



(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 281 413**

(51) Int. Cl.:

C07K 14/47 (2006.01)

C12N 15/12 (2006.01)

C12P 21/02 (2006.01)

A01K 67/027 (2006.01)

C07K 16/18 (2006.01)

G01N 33/53 (2006.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(86) Número de solicitud europea: **01922014 .4**

(86) Fecha de presentación : **23.04.2001**

(87) Número de publicación de la solicitud: **1283214**

(87) Fecha de publicación de la solicitud: **12.02.2003**

(54)

Título: **Nuevas colectinas.**

(30)

Prioridad: **21.04.2000 JP 2000-120358**

(45)

Fecha de publicación de la mención BOPI:
01.10.2007

(45)

Fecha de la publicación del folleto de la patente:
01.10.2007

(73)

Titular/es:
FUSO PHARMACEUTICAL INDUSTRIES Ltd.
7-10, Doshomachi 1-chome
Chuo-ku, Osaka-shi, Osaka 541-0045, JP

(72)

Inventor/es: **Wakamiya, Nobutaka;**
Keshi, Hiroyuki;
Ohtani, Katsuki;
Sakamoto, Takashi y
Kishi, Yuichiro

(74)

Agente: **Elzaburu Márquez, Alberto**

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 colectinas.

5 Campo del invento

El presente invento se refiere a aislar colectinas humanas (aquí referidas como "hCL-L2", genes y proteínas). El presente invento se refiere además a métodos para la producción y uso de las mismas. Adicionalmente, el presente invento se refiere a métodos para cribar fármacos usando CL-L2s. Por otra parte, el presente invento también se refiere a los vectores de expresión que comprenden genes CL-L2 y células transformadas que fueron transformadas con el vector de expresión.

Antecedentes del invento

Los sistemas de complemento que juegan un papel importante en un mecanismo de defensa corporal se conoce que incluyen: una ruta clásica en la cual una inmunoglobulina sirve como una molécula de reconocimiento seguida por la activación de C1 que es el primer componente del complemento; y una ruta alternativa en la que C3, que es el tercer componente del complemento, es directamente acoplado a sustancias extrañas tales como bacterias. Además de estas rutas de la activación del complemento, se ha ilustrado en los últimos años una ruta de lectina, en la que una proteína de unión a manosa (aquí referida como "MBP"), que es una lectina sérica, activa el sistema de complemento a través del reconocimiento directo de y acoplándose a una cadena hidrocarbonada sobre la superficie de la sustancia extraña (Sato, T y otros, *Int. Immunol.*, 6, 665-669, 1994).

MPB es una lectina de tipo C que se une específicamente a la manosa, N-acetilglucosamina y similares en presencia de Ca, cuya estructura comprende un dominio de tipo colágeno que contiene al menos un (Gly-Xaa-Yaa)_n, y el dominio de reconocimiento de cadena hidrocarbonada (CRD). De modo similar a MBP, las lectinas que tienen un dominio de tipo colágeno y CRD son genéricamente llamadas colectinas (Malhotra, R y otros, *Eur. J. Immunol.*, 22, 1437-1445, 1992), que incluye la colectina 43 (CL-43), tensioactivo A (SP-A), tensioactivo D (SP-D), congulinina bovina (BKg) y similares, además de MBP. La colectina tiene una actividad opsonizante, que se cree que participa en una inmunidad fundamental frente a una variedad de microorganismos tales como bacterias y virus (Kawasaki, N. y otros, *J. Biochem.*, 106, 483-489, 1989; Ikeda, K y otros, *J. Biol. Chem.*, 262, 7451-7454, 1987; Ohta, M. y otros, *J. Biol. Chem.*, 265, 1980-1984, 1990; Summerfield, J. A., y otros, *Lancet*, 345, 886, 1995).

Estas colectinas se conoce que están constituidas de una estructura básica que contiene dominios característicos tales como (1) CRD y (2) dominios de tipo colágeno y similares como se muestra en la Fig. 1(a) (Malhotra y otros, *Eur. J. Immunol.*, 22, 1437-1445, 1992). Esta estructura básica forma una subunidad a través de la composición de una triple hélice en el dominio de tipo colágeno, y así estas subunidades forman además una estructura oligomérica tal como un trímero, tetramero, hexámero y similares.

Recientemente, las colectinas se ha sugerido que participan en la respuesta inmune no específica, por ejemplo, se documento que juegan por ejemplo, un papel importante en neutralizar y excluir diversos microorganismos en niños que tienen anticuerpos maternos insuficientes provenientes de la madre o que tienen un sistema de defensa específico que se desarrolló de modo insuficiente (Super y otros, *Lancet*, 2, 1236-1239, 1989). Por otro lado, se han documentado los resultados de la investigación implicando el papel de estas colectinas en el sistema de defensa corporal, que por ejemplo, sugiere que los hospedadores se vuelvan más susceptibles a infecciones a través de la concentración reducida de MPB en sangre resultantes de la mutación genética de MBP (Sumiya y otros, *Lance*, 337, 1569-1570, 1991). Además, se documentó que el contenido en MBP sérica muestra un nivel reducido tras el fallo de la opsonización (Madsen, H.O. y otros, *Immuno genetics*, 40, 37-44, 1994), mientras que las infecciones bacterianas tienen lugar fácilmente (Garred, P. y otros, *Lancet*, 346, 941-943, 1995). Por lo tanto, puede considerarse que MBP juega un papel importante en el sistema inmune.

Los presentes inventores encontraron previamente que BKg y MPB inhiben infecciones por virus de influenza (gripe) A de los tipos H1 y H3 así como la actividad de hemaglutinación (Wakamiya y otros, *Glycoconjugate J.*, 8, 235, 1991; Wakamiya y otros, *Biochem. Biophys. Res. Comm.*, 187, 1270-1278, 1992). A partir de ahí, se obtuvo un clon de cADN que codifica BKg, y la relevancia entre BKg y SP-D y similares ha sido también encontrada (Suzuki y otros, *Biochem. Biophys. Res. Comm.*, 191, 335-342, 1993).

Por consiguiente, las colectinas son sustancias de las que se espera la utilidad en la elucidación de los mecanismos de defensa corporal y su utilidad como sustancias biológicamente activas. Así, el hallazgo de nuevas especies moleculares pertenecientes a la familia puede contribuir en gran medida en diversos campos médicos y campos biológicos además de a la terapia de enfermedades infecciosas.

Descripción del invento

El objeto del presente invento es proporcionar materiales que pueden ser utilizados en la elucidación de mecanismos de inmunidad fundamental; en la elucidación de mecanismos del desarrollo de una amplia variedad de enfermedades tales como infecciones bacterianas; en el diagnóstico, métodos profilácticos y terapéuticos de los mismos; y para el desarrollo de reactivos y fármacos para los mismos.

ES 2 281 413 T3

Por consiguiente, los aspectos proporcionados por el presente invento son como se describen a continuación.

(1) Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 245 aminoácidos dispuestos en la posición aminoacídica 1-245 de la SEQ ID NO: 4.

(2) Un polinucleótido dispuesto en la SEQ ID NO: 46 (correspondiente a la secuencia de bases dispuesta en la posición de la base 141-875 de la SEQ ID NO: 3); un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica dispuesta en la posición aminoacídica 1-245 de la SEQ ID NO: 4

(3) Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 197 aminoácidos dispuestos en la posición aminoacídica 1-197 de la SEQ ID NO: 6.

