982-14/B2	SSLALAIMVA	GLFLWMCSNG	SLQCRICI*
3982-19/B3	-----	-----	-----
3982-21/B2	SSLALAIM--	-----	-----
3982-43/B1	SSLALAIM--	-----	-----
3982-50/B1	SSLALAIM--	-----	-----
3982-52/B1	-----	-----	-----
3982-55/A1	-----	-----	-----
3982-56/A1	-----	-----	-----
3982-78/B2	SSLALAX---	-----	-----
4794-17/B	SSLALAI---	-----	-----
4794-18/B	SSLALAIMMA	GLFLWMCSNG	X-----

Tabla C: La siguiente lista (Tabla C) presenta las secuencias indicadas en las SEQ ID NOs: 2 a 39 que comienzan con el aminoácido con N-terminal D17 y que tienen una secuencia C-terminal de longitud completa, donde la numeración de la posición de dicho primer aminoácido con N-terminal (D17) se refiere a la posición 17 de aminoácidos dada como ejemplo en la SEQ ID NO: 1, y donde la secuencia C-terminal de longitud completa corresponde a los aminoácidos 527 a 568, donde la numeración de las posiciones de dichos aminoácidos se refiere a las posiciones 527 a 568 de los aminoácidos como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO: 40:

ES 2 798 326 T3

						
	5	15	25	35	45	55
1553-1/A1	(SEQ ID NO: 93)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
1553-15/A1	(SEQ ID NO: 94)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
2095-50/A1	(SEQ ID NO: 95)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-2/A1	(SEQ ID NO: 96)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-5/A1	(SEQ ID NO: 97)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-7/A1	(SEQ ID NO: 98)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-8/A1	(SEQ ID NO: 99)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-9/A1	(SEQ ID NO: 100)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-12/A1	(SEQ ID NO: 101)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-20/A1	(SEQ ID NO: 102)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-44/A1	(SEQ ID NO: 103)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
1553-2/B1	(SEQ ID NO: 104)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-6/B1	(SEQ ID NO: 105)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-13/B2	(SEQ ID NO: 106)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-26/B2	(SEQ ID NO: 107)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
1553-28/B1	(SEQ ID NO: 108)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-39/B2	(SEQ ID NO: 109)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-46/B1	(SEQ ID NO: 110)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-49/B1	(SEQ ID NO: 111)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-65/B1	(SEQ ID NO: 112)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-68/B2	(SEQ ID NO: 113)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-70/B2	(SEQ ID NO: 114)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-73/B2	(SEQ ID NO: 115)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
2095-75/B2	(SEQ ID NO: 116)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-3/B1	(SEQ ID NO: 117)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-4/B1	(SEQ ID NO: 118)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-13/B1	(SEQ ID NO: 119)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-14/B2	(SEQ ID NO: 120)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-19/B3	(SEQ ID NO: 121)	DQIC	IGXHANNSTE	QVDTIMEKNI	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-21/B2	(SEQ ID NO: 122)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-43/B1	(SEQ ID NO: 123)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-50/B1	(SEQ ID NO: 124)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-52/B1	(SEQ ID NO: 125)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
3982-55/A1	(SEQ ID NO: 126)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-56/A1	(SEQ ID NO: 127)	DQIC	IGXHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCNL
3982-78/B2	(SEQ ID NO: 128)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
4794-17/B	(SEQ ID NO: 129)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL
4794-18/B	(SEQ ID NO: 130)	DQIC	IGYHANNSTE	QVDTIMEKNV	TVTHAQDILE	KTHNGKLCDL

ES 2 798 326 T3

						
	65	75	85	95	105	115
1553-1/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGK	FNDYEELKHL
1553-15/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
2095-50/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIY	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-2/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LDVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-5/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-7/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDKFLNVP	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-8/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PTNDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-9/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-12/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-20/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-44/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
1553-2/B1	GGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-6/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-13/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-26/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
1553-28/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-39/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-46/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-49/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-65/B1	DGVKPLILRG	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-68/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-70/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-73/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
2095-75/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-3/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-4/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-13/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-14/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-19/B3	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF LNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-21/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-43/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-50/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKTN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-52/B1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
3982-55/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDKFLNVP	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGD	FNDYEELKHL
3982-56/A1	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVL	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNDYEELKHL
3982-78/B2	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
4794-17/B	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
4794-18/B	DGVKPLILRD	CSVAGWLLGN	PMCDEF PNVS	EWSYIVEKIN	PANDLCYPGN	FNNYEELKHL
						
	125	135	145	155	165	175
1553-1/A1	LSRINHFEKI	QIIPRNSWSD	HETS-GVSSA	CQYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYSTIKRSY

ES 2 798 326 T3

1553-15/A1	LSRINHFEKI	QIIPKGSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
2095-50/A1	LSRINHFEKI	QIIPKSSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYPTIKKSY
3982-2/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HETS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	TAYPTIKKSY
3982-5/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNYWS	HETS-GVSSA	CPYQGRPSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-7/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-8/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-9/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NXYPTIKKSY
3982-12/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-20/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-44/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKD	NAYPTIKRSY
1553-2/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	DTYPTIKESY
1553-6/B1	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
1553-13/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGRPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY
1553-26/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
1553-28/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
2095-39/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGRPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
2095-46/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKENY
2095-49/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKENY
2095-65/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
2095-68/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY
2095-70/B2	LSRINRFEKI	KIIPKXSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
2095-73/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQEGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY
2095-75/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGXSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
3982-3/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKENY
3982-4/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
3982-13/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKENY
3982-14/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
3982-19/B3	LSRINRFEKI	QIISKNSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGLSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY
3982-21/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGRPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY
3982-43/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	DTYPTIKESY
3982-50/B1	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGEPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
3982-52/B1	LSRINRFEKI	QIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	DTYPTIKESY
3982-55/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQGRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-56/A1	LSRINHFEKI	QIIPKNSWSD	HEAS-GVSSA	CPYQRRSSFF	RNVVWLTKKN	NAYPTIKKSY
3982-78/B2	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY
4794-17/B	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKESY
4794-18/B	LSRINRFEKI	KIIPKSSWPD	HEASLGVSSA	CPYQGGPSFY	RNVVWLTKKN	NTYPTIKKSY

.....					
185	195	205	215	225	235

1553-1/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-15/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-50/A1	NNTNQEDLLI	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-2/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG

3982-5/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-7/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-8/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-9/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTKLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-12/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-20/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	NRSKVNGQSG
3982-44/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-2/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNNE	EEQKRIYKNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-6/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-13/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-26/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
1553-28/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-39/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-46/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-49/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-65/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
2095-68/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-70/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-73/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
2095-75/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISIGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-3/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LTQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-4/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-13/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-14/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	NTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-19/B3	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	AEQXRLYKNS	TTYISVGTST	LXQRLVPKIA	TRPKVNGQSG
3982-21/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-43/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-50/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-52/B1	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQKRIYKNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-55/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTMLYQNP	TTYVSVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-56/A1	NNTNQEDLLV	LWGIHHPNDA	AEQTRLYQNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
3982-78/B2	HNTNQEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQTRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
4794-17/B	HNINKEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQIRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG
4794-18/B	HNINKEDLLV	LWGIHHPNDE	EEQIRIYKNP	TTYISVGTST	LNQRLVPKIA	TRSKVNGQSG

....					
245	255	265	275	285	295

1553-1/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-15/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-50/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-2/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-5/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-7/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGDC	NTKCQTPIGA
3982-8/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGDC	NTKCQTPIGA

3982-9/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-12/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-20/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-44/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-2/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
1553-6/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPVGA
1553-13/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-26/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
1553-28/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-39/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-46/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-49/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-65/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
2095-68/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEHGNC	NTKCQTPIGA
2095-70/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-73/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
2095-75/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-3/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-4/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-13/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPKNAY	KIVKKGSSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-14/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-19/B3	RVEFFWTILK	SNDVINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSDLEYGNC	STKCQTPIGA
3982-21/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-43/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-50/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPVGA
3982-52/B1	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	STKCQTPIGA
3982-55/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-56/A1	RMEFFWTILK	SNDAINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
3982-78/B2	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
4794-17/B	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA
4794-18/B	RVEFFWTILK	SNDTINFESN	GNFIAPENAY	KIVKKGDSTI	MKSELEYGNC	NTKCQTPIGA

....|....||....||....||....||....||....|

305

315

325

335

345

355

1553-1/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQEE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-15/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-50/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-2/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPHGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-5/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-7/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-8/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-9/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-12/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-20/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGECPK	YVKS NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW

3982-44/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-2/B1	INTSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-6/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-13/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-26/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
1553-28/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-39/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-46/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-49/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-65/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-68/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-70/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-73/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
2095-75/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TXLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-3/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-4/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-13/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-14/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQEE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-19/B3	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-21/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-43/B1	INTSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-50/B1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-52/B1	INTSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-55/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-56/A1	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	RRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
3982-78/B2	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
4794-17/B	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW
4794-18/B	INSSMPFHNI	HPLTIGEC	CPK	YVKS	NRLVLA	TGLRNSPQGE	GRRKKRGLFG	AIAGFIEGGW

....					
365	375	385	395	405	415

1553-1/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
1553-15/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
2095-50/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-2/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-5/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-7/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-8/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-9/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-12/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-20/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
3982-44/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
1553-2/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGS	GY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE
1553-6/B1	QGMVDGWYGY	HHSNXQGS	GY	AADRESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNMLE

1553-13/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-26/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
1553-28/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-39/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-46/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-49/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-65/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-68/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-70/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-73/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
2095-75/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-3/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-4/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-13/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGTGY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-14/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-19/B3	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-21/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-43/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	INGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-50/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADRESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-52/B1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-55/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-56/A1	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
3982-78/B2	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
4794-17/B	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE
4794-18/B	QGMVDGWYGY	HHSNEQGSY	AADKESTQKA	IDGVTNKVNS	IIDKMNTQFE	AVGREFNNLE

....					
425	435	445	455	465	475

1553-1/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-15/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-50/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-2/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-5/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-7/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-8/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-9/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-12/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-20/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-44/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-2/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-6/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-13/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-26/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
1553-28/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLNEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG

2095-39/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-46/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-49/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-65/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-68/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-70/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-73/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
2095-75/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-3/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-4/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-13/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-14/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-19/B3	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-21/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-43/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-50/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-52/B1	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VRNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-55/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-56/A1	RRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
3982-78/B2	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
4794-17/B	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG
4794-18/B	KRIENLNKKM	EDGFLDVWTY	NAELLVLMEN	ERTLDFHDSN	VKNLYDKVRL	QLRDNAKELG

....|....||....||....||....||....||....|

485 495 505 515 525 535

1553-1/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-15/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-50/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-2/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-5/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-7/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-8/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-9/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-12/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-20/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYXTVA
3982-44/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-2/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-6/B1	NGCFEFYHRC	DNECIESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-13/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-26/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
1553-28/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVT
2095-39/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-46/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-49/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA

2095-65/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-68/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLNREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-70/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-73/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
2095-75/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-3/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-4/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-13/B1	NGCFEFYHKC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-14/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-19/B3	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GAKLESIGTY	QIXSIYSTVA
3982-21/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-43/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSK	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-50/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
3982-52/B1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLEXIGTY	QILSIYSTVA
3982-55/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTX	QILSIYSTVA
3982-56/A1	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTX	QIXSIYSTVA
3982-78/B2	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QIL*IYSTVA
4794-17/B	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA
4794-18/B	NGCFEFYHRC	DNECMESVRN	GTYDYPQYSE	EARLKREEIS	GVKLESIGTY	QILSIYSTVA

....|....||....||....

545

555

565

1553-1/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
1553-15/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
2095-50/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	XLQCRICI
3982-2/A1	SSLALAIMVX	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
3982-5/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
3982-7/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	XLQCRICI
3982-8/A1	SSLALAIMVX	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
3982-9/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
3982-12/A1	SSLALAIXVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
3982-20/A1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
3982-44/A1	SSLALAIXVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
1553-2/B1	SSLALAIMVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
1553-6/B1	SSLALAIIVA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
1553-13/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
1553-26/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI
1553-28/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCNSG	SLQCRICI
2095-39/B2	SSLALAIMMA	GLFLWXCNSG	SLQCRICI
2095-46/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCNSG	SLQCRICI
2095-49/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCNSG	SLQCRICI
2095-65/B1	SSLALAIMVA	GLSLWMCNSG	SLQCRICI
2095-68/B2	SSLALAIMMA	GLFLWMCNSG	XLQCRICI
2095-70/B2	GSLALAIMMA	GLFLWMCNSG	SLQCRICI

2095-73/B2 SSLALAIMVX GLFLWMCSNG SLQCRICI
 2095-75/B2 GSLALAIMVX GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-3/B1 SSLALAIMVA GLSLWMCSNG SLQCRICI
 3982-4/B1 SSLALAIMVA GLSLWMCSNG SLQCRXCI
 3982-13/B1 SSLALAIMVA XLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-14/B2 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-19/B3 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-21/B2 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-43/B1 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-50/B1 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-52/B1 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-55/A1 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-56/A1 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 3982-78/B2 SSLALAXMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 4794-17/B SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI
 4794-18/B SSLALAIMMA GLFLWMCSNG XLQCRICI

Tabla D: Se representa la secuencia SEQ ID NO: 131, que corresponde a la secuencia de la variante expresada en SEQ ID NO: 40 que comienza con el aminoácido de N-terminal D17, donde la numeración de la posición de dicho primer aminoácido con N-terminal (D17) se refiere a la posición del aminoácido 17 como se da a modo de ejemplo en la SEQ ID NO 1:

10 20 30 40 50 60
 (SEQ ID NO: 47) DQIC IGYHANNSTE QVDTIMEKNV TVTHAQDILE KTHNGKLCDL

70 80 90 100 110 120
 DGVKPLILRD CSVAGWLLGN PMCDEFPNVS EWSYIVEKIN PANDLCYPGN FNNYEELKHL

130 140 150 160 170 180
 LSRINRFEKI QIIPKSSWPD HEASLGVSSA CPYQGGPSFY RNVVWLIKKN NTYPTIKESY

190 200 210 220 230 240
 HNTNQEDLLV LWGIHHPNDE EEQTRIYKNP TTYISVGST LNQRLVPKIA TRSKVNGQSG

250 260 270 280 290 300
 RVEFFWTILK SNDTINFESN GNFIAPENAY KIVKKGDSTI MKSELEYGNC NTKCQTPIGA

310 320 330 340 350 360
 INSSMPFHNI HPLTIGECPK YVKS NRLVLA TGLRNSPQGE GRRKKRGLFG AIAGFIEGGW

370 380 390 400 410 420
 QGMVDGWYGY HHSNEQSGSY AADKESTQKA IDGVTNKVNS IIDKMNTQFE AVGREFNLE

430 440 450 460 470 480
 KRIENLNKKM EDGFLDVWY NAELLVLMEN ERTLDFHDSN VKNLYDKVRL QLRDNAKELG

490 500 510 520 530 540
 NGCFEFYHRC DNECMESVRN GTYDYPQYSE EARLKREEIS GVKLESIGTY QILSIYSTVA

550 560
 SSLALAIMVA GLFLWMCSNG SLQCRICI

Se entiende que la secuencia dada en la Tabla D (SEQ ID NO: 131) es una variante de la secuencia SEQ ID NO: 40 que comienza con el aminoácido D17 y que tiene la secuencia C-terminal de longitud completa, como se ha mencionado en esta memoria.