(4) Un polinucleótido dispuesto en la SEQ ID NO: 55 (correspondiente a una secuencia de bases dispuestas en la posición de bases 141-731 de la SEQ ID NO: 5); un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica dispuesta en la posición aminoacídica 1-197 de la SEQ ID NO: 6.

(5) Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 221 aminoácidos dispuestos en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 8.

(6) Un polinucleótido dispuesto en la SEQ ID NO: 56 (correspondiente a una secuencia de bases dispuesta en la posición de bases 141-803 de la SEQ ID NO: 7); un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica dispuesta en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 8.

(7) Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 221 aminoácidos dispuestos en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 10.

(8) Un polinucleótido dispuesto en la SEQ ID NO: 57 (correspondiente a una secuencia de bases dispuestas en la posición de bases 141-803 de la SEQ ID NO: 9); un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica dispuesta en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 10.

(9) Un vector que comprende un polinucleótido según (2), (4), (6), u (8);

(10) Una célula transformada que lleva un polinucleótido según (2), (4), (6), u (8) a manera de permitir la expresión;

(11) un proceso para la producción de una proteína que comprende las etapas de cultivar una célula según (10);

(12) Un proceso para cribar un fármaco en el que la proteína según (1), (3), (5) o (7) es usada.

Breve descripción de los dibujos

La Fig. 1 es un dibujo esquemático que ilustra una estructura básica (a) de las colectinas principales documentadas hasta este momento y una visión general de la proteína (MBP, SP-A y SP-D).

La Fig. 2 es un dibujo que ilustra una mitad procedente de un alineamiento de secuencias aminoacídica de cuatro tipos de colectinas documentadas hasta este momento.

La Fig. 3 es un dibujo que ilustra la otra mitad del alineamiento a la de la Fig. 2.

La Fig. 4 describe dibujos (a) y (b) que muestran cada cebador empleado para la determinación de la secuencia de la nueva colectina del presente invento, y la nueva colectina obtenida de ese modo.

La Fig. 5 es un dibujo que ilustra una mitad precedente de un alineamiento de secuencias aminoacídicas de cuatro tipos de colectinas documentadas hasta este momento y una colectina adicional (hCL-L2-1).

La Fig. 6 es un dibujo que ilustra la mitad posterior del alineamiento de la Fig. 5.

La Fig. 7 muestra los resultados de análisis de distribución de mRNA en diversos tejidos humanos que demuestran la distribución tisular de la colectina hCL-L2.

La Fig. 8 muestra un árbol filogenético de diversas colectinas.

La Fig. 9 muestra resultados de análisis de distribución de mRNA en diversos tejidos humanos que demuestran la distribución tisular de la colectina hCL-L2-1 y hCL-L2-2 del presente invento.

La Fig. 10 es un dibujo esquemático que ilustra unas características de unión al azúcar de la colectina hCL-L2-1.

Mejor realización para llevar a cabo el invento

Los presentes inventores clonaron con éxito genes de colectinas humanas y murinas (hCL-L2-1 y mCL-L2). Un CRD (posición aminoacídica 113-271 de las SEQ ID NOs: 2 y 13, posición aminoacídica 87-245 de la SEQ ID NO: 4), que se cree que participa en inmunidad fundamental, y un dominio de tipo colágeno (la posición aminoacídica 41-112 de las SEQ ID NOs: 2 y 13, la posición aminoacídica 18-86 de la SEQ ID NO:4) que tiene la secuencia de (Gly-Xaa-Yaa)_n estuvieron presentes en el extremo C-terminal de la nueva CL-L2.

Por otro lado, dos tipos de proteínas (CL-L2-1 y CL-L2-2) que tienen diferentes secuencias aminoacídicas N-terminales fueron encontradas para hCL-L2 como se muestra en la Fig. 4. Específicamente, los aminoácidos N-terminales de CL-L2-1 (posición 1-43) expuestos en la SEQ ID NO: 2 y aminoácidos N-terminales de CL-L2-2 (posición 1-17) expuestos en la SEQ ID NO: 4 fueron diferentes, mientras que el resto fueron idénticos. Además, aunque la posición de 1-43 de aminoácidos N-terminal de CL-L2-1 contuvieron una secuencia señal y una espiral de un dominio de colágeno y similar, no hubo ni una secuencia señal ni una espiral de un dominio del tipo colágeno en la posición 1-17 del aminoácido N-terminal de CL-L2-2.

Además, existieron tres tipos de proteínas correspondientes a CL-L2-2, que resultaron de un corte y empalme alternativo de mRNA. Esos son referidos como un CL-L2-2v1 (SEQ ID NO: 5, 6), CL-L2-2v2 (SEQ ID NO: 7, 8) y CL-L2-2v3 (SEQ ID NO: 9, 10). CL-L2-2v1 es una forma derivada de CL-L2-2 expuesta en la SEQ ID NO: 4 con delección de la posición aminoacídica desde 18 a 65 (es decir, delección de la posición de bases desde 192 hasta 335 de CL-L2-2 expuesta en la SEQ ID NO: 3); CL-L2-2v2 es una forma derivada de CL-L2-2 expuesta en la SEQ ID NO: 4 con delección de la posición aminoacídica desde 18 hasta 41 (es decir, delección de la posición de bases desde 192 hasta 263 de CL-L2-2 expuestas en la SEQ ID NO: 3); y CL-L2-2v3 es una forma derivada desde CL-L2-2 expuesta en la SEQ ID NO: 4 con la delección de la posición aminoacídica desde 42 hasta 65 (es decir, delección de la posición de bases desde 264 hasta 335 de CL-L2-2 expuesta en la SEQ ID NO: 3). Estos tres tipos de proteínas resultaron todos de cortes y empalmes diferenciales de CL-L2-2 dentro del dominio de tipo colágeno de los mismos.

El gen hCL-12 usado aquí incluye hCL-L2-1 expuesto en la SEQ ID NO: 1, hCL-L2-2 expuesto en la SEQ ID NO: 3, hCL-L2-2v1 expuesto en la SEQ ID NO: 5, hCL-L2-2v2 expuesto en la SEQ ID NO: 7, hCL-L2-2v3 expuesto en la SEQ ID NO: 9, hCL-L2-1v1 expuesto en la SEQ ID NO: 36, hCL-L2-1v2 expuesto en la SEQ ID NO: 38, hCL-L2-1v3 expuesto en la SEQ ID NO: 40 respectivamente, a menos que se afirme de otra manera. La proteína hCL-L2 usada aquí incluye hCL-L2-1 expuesta en la SEQ ID NO: 2, hCL-L2-2 expuesta en la SEQ ID NO: 4; hCL-L2-2v1 expuesta en la SEQ ID NO: 6, hCL-L2-2v2 expuesta en la SEQ ID NO: 8, hCL-L2-2v3 expuesta en la SEQ ID NO: 10, hCL-L2-1v1 expuesta en la SEQ ID NO: 37, hCL-L2-1v2 expuesta en la SEQ ID NO: 39, y hCL-L2-1v3 expuesta en la SEQ ID NO: 41 respectivamente, a menos que se diga de otra manera.