Listado de secuencias

- 5 <110> Boehringer Ingelheim Vetmedica S.A. de C.V., Mexico Boehringer Ingelheim Vetmedica GmbH Gonzalez-Hernandez, Paulino C Leon Kempis, Maria del Rocio Realpe-Quintero, Mauricio A Stadler, Konrad Vaughn, Eric M
- <120> NUEVAS PROTEÍNAS DE HEMAGLUTININA 5 (H5) PARA EL TRATAMIENTO Y PREVENCIÓN DE INFECCIONES GRIPALES
- <130> Caso 1-2674
- 10 <160> 131
- <170> PatentIn versión 3.5
- <210> 1
- <211> 562
- <212> PRT
- 15 <213> H5N1
- <400> 1
- | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Glu | Lys | Ile | Val | Leu | Leu | Leu | Ala | Ile | Val | Ser | Leu | Val | Lys | Ser |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Asp | Gln | Ile | Cys | Ile | Gly | Tyr | His | Ala | Asn | Asn | Ser | Thr | Glu | Gln | Val |
| | | | 20 | | | | | 25 | | | | | 30 | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Asp | Thr | Ile | Met | Glu | Lys | Asn | Val | Thr | Val | Thr | His | Ala | Gln | Asp | Ile |
| | | | 35 | | | | 40 | | | | | 45 | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Leu | Glu | Lys | Thr | His | Asn | Gly | Lys | Leu | Cys | Asp | Leu | Asp | Gly | Val | Lys |
| | 50 | | | | | 55 | | | | 60 | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Pro | Leu | Ile | Leu | Arg | Asp | Cys | Ser | Val | Ala | Gly | Trp | Leu | Leu | Gly | Asn |
| 65 | | | | | 70 | | | | | 75 | | | | | 80 |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Pro | Met | Cys | Asp | Glu | Phe | Leu | Asn | Val | Ser | Glu | Trp | Ser | Tyr | Ile | Val |
| | | | 85 | | | | | 90 | | | | | | 95 | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Glu | Lys | Ile | Asn | Pro | Ala | Asn | Asp | Leu | Cys | Tyr | Pro | Gly | Asn | Phe | Asn |
| | | | 100 | | | | | 105 | | | | | 110 | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Asn | Tyr | Glu | Glu | Leu | Lys | His | Leu | Leu | Ser | Arg | Ile | Asn | Arg | Phe | Glu |
| | | | 115 | | | | 120 | | | | | 125 | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Lys | Ile | Gln | Ile | Ile | Pro | Lys | Ser | Ser | Trp | Pro | Asp | His | Glu | Ala | Ser |
| | 130 | | | | | 135 | | | | | 140 | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ser | Gly | Val | Ser | Ser | Ala | Cys | Pro | Tyr | Gln | Gly | Gly | Pro | Ser | Phe | Tyr |

ES 2 798 326 T3

145		150		155		160
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile
				165		
				Lys	Lys	Asp
				170		
				Asn	Ala	Tyr
				Pro	Thr	Ile
				175		
Lys	Lys	Ser	Tyr	His	Asn	Thr
			180			
				Asn	Gln	Glu
				185		
				Asp	Leu	Leu
				190		
				Val	Leu	Trp
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp
		195				
				Glu	Ala	Glu
				200		
				Gln	Thr	Arg
				205		
				Leu	Tyr	Gln
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser
				210		
				Val	Gly	Thr
				215		
				Ser	Thr	Leu
				220		
				Asn	Gln	Arg
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr
				225		
				Arg	Ser	Lys
				230		
				Val	Asn	Gly
				235		
				Gln	Ser	Gly
				240		
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr
				245		
				Ile	Leu	Lys
				250		
				Ser	Asn	Asp
				255		
				Ala	Ile	Asn
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe
				260		
				Ile	Ala	Pro
				265		
				Glu	Asn	Ala
				270		
				Tyr	Lys	Ile
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr
				275		
				Ile	Met	Lys
				280		
				Ser	Glu	Leu
				285		
				Glu	Tyr	Gly
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln
				290		
				Thr	Pro	Ile
				295		
				Gly	Ala	Ile
				300		
				Asn	Ser	Ser
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His
				305		
				Pro	Leu	Thr
				310		
				Ile	Gly	Glu
				315		
				Cys	Pro	Lys
				320		
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu
				325		
				Val	Leu	Ala
				330		
				Thr	Gly	Leu
				335		
				Arg	Asn	Ser
Pro	Gln	Gly	Glu	Arg	Arg	Arg
				340		
				Lys	Lys	Arg
				345		
				Gly	Leu	Phe
				350		
				Gly	Ala	Ile
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly
				355		
				Trp	Gln	Gly
				360		
				Met	Val	Asp
				365		
				Gly	Trp	Tyr
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu
				370		
				Gln	Gly	Ser
				375		
				Gly	Tyr	Ala
				380		
				Ala	Asp	Lys
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile
				385		
				Asp	Gly	Val
				390		
				Thr	Asn	Lys
				395		
				Val	Asn	Ser
				400		

ES 2 798 326 T3

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
405 410 415

Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
420 425 430

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
435 440 445

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
450 455 460

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
465 470 475 480

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
485 490 495

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
500 505 510

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
515 520 525

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
530 535 540

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
545 550 555 560

Ser Leu

<210> 2

<211> 567

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 2

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

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

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
35 40 45

ES 2 798 326 T3

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
 50 55 60

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 65 70 75 80

Pro Met Cys Asp Glu Phe Leu Asn Val Pro Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 85 90 95

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Asn
 100 105 110

Asp Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu
 115 120 125

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Arg Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Thr Ser
 130 135 140

Gly Val Ser Ser Ala Cys Gln Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
 145 150 155 160

Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asp Asn Ala Tyr Ser Thr Ile Lys
 165 170 175

Arg Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 180 185 190

Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
 195 200 205

Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 210 215 220

Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 225 230 235 240

Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 245 250 255

Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 260 265 270

Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 275 280 285

Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 290 295 300

ES 2 798 326 T3

Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 305 310 315 320
 Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
 325 330 335
 Gln Glu Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
 340 345 350
 Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
 355 360 365
 Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
 370 375 380
 Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
 385 390 395 400
 Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
 405 410 415
 Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
 420 425 430
 Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
 435 440 445
 Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
 450 455 460
 Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
 465 470 475 480
 Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
 485 490 495
 Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
 500 505 510
 Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr
 515 520 525
 Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
 530 535 540
 Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
 545 550 555 560
 Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 565

<210> 3
 <211> 567
 <212> PRT
 <213> H5N1
 <400> 3

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

450

455

460

Asp Arg Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
465 470 475 480

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
485 490 495

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
500 505 510

Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr
515 520 525

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
530 535 540

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
545 550 555 560

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
565

<210> 4

<211> 560

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (560)..(560)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 4

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

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

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
35 40 45

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
50 55 60

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
65 70 75 80

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
340 345 350

Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
355 360 365

Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
370 375 380

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
385 390 395 400

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
405 410 415

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
420 425 430

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
435 440 445

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
450 455 460

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
465 470 475 480

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
485 490 495

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
500 505 510

Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr
515 520 525

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
530 535 540

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Xaa
545 550 555 560

<210> 5
<211> 544
<212> PRT
5 <213> H5N1

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (1)..(1)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (544)..(544)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural
<400> 5

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

450

455

460

Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe
465 470 475 480

Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr
485 490 495

Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu
500 505 510

Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser
515 520 525

Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Xaa
530 535 540

<210> 6

<211> 534

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 6

Xaa Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser
1 5 10 15

Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His
20 25 30

Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu
35 40 45

Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp
50 55 60

Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Leu Asn Val Glu Trp Ser
65 70 75 80

Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Thr Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly
85 90 95

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

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val
370 375 380

Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg
385 390 395 400

Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met
405 410 415

Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val
420 425 430

Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys
435 440 445

Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu
450 455 460

Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys
465 470 475 480

Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu
485 490 495

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

Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
515 520 525

Leu Ala Leu Ala Ile Met
530

<210> 7

<211> 548

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (548)..(548)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 7

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu
 260 265 270
 Glu Tyr Gly Asp Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile
 275 280 285
 Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu
 290 295 300
 Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu
 305 310 315 320
 Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe
 325 330 335
 Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp
 340 345 350
 Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala
 355 360 365
 Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys
 370 375 380
 Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly
 385 390 395 400
 Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys
 405 410 415
 Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu
 420 425 430
 Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val
 435 440 445
 Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys
 450 455 460
 Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu
 465 470 475 480
 Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser
 485 490 495
 Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu

ES 2 798 326 T3

500 505 510

Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser
515 520 525

Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys
530 535 540

Ser Asn Gly Xaa
545

<210> 8
<211> 541
<212> PRT
5 <213> H5N1

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (1)..(1)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (541)..(541)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 8
Xaa Ile Val Ser Ile Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His
1 5 10 15

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

Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys
35 40 45

Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser
50 55 60

Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Leu Asn
65 70 75 80

Val Pro Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Thr Asn Asp
85 90 95

Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asp Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu
100 105 110

Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn
115 120 125

15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

370

375

380

Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe
385 390 395 400

Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn
405 410 415

Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn
420 425 430

Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His
435 440 445

Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg
450 455 460

Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg
465 470 475 480

Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr
485 490 495

Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly
500 505 510

Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser
515 520 525

Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Xaa
530 535 540

<210> 9

<211> 520

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (159)..(159)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 9

15 Xaa Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser
1 5 10 15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

260	265	270
Glu Tyr Gly Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile		
275	280	285
Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu		
290	295	300
Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu		
305	310	315
Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe		
	325	330
		335
Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp		
	340	345
		350
Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala		
	355	360
		365
Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys		
	370	375
		380
Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly		
	385	390
		395
Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys		
	405	410
		415
Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu		
	420	425
		430
Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val		
	435	440
		445
Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys		
	450	455
		460
Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu		
	465	470
		475
		480
Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser		
	485	490
		495
Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu		
	500	505
		510
Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu		
	515	520

<210> 10

<211> 537

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

5 <222> (537)..(537)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 10

Xaa Ser Ile Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn
1 5 10 15

Asn Ser Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val
20 25 30

Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys
35 40 45

Asn Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala
50 55 60

Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Leu Asn Val Pro
65 70 75 80

Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys
85 90 95

Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asp Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser
100 105 110

Arg Ile Asn His Phe Glu Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp
115 120 125

Ser Asp His Glu Ala Ser Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly
130 135 140

Arg Ser Ser Phe Phe Arg Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn
145 150 155 160

Ala Tyr Pro Thr Ile Lys Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp

ES 2 798 326 T3

165										170					175				
Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Ala	Glu	Gln				
			180					185					190						
Thr	Arg	Leu	Tyr	Gln	Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser				
		195					200					205							
Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val				
	210					215					220								
Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Met	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser				
225					230					235					240				
Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu				
				245					250					255					
Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser				
			260					265					270						
Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly				
		275					280					285							
Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile				
	290					295					300								
Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr				
305					310					315					320				
Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	Pro	Gln	Gly	Glu	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly				
				325					330					335					
Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met				
			340					345					350						
Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly				
		355					360					365							
Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr				
	370					375					380								
Asn	Lys	Val	Asn	Ser	Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala				
385					390					395					400				
Val	Gly	Arg	Glu	Phe	Asn	Asn	Leu	Glu	Arg	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn				
				405					410					415					

ES 2 798 326 T3

Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
420 425 430

Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser
435 440 445

Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn
450 455 460

Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp
465 470 475 480

Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln
485 490 495

Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys
500 505 510

Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val
515 520 525

Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Xaa
530 535

<210> 11
<211> 528
<212> PRT
<213> H5N1

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (1)..(1)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (528)..(528)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 11
Xaa Ile Val Ser Ile Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His
1 5 10 15

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

Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys
35 40 45

Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser

ES 2 798 326 T3

50						55										60
Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn	Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe	Leu	Asn	
65					70					75					80	
Val	Pro	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val	Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	
				85					90					95		
Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn	Asp	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	
			100					105					110			
Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	His	Phe	Glu	Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Pro	Lys	Asn	
		115					120					125				
Ser	Trp	Ser	Asp	His	Glu	Ala	Ser	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	
130						135					140					
Gln	Gly	Arg	Ser	Ser	Phe	Phe	Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Thr	Lys	Lys	
145					150					155					160	
Asn	Asn	Ala	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Lys	Ser	Tyr	Asn	Asn	Thr	Asn	Gln	
				165					170					175		
Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Ala	Ala	
		180						185					190			
Glu	Gln	Thr	Arg	Leu	Tyr	Gln	Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	
		195					200					205				
Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Asn	Arg	Ser	
210					215						220					
Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Met	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	
225					230					235					240	
Lys	Ser	Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	
				245					250					255		
Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	
			260					265					270			
Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	
		275					280					285				
Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	
290						295					300					

ES 2 798 326 T3

Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu
305 310 315 320

Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys
325 330 335

Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln
340 345 350

Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly
355 360 365

Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly
370 375 380

Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe
385 390 395 400

Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn
405 410 415

Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn
420 425 430

Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His
435 440 445

Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg
450 455 460

Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg
465 470 475 480

Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr
485 490 495

Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly
500 505 510

Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Xaa
515 520 525

<210> 12
<211> 535
<212> PRT
<213> H5N1

5

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (1)..(1)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (535)..(535)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 12

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Asn Gln Arg Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly
 210 215 220
 Gln Ser Gly Arg Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp
 225 230 235 240
 Ala Ile Asn Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala
 245 250 255
 Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu
 260 265 270
 Glu Tyr Gly Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile
 275 280 285
 Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu
 290 295 300
 Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu
 305 310 315 320
 Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe
 325 330 335
 Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp
 340 345 350
 Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala
 355 360 365
 Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys
 370 375 380
 Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly
 385 390 395 400
 Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys
 405 410 415
 Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu
 420 425 430
 Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val
 435 440 445
 Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys
 450 455 460

ES 2 798 326 T3

Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu
465 470 475 480

Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser
485 490 495

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

Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser
515 520 525

Ser Leu Ala Leu Ala Ile Xaa
530 535

<210> 13

<211> 568

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 13

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

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

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
35 40 45

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Gly Gly Val Lys
50 55 60

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
65 70 75 80

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
85 90 95

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
100 105 110

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
115 120 125

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
130 135 140

ES 2 798 326 T3

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 145 150 155 160
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asp Thr Tyr Pro Thr Ile
 165 170 175
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 180 185 190
 Gly Ile His His Pro Asn Asn Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys
 195 200 205
 Asn Pro Thr Thr Tyr Val Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 210 215 220
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 225 230 235 240
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 245 250 255
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 260 265 270
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 275 280 285
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Thr Ser
 290 295 300
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 305 310 315 320
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 325 330 335
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 340 345 350
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 355 360 365
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 370 375 380
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 385 390 395 400

ES 2 798 326 T3

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
405 410 415

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
420 425 430

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
435 440 445

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
450 455 460

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
465 470 475 480

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
485 490 495

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
500 505 510

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
515 520 525

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
530 535 540

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
545 550 555 560

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
565

<210> 14

<211> 568

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (375)..(375)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 14