La secuencia aminoacídica de hCL-L2-2 expuesta en la SEQ ID NO: 4 (posición aminoacídica 1-245) representa una proteína que consiste en 245 aminoácidos, y así la secuencia de bases que codifica la misma (SEQ ID NO: 46) consiste en 735 bases. Las secuencias características aminoacídicas tales como las del dominio de tipo colágeno, un dominio CRD y similares estuvieron presentes en la secuencia. La secuencia de bases que codifican esta proteína está expuesta en la SEQ ID NO: 3.

La secuencia aminoacídica de hCL-L2-2v1 expuesta en la SEQ ID NO: 6 (posición aminoacídica 1-197) representa una proteína que consiste en 197 aminoácidos, y así la secuencia de bases que codifica para la misma (SEQ ID NO: 55) consiste en 591 bases. Las secuencias aminoacídicas características tales como las del dominio tipo colágeno, un dominio CRD y similares estuvieron presentes en la secuencia. La secuencia de bases que codifican esta proteína está expuesta en la SEQ ID NO: 5.

La secuencia de aminoácidos de hCL-L2-2v2 expuesta en la SEQ ID NO: 8 (posición aminoacídica 1-221) representa una proteína que consiste en 221 aminoácidos, y así la secuencia de bases que codifican la misma (SEQ ID NO: 56) consiste en 663 bases. Las secuencias aminoacídicas características tales como las de un dominio de tipo colágeno, un dominio CRD y similares estuvieron presente en la secuencia. La secuencia de bases que codifica esta proteína está expuesta en la SEQ ID NO: 7.

La secuencia aminoacídica de hCL-L2-2v3 expuesta en la SEQ ID NO: 10 (aminoácidos en posición 1-221) representa una proteína que consiste en 221 aminoácidos, y así la secuencia de bases que codifica para la misma (SEQ ID NO: 57) consiste en 663 bases. Las secuencias aminoacídicas características tales como las del dominio tipo colágeno, un dominio CRD y similares estuvieron presentes en la secuencia. La secuencia de bases que codifica esta proteína está expuesta en la SEQ ID NO: 9.

La aplicación describe fragmentos derivados de la secuencia aminoacídica de CL-L2s descritos anteriormente, que pueden incluir por ejemplo, un dominio extracelular, un dominio intracelular, un dominio transmembrana, un dominio tipo colágeno, un dominio CRD, un dominio de tipo colectina, un dominio hidrofóbico (un dominio transmembrana y similares), un dominio hidrofílico (dominios distintos de dominios hidrofóbicos), y similares, así como fragmentos obtenidos mediante la fusión de estos fragmentos.

En la secuencia aminoacídica de hCL-L2-2 expuesto en la SEQ ID NO: 4, fragmentos ejemplares pueden incluir un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente la posición 18 a 245 que forman el dominio CRD y

un dominio de tipo colágeno, y un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente desde la posición 18 hasta 86 que forman un dominio de tipo colágeno; en la secuencia aminoacídica de hCL-L2-2v1 expuesta en la SEQ ID NO: 6, fragmentos ejemplares pueden incluir: un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente desde la posición 18 hasta 197 que forman un dominio CRD y un dominio de tipo colágeno, un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente desde la posición 18 hasta 38 que forman un dominio de tipo colágeno; en la secuencia aminoacídica de hCL-L2-2v2 expuesta en la SEQ ID NO: 8, fragmentos ejemplares pueden incluir: un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente desde la posición 18 hasta la 221 que forma un dominio CRD y un dominio de tipo colágeno, un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente desde la posición 18 hasta la 62 que forma un dominio de tipo colágeno; en la secuencia aminoacídica de hCL-L2-2v3 expuesta en la SEQ ID NO: 10, fragmentos ejemplares pueden incluir: un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente desde la posición 18 hasta la 221 que forma un dominio CRD y un dominio de tipo colágeno, un fragmento que comprende aminoácidos de aproximadamente desde la posición 18 hasta 62 que forman un dominio de tipo colágeno.

Proceso para obtener genes CL-L2

Genes CL-L2 según el presente invento pueden ser los obtenidos a través de cualquier proceso. Por ejemplo, la secuencia de bases que codifica CL-L2 del presente invento pueden ser obtenida preparando mRNA a partir de células que expresan la proteína, y convirtiéndola en un ADN de doble hebra mediante una técnica convencional. Para la preparación de mRNA, el método de cloruro cálcico isotiocianato de guanidinio (Chirwin, y otros, *Biochemistry*, 18, 5294, 1979) y similares pueden ser empleados. Para la preparación de ARN poli (A)+ de ARN total, soportes unidos con oligo(dT), por ejemplo, cromatografía de afinidad en la que partículas de sefrosa o latex son usadas, pueden ser empleadas. cADN de doble hebra pueden ser obtenido usando el ARN así obtenido descrito consecuentemente como un molde para tratar con transcriptasa inversa, usando oligo(dT) que es complementario a la cadena poli(A) presente en el extremo 3'-terminal, o un cebador al azar o un oligonucleótido correspondiente a una parte de la secuencia aminoacídica de CL-L2 como un cebador (*Mol. Cell Biol.*, 2, 161, 1982; *Mol. Cell Biol.*, 3, 280, 1983; *Gene*, 25, 263, 1983); y tratando así la hebra de cADN resultante con por ejemplo, RNasa H de *E. coli*, ADN polimerasa I de *E. coli*, ADN ligasa de *E. coli* para alterar en la hebra de ADN. Una librería de cADN puede ser producida incorporando este cADN en un vector plasmídico, un vector fago o un vector cósmido para transformar *E. coli*, o transfectando en *E. coli* siguiendo un empaquetado *in vitro*.

El vector plasmídico que puede ser usado aquí no está particularmente limitado siempre y cuando pueda ser replicado y mantenido en el hospedante. El vector fago no está particularmente limitado siempre y cuando pueda proliferar en el hospedante. Los vectores de clonación incluyen, por ejemplo, pBR322, pUC19, λ gt10, λ gt11 y similares. Por otro lado, tras someter a un cribado inmunológico, el vector tiene preferiblemente un promotor que permite la expresión de un gen CL-L2s en el hospedante.

Para incorporar el cADN en un plásmido, el proceso de Maniatis y otros (*Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, segunda edición) y similares puede servir como referencia. Además, para incorporar cADN en un vector fago, el proceso descrito en Hyunh y otros (*ADN cloning, a practical approach*, 1, 49, 1985) y similares pueden servir como referencia.

Como proceso para introducir el vector de expresión descrito anteriormente en células hospedantes, pueden estar implicados métodos como por ejemplo, transfección mediante el método de la lipopoliamina, método del DEAE dextrano, método Hanahan, método de lipofectina, método de fosfato cálcico; microinyección, y electroporación y similares (*Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, segunda edición). El empaquetamiento *in vitro* puede ser fácilmente efectuado usando kits disponibles comercialmente (manufacturados por Stratagene, o Amersham).

El proceso para el aislamiento de cADN que codifica una proteína CL-L2 a partir de una librería de cADN preparada como se describe anteriormente puede implicar un proceso general, que puede ser usado en combinación, para el cribado de cADN. Por ejemplo, se produce una sonda marcada con ^{32}P , y un clon que contiene el cADN deseado puede ser cribado mediante un método de hibridación de colonias (*Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 72, 3961, 1975), o un método de hibridación en placa (*Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, segunda edición, Cold Spring Harbor Laboratory, 2, 108, 1989). Además, un clon puede ser seleccionado mediante un método de PCR. Adicionalmente, el clon deseado puede ser seleccionado a través del uso de un anticuerpo que reconoce CL-L2 cuando una librería de cADN es producida usando un vector que puede expresar cADN.

Además, cuando un gen CL-L2 es aislado de células que expresan genes CL-L2, por ejemplo, las células que los expresan son disueltas usando SDS o proteinasa K, seguido por un tratamiento con fenol. El ARN no deseado es digerido con ribonucleasa. Así, el ADN resultante es digerido con enzimas de restricción, y los fragmentos de ADN son amplificados usando fagos o cósmidos para producir una librería. A partir de entonces, el clon deseado es seleccionado, y entonces un gen CL-L2 puede ser obtenido. La secuencia de bases del ADN obtenido consecuentemente puede ser determinada por un método Maxam-Gilbert (*Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 74, 560, 1977) o por un método de Sanger (*Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 74, 5463, 1977). El gen CL-L2s puede ser obtenido por corte del clon, como se obtuvo anteriormente.

A través del uso del cebador sintetizado sobre la base de la secuencia de bases de CL-L2s, la clonación puede ser también afectada por un método RT-PCR usando ARN poli (A)⁺ de las células que expresan el CL-L2s como plantilla. Además, el cADN deseado puede ser también obtenido por cribado directamente de la librería de cADN después de producir/sintetizar una sonda basada en la secuencia de bases del CL-L2s, no por medio de PCR. El gen del presente invento puede ser seleccionado de entre los genes obtenidos por los métodos descritos aquí anteriormente a través de la verificación de la secuencia de bases del gen. El gen del presente invento puede ser también producido según el proceso convencional en el que la síntesis química de un ácido nucleico, por ejemplo, el método fosfoimidita (Mattenczi, M.D. y otros, J. Am. Chem. Soc., 130, 3185, 1981) o similares, es empleado.

10 *Proceso para producir el vector de expresión*

El presente invento también se refiere a un vector que comprende una secuencia de ácidos nucleicos del invento. El vector no está limitado particularmente siempre y cuando pueda expresar la proteína CL-L2s, sin embargo, un vector plasmídico, un vector ARN, un vector de ADN, un vector de virus, un vector fago y similares pueden ser empleados. Específicamente, los ejemplos del mismo incluyen pBAD/His, pRSETA, pcADN2.1, pTrcHis2A, pYES2, pBlueBac4.5, pcADN3.1 o pSecTag2 fabricados por Invitrogen, pET o pBAC fabricados por Novagen Co., pGEM fabricado por Promega, pBluescriptII, pBs, Phagescript, pSG o pSV2CAT fabricado por Stratagene, o pGEX, pUC18/19, pBPV, pSVK3 o pSVL fabricado por Pharmacia Co.

La secuencia de cADN de CL-L2s ligada al vector de expresión está operativamente unida a un promotor. El promotor incluye, por ejemplo, un promotor fago λ PL, *E. coli* lac, trp, promotor tac, promotor SV40 temprano y tardío, promotor T7 y T3, promotor LTR de retrovirus. Específicamente, el promotor para el uso en las células eucarióticas incluye el promotor CMV, el promotor HSV, el promotor SV40 temprano y tardío, el promotor LTR de retrovirus, el promotor RSV, el promotor metalotioneína. Además, el vector de expresión puede contener un marcador que permite la selección del hospedante transformado y un potenciador. Ejemplos del marcador incluyen el gen de la reductasa dihidrofolato, gen de resistencia a neomicina, gen de resistencia a la ampicilina y similares. Ejemplos de potenciador incluyen el potenciador SV40, promotor potenciador temprano de citomegalovirus, potenciador de adenovirus y similares.

30 *Proceso para producir células transformadas*

El presente invento proporciona además células transformadas que transportan una secuencia de bases del presente invento para permitir la expresión del mismo por medio del vector como se describe anteriormente que transporta la secuencia de bases. La célula hospedante para el uso como célula transformada en el presente invento puede preferentemente incluir células animales y células de insectos, sin embargo, pueden estar incluidas todas las células (los microorganismos pueden también estar incluidos), la cual puede expresar una proteína CL-L2s en el vector de expresión del presente invento.

Las células animales ejemplares o células de insectos del presente invento pueden respectivamente incluir células derivadas de humanos, o células derivadas de la mosca o del gusano de seda (*Bombix mor*). Por ejemplo, las células CHO, las células COS, las células BHK, las células Vero, las células de mieloma, las células HEK293, las células HeLa, las células Jurkat, las células L de ratón, las células C127 de ratón, las células FM3A de ratón, las células de fibroblasto de ratón, osteoblastos, condrocitos, S2, Sf9, Sf21, High FiveTM pueden ser incluidas. El microorganismo según el presente invento incluye *Escherichia coli*, *Saccharomyces cerevisiae* y similares. Para la introducción de un vector en dichos hospedantes, puede ser empleado el método como se describe anteriormente.

Las células que expresan CL-L2s del presente invento pueden ser usadas para analizar una ruta de la colectina implicada en enfermedades infecciosas, inmunización y similares. Además, esas células pueden ser utilizadas en la fabricación de una proteína CL-L2 o una proteína CL-L2 que tiene una cadena de carbohidratos. Las células pueden ser también utilizadas en el cribado con el propósito de obtener un agonista o un antagonista de la proteína CL-L2s.

El proceso para obtener la proteína

El presente invento también se refiere a un proceso para la producción de una proteína CL-L2 que comprende el cultivo de una célula transformada con la secuencia de bases del presente invento de acuerdo con lo anterior, y recoger las CL-L2s así producidas. El cultivo celular, el aislamiento de la proteína, y la purificación de la misma pueden cumplir con los procesos conocidos convencionalmente.

La proteína según el presente invento puede ser expresada como una proteína de fusión recombinante, que puede ser fácilmente aislada, purificada, y reconocida por sí misma. La proteína de fusión recombinante es una proteína expresada por adición de una cadena peptídica apropiada al extremo N terminal y/o al extremo C terminal de una proteína expresada de una secuencia de ácidos nucleicos que codifica la proteína deseada. Para facilitar la purificación de la proteína expresada, la proteína puede ser expresada como una proteína de fusión que tiene una señal para la secreción extracelular. Además, la proteína puede ser obtenida de varios tipos de fuentes tales como células cultivadas, tejidos cultivados, células transformadas y similares usando métodos conocidos convencionalmente, por ejemplo, métodos de purificación conocidos incluyendo: desalado tal como la técnica de precipitación de sulfato amónico y similares; la técnica de filtración en gel usando Sephadex y similares; la técnica cromatográfica de intercambio de ión; la técnica cromatográfica hidrofóbica, la técnica cromatográfica en gel de tinción; la técnica de electroforesis;

diálisis; la técnica de ultrafiltración; la técnica de afinidad cromatográfica; la técnica de cromatografía líquida de alto rendimiento; y similares.