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

ES 2 798 326 T3

Asp	Gln	Ile	Cys	Ile	Gly	Tyr	His	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Glu	Gln	Val	20	25	30	
Asp	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Asn	Val	Thr	Val	Thr	His	Ala	Gln	Asp	Ile	35	40	45	
Leu	Glu	Lys	Thr	His	Asn	Gly	Lys	Leu	Cys	Asp	Leu	Asp	Gly	Val	Lys	50	55	60	
Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn	65	70	75	80
Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe	Pro	Asn	Val	Ser	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val	85	90	95	
Glu	Lys	Thr	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn	100	105	110	
Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu	115	120	125	
Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser	130	135	140	
Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Glu	Pro	Ser	Phe	Tyr	145	150	155	160
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile	165	170	175	
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	180	185	190	
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys	195	200	205		
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	210	215	220	
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	225	230	235	240
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	245	250	255	
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	260	265	270	

ES 2 798 326 T3

Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 275 280 285
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Val Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 290 295 300
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 305 310 315 320
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 325 330 335
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 340 345 350
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 355 360 365
 Gly Tyr His His Ser Asn Xaa Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Arg
 370 375 380
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 385 390 395 400
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 405 410 415
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 420 425 430
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 435 440 445
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 450 455 460
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 465 470 475 480
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Ile Glu
 485 490 495
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 500 505 510
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 515 520 525
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 530 535 540
 Leu Ala Ile Ile Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
 545 550 555 560
 Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 565

ES 2 798 326 T3

<210> 15
 <211> 568
 <212> PRT
 <213> H5N1

5 <400> 15
 Met Glu Lys Ile Val Leu Leu Leu Ala Ile Val Ser Leu Val Lys Ser
 1 5 10 15
 Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 20 25 30
 Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
 35 40 45
 Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 50 55 60
 Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 65 70 75 80
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 85 90 95
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 100 105 110
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 115 120 125
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 130 135 140
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Arg Gly Pro Ser Phe Tyr
 145 150 155 160
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 165 170 175

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

420

425

430

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
435 440 445

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
450 455 460

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
465 470 475 480

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
485 490 495

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
500 505 510

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
515 520 525

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
530 535 540

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
545 550 555 560

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
565

<210> 16

<211> 568

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 16

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

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

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
35 40 45

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
50 55 60

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn

ES 2 798 326 T3

65		70		75		80
Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val						
	85			90		95
Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn						
	100			105		110
Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu						
	115			120		125
Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser						
	130			135		140
Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr						
	145			150		155
Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile						
	165			170		175
Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp						
	180			185		190
Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys						
	195			200		205
Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Ile Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg						
	210			215		220
Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Arg Gly						
	225			230		235
Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn						
	245			250		255
Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile						
	260			265		270
Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly						
	275			280		285
Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser						
	290			295		300
Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys						
	305			310		315
						320

ES 2 798 326 T3

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

<210> 17
 <211> 568
 <212> PRT
 <213> H5N1

5

<400> 17

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 225 230 235 240
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 245 250 255
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn Ala Tyr Lys Ile
 260 265 270
 Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 275 280 285
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 290 295 300
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 305 310 315 320
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 325 330 335
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 340 345 350
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 355 360 365
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 370 375 380
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 385 390 395 400
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 405 410 415
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 420 425 430
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 435 440 445
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
 450 455 460
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 465 470 475 480

ES 2 798 326 T3

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
485 490 495

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
500 505 510

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
515 520 525

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Thr Ser Ser Leu Ala
530 535 540

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
545 550 555 560

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
565

<210> 18

<211> 556

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (556)..(556)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 18

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

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

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
35 40 45

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
50 55 60

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
65 70 75 80

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
85 90 95

ES 2 798 326 T3

Glu Lys Thr Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 100 105 110
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 115 120 125
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 130 135 140
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Pro Ser Phe Tyr
 145 150 155 160
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 165 170 175
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 180 185 190
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
 195 200 205
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Ile Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 210 215 220
 Leu Ile Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 225 230 235 240
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 245 250 255
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 260 265 270
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 275 280 285
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 290 295 300
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 305 310 315 320
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 325 330 335
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 340 345 350

ES 2 798 326 T3

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
355 360 365

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
370 375 380

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

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
405 410 415

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
420 425 430

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
435 440 445

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
450 455 460

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
465 470 475 480

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
485 490 495

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
500 505 510

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
515 520 525

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
530 535 540

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Xaa
545 550 555

<210> 19

<211> 554

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (554)..(554)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 19

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Val Glu Phe Phe
 225 230 235 240
 Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn Phe Glu Ser Asn Gly
 245 250 255
 Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly Ser
 260 265 270
 Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Ser Thr Lys
 275 280 285
 Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn
 290 295 300
 Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn
 305 310 315 320
 Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Gly
 325 330 335
 Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu
 340 345 350
 Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser
 355 360 365
 Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys
 370 375 380
 Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met
 385 390 395 400
 Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys
 405 410 415
 Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val
 420 425 430
 Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr
 435 440 445
 Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg
 450 455 460
 Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu
 465 470 475 480

ES 2 798 326 T3

Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly
485 490 495

Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu
500 505 510

Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu
515 520 525

Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met Val
530 535 540

Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Xaa
545 550

<210> 20

<211> 564

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 20

Val Leu Leu Leu Ala Ile Val Ser Leu Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys
1 5 10 15

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

Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr
35 40 45

His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu
50 55 60

Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp
65 70 75 80

Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn
85 90 95

Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu Glu
100 105 110

Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Gln Ile
115 120 125

Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val Ser
130 135 140

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

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

Arg Ile Cys Ile

<210> 21

<211> 553

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc feature (característica miscelánea)

 $\langle 222 \rangle \quad (1) \dots (\bar{1})$

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 21

Xaa Val Leu Leu Leu Ala Ile Ile Ser Leu Val Lys Ser Asp Gln Ile
1 5 10 15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Ser
 275 280 285
 Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe
 290 295 300
 His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys
 305 310 315 320
 Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly
 325 330 335
 Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 340 345 350
 Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 355 360 365
 His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr
 370 375 380
 Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp
 385 390 395 400
 Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu
 405 410 415
 Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu
 420 425 430
 Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu
 435 440 445
 Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu Tyr Asp Lys
 450 455 460
 Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys
 465 470 475 480
 Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg
 485 490 495
 Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala Arg Leu Lys
 500 505 510
 Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln
 515 520 525
 Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile
 530 535 540
 Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met
 545 550

<210> 22

<211> 558
 <212> PRT
 <213> H5N1

<220>

- 5 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (558)..(558)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 22

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

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

Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys
 35 40 45

Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile
 50 55 60

Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys
 65 70 75 80

Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile
 85 90 95

Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu
 100 105 110

Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Lys
 115 120 125

Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val
 130 135 140

Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr Arg Asn Val
 145 150 155 160

ES 2 798 326 T3

Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile Lys Lys Ser
 165 170 175
 Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys Asn Pro Thr
 195 200 205
 Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu Val Pro
 210 215 220
 Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Val Glu
 225 230 235 240
 Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn Phe Glu Ser
 245 250 255
 Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys
 260 265 270
 Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu His Gly Asn Cys Asn
 275 280 285
 Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe
 290 295 300
 His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys
 305 310 315 320
 Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly
 325 330 335
 Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 340 345 350
 Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 355 360 365
 His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr
 370 375 380
 Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp
 385 390 395 400
 Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu
 405 410 415

ES 2 798 326 T3

Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu
420 425 430

Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu
435 440 445

Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys
450 455 460

Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys
465 470 475 480

Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg
485 490 495

Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Asn
500 505 510

Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln
515 520 525

Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile
530 535 540

Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Xaa
545 550 555

<210> 23

<211> 557

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (130)..(130)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 23

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

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

Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn
35 40 45

ES 2 798 326 T3

Gly	Lys	Leu	Cys	Asp	Leu	Asp	Gly	Val	Lys	Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp		
50						55					60						
Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn	Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe		
65					70					75					80		
Pro	Asn	Val	Ser	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val	Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Ala		
				85					90					95			
Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn	Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys		
			100					105					110				
His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu	Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro		
		115					120					125					
Lys	Xaa	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser	Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala		
	130					135					140						
Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Pro	Ser	Phe	Tyr	Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu		
145					150					155					160		
Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn		
				165					170					175			
Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly	Ile	His	His	Pro	Asn		
			180					185					190				
Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys	Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile		
		195					200					205					
Ser	Ile	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala		
	210					215					220						
Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp		
225					230					235					240		
Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn		
				245					250					255			
Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser		
			260					265					270				
Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys		
		275					280					285					
Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile		
	290					295					300						

ES 2 798 326 T3

His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg
305 310 315 320

Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Gly Arg
325 330 335

Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly
340 345 350

Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn
355 360 365

Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala
370 375 380

Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn
385 390 395 400

Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg
405 410 415

Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp
420 425 430

Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu
435 440 445

Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu
450 455 460

Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe
465 470 475 480

Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr
485 490 495

Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu
500 505 510

Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser
515 520 525

Ile Tyr Ser Thr Val Ala Gly Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met Met Ala
530 535 540

Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu Gln
545 550 555

<210> 24

<211> 547

<212> PRT

<213> H5N1

5

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (547)..(547)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

ES 2 798 326 T3

<400> 24

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

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

Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys
35 40 45

Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile
50 55 60

Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys
65 70 75 80

Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile
85 90 95

Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu
100 105 110

Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Lys
115 120 125

Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val
130 135 140

Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Glu Gly Pro Ser Phe Tyr Arg Asn Val
145 150 155 160

Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile Lys Lys Ser
165 170 175

Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly Ile His
180 185 190

ES 2 798 326 T3

His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys Asn Pro Thr
 195 200 205
 Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu Val Pro
 210 215 220
 Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Val Glu
 225 230 235 240
 Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn Phe Glu Ser
 245 250 255
 Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys
 260 265 270
 Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Asn
 275 280 285
 Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe
 290 295 300
 His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys
 305 310 315 320
 Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly
 325 330 335
 Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
 340 345 350
 Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 355 360 365
 His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr
 370 375 380
 Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp
 385 390 395 400
 Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu
 405 410 415
 Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu
 420 425 430
 Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu
 435 440 445

ES 2 798 326 T3

Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys
450 455 460

Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys
465 470 475 480

Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg
485 490 495

Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys
500 505 510

Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln
515 520 525

Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile
530 535 540

Met Val Xaa
545

<210> 25
<211> 547
<212> PRT
<213> H5N1

5

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (154)..(154)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (329)..(329)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

15

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (547)..(547)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 25
Ile Val Leu Leu Leu Ala Ile Val Ser Leu Val Lys Ser Asp Gln Ile
1 5 10 15

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

Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys
35 40 45

20

ES 2 798 326 T3

Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile
 50 55 60
 Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys
 65 70 75 80
 Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile
 85 90 95
 Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu
 100 105 110
 Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Lys
 115 120 125
 Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val
 130 135 140
 Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Xaa Ser Phe Tyr Arg Asn Val
 145 150 155 160
 Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile Lys Glu Ser
 165 170 175
 Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly Ile His
 180 185 190
 His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys Asn Pro Thr
 195 200 205
 Thr Tyr Ile Ser Ile Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu Val Pro
 210 215 220
 Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Val Glu
 225 230 235 240
 Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn Phe Glu Ser
 245 250 255
 Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys
 260 265 270
 Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Asn
 275 280 285
 Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe
 290 295 300

ES 2 798 326 T3

His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys
305 310 315 320

Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Xaa Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly
325 330 335

Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe
340 345 350

Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
355 360 365

His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr
370 375 380

Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp
385 390 395 400

Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu
405 410 415

Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu
420 425 430

Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu
435 440 445

Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys
450 455 460

Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys
465 470 475 480

Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg
485 490 495

Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys
500 505 510

Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln
515 520 525

Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Gly Ser Leu Ala Leu Ala Ile
530 535 540

Met Val Xaa
545

5 <210> 26
<211> 559
<212> PRT
<213> H5N1

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)

ES 2 798 326 T3

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 26

Xaa Leu Leu Leu Ala Ile Val Ser Leu Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys
1 5 10 15

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

Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr
35 40 45

His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu
50 55 60

Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp
65 70 75 80

Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn
85 90 95

Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu Glu
100 105 110

Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Gln Ile
115 120 125

Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val Ser
130 135 140

Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr Arg Asn Val Val
145 150 155 160

Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile Lys Glu Asn Tyr
165 170 175

His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly Ile His His
180 185 190

ES 2 798 326 T3

Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys Asn Pro Thr Thr
 195 200 205
 Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Thr Gln Arg Leu Val Pro Lys
 210 215 220
 Ile Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Val Glu Phe
 225 230 235 240
 Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn Phe Glu Ser Asn
 245 250 255
 Gly Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly
 260 265 270
 Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Ser Thr
 275 280 285
 Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe His
 290 295 300
 Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser
 305 310 315 320
 Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu
 325 330 335
 Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile
 340 345 350
 Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His
 355 360 365
 Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln
 370 375 380
 Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys
 385 390 395 400
 Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu
 405 410 415
 Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp
 420 425 430
 Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg
 435 440 445

ES 2 798 326 T3

Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu Tyr Asp Lys Val
450 455 460

Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe
465 470 475 480

Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn
485 490 495

Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala Arg Leu Lys Arg
500 505 510

Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile
515 520 525

Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met
530 535 540

Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu Gln
545 550 555

<210> 27

<211> 554

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (554)..(554)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 27

Xaa Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser
1 5 10 15

Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His
20 25 30

Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu
35 40 45

15 Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp
50 55 60

ES 2 798 326 T3

Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp
 65 70 75 80
 Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro
 85 90 95
 Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile
 100 105 110
 Asn Arg Phe Glu Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp
 115 120 125
 His Glu Ala Ser Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu
 130 135 140
 Pro Ser Phe Tyr Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr
 145 150 155 160
 Tyr Pro Thr Ile Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu
 165 170 175
 Leu Val Leu Trp Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys
 180 185 190
 Arg Ile Tyr Lys Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr
 195 200 205
 Leu Asn Gln Arg Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn
 210 215 220
 Gly Gln Ser Gly Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn
 225 230 235 240
 Asp Thr Ile Asn Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn
 245 250 255
 Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu
 260 265 270
 Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala
 275 280 285
 Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly
 290 295 300
 Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly
 305 310 315 320

ES 2 798 326 T3

Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu
325 330 335

Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val
340 345 350

Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr
355 360 365

Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn
370 375 380

Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val
385 390 395 400

Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys
405 410 415

Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu
420 425 430

Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn
435 440 445

Val Arg Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala
450 455 460

Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn
465 470 475 480

Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr
485 490 495

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

Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala
515 520 525

Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met
530 535 540

Cys Ser Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Xaa
545 550

<210> 28

<211> 537

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

ES 2 798 326 T3

<222> (537)..(537)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 28

Xaa Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu
1 5 10 15

Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln
20 25 30

Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly
35 40 45

Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu
50 55 60

Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr
65 70 75 80

Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn
85 90 95

Phe Asn Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg
100 105 110

Phe Glu Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu
115 120 125

Ala Ser Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser
130 135 140

Phe Tyr Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro
145 150 155 160

Thr Ile Lys Glu Asn Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val
165 170 175

Leu Trp Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile
180 185 190

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

435 440 445
 Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu
 450 455 460
 Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys
 465 470 475 480
 Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys
 485 490 495
 Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser
 500 505 510
 Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
 515 520 525
 Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Ala Xaa
 530 535
 <210> 29
 <211> 554
 <212> PRT
 5 <213> H5N1
 <400> 29
 Lys Gly Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu
 1 5 10 15
 Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln
 20 25 30
 Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly
 35 40 45
 Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu
 50 55 60
 Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr
 65 70 75 80
 Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn
 85 90 95
 Phe Asn Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg
 100 105 110
 Phe Glu Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val
370 375 380

Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg
385 390 395 400

Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met
405 410 415

Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val
420 425 430

Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys
435 440 445

Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu
450 455 460

Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys
465 470 475 480

Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu
485 490 495

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

Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
515 520 525

Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser
530 535 540

Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 30

<211> 511

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (182)..(182)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

15 <221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (200)..(200)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

20 <221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (511)..(511)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

ES 2 798 326 T3

<400> 30

Xaa His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys
1 5 10 15

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

Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp
35 40 45

Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe
50 55 60

Leu Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala
65 70 75 80

Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu Glu Leu Lys
85 90 95

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

Lys Asn Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val Ser Ala Ala
115 120 125

Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Leu Ser Phe Tyr Arg Asn Val Val Trp Leu
130 135 140

Ile Glu Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Leu Ile Lys Lys Asn Tyr His Asn
145 150 155 160

Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly Ile His His Pro Asn
165 170 175

Asp Glu Ala Glu Gln Xaa Arg Leu Tyr Lys Asn Ser Thr Thr Tyr Ile
180 185 190

Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Xaa Gln Arg Leu Val Pro Lys Ile Ala
195 200 205

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

450

455

460

Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr
465 470 475 480

Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu
485 490 495

Ile Ser Gly Ala Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Xaa
500 505 510

<210> 31

<211> 537

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 31

Xaa Leu Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn
1 5 10 15

Ser Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr
20 25 30

His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp
35 40 45

Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly
50 55 60

Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu
65 70 75 80

Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr
85 90 95

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

Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro
115 120 125

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

ES 2 798 326 T3

Gly	Pro	Ser	Phe	Tyr	Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn		
145					150					155					160		
Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Lys	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp		
				165					170					175			
Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln		
			180					185					190				
Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys	Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser		
		195					200					205					
Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val		
	210					215					220						
Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser		
225					230					235					240		
Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu		
				245					250					255			
Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser		
			260					265					270				
Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly		
		275					280					285					
Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile		
	290					295					300						
Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr		
305					310					315					320		
Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly		
				325					330					335			
Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met		
			340					345					350				
Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly		
		355					360					365					
Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr		
	370					375					380						
Asn	Lys	Val	Asn	Ser	Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala		
385					390					395					400		

ES 2 798 326 T3

Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn
405 410 415

Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
420 425 430

Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser
435 440 445

Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn
450 455 460

Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp
465 470 475 480

Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln
485 490 495

Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys
500 505 510

Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val
515 520 525

Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met
530 535

<210> 32

<211> 534

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 32

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

Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln
20 25 30

Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly
35 40 45

Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu
50 55 60

Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr
65 70 75 80

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

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

<210> 33

<211> 536

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (311)..(311)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 33

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

210		215		220
Gly 225	Gln Ser Gly Arg Val 230	Glu Phe Phe Trp Thr 235	Ile Leu Lys Ser Asn 240	
Asp Thr Ile Asn 245	Phe Glu Ser Asn Gly 250	Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn 255		
Ala Tyr Lys Ile 260	Val Lys Lys Gly Asp 265	Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu 270		
Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Val Gly Ala 285				
Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly 290				
Glu Cys Pro Lys Tyr Val Xaa Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly 305				
Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu 325				
Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val 340				
Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr 355				
Ala Ala Asp Arg Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn 370				
Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val 385				
Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys 405				
Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu 420				
Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn 435				
Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala 450				

ES 2 798 326 T3

Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn
465 470 475 480

Glu Cys Ile Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr
485 490 495

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

Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala
515 520 525

Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met
530 535

<210> 34

<211> 515

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (515)..(515)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 34

Xaa Leu Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn
1 5 10 15

Ser Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr
20 25 30

His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp
35 40 45

Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly
50 55 60

Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu
65 70 75 80

Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr
85 90 95

15 Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg

ES 2 798 326 T3

100	105	110
Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro 115 120 125		
Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly 130 135 140		
Gly Pro Ser Phe Tyr Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asp 145 150 155 160		
Thr Tyr Pro Thr Ile Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp 165 170 175		
Leu Leu Val Leu Trp Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln 180 185 190		
Lys Arg Ile Tyr Lys Asn Pro Thr Thr Tyr Val Ser Val Gly Thr Ser 195 200 205		
Thr Leu Asn Gln Arg Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val 210 215 220		
Asn Gly Gln Ser Gly Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser 225 230 235 240		
Asn Asp Thr Ile Asn Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu 245 250 255		
Asn Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser 260 265 270		
Glu Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly 275 280 285		
Ala Ile Asn Thr Ser Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile 290 295 300		
Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr 305 310 315 320		
Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly 325 330 335		
Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met 340 345 350		

ES 2 798 326 T3

Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly
355 360 365

Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr
370 375 380

Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala
385 390 395 400

Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn
405 410 415

Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu
420 425 430

Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser
435 440 445

Asn Val Arg Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn
450 455 460

Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp
465 470 475 480

Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln
485 490 495

Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys
500 505 510

Leu Glu Xaa
515

<210> 35

<211> 519

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (517)..(517)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 35

15 Xaa Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu
 260 265 270
 Glu Tyr Gly Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile
 275 280 285
 Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu
 290 295 300
 Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu
 305 310 315 320
 Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe
 325 330 335
 Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp
 340 345 350
 Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala
 355 360 365
 Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys
 370 375 380
 Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly
 385 390 395 400
 Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys
 405 410 415
 Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu
 420 425 430
 Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val
 435 440 445
 Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys
 450 455 460
 Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu
 465 470 475 480
 Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser
 485 490 495
 Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu
 500 505 510
 Ser Ile Gly Thr Xaa Gln Ile
 515

<210> 36

<211> 510

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

5 <222> (507)..(507)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (510)..(510)

10 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 36

Xaa His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys
1 5 10 15

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

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

Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe
50 55 60

Pro Asn Val Leu Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala
65 70 75 80

Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asp Tyr Glu Glu Leu Lys
85 90 95

His Leu Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu Lys Ile Gln Ile Ile Pro
100 105 110

Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser Gly Val Ser Ser Ala Cys
115 120 125

Pro Tyr Gln Arg Arg Ser Ser Phe Phe Arg Asn Val Val Trp Leu Thr
130 135 140

ES 2 798 326 T3

Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys Lys Ser Tyr Asn Asn Thr
 145 150 155 160
 Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly Ile His His Pro Asn Asp
 165 170 175
 Ala Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser
 180 185 190
 Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr
 195 200 205
 Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg Met Glu Phe Phe Trp Thr
 210 215 220
 Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe
 225 230 235 240
 Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr
 245 250 255
 Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln
 260 265 270
 Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile His
 275 280 285
 Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu
 290 295 300
 Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg
 305 310 315 320
 Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly
 325 330 335
 Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu
 340 345 350
 Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile
 355 360 365
 Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr
 370 375 380
 Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile
 385 390 395 400

ES 2 798 326 T3

Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr
405 410 415

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp
420 425 430

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

Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr
450 455 460

His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr
465 470 475 480

Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile
485 490 495

Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Xaa Gln Ile Xaa
500 505 510

<210> 37

<211> 523

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (523)..(523)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 37

His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn
1 5 10 15

Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn Gly
20 25 30

Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys
35 40 45

Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro
50 55 60

Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn
65 70 75 80

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn Glu
340 345 350

Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile
355 360 365

Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr
370 375 380

Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile
385 390 395 400

Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr
405 410 415

Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp
420 425 430

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

Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr
450 455 460

His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr
465 470 475 480

Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile
485 490 495

Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ile Tyr
500 505 510

Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Xaa
515 520

<210> 38

<211> 541

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 38

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

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

ES 2 798 326 T3

Asn	Val	Thr	Val	Thr	His	Ala	Gln	Asp	Ile	Leu	Glu	Lys	Thr	His	Asn		
	35						40					45					
Gly	Lys	Leu	Cys	Asp	Leu	Asp	Gly	Val	Lys	Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp		
	50					55					60						
Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn	Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe		
65					70					75					80		
Pro	Asn	Val	Ser	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val	Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Ala		
				85					90						95		
Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn	Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys		
			100					105					110				
His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu	Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro		
	115						120					125					
Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser	Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala		
	130					135					140						
Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Pro	Ser	Phe	Tyr	Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu		
145					150					155					160		
Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn		
				165					170					175			
Ile	Asn	Lys	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly	Ile	His	His	Pro	Asn		
			180					185					190				
Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Ile	Arg	Ile	Tyr	Lys	Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile		
	195						200					205					
Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala		
	210					215					220						
Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp		
225					230					235					240		
Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn		
				245					250					255			
Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser		
		260						265					270				
Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys		
	275						280					285					

ES 2 798 326 T3

Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met Pro Phe His Asn Ile
290 295 300

His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn Arg
305 310 315 320

Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Gly Arg
325 330 335

Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu Gly
340 345 350

Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His His Ser Asn
355 360 365

Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr Gln Lys Ala
370 375 380

Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp Lys Met Asn
385 390 395 400

Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Lys Arg
405 410 415

Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe Leu Asp Val Trp
420 425 430

Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu
435 440 445

Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu
450 455 460

Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe
465 470 475 480

Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr
485 490 495

Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu
500 505 510

Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser
515 520 525

Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile
530 535 540

<210> 39

<211> 555

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (1)..(1)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (555)..(555)

5 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 39

Xaa Leu Ala Ile Val Ser Leu Val Lys Ser Asp Gln Ile Cys Ile Gly
1 5 10 15

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

Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile Leu Glu Lys Thr His Asn
35 40 45

Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys Pro Leu Ile Leu Arg Asp
50 55 60

Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn Pro Met Cys Asp Glu Phe
65 70 75 80

Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val Glu Lys Ile Asn Pro Ala
85 90 95

Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asn Tyr Glu Glu Leu Lys
100 105 110

His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu Lys Ile Lys Ile Ile Pro
115 120 125

Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser Leu Gly Val Ser Ser Ala
130 135 140

Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr Arg Asn Val Val Trp Leu
145 150 155 160

Thr Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile Lys Lys Ser Tyr His Asn
165 170 175

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

420

425

430

Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn Glu Arg Thr Leu
435 440 445

Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp Lys Val Arg Leu
450 455 460

Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly Cys Phe Glu Phe
465 470 475 480

Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val Arg Asn Gly Thr
485 490 495

Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu Lys Arg Glu Glu
500 505 510

Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser
515 520 525

Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ile Met Met Ala
530 535 540

Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Xaa
545 550 555

<210> 40

<211> 568

<212> PRT

5 <213> Artificial

<220>

<223> secuencia consenso traducida en proteína

<400> 40

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

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

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
35 40 45

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
50 55 60

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
65 70 75 80

10

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

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

<210> 41
<211> 1620
<212> **ADN**
<213> H5N1

<400> 41

ES 2 798 326 T3

caatagtcag tattgttaaa agtgatcaga tttgcattgg ttaccatgca aacaactcga	60
cagagcaggt tgacacaata atggaaaaga acgtcactgt tacacacgcc caagacatac	120
tggaaaagac acacaacggg aaactctgca atctagatgg agtgaagcct ctaattttaa	180
gagattgtag tgtagctgga tggctcctag ggaacccaat gtgcgacgaa ttcctcaatg	240
tgccggaatg gtcttacata gtggagaaga tcaatccaac caatgacctc tgttatccag	300
ggaatttcaa cgactatgaa gaactgaaac acctattgag cagaataaac cattttgaga	360
aaattcagat cattcccaa aattcttggg cagatcatga agcctcagga gtgagctcag	420
catgtccata ccagggaaga tcctcctttt ttagaaatgt ggtatggctt accaaaaaga	480
acaatgcata cccaacaata aagaaaagtt acaataatac caaccaagaa gatcttttgg	540
tattatgggg gattcaccat ccaaatgatg cggcagagca gacaaggctt tatcaaaacc	600
caactaccta tatctcgtt gggacatcaa cactaaacca gagattggta cccaaaatag	660
ctactagatc taaggtaaac gggcaaagtg gaaggatgga gttcttttgg acaattttaa	720
aatcgaatga tgcaataaac tttgagagta atggaaatct cattgctcca gaaaatgcat	780
acaaaattgt caagaaaggg gactcaacaa ttatgaaaag tgagttggaa tatggtgact	840
gcaacaccaa gtgtcagact ccaatagggg cgataaactc cagtatgcca ttccacaaca	900
tccaccctct caccatcggg gaatgcccc aatatgtgaa atcaaacaga ttagtccttg	960
ctactgggct cagaaatagc cctcaaggag agagaagaag aaaaaagaga ggactatttg	1020
gagctatagc aggttttata gagggaggat ggcagggaat ggtagatggg tggtaggggt	1080
accaccatag caacgagcag gggagtgggt acgctgcaga caaagaatcc actcaaaagg	1140
caatagatgg agtcaccaat aagggtcaact cgatcattga caaaatgaac actcagtttg	1200
aggctgttgg gaggggaattt aataacttag aaaggagaat agaaaattta aacaagaaga	1260
tggaagacgg attcctagat gtctggactt ataattgctga acttctggtt ctcatggaaa	1320
atgagagaac tctagacttt catgactcaa atgtcaagaa cctttatgac aagggtccgac	1380
tacagcttag ggataatgca aaggagcttg gtaacgggtg tttcgagttc tatcacagat	1440
gtgataatga atgtatggaa agtgtaagaa acggtacgta tgactaccg cagtattcag	1500
aagaagcaag attaaaaaga gaggaataa gtggagtaaa attggagtca ataggaaactt	1560
accaaatact gtcaatttat tcaacagtgg cgagctccct agcactggca atcatggtgg	1620

<210> 42
 <211> 1707
 <212> ADN
 <213> H5N1
 <400> 42

ES 2 798 326 T3

atggagaaaa tagtgcttct tcttgcaata gtcagtccttg ttaaaagtga tcagatttgc	60
attggttacc atgcaaacaa ctcaacagag caggttgaca caataatgga aaagaacgtc	120
actgttacac acgctcaaga catactggaa aagacacaca atgggaaact ctgcgatcta	180
ggtggagtga agcctctaata ttttaagagat tgtagtgtag ctggatggct cctcgggaac	240
ccaatgtgtg acgaattccc caatgtgtcg gaatggctct acatagtgga gaagatcaat	300
ccagccaatg acctctgtta ccaggggaat ttcaacaact atgaagaact gaaacatcta	360
ttgagcagaa taaaccgggtt tgagaaaatt cagatcatcc ccaaaagttc ttggccagat	420
catgaagcct cattaggagt gagctcagca tgtccatacc agggaggacc ctccttttat	480
agaaatgtgg tatggcttat caaaaagaac gatacatacc caacaataaa ggaaagttac	540
cataatacca atcaagaaga tcttttgggtg ctgtggggga tccaccatcc aaataatgag	600
gaagaacaga aaaggatcta taaaaaccca actacctatg tttccgttgg gacatcaaca	660
ctaaaccaga gattggtacc gaagatagcc actagatcta aggtaaacgg gcaaagtgga	720
agagtggagt tcttttggac aatttttaaaa tcaaatgata caataaactt tgagagtaat	780
ggaaatttca ttgctccaga aaatgcatac aaaattgtca agaaagggga ctcaacaatt	840
atgaaaagtg agttggaata tggtaactgc agcaccaagt gtcaaaactcc aataggggag	900
ataaacacca gtatgccatt ccacaacatc caccctctca ccatcgggga atgccccaaa	960
tatgtgaaat caaacagatt agtccttgct actgggctta gaaatagccc tcaaggagag	1020
ggaagaagaa aaaagagagg actatttggg gctatagcag gttttataga gggaggatgg	1080
cagggaatgg tagatggttg gtatgggtac caccatagta acgagcaggg gagtgggtac	1140
gctgcagaca aagaatccac tcaaaaggca atagatggag tcaccaataa ggtcaactcg	1200
atcattgaca aaatgaatac tcagtttgag gctgttgga gggaatttaa taacttgaa	1260
aagagaatag aaaatttaaa caagaagatg gaagacgggt tcctagatgt ctggacttat	1320
aatgctgaac ttctggttct catggaaaat gagagaactc tagactttca tgactcaaat	1380
gtcaggaacc ttacgacaa ggtgcgacta cagcttaggg acaatgcaaa ggagcttgg	1440
aacggttgtt tcgagttcta tcacagatgc gataatgaat gtatggaaag tgtaagaaac	1500
ggaacgtatg actaccgcga gtattcagaa gaagcaagat taaaaagaga ggaaataagt	1560
ggagtaaaat tggaatcaat aggaacttac caaatactat caatttattc aacagtggca	1620
agttccctag cactggcaat catgggtggct ggtctatatt tatggatgtg ctccaatgga	1680
tcgttacaat gcagaatttg catttaa	1707