Proceso de la utilización del gen

5 Las sondas para detectar el gen CL-L2s pueden ser especificadas en la base de la secuencia de bases expuesta bien en la SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 12, 36, 38 ó 40, SEQ ID NO: 48 (que corresponde a la posición de bases de 601-1077 de la SEQ ID NO: 1) o bien en la posición de ácidos nucleicos de 493-969 de la SEQ ID NO: 12. Alternativamente, los cebadores pueden ser especificados por la amplificación del ADN o del ARN que incluyen dicha secuencia base. 10 Para especificar una sonda o un cebador basado en una secuencia dada esto es llevado a cabo ordinariamente por los profesionales especializados en esta técnica. Un oligonucleótido que tiene una secuencia de bases específica puede ser obtenido a través de síntesis química. Cuando una etiqueta adecuada es añadida al oligonucleótido, puede ser utilizado para un ensayo de hibridación en varios formatos. Alternativamente, puede ser también utilizado en reacciones para síntesis de ácidos nucleicos tales como PCR. El oligonucleótido que es utilizado como un cebador es al menos 10 15 bases de longitud, y adaptable de 15 a 50 bases en longitud. Es deseable que el oligonucleótido que es usado como sonda sea desde 100 bases hasta su longitud máxima. Además, pueden ser también usados para el diagnóstico de enfermedades causadas por mutación de un gen CL-L2s porque pueden ser usados para detectar la mutación genética que codifica una proteína CL-L2s y para detectar SNP. Se espera que estén disponibles para el diagnóstico de una variedad de enfermedades que incluyen por ejemplo, infecciones bacterianas y similares. Además, son también útiles para la terapia génica a través de la cual el gen CL-L2s es introducido en un cuerpo vivo para permitir la expresión del mismo. 20

Además, también es posible obtener una región promotora y una región potenciadora del gen CL-L2s que está presente en un genoma, basado en una secuencia de bases de cADN del CL-L2s proporcionado por el presente invento. 25 En particular, estas regiones de control pueden ser obtenidas por métodos similares a esos descritos en la publicación de patente japonesa sin examinar N°. 6-181767; J. Immunol., 155, 2477, 1995; Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 92, 3561, 1995 y similares. La región promotora referida aquí se refiere a una región de ADN que controla la expresión de un gen que existe aguas arriba de un sitio de inicio de la transcripción. La región potenciadora aquí se refiere a una región de ADN que potencia la expresión de un gen que existe en un intrón, una región 5' sin traducir, o una región 3' sin traducir. 30

Proceso de la utilización de la proteína

Las proteínas CL-L2s del presente invento pueden ser utilizadas en la elucidación de los mecanismos de inmunidad 35 fundamental; en la elucidación de los mecanismos del desarrollo de una amplia variedad de enfermedades tales como infecciones bacterianas; en el diagnóstico, en métodos profilácticos y terapéuticos de las mismas; y para el desarrollo de reactivos y fármacos para las mismas. Además, pueden ser usados como un antígeno para producir anticuerpos frente a CL-L2s. Adicionalmente, pueden ser utilizados en los procesos de cribado de un agonista o un antagonista.

Composición

Los polinucleótidos o las proteínas CL-L2s son utilizados posiblemente en métodos de diagnóstico, profilácticos y terapéuticos, y para el desarrollo de reactivos y fármacos para diversos tipos de enfermedades que incluyen infecciones bacterianas y los similares. 40

La composición farmacéutica puede comprender polinucleótidos o proteínas CL-L2s, sustancias que estimulan o inhiben la actividad o la activación de la proteína CL-L2s, sustancias que incluyen anticuerpos contra la proteína CL-L2a y similares (de aquí en adelante, referido a "sustancia relacionada a los CL-L2s"). Las sustancias relacionadas a los CL-L2s pueden ser usadas solas, o después de ser sometidas a varios tipos de tratamiento como disolución en agua 50 y similares, sin embargo, pueden ser usadas después de mezclarlas en los productos farmacéuticos, cuasi fármacos y similares. En estos casos, la cantidad de la sustancia a ser mezclada puede ser determinada *ad libitum*. Cuando la sustancia es formulada para la administración sistémica, 0,001-50% en peso, en particular, 0,01-10% en peso es permisible. Cuando la cantidad es menor del 0,001%, puede no ser permitida la acción suficiente de lagrimeo. Cuando la cantidad es mayor del 50%, las propiedades como la estabilidad, el aroma y la semejanza con la misma composición pueden ser deterioradas. 55

La ruta de administración puede ser seleccionada opcionalmente de entre la administración vía mucosa, administración transdérmica, administración intramuscular, administración subcutánea, administración endorectal, administración ocular tópica, y similares, en adición a la administración oral y la administración intravenosa descritos anteriormente. 60

La sustancia relacionada a los CL-L2s puede ser incluida en la formulación como una sal. Las sales farmacéuticamente aceptables incluyen por ejemplo, sales con base tales como base inorgánica, base orgánica y similares; sales ácidas de adición tales como las de ácido inorgánico, ácido orgánico, ácido de aminoácidos básicos o ácidos. Las bases inorgánicas incluyen por ejemplo, metales alcalino tal como el sodio, potasio y similares; metales alcalino-térreos tal como el calcio, magnesio y similares; aluminio, amonio y similares. Las bases orgánicas incluyen por ejemplo, aminas primarias tales como etanolamina y similares; aminas secundarias tales como dietilamina, dietanolamina, diciclohexilamina, N,N'-dibenciltilen-diamina y similares; aminas terciarias tales como trimetilamina, trietilamina, 65

piridina, picolina, trietanolamina y similares. Los ácidos inorgánicos incluyen por ejemplo, ácido clorhídrico, ácido bromhídrico, ácido nítrico, ácido sulfúrico, ácido fosfórico y similares. Los ácidos orgánicos incluyen por ejemplo, ácido fórmico, ácido acético, ácido láctico, ácido trifluoroacético, ácido fumárico, ácido oxálico, ácido tartárico, ácido maleico, ácido benzoico, ácido cítrico, ácido succínico, ácido málico, ácido metanosulfónico, ácido etanosulfónico, ácido bencenosulfónico, ácido p-toluenosulfónico y similares. Los aminoácidos básicos incluyen por ejemplo, arginina, lisina, ornitina y similares. Los aminoácidos ácidos incluyen por ejemplo ácido aspártico, ácido glutámico y similares.

Ejemplos de formas de dosificación para el uso en administración oral incluyen formulaciones en polvo, formulaciones granuladas, formulaciones encapsuladas, pastillas, tabletas, elixires, suspensiones, emulsiones, jarabes y similares, los cuales pueden ser seleccionados *ad libitum*. Además, tales formulaciones pueden ser modificadas, lo cual puede implicar la liberación del testigo, estabilización, facilitación de la desintegración, el bloqueo de la desintegración, revestimiento entérico, facilidad de absorción y similares. Además, los ejemplos de formas de dosis para la administración tópica intraoral incluyen formulaciones masticadas, formulaciones sublinguales, formulaciones bucales, pastillas, pomadas, tiritas, formulaciones líquidas y similares, los cuales pueden ser seleccionados *ad libitum*. Además, tales formulaciones pueden ser modificadas, lo cual puede implicar la liberación del testigo, estabilización, facilitación de la desintegración, el bloqueo de desintegración, revestimiento entérico, facilidad de absorción y similares.

Las técnicas de sistema de suministro de fármacos (DDS) conocidas pueden ser aplicadas a formas de dosificación como se describe anteriormente. La formulación DDS referida aquí implica formulaciones de liberación sostenida, formulaciones aplicadas tópicamente (pastillas, formulaciones bucales, formulaciones sublinguales), formulaciones de liberación controlada de fármacos, formulaciones de revestimiento entérico, formulaciones solubles en el estómago y similares, las cuales son formulaciones que son preparadas de modo que la forma de dosificación más apropiada es conseguida teniendo en cuenta la ruta de administración, la biodisponibilidad, efectos adversos y similares.

Los componentes para el DDS comprenden esencialmente un fármaco, un módulo de liberación de fármaco, un revestimiento y un programa terapéutico. En detalle, es preferido el fármaco que tiene una vida media corta, lo cual permite una rápida disminución de la concentración de la sangre, particularmente tras el cese de la liberación del mismo. El revestimiento es preferiblemente no reactivo a los tejidos corporales en la parte en la que es administrado el fármaco. Además, el programa terapéutico es preferiblemente configurado de modo que la concentración de fármaco más óptima se mantiene durante el periodo predeterminado. El módulo de liberación del fármaco tiene sustancialmente un almacenaje del fármaco, una parte del testigo de liberación, una fuente de energía, y una apertura de liberación o una superficie de liberación. Todos estos componentes fundamentales no son requeridos necesariamente, y así la adición, supresión o similares pueden ser opcionalmente llevados a cabo para seleccionar el mejor modo.

Los ejemplos de materiales que pueden ser usados para el DDS incluyen polímeros, derivados de ciclodextrina, lecitina y similares. El polímero puede incluir polímeros insolubles (silicona, copolímero de acetato de vinileno, copolímero de alcohol de vinileno, etilcelulosa, acetato de celulosa y similares), los polímeros hidrosolubles y los polímeros que forman geles hidroxilo (poliacrilamida, forma entrecruzada de metacrilato polihidroxietilo, forma entrecruzada de poliácido, alcohol polivinilo, polietilénóxido, derivados de celulosa solubles en agua, poloxámero reticulado, quitina, quitosano y similares), los polímeros de disolución lenta (etilcelulosa, un copolímero de un éster parcial de anhídrido maleico-metilviniléter y similares), los polímeros solubles en el estómago (hidroxilpropilmetilcelulosa, hidroxilpropilcelulosa, carmelosa sódica, macrogol, polivinilpirrolidona, copolímero de metacrilato de dimetilaminoetil-metacrilato de metilo y similares), polímeros entéricos (ftalato de hidroxilpropilmetilcelulosa, ftalato de acetato de celulosa, succinato de acetato de hidroxilpropilmetilcelulosa, carboximetilcelulosa, polímeros de ácidos acrílicos y similares) polímeros biodegradables (coagulación por calor o albúmina entrecruzada, gelatina entrecruzada, colágeno, fibrina, policianoacrilato, ácido poliglicólico, ácido poliláctico, ácido poli β -hidroxiacético, policaprolactona y similares), que pueden ser seleccionados *ad libitum* en base a la forma de dosificación.

En particular, la silicona, el copolímero etileno-acetato de vinilo, el copolímero etileno-alcohol de vinilo, un éster parcial del copolímero metilviniléter-anhídrido maleico pueden ser usados para el control de la liberación del fármaco; el acetato de celulosa puede ser usado como material de una bomba de presión osmótica; la etilcelulosa, la hidroxipropilmetilcelulosa, la hidroxipropilcelulosa, la metilcelulosa pueden ser usadas como un material de una membrana de formulaciones de disolución lenta; y la forma entrecruzada poliácido puede ser usada como un agente de unión a las mucosas.

Además, la formulación puede ser fabricada con la adición de disolventes, excipientes, agentes de revestimiento, bases, agentes de unión, lubricantes, desintegrantes, agentes solubilizantes, agentes de suspensión, agentes espesantes, agentes emulsionantes, agentes estabilizantes, agentes tamponadores, agentes isotonzantes, agente calmantes, agentes conservantes, agentes aromatizantes, agentes de fragancia, agentes colorantes y similares conforme a su forma de dosis (forma de dosis conocida tal como formas para administración oral, inyección, supositorio y similares).

Aunque los ejemplos específicos son ilustrados respectivamente más abajo, estos ejemplos no deberían ser interpretados como limitación del presente invento.

[disolvente] agua purificada, agua para inyección, salino, aceite de cacahuete, etanol, glicerol;

[excipiente] almidones, lactosa, glucosa, sacarosa, celulosa cristalina, sulfato cálcico, carbonato cálcico, talco, óxido de titanio, trehalosa, xilitol;

ES 2 281 413 T3

[agente de revestimiento] sacarosa, gelatina, ftalato de acetato de celulosa y los polímeros como los descritos anteriormente;

[base] vaselina, aceite vegetal, macrogol, base para aceite en emulsión de agua, base para el agua en emulsión de aceite;

[agente de unión] compuestos de polímeros naturales tales como almidones y los derivados del mismo, celulosa y los derivados del mismo, gelatina, alginato de sodio, goma de tragacanto, goma arábica, y similares; polímeros sintéticos tales como la polivinilpirrolidona y similares; dextrina, hidroxipropil almidón;

[lubricante] ácido esteárico y sales del mismo, talco, ceras, almidón de trigo, macrogol, aceite vegetal hidrogenado, éster de ácido graso sacarosa, polietilenglicol;

[desintegrante] almidón y derivados del mismo, agar, polvo de gelatina, bicarbonato sódico, celulosa y los derivados del mismo, carmelosa cálcica, hidroxipropil almidón, carboximetilcelulosa, y sales y derivados de los mismos, hidroxipropilcelulosa poco sustituida;

[agente solubilizante] ciclodextrina, etanol, glicol propileno, polietilén glicol;

[agente de suspensión] goma arábica, goma de tragacanto, alginato sódico, monoestearato de aluminio, ácido cítrico, diversos tensioactivos;

[agente espesante] carmelosa sódica, polivinilpirrolidona, metilcelulosa, hidroxipropilmetilcelulosa, polivinil alcohol, goma de tragacanto, goma arábica, alginato sódico;

[agente emulsionante] goma arábica, colesterol, goma de tragacanto, metilcelulosa, diversos tensioactivos, lecitina;

[agente estabilizante] bisulfito sódico, ácido ascórbico, tocoferol, agente quelante, gas inerte, agente reductor;

[agente tamponante] hidrogenofosfato de sodio, acetato sódico, ácido bórico;

[agente isotonzante] cloruro de sodio, glucosa;

[agente calmante] hidrocloreuro de procaína, lidocaína, alcohol bencílico;

[agente conservante] ácido benzoico y sales del mismo, ésteres p-hidroxibenzoicos, clorobutanol, jabón invertido, alcohol bencílico, fenol, timerosal;

[agente aromatizante] sacarosa, sacarina, extracto de glicirhiza, sorbitol, xilitol, glicerol;

[agente de fragancia] tintura de cáscara de naranja, aceite de rosa;

[agente colorante] tinción comestible soluble en agua, tinción de lago.

Ejemplos

La nueva colectina según el presente invento es descrita en más detalle por los siguientes Ejemplos ilustrativos no limitados. Sin embargo, el presente invento no debería ser interpretado como que está limitado a los Ejemplos.