<210> 43

<211> 1707

<212> ADN

<213> Artificial

5

<220>

<223> consenso de 38 secuencias del gen H5

<400> 43

ES 2 798 326 T3

```

atggagaaaa tagtgcttct tcttgcaata gtcagtcttg ttaaaagtga tcagatttgc      60
attggttacc atgcaaacaa ctcaacagag caggttgaca caataatgga aaagaacgtc      120
actgttacac acgctcaaga catactggaa aagacacaca acgggaaact ctgcatccta      180
gatggagtga agcctctaata ttttaagagat tgtagtgtag ctggatggct cctcggaac      240
ccaatgtgtg acgaattccc caatgtgtcg gaatggctct acatagtgga gaagatcaat      300
ccagccaatg acctctgtta cccaggaat ttcaacaact atgaagaact gaaacaccta      360
ttgagcagaa taaaccgggt tgagaaaatt cagatcatcc ccaaagttc ttggccagat      420
catgaagcct cattaggagt gagctcagca tgtccatacc agggaggacc ctccttttat      480
agaaatgtgg tatggcttat caaaaagaac aatacatacc caacaataaa ggaaagttaac      540
cataatacca atcaagaaga tcttttggtg ctgtggggga ttcacatcc aaatgatgag      600
gaagagcaga caaggatcta taaaaacca actacctata tttccgttgg gacatcaaca      660
ctaaaccaga gattggtacc aaagatagcc actagatcta aggtaaacgg gcaaagtgga      720
agagtggagt tcttttggaac aattttaaaa tcaaatgata caataaactt tgagagtaat      780
ggaaatttca ttgctccaga aaatgcatac aaaattgtca agaaagggga ctcaacaatt      840
atgaaaagtg agttggaata tggtaactgc aacaccaagt gtcaaaactcc aataggggag      900
ataaactcca gtatgccatt ccacaacatc caccctctca ccatcgggga atgccccaaa      960
tatgtgaaat caaacagatt agtccttgct actgggctca gaaatagccc tcaaggagag     1020
ggaagaagaa aaaagagagg actatttggg gctatagcag gttttataga gggaggatgg     1080
cagggaatgg tagatggttg gtatgggtac caccatagca acgagcaggg gagtgggtac     1140
gctgcagaca aagaatccac tcaaaaggca atagatggag tcaccaataa ggtcaactcg     1200
atcattgaca aaatgaatac tcagtttgag gctgttgga gggaatttaa taacttgaa      1260
aagagaatag aaaattttaa caagaagatg gaagacgggt tcctagatgt ctggacttat     1320
aatgctgaac ttctggttct catggaaaat gagagaactc tagactttca tgactcaaat     1380
gtcaagaacc ttacgacaa ggtgcgacta cagcttaggg acaatgcaaa ggagcttgg      1440
aacggttgtt tcgagttcta tcacagatgc gataatgaat gtatggaaag tgtaagaac      1500
ggaacgtatg actaccgca gtattcagaa gaagcaagat taaaagaga ggaaataagt     1560
ggagtaaaaat tggaatcaat aggaacttac caatactat caatttattc aacagtggca     1620
agttccctag cactggcaat catggtggct ggtctatatt tatggatgtg ctccaatgga     1680
tcgttacaat gcagaatttg catttaa      1707

```

<210> 44
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> H5N1

<400> 44
 Met Glu Lys Ile Val Leu Leu Leu Ala Ile Val Ser Leu Val Lys Ser
 1 5 10 15

<210> 45
 <211> 532
 <212> PRT
 <213> H5N1

ES 2 798 326 T3

<400> 45

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Thr Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
130 135 140

Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
145 150 155 160

ES 2 798 326 T3

Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175
 Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190
 Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asp
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 290 295 300
 Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
 305 310 315 320
 Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
 325 330 335
 Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
 340 345 350
 Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
 355 360 365
 Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
 370 375 380
 Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
 385 390 395 400
 Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
 405 410 415

ES 2 798 326 T3

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val
530

<210> 46

<211> 552

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 46

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Gly Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

ES 2 798 326 T3

Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu		
			100					105					110				
Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser		
		115					120					125					
Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Pro	Ser	Phe	Tyr		
	130					135					140						
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asp	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile		
145					150					155					160		
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp		
				165					170						175		
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asn	Glu	Glu	Glu	Gln	Lys	Arg	Ile	Tyr	Lys		
			180					185						190			
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Val	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg		
		195					200					205					
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly		
	210					215					220						
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn		
225					230					235					240		
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile		
			245						250					255			
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly		
			260					265					270				
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Thr	Ser		
		275					280					285					
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys		
	290					295					300						
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser		
305					310					315					320		
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile		
				325					330					335			
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr		
			340					345					350				

ES 2 798 326 T3

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 47

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 47

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

260	265	270
Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser 275 280 285		
Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys 290 295 300		
Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser 305 310 315 320		
Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile 325 330 335		
Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr 340 345 350		
Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys 355 360 365		
Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser 370 375 380		
Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe 385 390 395 400		
Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp 405 410 415		
Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met 420 425 430		
Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu 435 440 445		
Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly 450 455 460		
Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu 465 470 475 480		
Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala 485 490 495		
Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly 500 505 510		
Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala 515 520 525		
Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly 530 535 540		
Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile 545 550		

<210> 48
 <211> 42
 <212> PRT
 <213> H5N1
 5 <400> 48
 Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
 1 5 10 15
 Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser
 20 25 30
 Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 35 40
 <210> 49
 <211> 4
 <212> PRT
 10 <213> H5N1
 <400> 49
 Ile Met Val Ala
 1
 <210> 50
 <211> 4
 15 <212> PRT
 <213> H5N1
 <400> 50
 Ile Met Met Ala
 1
 <210> 51
 <211> 42
 <212> PRT
 20 <213> H5N1
 <400> 51
 Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
 1 5 10 15
 25 Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser
 20 25 30
 Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 35 40
 <210> 52
 <211> 42
 <212> PRT
 30 <213> H5N1
 <400> 52
 Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
 1 5 10 15
 Leu Ala Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser
 20 25 30
 Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 35 40
 <210> 53
 <211> 42

ES 2 798 326 T3

<212> PRT
<213> H5N1

<400> 53
Ile Gly Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser
1 5 10 15

Leu Ala Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser
20 25 30

Asn Gly Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
35 40

5 <210> 54
<211> 4
<212> PRT
<213> H5N1

<400> 54
Ala Ser Gly Val
10 1

<210> 55
<211> 551
<212> PRT
<213> H5N1

15 <400> 55

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

245										250					255				
Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn				
			260					265					270						
Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met				
		275					280					285							
Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr				
	290					295					300								
Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	Pro				
305					310					315					320				
Gln	Glu	Glu	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala				
				325					330					335					
Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly				
		340						345					350						
Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	Glu				
		355					360					365							
Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	Ile				
	370					375					380								
Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	Asn				
385					390					395					400				
Asn	Leu	Glu	Arg	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp	Gly				
				405					410					415					
Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met	Glu				
			420					425					430						
Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu	Tyr				
		435				440						445							
Asp	Lys	Val	Arg	Leu	Gln	Leu	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Glu	Leu	Gly	Asn				
	450					455					460								
Gly	Cys	Phe	Glu	Phe	Tyr	His	Arg	Cys	Asp	Asn	Glu	Cys	Met	Glu	Ser				
465					470				475					480					
Val	Arg	Asn	Gly	Thr	Tyr	Asp	Tyr	Pro	Gln	Tyr	Ser	Glu	Glu	Ala	Arg				
				485					490					495					

ES 2 798 326 T3

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 56

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 56

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Gly Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
130 135 140

Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
145 150 155 160

ES 2 798 326 T3

Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175
 Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190
 Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 290 295 300
 Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
 305 310 315 320
 Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
 325 330 335
 Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
 340 345 350
 Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
 355 360 365
 Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
 370 375 380
 Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
 385 390 395 400
 Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
 405 410 415

ES 2 798 326 T3

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Arg Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 57

<211> 544

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (544)..(544)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 57

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn

ES 2 798 326 T3

50						55										60
Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe	Leu	Asn	Val	Pro	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val	
65					70					75					80	
Glu	Lys	Ile	Tyr	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn	
				85					90					95		
Asp	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	His	Phe	Glu	
			100					105					110			
Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Ser	Asp	His	Glu	Ala	Ser	
		115					120					125				
Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Arg	Ser	Ser	Phe	Phe	Arg	
	130					135					140					
Asn	Val	Val	Trp	Leu	Thr	Lys	Lys	Asp	Asn	Ala	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	
145					150					155					160	
Lys	Ser	Tyr	Asn	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Ile	Leu	Trp	Gly	
				165					170					175		
Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Ala	Ala	Glu	Gln	Thr	Arg	Leu	Tyr	Gln	Asn	
			180					185					190			
Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	
		195					200					205				
Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	
	210					215					220					
Met	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Phe	
225					230					235					240	
Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	
				245					250					255		
Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	
			260					265					270			
Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	
		275					280					285				
Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr	
	290					295					300					

ES 2 798 326 T3

Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
305 310 315 320

Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
325 330 335

Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
340 345 350

Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
355 360 365

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Xaa
530 535 540

<210> 58

<211> 533

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (533)..(533)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 58

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

210	215	220
Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe 225 230 235 240		
Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val 245 250 255		
Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn 260 265 270		
Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met 275 280 285		
Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr 290 295 300		
Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro 305 310 315 320		
His Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala 325 330 335		
Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly 340 345 350		
Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu 355 360 365		
Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile 370 375 380		
Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn 385 390 395 400		
Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly 405 410 415		
Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu 420 425 430		
Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr 435 440 445		
Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn 450 455 460		

ES 2 798 326 T3

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Xaa
530

<210> 59

<211> 530

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 59

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Lys Ile Asn Pro Thr Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn Asp
85 90 95

Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu Lys
100 105 110

Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Tyr Trp Ser Asp His Glu Thr Ser Gly
115 120 125

Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Pro Ser Phe Phe Arg Asn
130 135 140

ES 2 798 326 T3

Val	Val	Trp	Leu	Thr	Lys	Lys	Asn	Asn	Ala	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Lys	145	150	155	160
Ser	Tyr	Asn	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly	Ile	165	170	175	
His	His	Pro	Asn	Asp	Ala	Ala	Glu	Gln	Thr	Arg	Leu	Tyr	Gln	Asn	Pro	180	185	190	
Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	Val	195	200	205	
Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	Met	210	215	220	
Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Phe	Glu	225	230	235	240
Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	Lys	245	250	255	
Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	Cys	260	265	270	
Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	Pro	275	280	285	
Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr	Val	290	295	300	
Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	Pro	Gln	305	310	315	320
Gly	Glu	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Gly	325	330	335	
Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	Tyr	340	345	350	
His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	Glu	Ser	355	360	365	
Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	Ile	Ile	370	375	380	
Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	Asn	Asn	385	390	395	400

ES 2 798 326 T3

Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly Phe
405 410 415

Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu Asn
420 425 430

Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr Asp
435 440 445

Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn Gly
450 455 460

Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser Val
465 470 475 480

Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu
485 490 495

Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr
500 505 510

Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala
515 520 525

Ile Met
530

<210> 60

<211> 544

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (544)..(544)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 60

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn

ES 2 798 326 T3

50						55										60
Pro	Met	Cys	Asp	Lys	Phe	Leu	Asn	Val	Pro	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val	
65					70					75					80	
Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Thr	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn	
			85						90					95		
Asp	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	His	Phe	Glu	
		100						105					110			
Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Pro	Lys	Asn	Ser	Trp	Ser	Asp	His	Glu	Ala	Ser	
	115						120					125				
Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Arg	Ser	Ser	Phe	Phe	Arg	
130						135					140					
Asn	Val	Val	Trp	Leu	Thr	Lys	Lys	Asn	Asn	Ala	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	
145					150					155					160	
Lys	Ser	Tyr	Asn	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly	
			165						170					175		
Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Ala	Ala	Glu	Gln	Thr	Arg	Leu	Tyr	Gln	Asn	
			180					185					190			
Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	Leu	
	195						200					205				
Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	
210						215					220					
Met	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Phe	
225					230					235					240	
Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	
			245						250					255		
Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asp	
		260						265					270			
Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	
	275						280					285				
Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr	
290						295					300					

ES 2 798 326 T3

Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
305 310 315 320

Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
325 330 335

Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
340 345 350

Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
355 360 365

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Xaa
530 535 540

<210> 61

<211> 533

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (533)..(533)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 61

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

210		215		220
Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe				
225		230		235
Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val				
	245		250	255
Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asp				
	260		265	270
Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met				
	275		280	285
Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr				
	290		295	300
Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro				
305		310	315	320
Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala				
	325		330	335
Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly				
	340		345	350
Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu				
	355		360	365
Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile				
	370		375	380
Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn				
385		390	395	400
Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly				
	405		410	415
Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu				
	420		425	430
Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr				
	435		440	445
Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn				
450		455	460	

ES 2 798 326 T3

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Xaa
530

<210> 62

<211> 516

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (155)..(155)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 62

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

370

375

380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu
515

<210> 63

<211> 531

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (531)..(531)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 63

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

ES 2 798 326 T3

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Leu Asn Val Pro Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asp Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
 130 135 140
 Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
 145 150 155 160
 Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175
 Ile His His Pro Asn Asp Glu Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190
 Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 290 295 300

ES 2 798 326 T3

Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
305 310 315 320

Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
325 330 335

Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
340 345 350

Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
355 360 365

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Xaa
530

<210> 64

<211> 520

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (520)..(520)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 64

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Asn	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	Arg	210	215	220
Met	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Ala	Ile	Asn	Phe	225	230	235
Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	Val	245	250	255
Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	Asn	260	265	270
Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	Met	275	280	285
Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr	290	295	300
Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	Pro	305	310	315
Gln	Gly	Glu	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	325	330	335
Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly	340	345	350
Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	Glu	355	360	365
Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	Ile	370	375	380
Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	Asn	385	390	395
Asn	Leu	Glu	Arg	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp	Gly	405	410	415
Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met	Glu	420	425	430
Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu	Tyr	435	440	445
Asp	Lys	Val	Arg	Leu	Gln	Leu	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Glu	Leu	Gly	Asn	450	455	460

ES 2 798 326 T3

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Xaa
515 520

<210> 65

<211> 531

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (531)..(531)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 65

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Xaa
530

<210> 66

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 66

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Gly Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

ES 2 798 326 T3

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asp Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asn Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Val Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Thr Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320

ES 2 798 326 T3

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 67

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (359)..(359)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 67

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Val Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Xaa Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Arg
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460