Específicamente, la búsqueda en la base de datos de EST (Ejemplo 1); el cribado de una colectina humana nueva de una librería de cADN derivado del hígado humano por PCR y secuenciado de la secuencia de bases (Ejemplo 2); el cribado de una nueva colectina humana un sitio cap en una librería de cADN derivada del riñón humano por PCR y secuenciado de la secuencia de bases (Ejemplo 3); búsqueda de homologías de la nueva colectina (Ejemplo 4); obtención del cADN de la nueva colectina de ratón (Ejemplo 5); análisis de distribución de la expresión de la nueva colectina humana en los tejidos humanos (Ejemplo 6); análisis genético de la nueva colectina humana (Ejemplo 7); análisis de distribución de la expresión de la nueva colectina CL-L2-1 y CL-L2-2 en tejidos humanos (Ejemplo 8); la construcción de un vector de expresión pcADN3,1/Myc-His(+)-CL-L2-1.2 de la nueva colectina (Ejemplo 9); la producción de una cepa celular que expresa de modo estable la nueva colectina (Ejemplo 10); el análisis de la especificidad del azúcar de la nueva colectina (Ejemplo 11) son descritos a continuación.

Los Ejemplos 5 y 11 no se refieren a realizaciones del presente invento.

Ejemplo 1

Búsqueda en la base de datos EST

Las Figuras 2 y 3 ilustran la homología de los residuos aminoacídicos de colecciones conocidas, es decir, MBP humana, SP-A humano, SP-D humano y CL-L1 colectina derivada del hígado humano, la cual fue recientemente ais-

ES 2 281 413 T3

lada con éxito por el presente inventor (véase la publicación sin examinar de la Patente Japonesa N°. Hei 11-206377), que tiene una estructura común como se describe en la Fig. 1. En la figura, las porciones de los residuos aminoácidos que eran reconocidas como homologas fueron recuadradas. Una secuencia aminoacídica de CRD (dominio de reconocimiento de la cadena de carbohidratos) que es responsable de una actividad lecitina (SEQ ID NO: 14) del CL-L1 en esta figura, fue usada para buscar en la base de datos EST (marcas de secuencia expresadas).

Como resultado, se obtuvieron varios datos que contenían una elevada homología de secuencia de aminoácidos. Las secuencias aminoacídicas de los datos resultantes de esta manera fueron buscadas en la base de datos GenBank/EST, y se determinó si eran de sustancias conocidas o desconocidas. Consecuentemente, un dato (H30455, derivado del timo) que exhibe una alta homología pero que contiene una secuencia de bases desconocida podría ser obtenido. Usando la secuencia de bases del clon EST así obtenido, se llevó de nuevo a cabo la búsqueda en la base de datos EST para dar nueve datos (números de acceso: AA558494, derivado de células germinales; AA582499, derivado del riñón; AI420986, derivado de la glándula prostática; AA742449, derivado de las células germinales; AA954657, derivado del riñón; AA908360, derivado del ovario; AI264145, derivado del riñón; AA089855, derivado del corazón; AA456055, derivado del melanocito, del útero embarazado, del corazón fetal) que se demostró que incluían una secuencia de bases idéntica. Todos estos fueron clones que demostraron una parte de una secuencia de bases de una nueva colectina idéntica.

Ejemplo 2

Cribado de una librería de cADN derivada del hígado humano por PCR y secuenciado de la secuencia de bases

Una secuencia consenso (SEQ ID NO: 15) fue producida en vista de las secuencias bases de 10 clones descritos anteriormente. Luego, dos cebadores hacia la dirección aguas arriba: CAP1 (5'-agattttattgtatagcttgg-3' (SEQ ID NO: 16)) y CAP2 (5'-ctgggtaataattacataatg-3' (SEQ ID NO: 17) en base a una secuencia consenso obtenida en el Ejemplo 1, y cebadores pertinente a una parte de una región de un vector de la librería de cADN derivada del hígado humano: λ TriplEx-F1 (5'-aagctccgagatctggacgag-3' (SEQ ID NO: 18)) y λ TriplEx-F2 (5'-ctcgggaagcgcgccattgtg-3' (SEQ ID NO: 19)) fueron sintetizados con el sintetizador 392 A ADN/ARN fabricados por PE Applied Biosystems Inc., y el cribado por PCR fue llevado a cabo como se describe a continuación para clonar una región 5' aguas arriba de cADN de una nueva colectina humana (véase la Fig. 4).

La primera PCR fue llevada a cabo usando una librería de cADN derivada de humano (Clontech Co.) como plantilla del cribado por PCR. La mezcla de la reacción contenía un tampón LA PCR Buffer II (libre de Mg^{2+}), 2,5 mM de $MgCl_2$, cada 1 μ L de 200 μ M de dATP, dCTP, dGTP y dTTP (cualquiera de los cuales es fabricado por Takara Shuzo Co., Ltd.), una librería de cADN derivada del hígado humano (Clontech Co.), 0,5 μ M del cebador λ TriplEx-F1 y 0,5 μ M del cebador CAP1 en un volumen total de 50 μ L. La PCR fue realizada con un programa de 35 ciclos de desnaturalización por calor a 95°C durante 20 segundos, hibridación a 60°C durante 20 segundos, reacción de elongación a 72°C durante 90 segundos; y además, una desnaturalización por calor a 95°C durante 5 min antes de la reacción repetida y a la reacción final de elongación a 72°C durante 5 min. Después de completar la primera PCR, se llevó a cabo la segunda PCR. El producto de la primera PCR fue usado como una plantilla a 1 μ L, y los cebadores empleados fueron el cebador λ TriplEx-F2 y el cebador CAP2. La reacción fue realizada con una reacción de constitución y programa similares a los de la primera PCR excepto que el número de ciclos fue de 25. La PCR aquí presente fue realizada con GeneAmp PCR System9700 fabricado por PE Applied Biosystems Inc. El producto de PCR así resultante fue verificado mediante una electroforesis en gel de agarosa, y cortado del gel seguido por un enfriamiento a -80°C durante 10 min. Después de centrifugarlo a 15000 rpm durante 10 min, el producto fue purificado mediante precipitación en etanol del sobrenadante.

El fragmento de ADN purificado fue incorporado al vector pT7Blue fabricado por Novagen CO., y el vector fue transformado en las células competentes, células XL1-Blue. El transformante fue cultivado en un medio LB (100 μ g/mL de ampicilina) seguido por la extracción del plásmido con un método SDS alcalino para secuenciar la secuencia de bases del mismo con el kit BigDye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction kit y el secuenciador ABI PRISM 377 fabricado por Applied Biosystems Inc. Los cebadores empleados fueron el cebador universal M13 (5'-cgacgttgtaaaacgacggccagt-3' (SEQ ID NO: 20)) y el cebador inverso M13 (5'-caggaacagctatgac-3' (SEQ ID NO: 21)), ambos de los cuales fueron sintetizados similarmente al cebador CAP1. La secuencia de bases obtenida consecuentemente reveló ser una secuencia de bases que es 575 bases más larga que el cebador CAP2 empezando por el extremo 3' al extremo N Terminal del mismo (una región que corresponde a: la posición aminoacídica 68-271 del ORF de CL-L2-1 mostrado en la Fig. 4; o la posición aminoacídica 42-245 del ORF de CL-L2-2). Sin embargo, se encontró una ligera diferencia en la secuencia de bases de la región del extremo 5' de la secuencia consenso del EST obtenida en el Ejemplo 1.