ES 2 798 326 T3

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Ile Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Ile Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 68

<211> 552

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 68

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

370

375

380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 69

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 69

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys

ES 2 798 326 T3

	35					40					45				
Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn
	50					55					60				
Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe	Pro	Asn	Val	Ser	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val
65					70					75					80
Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn
				85					90					95	
Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu
			100					105					110		
Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser
		115					120					125			
Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Pro	Ser	Phe	Tyr
	130					135					140				
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile
145					150					155					160
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp
				165					170					175	
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys
			180					185					190		
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Ile	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg
		195					200					205			
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Arg	Gly
	210					215					220				
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn
225					230					235					240
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile
				245					250					255	
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly
			260					265					270		
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser
		275					280					285			

ES 2 798 326 T3

Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
 530 535 540
 Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

<210> 70
 <211> 552
 <212> PRT
 <213> H5N1
 <400> 70

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460

ES 2 798 326 T3

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Thr Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 71

<211> 540

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (540)..(540)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 71

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Thr Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

ES 2 798 326 T3

Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu		
			100					105					110				
Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser		
		115					120					125					
Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Arg	Pro	Ser	Phe	Tyr		
	130					135					140						
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile		
145					150					155					160		
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp		
				165					170						175		
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys		
			180					185					190				
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Ile	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg		
		195					200					205					
Leu	Ile	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly		
	210					215					220						
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn		
225					230					235					240		
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile		
			245						250					255			
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly		
			260					265					270				
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser		
	275						280					285					
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys		
	290					295					300						
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser		
305					310					315					320		
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile		
				325					330					335			
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr		
			340					345					350				

ES 2 798 326 T3

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Xaa
530 535 540

<210> 72

<211> 543

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (543)..(543)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 72

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
260 265 270

Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
275 280 285

Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
290 295 300

Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
305 310 315 320

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Xaa
530 535 540

<210> 73

<211> 552

<212> PRT

<213> H5N1

ES 2 798 326 T3

<400> 73

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
145 150 155 160

Lys Glu Asn Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
165 170 175

Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys
180 185 190

ES 2 798 326 T3

Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg
195						200						205			
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Pro	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly
210						215						220			
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn
225				230						235				240	
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Lys	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile
				245				250						255	
Val	Lys	Lys	Gly	Ser	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly
		260						265				270			
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser
		275				280						285			
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys
290						295						300			
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser
305				310						315				320	
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile
				325				330						335	
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr
		340						345				350			
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Thr	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys
		355				360						365			
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser
370						375						380			
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe
385				390						395				400	
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp
				405				410						415	
Gly	Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met
		420						425				430			
Glu	Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Arg	Asn	Leu
435						440						445			

ES 2 798 326 T3

Tyr Asn Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 74

<211> 540

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 74

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Gly Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

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

<210> 75
 <211> 545
 <212> PRT
 <213> H5N1

5

<220>
 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (545)..(545)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10

<400> 75
 Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 1 5 10 15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Asn Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
 530 535 540

Xaa
 545

<210> 76

<211> 547
 <212> PRT
 <213> H5N1

<220>

- 5 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (120)..(120)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 76

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
 20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Xaa Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160

ES 2 798 326 T3

Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Ile Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415

ES 2 798 326 T3

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Gly Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln
545

<210> 77

<211> 534

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (534)..(534)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 77

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

ES 2 798 326 T3

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Glu Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160

Lys Lys Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175

Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190

Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205

Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220

Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240

Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255

Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270

Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285

Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300

ES 2 798 326 T3

Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
305 310 315 320

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Xaa
530

<210> 78

<211> 534

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (141)..(141)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (316)..(316)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

5 <222> (534)..(534)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 78

Asp	Gln	Ile	Cys	Ile	Gly	Tyr	His	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Glu	Gln	Val
1				5					10					15	

Asp	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Asn	Val	Thr	Val	Thr	His	Ala	Gln	Asp	Ile
			20					25					30		

Leu	Glu	Lys	Thr	His	Asn	Gly	Lys	Leu	Cys	Asp	Leu	Asp	Gly	Val	Lys
		35					40					45			

Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn
	50					55					60				

Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe	Pro	Asn	Val	Ser	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val
65					70					75					80

Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn
			85						90					95	

Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu
		100					105					110			

Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser
	115						120					125			

Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Xaa	Ser	Phe	Tyr
130						135					140				

Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile
145					150					155					160

Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp
				165					170					175	

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

420

425

430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Gly Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Xaa
530

<210> 79

<211> 547

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 79

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu

ES 2 798 326 T3

100		105		110
Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser	115	120		125
Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr	130	135	140	
Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile	145	150	155	160
Lys Glu Asn Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp	165	170		175
Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys	180	185		190
Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Thr Gln Arg	195	200	205	
Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly	210	215	220	
Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn	225	230	235	240
Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn Ala Tyr Lys Ile	245	250		255
Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly	260	265		270
Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser	275	280		285
Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys	290	295	300	
Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser	305	310	315	320
Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile	325	330		335
Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr	340	345		350

ES 2 798 326 T3

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln
545

<210> 80

<211> 550

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (550)..(550)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 80

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

245								250				255			
Val	Lys	Lys	Gly 260	Ser	Ser	Thr	Ile	Met 265	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu 270	Tyr	Gly
Asn	Cys	Ser 275	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr 280	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile 285	Asn	Ser	Ser
Met	Pro 290	Phe	His	Asn	Ile	His 295	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly 300	Glu	Cys	Pro	Lys
Tyr 305	Val	Lys	Ser	Asn	Arg 310	Leu	Val	Leu	Ala	Thr 315	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser 320
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly 325	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg 330	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala 335	Ile
Ala	Gly	Phe	Ile 340	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln 345	Gly	Met	Val	Asp	Gly 350	Trp	Tyr
Gly	Tyr	His 355	His	Ser	Asn	Glu	Gln 360	Gly	Thr	Gly	Tyr	Ala 365	Ala	Asp	Lys
Glu	Ser 370	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile 375	Asp	Gly	Val	Thr	Asn 380	Lys	Val	Asn	Ser
Ile 385	Ile	Asp	Lys	Met	Asn 390	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala 395	Val	Gly	Arg	Glu	Phe 400
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys 405	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu 410	Asn	Lys	Lys	Met	Glu 415	Asp
Gly	Phe	Leu	Asp 420	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn 425	Ala	Glu	Leu	Leu	Val 430	Leu	Met
Glu	Asn 435	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe 440	His	Asp	Ser	Asn 445	Val	Arg	Asn	Leu
Tyr	Asp 450	Lys	Val	Arg	Leu	Gln 455	Leu	Arg	Asp	Asn 460	Ala	Lys	Glu	Leu	Gly
Asn 465	Gly	Cys	Phe	Glu	Phe 470	Tyr	His	Lys	Cys	Asp 475	Asn	Glu	Cys	Met	Glu 480
Ser	Val	Arg	Asn 485	Gly	Thr	Tyr	Asp	Tyr	Pro 490	Gln	Tyr	Ser	Lys	Glu 495	Ala

ES 2 798 326 T3

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Xaa
545 550

<210> 81

<211> 535

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (535)..(535)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 81

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Xaa
530 535

<210> 82
<211> 552
<212> PRT
5 <213> H5N1

<400> 82
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val

ES 2 798 326 T3

65	70	75	80
Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn	85	90	95
Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu	100	105	110
Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser	115	120	125
Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr	130	135	140
Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile	145	150	155
Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp	165	170	175
Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys	180	185	190
Asn Pro Asn Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg	195	200	205
Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly	210	215	220
Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn	225	230	235
Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile	245	250	255
Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly	260	265	270
Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser	275	280	285
Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys	290	295	300
Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser	305	310	315
			320

ES 2 798 326 T3

Pro Gln Glu Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 83

<211> 517

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (7)..(7)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (188)..(188)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

5 <222> (206)..(206)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (517)..(517)

10 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 83

Asp	Gln	Ile	Cys	Ile	Gly	Xaa	His	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Glu	Gln	Val
1				5					10					15	

Asp	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Asn	Ile	Thr	Val	Thr	His	Ala	Gln	Asp	Ile
			20					25					30		

Leu	Glu	Lys	Thr	His	Asn	Gly	Lys	Leu	Cys	Asp	Leu	Asp	Gly	Val	Lys
		35					40					45			

Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn
	50					55					60				

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

Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn
				85					90					95	

Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu
			100					105					110		

Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Ser	Lys	Asn	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser
		115					120					125			

Leu	Gly	Val	Ser	Ala	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Leu	Ser	Phe	Tyr
	130					135					140				

Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Glu	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Leu	Ile
145					150					155					160

ES 2 798 326 T3

Lys Lys Asn Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Ala Glu Gln Xaa Arg Leu Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Ser Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Xaa Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Val Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Asp Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp

ES 2 798 326 T3

405

410

415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Ala Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Xaa
515

<210> 84

<211> 532

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 84

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu

ES 2 798 326 T3

100		105		110
Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser	115	120		125
Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Arg Gly Pro Ser Phe Tyr	130	135	140	
Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile	145	150	155	160
Lys Lys Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp	165		170	175
Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys	180		185	190
Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg	195	200		205
Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly	210	215	220	
Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn	225	230	235	240
Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile	245		250	255
Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly	260		265	270
Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser	275	280		285
Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys	290	295	300	
Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser	305	310	315	320
Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile	325		330	335
Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr	340	345		350

ES 2 798 326 T3

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met
530

<210> 85

<211> 532

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 85

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

ES 2 798 326 T3

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45
 Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asp Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Thr Ser
 275 280 285

ES 2 798 326 T3

Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
290 295 300

Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
305 310 315 320

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asn Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met
530

<210> 86

<211> 532

<212> PRT

<213> H5N1

5

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (307)..(307)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

ES 2 798 326 T3

<400> 86

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Thr Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
145 150 155 160

Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
165 170 175

Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
180 185 190

ES 2 798 326 T3

Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	195	200	205	
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	210	215	220	
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	225	230	235	240
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	245	250	255	
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	260	265	270	
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Val	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	275	280	285	
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	290	295	300	
Tyr	Val	Xaa	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	305	310	315	320
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	325	330	335	
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	340	345	350	
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Arg	355	360	365	
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	370	375	380	
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	385	390	395	400
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp	405	410	415	
Gly	Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met	420	425	430	
Glu	Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu	435	440	445	

ES 2 798 326 T3

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Ile Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met
530

<210> 87

<211> 510

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (510)..(510)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 87

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu

ES 2 798 326 T3

100										105					110				
Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser				
		115					120					125							
Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Pro	Ser	Phe	Tyr				
	130					135					140								
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asp	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile				
145					150					155					160				
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp				
				165					170						175				
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Lys	Arg	Ile	Tyr	Lys				
			180						185				190						
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Val	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg				
		195					200					205							
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly				
	210					215					220								
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn				
225					230					235					240				
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile				
			245						250					255					
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly				
			260					265					270						
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Thr	Ser				
		275					280					285							
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys				
	290				295						300								
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser				
305				310					315					320					
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile				
			325						330					335					
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr				
		340					345						350						

ES 2 798 326 T3

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Xaa
500 505 510

<210> 88

<211> 515

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (513)..(513)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 88

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

ES 2 798 326 T3

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Lys Phe Leu Asn Val Pro Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asp Phe Asn
 85 90 95
 Asp Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
 130 135 140
 Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
 145 150 155 160
 Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175
 Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Met Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190
 Pro Thr Thr Tyr Val Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr

ES 2 798 326 T3

290 295 300

Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
305 310 315 320

Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
325 330 335

Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
340 345 350

Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
355 360 365

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Xaa Gln Ile
515

<210> 89
<211> 516
<212> PRT
5 <213> H5N1

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (7)..(7)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (513)..(513)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (516)..(516)

5 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 89

Asp	Gln	Ile	Cys	Ile	Gly	Xaa	His	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Glu	Gln	Val
1				5					10					15	

Asp	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Asn	Val	Thr	Val	Thr	His	Ala	Gln	Asp	Ile
			20					25					30		

Leu	Glu	Lys	Thr	His	Asn	Gly	Lys	Leu	Cys	Asn	Leu	Asp	Gly	Val	Lys
		35					40					45			

Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn
	50					55					60				

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

Glu	Lys	Ile	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn
				85					90					95	

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

Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Pro	Lys	Asn	Ser	Trp	Ser	Asp	His	Glu	Ala	Ser
		115					120					125			

Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Arg	Arg	Ser	Ser	Phe	Phe	Arg
	130					135					140				

Asn	Val	Val	Trp	Leu	Thr	Lys	Lys	Asn	Asn	Ala	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys
145					150					155					160

Lys	Ser	Tyr	Asn	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	Gly
				165					170					175	

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Xaa Gln Ile Xaa
515

<210> 90

<211> 530

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (530)..(530)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 90

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu

ES 2 798 326 T3

100										105					110				
Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser				
		115					120					125							
Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly	Pro	Ser	Phe	Tyr				
	130					135					140								
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile				
145					150					155					160				
Lys	Lys	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp				
				165					170						175				
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys				
			180						185				190						
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg				
		195					200						205						
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly				
	210					215					220								
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn				
225					230					235					240				
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile				
			245						250					255					
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly				
			260					265					270						
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser				
		275					280					285							
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys				
	290				295						300								
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser				
305				310					315					320					
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile				
			325						330					335					
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr				
		340					345						350						

ES 2 798 326 T3

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Xaa
530

<210> 91
<211> 531
<212> PRT
<213> H5N1

5

<400> 91
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

ES 2 798 326 T3

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45
 Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Ile Asn Lys Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Ile Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285

ES 2 798 326 T3

Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300

Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 515 520 525

Leu Ala Ile
 530

<210> 92

<211> 545

<212> PRT

<213> H5N1

5

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (545)..(545)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

ES 2 798 326 T3

<400> 92

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
145 150 155 160

Lys Lys Ser Tyr His Asn Ile Asn Lys Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
165 170 175

Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Ile Arg Ile Tyr Lys
180 185 190

ES 2 798 326 T3

Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg
195						200						205			
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly
210						215						220			
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn
225				230						235				240	
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile
				245				250						255	
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly
		260						265				270			
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser
275						280						285			
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys
290						295				300					
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser
305				310						315				320	
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile
				325				330						335	
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr
		340						345				350			
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys
		355				360						365			
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser
370						375				380					
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe
385				390						395				400	
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp
				405				410						415	
Gly	Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met
		420						425				430			
Glu	Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu
435						440						445			

ES 2 798 326 T3

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Xaa
545

<210> 93
<211> 551
<212> PRT
<213> H5N1

5

<400> 93
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Lys Phe Asn
85 90 95

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

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 94

<211> 551

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 94

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

ES 2 798 326 T3

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45
 Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Leu Asn Val Pro Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asp Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Gly Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
 130 135 140
 Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
 145 150 155 160
 Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175
 Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190
 Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met

ES 2 798 326 T3

275					280					285					
Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	Tyr
290						295					300				
Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	Pro
305					310					315					320
Gln	Gly	Glu	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala
				325					330					335	
Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	Gly
			340					345					350		
Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	Glu
		355					360					365			
Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	Ile
		370					375				380				
Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	Asn
385					390					395					400
Asn	Leu	Glu	Arg	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp	Gly
				405					410					415	
Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met	Glu
			420					425					430		
Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu	Tyr
		435					440					445			
Asp	Arg	Val	Arg	Leu	Gln	Leu	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Glu	Leu	Gly	Asn
		450				455					460				
Gly	Cys	Phe	Glu	Phe	Tyr	His	Arg	Cys	Asp	Asn	Glu	Cys	Met	Glu	Ser
465					470					475					480
Val	Arg	Asn	Gly	Thr	Tyr	Asp	Tyr	Pro	Gln	Tyr	Ser	Glu	Glu	Ala	Arg
				485					490					495	
Leu	Lys	Arg	Glu	Glu	Ile	Ser	Gly	Val	Lys	Leu	Glu	Ser	Ile	Gly	Thr
			500					505					510		
Tyr	Gln	Ile	Leu	Ser	Ile	Tyr	Ser	Thr	Val	Ala	Ser	Ser	Leu	Ala	Leu
		515					520					525			
Ala	Ile	Met	Val	Ala	Gly	Leu	Phe	Leu	Trp	Met	Cys	Ser	Asn	Gly	Ser
		530				535					540				
Leu	Gln	Cys	Arg	Ile	Cys	Ile									
545					550										

<210> 95

<211> 551

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (544)..(544)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

5

<400> 95

Asp	Gln	Ile	Cys	Ile	Gly	Tyr	His	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Glu	Gln	Val
1				5					10					15	

Asp	Thr	Ile	Met	Glu	Lys	Asn	Val	Thr	Val	Thr	His	Ala	Gln	Asp	Ile
			20					25					30		

Leu	Glu	Lys	Thr	His	Asn	Gly	Lys	Leu	Cys	Asn	Leu	Asp	Gly	Val	Lys
		35				40						45			

Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn
	50					55					60				

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

Glu	Lys	Ile	Tyr	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn
				85					90					95	

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

Lys	Ile	Gln	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Ser	Asp	His	Glu	Ala	Ser
		115					120					125			

Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Arg	Ser	Ser	Phe	Phe	Arg
	130					135					140				

Asn	Val	Val	Trp	Leu	Thr	Lys	Lys	Asp	Asn	Ala	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys
145					150					155					160

Lys	Ser	Tyr	Asn	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Ile	Leu	Trp	Gly
				165					170					175	

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

420

425

430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Xaa
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 96

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (533)..(533)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 96

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

ES 2 798 326 T3

Pro Met Cys Asp Glu Phe Leu Asp Val Pro Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asp Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn His Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Thr Ser
 115 120 125
 Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
 130 135 140
 Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Thr Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
 145 150 155 160
 Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175
 Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190
 Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 290 295 300
 Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
 305 310 315 320

ES 2 798 326 T3

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

<210> 97
 <211> 550
 <212> PRT
 <213> H5N1

5

<400> 97

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

225		230		235		240
Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala
			245			Pro
						Glu
						Asn
						Ala
						Tyr
						Lys
						Ile
						Val
						Lys
						255
Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met
			260			Lys
						Ser
						Glu
						Leu
						Glu
						Tyr
						Gly
						Asn
						Cys
						270
Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro
		275				Ile
						Gly
						Ala
						Ile
						Asn
						Ser
						Ser
						Met
						Pro
						285
Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu
	290					Thr
						Ile
						Gly
						Glu
						Cys
						Pro
						Lys
						Tyr
						Val
						300
Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu
305				310		Ala
						Thr
						Gly
						Leu
						Arg
						Asn
						Ser
						Pro
						Gln
						320
Gly	Glu	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys
				325		Arg
						Gly
						Leu
						Phe
						Gly
						Ala
						Ile
						Ala
						Gly
						335
Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln
			340			Gly
						Met
						Val
						Asp
						Gly
						Trp
						Tyr
						Gly
						Tyr
						350
His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly
		355				Ser
						Gly
						Tyr
						Ala
						Ala
						Asp
						Lys
						Glu
						Ser
						365
Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly
	370					Val
						Thr
						Asn
						Lys
						Val
						Asn
						Ser
						Ile
						Ile
						380
Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe
385					390	Glu
						Ala
						Val
						Gly
						Arg
						Glu
						Phe
						Asn
						Asn
						400
Leu	Glu	Arg	Arg	Ile	Glu	Asn
				405		Leu
						Asn
						Lys
						Lys
						Met
						Glu
						Asp
						Gly
						Phe
						415
Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn
			420			Ala
						Glu
						Leu
						Leu
						Val
						Leu
						Met
						Glu
						Asn
						430
Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His
		435				Asp
						Ser
						Asn
						Val
						Lys
						Asn
						Leu
						Tyr
						Asp
						445
Lys	Val	Arg	Leu	Gln	Leu	Arg
	450					Asp
						Asn
						Ala
						Lys
						Glu
						Leu
						Gly
						Asn
						Gly
						460
Cys	Phe	Glu	Phe	Tyr	His	Arg
465					470	Cys
						Asp
						Asn
						Glu
						Cys
						Met
						Glu
						Ser
						Val
						480

ES 2 798 326 T3

Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg Leu
485 490 495

Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr Tyr
500 505 510

Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu Ala
515 520 525

Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser Leu
530 535 540

Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 98

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (544)..(544)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 98

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Lys Phe Leu Asn Val Pro Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Thr Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

370

375

380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Xaa
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 99

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (533)..(533)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 99

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 290 295 300
 Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
 305 310 315 320
 Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
 325 330 335
 Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
 340 345 350
 Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
 355 360 365
 Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
 370 375 380
 Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
 385 390 395 400
 Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
 405 410 415
 Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
 420 425 430
 Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
 435 440 445
 Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
 450 455 460
 Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
 465 470 475 480
 Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
 485 490 495
 Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr
 500 505 510
 Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
 515 520 525
 Ala Ile Met Val Xaa Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
 530 535 540
 Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

<210> 100

<211> 551
<212> PRT
<213> H5N1

<220>

- 5 <221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (155)..(155)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 100

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
130 135 140

Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Xaa Tyr Pro Thr Ile Lys
145 150 155 160

ES 2 798 326 T3

Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175
 Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Lys Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190
 Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 290 295 300
 Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
 305 310 315 320
 Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
 325 330 335
 Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
 340 345 350
 Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
 355 360 365
 Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
 370 375 380
 Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
 385 390 395 400
 Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
 405 410 415

ES 2 798 326 T3

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 101

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (531)..(531)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 101

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

ES 2 798 326 T3

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125

Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
 130 135 140

Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
 145 150 155 160

Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
 165 170 175

Ile His His Pro Asn Asp Glu Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
 180 185 190

Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205

Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220

Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240

Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255

Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270

Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285

Pro Phe His Asn Ile Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly Tyr His
 290 295 300

ES 2 798 326 T3

His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu Ser Thr
 305 310 315 320
 Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile Ile Asp
 325 330 335
 Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn Asn Leu
 340 345 350
 Glu His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr Val Lys Ser Asn
 355 360 365
 Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro Gln Gly Glu Arg
 370 375 380
 Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala Gly Phe Ile Glu
 385 390 395 400
 Gly Gly Trp Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
 405 410 415
 Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
 420 425 430
 Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
 435 440 445
 Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
 450 455 460
 Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
 465 470 475 480
 Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
 485 490 495
 Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr
 500 505 510
 Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
 515 520 525
 Ala Ile Xaa Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
 530 535 540
 Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

<210> 102

<211> 551

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (520)..(520)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

ES 2 798 326 T3

<400> 102

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

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

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Asn Ser Trp Ser Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Arg Ser Ser Phe Phe Arg
130 135 140

Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Ala Tyr Pro Thr Ile Lys
145 150 155 160

Lys Ser Tyr Asn Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp Gly
165 170 175

Ile His His Pro Asn Asp Ala Ala Glu Gln Thr Arg Leu Tyr Gln Asn
180 185 190

ES 2 798 326 T3

Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg Leu
 195 200 205
 Val Pro Lys Ile Ala Asn Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly Arg
 210 215 220
 Met Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Ala Ile Asn Phe
 225 230 235 240
 Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile Val
 245 250 255
 Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly Asn
 260 265 270
 Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met
 275 280 285
 Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr
 290 295 300
 Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro
 305 310 315 320
 Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala
 325 330 335
 Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
 340 345 350
 Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
 355 360 365
 Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
 370 375 380
 Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
 385 390 395 400
 Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
 405 410 415
 Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
 420 425 430
 Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
 435 440 445

ES 2 798 326 T3

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Xaa Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 103

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (531)..(531)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 103

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly
340 345 350

Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu
355 360 365

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Xaa Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 104

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 104

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Thr Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
 530 535 540
 Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

<210> 105
 <211> 552
 <212> PRT
 <213> H5N1

5 <220>
 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (359)..(359)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 105
 Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
 20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80

Glu Lys Thr Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125

10 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140

ES 2 798 326 T3

Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile	145	150	155	160
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	165	170	175	
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys	180	185	190	
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	195	200	205	
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	210	215	220	
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	225	230	235	240
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	245	250	255	
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	260	265	270	
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Val	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	275	280	285	
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	290	295	300	
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	305	310	315	320
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	325	330	335	
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	340	345	350	
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Xaa	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Arg	355	360	365	
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	370	375	380	
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	385	390	395	400

ES 2 798 326 T3

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Ile Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Ile Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 106
<211> 552
<212> PRT
<213> H5N1

5

<400> 106
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

ES 2 798 326 T3

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Arg Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Lys Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320

ES 2 798 326 T3

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 107

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 107

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

225		230		235		240									
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile
				245					250					255	
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly
			260					265					270		
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser
		275					280					285			
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys
	290					295					300				
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser
305					310					315					320
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile
				325					330					335	
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr
			340					345					350		
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys
		355					360					365			
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser
	370						375				380				
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe
385					390					395					400
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp
				405					410					415	
Gly	Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met
			420					425					430		
Glu	Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu
		435					440					445			
Tyr	Asp	Lys	Val	Arg	Leu	Gln	Leu	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Glu	Leu	Gly
	450					455					460				
Asn	Gly	Cys	Phe	Glu	Phe	Tyr	His	Arg	Cys	Asp	Asn	Glu	Cys	Met	Glu
465					470					475					480

ES 2 798 326 T3

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 108

<211> 552

<212> PRT

<213> H5N1

5

<400> 108

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

ES 2 798 326 T3

Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile	145	150	155	160
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp	165	170	175	
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Lys	Arg	Ile	Tyr	Lys	180	185	190	
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	195	200	205	
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Pro	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	210	215	220	
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	225	230	235	240
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Lys	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	245	250	255	
Val	Lys	Lys	Gly	Ser	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	260	265	270	
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	275	280	285	
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	290	295	300	
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	305	310	315	320
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	325	330	335	
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	340	345	350	
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Thr	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	355	360	365	
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	370	375	380	
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	385	390	395	400

ES 2 798 326 T3

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Thr Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 109
<211> 552
<212> PRT
5 <213> H5N1

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (540)..(540)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 109
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys

ES 2 798 326 T3

35					40					45					
Pro	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys	Ser	Val	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Gly	Asn
50					55					60					
Pro	Met	Cys	Asp	Glu	Phe	Pro	Asn	Val	Ser	Glu	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val
65					70					75					80
Glu	Lys	Thr	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe	Asn
			85						90					95	
Asn	Tyr	Glu	Glu	Leu	Lys	His	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg	Phe	Glu
		100						105					110		
Lys	Ile	Lys	Ile	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Trp	Pro	Asp	His	Glu	Ala	Ser
		115					120					125			
Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Ala	Cys	Pro	Tyr	Gln	Gly	Arg	Pro	Ser	Phe	Tyr
	130					135					140				
Arg	Asn	Val	Val	Trp	Leu	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile
145					150					155					160
Lys	Glu	Ser	Tyr	His	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu	Asp	Leu	Leu	Val	Leu	Trp
				165					170					175	
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys
			180					185					190		
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Ile	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg
		195					200					205			
Leu	Ile	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly
	210					215					220				
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn
225					230					235					240
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile
			245						250					255	
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly
			260					265					270		
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser
		275					280					285			

ES 2 798 326 T3

Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300

Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Xaa Cys Ser Asn Gly
 530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

<210> 110

<211> 552

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (543)..(543)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 110

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
145 150 155 160

Lys Glu Asn Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
165 170 175

Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys

ES 2 798 326 T3

180							185					190				
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	
		195						200						205		
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Pro	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	
		210						215						220		
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	
		225						230						235		
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Lys	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	
			245											250		
Val	Lys	Lys	Gly	Ser	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	
			260											265		
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	
			275											280		
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	
			290											295		
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	
			305											310		
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	
													325			
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	
			340											345		
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Thr	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	
			355											360		
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	
			370											375		
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	
													385			
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp	
													405			
Gly	Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met	
			420											425		
													430			

ES 2 798 326 T3

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Xaa Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 111
<211> 552
<212> PRT
<213> H5N1

5

<400> 111
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

ES 2 798 326 T3

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Glu Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Glu Asn Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Lys Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Pro Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350

ES 2 798 326 T3

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 112

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 112

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
 530 535 540
 Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

<210> 113

<211> 552
 <212> PRT
 <213> H5N1

<220>

- 5 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (545)..(545)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 113

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
 20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160

ES 2 798 326 T3

Lys Lys Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu His Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415

ES 2 798 326 T3

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Asn Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Xaa Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 114

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (120)..(120)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 114

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

ES 2 798 326 T3

Pro 50	Leu	Ile	Leu	Arg	Asp	Cys 55	Ser	Val	Ala	Gly	Trp 60	Leu	Leu	Gly	Asn
Pro 65	Met	Cys	Asp	Glu	Phe 70	Pro	Asn	Val	Ser	Glu 75	Trp	Ser	Tyr	Ile	Val 80
Glu	Lys	Ile	Asn	Pro 85	Ala	Asn	Asp	Leu	Cys 90	Tyr	Pro	Gly	Asn	Phe 95	Asn
Asn	Tyr	Glu	Glu 100	Leu	Lys	His	Leu	Leu 105	Ser	Arg	Ile	Asn	Arg 110	Phe	Glu
Lys	Ile	Lys 115	Ile	Ile	Pro	Lys	Xaa 120	Ser	Trp	Pro	Asp	His 125	Glu	Ala	Ser
Leu	Gly 130	Val	Ser	Ser	Ala	Cys 135	Pro	Tyr	Gln	Gly	Gly 140	Pro	Ser	Phe	Tyr
Arg 145	Asn	Val	Val	Trp	Leu 150	Ile	Lys	Lys	Asn	Asn 155	Thr	Tyr	Pro	Thr	Ile 160
Lys	Glu	Ser	Tyr	His 165	Asn	Thr	Asn	Gln	Glu 170	Asp	Leu	Leu	Val	Leu 175	Trp
Gly	Ile	His	His 180	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu 185	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile 190	Tyr	Lys
Asn	Pro	Thr 195	Thr	Tyr	Ile	Ser	Ile 200	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu 205	Asn	Gln	Arg
Leu	Val 210	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr 215	Arg	Ser	Lys	Val	Asn 220	Gly	Gln	Ser	Gly
Arg 225	Val	Glu	Phe	Phe	Trp 230	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser 235	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn 240
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly 245	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro 250	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys 255	Ile
Val	Lys	Lys	Gly 260	Asp	Ser	Thr	Ile	Met 265	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu 270	Tyr	Gly
Asn	Cys	Asn 275	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr 280	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile 285	Asn	Ser	Ser
Met	Pro 290	Phe	His	Asn	Ile	His 295	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly 300	Glu	Cys	Pro	Lys

ES 2 798 326 T3

Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Gly Ser Leu Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
 530 535 540
 Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

<210> 115
 <211> 552
 <212> PRT
 <213> H5N1

<220>
 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (534)..(534)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

ES 2 798 326 T3

<400> 115

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Glu Gly Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
145 150 155 160

Lys Lys Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
165 170 175

Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
180 185 190

ES 2 798 326 T3

Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg	195	200	205	
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly	210	215	220	
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn	225	230	235	240
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile	245	250	255	
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly	260	265	270	
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser	275	280	285	
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys	290	295	300	
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser	305	310	315	320
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile	325	330	335	
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr	340	345	350	
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys	355	360	365	
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser	370	375	380	
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe	385	390	395	400
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp	405	410	415	
Gly	Phe	Leu	Asp	Val	Trp	Thr	Tyr	Asn	Ala	Glu	Leu	Leu	Val	Leu	Met	420	425	430	
Glu	Asn	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Phe	His	Asp	Ser	Asn	Val	Lys	Asn	Leu	435	440	445	

ES 2 798 326 T3

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Xaa Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 116
<211> 552
<212> PRT
<213> H5N1

5

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (141)..(141)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (316)..(316)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

15

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (534)..(534)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 116
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

20

ES 2 798 326 T3

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Xaa Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Thr Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Ile Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300

ES 2 798 326 T3

Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Xaa Leu Arg Asn Ser
305 310 315 320

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Gly Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Xaa Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile

545 550

5 <210> 117
<211> 552
<212> PRT
<213> H5N1
<400> 117

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

210		215		220
Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn				
225		230	235	240
Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Lys Asn Ala Tyr Lys Ile				
	245		250	255
Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly				
	260	265		270
Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser				
	275	280		285
Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys				
	290	295	300	
Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser				
305		310	315	320
Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile				
	325		330	335
Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr				
	340	345		350
Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys				
	355	360		365
Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser				
	370	375		380
Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe				
385		390	395	400
Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp				
	405	410		415
Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met				
	420	425		430
Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu				
	435	440		445
Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly				
450		455	460	

ES 2 798 326 T3

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Ser Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 118

<211> 552

<212> PRT

<213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (550)..(550)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 118

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

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

<210> 119

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (535)..(535)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 119

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Val Lys Lys Gly Ser Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Lys Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly

ES 2 798 326 T3

500 505 510
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ile Met Val Ala Xaa Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
 530 535 540
 Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550
 <210> 120
 <211> 552
 <212> PRT
 5 <213> H5N1
 <400> 120
 Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 1 5 10 15
 Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
 20 25 30
 Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45
 Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp

ES 2 798 326 T3

165							170							175						
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys					
			180				185						190							
Asn	Pro	Asn	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg					
		195				200					205									
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly					
		210				215				220										
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn					
225				230						235			240							
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile					
			245				250						255							
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly					
			260				265						270							
Asn	Cys	Ser	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser					
		275				280						285								
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys					
		290				295						300								
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser					
305				310						315			320							
Pro	Gln	Glu	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile					
			325				330						335							
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr					
			340				345						350							
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys					
		355				360						365								
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser					
		370				375						380								
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe					
385				390						395			400							
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp					
			405				410						415							

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 121
<211> 552
<212> PRT
5 <213> H5N1

<220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (7)..(7)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (188)..(188)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

15 <220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (206)..(206)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

20 <220>
<221> misc_feature (característica miscelánea)
<222> (517)..(517)
<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 121

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Asp Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Ala Lys Leu Glu Ser Ile Gly

ES 2 798 326 T3

500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Xaa Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 122
<211> 552
<212> PRT
<213> H5N1

5

<400> 122
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
115 120 125

Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Arg Gly Pro Ser Phe Tyr
130 135 140

Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
145 150 155 160

Lys Lys Ser Tyr His Asn Thr Asn Gln Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp

ES 2 798 326 T3

165							170							175						
Gly	Ile	His	His	Pro	Asn	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Thr	Arg	Ile	Tyr	Lys					
			180					185					190							
Asn	Pro	Thr	Thr	Tyr	Ile	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Gln	Arg					
		195					200					205								
Leu	Val	Pro	Lys	Ile	Ala	Thr	Arg	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Gly					
	210					215					220									
Arg	Val	Glu	Phe	Phe	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Asn	Asp	Thr	Ile	Asn					
225					230					235					240					
Phe	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Glu	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ile					
				245					250					255						
Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Ser	Thr	Ile	Met	Lys	Ser	Glu	Leu	Glu	Tyr	Gly					
			260					265					270							
Asn	Cys	Asn	Thr	Lys	Cys	Gln	Thr	Pro	Ile	Gly	Ala	Ile	Asn	Ser	Ser					
		275					280					285								
Met	Pro	Phe	His	Asn	Ile	His	Pro	Leu	Thr	Ile	Gly	Glu	Cys	Pro	Lys					
	290					295					300									
Tyr	Val	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Val	Leu	Ala	Thr	Gly	Leu	Arg	Asn	Ser					
305					310					315					320					
Pro	Gln	Gly	Glu	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Gly	Leu	Phe	Gly	Ala	Ile					
				325					330					335						
Ala	Gly	Phe	Ile	Glu	Gly	Gly	Trp	Gln	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Trp	Tyr					
			340					345					350							
Gly	Tyr	His	His	Ser	Asn	Glu	Gln	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ala	Ala	Asp	Lys					
		355					360					365								
Glu	Ser	Thr	Gln	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Val	Thr	Asn	Lys	Val	Asn	Ser					
		370				375					380									
Ile	Ile	Asp	Lys	Met	Asn	Thr	Gln	Phe	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Glu	Phe					
385					390					395					400					
Asn	Asn	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Leu	Asn	Lys	Lys	Met	Glu	Asp					
				405					410					415						

ES 2 798 326 T3

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Lys Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 123
<211> 552
<212> PRT
<213> H5N1

5

<400> 123
Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asn Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Lys Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 124

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (307)..(307)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 124

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Ser Thr Lys Cys Gln Thr Pro Val Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Xaa Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Arg
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Ile Glu
 465 470 475 480

ES 2 798 326 T3

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 125

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (510)..(510)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 125

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
65 70 75 80

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
85 90 95

Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
100 105 110

Lys Ile Gln Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Arg Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Xaa Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 126

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (513)..(513)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 126

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

260	265	270
Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser Met 275 280 285		
Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys Tyr 290 295 300		
Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser Pro 305 310 315 320		
Gln Gly Glu Arg Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile Ala 325 330 335		
Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr Gly 340 345 350		
Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys Glu 355 360 365		
Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile 370 375 380		
Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn 385 390 395 400		
Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly 405 410 415		
Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu 420 425 430		
Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr 435 440 445		
Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn 450 455 460		
Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser 465 470 475 480		
Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg 485 490 495		
Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly Thr 500 505 510		
Xaa Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu 515 520 525		
Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser 530 535 540		
Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile 545 550		

<210> 127
 <211> 551
 <212> PRT
 <213> H5N1

5 <220>
 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <220>
 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (513)..(513)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

15 <220>
 <221> misc_feature (característica miscelánea)
 <222> (516)..(516)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

<400> 127
 Asp Gln Ile Cys Ile Gly Xaa His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
 20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asn Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60

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

Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95

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

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ile
370 375 380

Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe Asn
385 390 395 400

Asn Leu Glu Arg Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp Gly
405 410 415

Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met Glu
420 425 430

Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu Tyr
435 440 445

Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly Asn
450 455 460

Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu Ser
465 470 475 480

Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala Arg
485 490 495

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

Xaa Gln Ile Xaa Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
515 520 525

Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
530 535 540

Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 128

<211> 551

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (530)..(530)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 128

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
 485 490 495
 Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
 500 505 510
 Thr Tyr Gln Ile Leu Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala Leu
 515 520 525
 Ala Xaa Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly Ser
 530 535 540
 Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
 545 550

ES 2 798 326 T3

<210> 129
 <211> 552
 <212> PRT
 <213> H5N1

5 <400> 129
 Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
 1 5 10 15
 Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
 20 25 30
 Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
 35 40 45
 Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
 50 55 60
 Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Ile Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Glu Ser Tyr His Asn Ile Asn Lys Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Val Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Ser Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 130

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<220>

<221> misc_feature (característica miscelánea)

<222> (545)..(545)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido natural

10 <400> 130

Asp Gln Ile Cys Ile Gly Tyr His Ala Asn Asn Ser Thr Glu Gln Val
1 5 10 15

Asp Thr Ile Met Glu Lys Asn Val Thr Val Thr His Ala Gln Asp Ile
20 25 30

Leu Glu Lys Thr His Asn Gly Lys Leu Cys Asp Leu Asp Gly Val Lys
35 40 45

Pro Leu Ile Leu Arg Asp Cys Ser Val Ala Gly Trp Leu Leu Gly Asn
50 55 60

ES 2 798 326 T3

Pro Met Cys Asp Glu Phe Pro Asn Val Ser Glu Trp Ser Tyr Ile Val
 65 70 75 80
 Glu Lys Ile Asn Pro Ala Asn Asp Leu Cys Tyr Pro Gly Asn Phe Asn
 85 90 95
 Asn Tyr Glu Glu Leu Lys His Leu Leu Ser Arg Ile Asn Arg Phe Glu
 100 105 110
 Lys Ile Lys Ile Ile Pro Lys Ser Ser Trp Pro Asp His Glu Ala Ser
 115 120 125
 Leu Gly Val Ser Ser Ala Cys Pro Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Phe Tyr
 130 135 140
 Arg Asn Val Val Trp Leu Thr Lys Lys Asn Asn Thr Tyr Pro Thr Ile
 145 150 155 160
 Lys Lys Ser Tyr His Asn Ile Asn Lys Glu Asp Leu Leu Val Leu Trp
 165 170 175
 Gly Ile His His Pro Asn Asp Glu Glu Glu Gln Ile Arg Ile Tyr Lys
 180 185 190
 Asn Pro Thr Thr Tyr Ile Ser Val Gly Thr Ser Thr Leu Asn Gln Arg
 195 200 205
 Leu Val Pro Lys Ile Ala Thr Arg Ser Lys Val Asn Gly Gln Ser Gly
 210 215 220
 Arg Val Glu Phe Phe Trp Thr Ile Leu Lys Ser Asn Asp Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320

ES 2 798 326 T3

Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
325 330 335

Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
340 345 350

Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
355 360 365

Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
370 375 380

Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
405 410 415

Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
420 425 430

Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
435 440 445

Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
450 455 460

Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
465 470 475 480

Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala
485 490 495

Arg Leu Lys Arg Glu Glu Ile Ser Gly Val Lys Leu Glu Ser Ile Gly
500 505 510

Thr Tyr Gln Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Val Ala Ser Ser Leu Ala
515 520 525

Leu Ala Ile Met Met Ala Gly Leu Phe Leu Trp Met Cys Ser Asn Gly
530 535 540

Xaa Leu Gln Cys Arg Ile Cys Ile
545 550

<210> 131

<211> 552

<212> PRT

5 <213> H5N1

<400> 131

ES 2 798 326 T3

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

ES 2 798 326 T3

Phe Glu Ser Asn Gly Asn Phe Ile Ala Pro Glu Asn Ala Tyr Lys Ile
 245 250 255
 Val Lys Lys Gly Asp Ser Thr Ile Met Lys Ser Glu Leu Glu Tyr Gly
 260 265 270
 Asn Cys Asn Thr Lys Cys Gln Thr Pro Ile Gly Ala Ile Asn Ser Ser
 275 280 285
 Met Pro Phe His Asn Ile His Pro Leu Thr Ile Gly Glu Cys Pro Lys
 290 295 300
 Tyr Val Lys Ser Asn Arg Leu Val Leu Ala Thr Gly Leu Arg Asn Ser
 305 310 315 320
 Pro Gln Gly Glu Gly Arg Arg Lys Lys Arg Gly Leu Phe Gly Ala Ile
 325 330 335
 Ala Gly Phe Ile Glu Gly Gly Trp Gln Gly Met Val Asp Gly Trp Tyr
 340 345 350
 Gly Tyr His His Ser Asn Glu Gln Gly Ser Gly Tyr Ala Ala Asp Lys
 355 360 365
 Glu Ser Thr Gln Lys Ala Ile Asp Gly Val Thr Asn Lys Val Asn Ser
 370 375 380
 Ile Ile Asp Lys Met Asn Thr Gln Phe Glu Ala Val Gly Arg Glu Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Leu Glu Lys Arg Ile Glu Asn Leu Asn Lys Lys Met Glu Asp
 405 410 415
 Gly Phe Leu Asp Val Trp Thr Tyr Asn Ala Glu Leu Leu Val Leu Met
 420 425 430
 Glu Asn Glu Arg Thr Leu Asp Phe His Asp Ser Asn Val Lys Asn Leu
 435 440 445
 Tyr Asp Lys Val Arg Leu Gln Leu Arg Asp Asn Ala Lys Glu Leu Gly
 450 455 460
 Asn Gly Cys Phe Glu Phe Tyr His Arg Cys Asp Asn Glu Cys Met Glu
 465 470 475 480
 Ser Val Arg Asn Gly Thr Tyr Asp Tyr Pro Gln Tyr Ser Glu Glu Ala

ES 2 798 326 T3

[illegible]

REIVINDICACIONES

1. Una vacuna que comprende
 - a) proteína H5 del virus gripal, en el que la proteína H5 consiste en o comprende una cualquiera de las secuencias expresadas en SEQ ID NOs: 2 a 12, o 35 o 36 o 40;
- 5 b) un vehículo y/o excipiente farmacéuticamente aceptable.
2. La vacuna de acuerdo con la reivindicación 1, en donde la proteína H5 consiste en o comprende la secuencia expresada en SEQ ID NO: 8 o SEQ ID NO: 40.
3. La vacuna de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, en donde la proteína H5 no comprende la secuencia señal de hemaglutinina del virus gripal A H5N1.
- 10 4. La vacuna de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde la secuencia de dicha proteína H5 comienza con el aminoácido N-terminal D17, en donde dicha numeración D17 corresponde a la SEQ ID NO: 1.
5. La vacuna de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en donde la proteína H5 tiene el aminoácido 239N.
- 15 6. La vacuna de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en donde el excipiente es uno o más adyuvantes, y en donde el adyuvante es un adyuvante basado en Emulsigen.
7. Un método para producir la vacuna que comprende una proteína H5 como se define en una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en donde dicho método comprende los etapas de:
 - a. aislar o amplificar el ácido nucleico que codifica dicha proteína H5;
 - b. clonar el ácido nucleico que codifica H5 en un vector de expresión; y
- 20 c. expresar la proteína H5,
- y en donde el vector de expresión es en particular un baculovirus recombinante y/o en donde la proteína H5 se expresa en particular en células de insecto.
8. Un método para producir la vacuna que comprende una proteína H5 como se define en una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en donde dicho método comprende las etapas de:
 - 25 a. obtener una proteína H5 como se define en una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5; y
 - b. mezclar la proteína H5 de la etapa a) con un vehículo y/o excipiente farmacéuticamente aceptable.
9. La vacuna de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6 para su uso en un método de tratamiento o prevención de infecciones con el virus Subclado A H5N1 de origen norteafricano.
10. Un kit, que comprende
 - 30 a. la vacuna de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6; y
 - b. un prospecto que indica el uso de dicha proteína H5, vector o vacuna de a) para el tratamiento o la profilaxis de infecciones causadas por el virus gripal,
- y en donde dicho kit comprende preferiblemente al menos un antígeno adicional de patógeno de aves de corral o mamífero.

35