Ejemplo 3

Cribado de una colectina humana nueva de una librería de cADN de sitios cap derivada del riñón humano por PCR y secuenciado de la secuencia de bases

Para clonar la región del extremo 5' que contiene un sitio de iniciación de la transcripción además de la secuencia de bases obtenida en el Ejemplo 2, se llevó a cabo un cribado por PCR usando un cADN de sitios cap como sigue, a través de la sinterización de dos cebadores hacia la dirección aguas arriba: CAP3 (5'-ggctctatgtaccgggaatc-3' (SEQ

ES 2 281 413 T3

ID NO: 22)), CAP4 (5'-ttccatgacgaccacactgc-3' (SEQ ID NO: 23)) con el sintetizador ADN/ARN 392A fabricado por PE Applied Biosystems Inc., en la base de la secuencia de bases obtenida en el Ejemplo 2 (Fig. 4).

La primera PCR fue realizada con el cADN del sitio cap, riñón humano fabricado por NIPPON GENE Co., Ltd usando el cebador IRC2 adjunto (5'-caaggtacgccacagcgtatg-3' (SEQ ID NO: 24)) y el cebador CAP3. La mezcla de la reacción contenía un tampón LA PCR Buffer II (libre de Mg^{2+}), 2,5 mM de $MgCl_2$, cada 1 μL de 200 μM de dATP, dCTP, dGTP y dTTP (cualquiera de los cuales es fabricado por Takara Shuzo Co., Ltd.), un cADN de sitios cap de riñón humano, 0,5 μM del cebador IRC2 (ambos de los cuales fueron fabricados por NIPPON GENE Co., Ltd) y 0,5 μM del cebador CAP3 en un volumen total de 50 μL . La PCR fue realizada con un programa de 35 ciclos de desnaturalización por calor a 95°C durante 20 segundos, hibridación a 60°C durante 20 segundos, reacción de elongación a 72°C durante 60 segundos; y además, desnaturalización por calor a 95°C durante 5 min antes de la reacción repetida y la reacción final de elongación a 72°C durante 10 min. Después de completar la primera PCR, se llevó a cabo la segunda PCR. El producto de la primera PCR fue usado como una plantilla a 1 μL , y los cebadores empleados fueron unidos cebador 2RC2 (5'-gtacgccacagcgtatgac-3' (SEQ ID NO: 25)) y cebador CAP4. La reacción fue realizada con una reacción de constitución y un programa similares a la primera PCR excepto que el número de ciclos fue de 25. la PCR aquí presente fue realizada con GeneAmp PCR System9700 fabricado por PE Applied Biosystems Inc. El producto de PCR así resultante fue verificado en una electroforesis de gel de agarosa, y cortado del gel seguido por un enfriamiento a -80°C durante 10 min. Después de centrifugarlo a 15000 rpm durante 10 min, el producto fue purificado por precipitación en etanol del sobrenadante.

El fragmento de ADN purificado fue incorporado al vector pT7Blue fabricado por Novagen CO., y el vector fue transformado en las células competentes, células XL1-Blue. El transformante fue cultivado en un medio LB (100 $\mu g/mL$ de ampicilina) seguido por la extracción del plásmido con un método SDS alcalino para secuenciar la secuencia de bases del mismo con BigDye Terminador Cycle Sequencing FS Ready Reaction kit y el secuenciador ABI PRISM 377 fabricado por Applied Biosystems Inc. Los cebadores empleados fueron el cebador universal M13 (5'-cgacgttgataaacgacggccagt-3' (SEQ ID NO: 20)) y el cebador inverso M13 (5'-caggaaacagctatgac-3' (SEQ ID NO: 21)). Dos secuencias de bases obtenidas consecutivamente revelaron ser: una secuencia de bases que es 492 bases mayor que la secuencia de bases obtenida en el Ejemplo 2 en la dirección a su extremo N terminal (SEQ ID NO: 1); y una secuencia de bases que es 274 bases mayor que la secuencia de bases obtenida en el Ejemplo 2 en la dirección de su extremo N terminal (SEQ ID NO: 3).

Consecuentemente, dos cADNs en conexión con el CL-L2 fueron obtenidos por la presente incluyendo: un cADN que tiene un ORF (marco de lectura abierto) de 813 bases (SEQ ID NO: 1) y que codifica 271 aminoácidos expuestos en la SEQ ID NO: 2 (CL-L2-1); y un cADN que tiene un ORF (marco de lectura abierto) de 735 bases (SEQ ID NO: 3) y que codifica 245 aminoácidos expuestos en la SEQ ID NO: 4 (CL-L2-2).

Ejemplo 4

Búsqueda de homología

A continuación, la búsqueda de homología fue llevada a cabo para ADN y aminoácidos en la base de datos del GenBank. Como resultado, la secuencia aminoacídica obtenida demostró ser un la de una proteína nueva, que es distinta de cualquier colectina que se haya encontrado hasta el momento.

Las secuencias aminoacídicas de los tres tipos de colectinas presentados hasta el momento (MBP, SP-A y SP-D) y la colectina CL-L1 derivada del hígado humano, que fue aislado con éxito por el presente inventor recientemente (véase la publicación sin examinar de la Patente Japonesa N°. Hei 11-206377) fueron comparadas con la secuencia aminoacídica de la parte estructural de la colectina de la nueva colectina según el presente invento. Los resultados fueron ilustrados en la Fig. 5 y la Fig. 6. Similarmente a las Figs. 2 y 3, las porciones de los residuos de aminoácidos que son reconocidas por ser homólogas fueron recuadradas. Según esta alineación, se demostró que la proteína nueva resultante tiene homología con las proteínas colectina conocidas, y que pertenece a una familia colectina.

Además, se obtuvo un mutante (SEQ ID NO: 6) codificado por la posición 141-731 de la secuencia de bases establecida en la SEQ ID NO: 5 que tiene una delección de aminoácidos del 18-65 en la secuencia de aminoácidos establecida en la SEQ ID NO: 4; un mutante (SEQ ID NO: 8) codificado por la posición 141-803 de la secuencia de bases establecida en la SEQ ID NO: 7 que tiene una delección de aminoácidos de 18-41 en la secuencia de aminoácidos establecida en la SEQ ID NO: 4; y un mutante (SEQ ID NO: 10) codificado por la posición del 141-803 de la secuencia de bases establecida en la SEQ ID NO: 9 que tiene una supresión de aminoácidos de 42-65 en la secuencia de aminoácidos establecida en la SEQ ID NO: 4.

Ejemplo 5

Obtención de cADN de una colectina de ratón nueva

En una manera similar a la del hCL-L2, el gen mCL-L2 pudo ser obtenido a través del cribado de una librería de cADN de hígado de ratón. El clon de cADN resultante de mCL-L2 se confirmó que tenía un ORF (marco de lectura abierto) de 813 bases (SEQ ID NO: 12), y codifica aminoácidos de los 271 aminoácidos expuestos en la SEQ ID NO: 13.

Ejemplo 6

Análisis de la distribución de la expresión de la nueva colectina en tejidos humanos

5 Para examinar la expresión de la nueva colectina en varios tejidos, el análisis fue realizado mediante RT-PCR. La RT-PCR fue realizado usando dos cebadores que son capaces de amplificar una secuencia de cADN que abarca desde la región del cuello al dominio de reconocimiento de carbohidratos de la nueva colectina: RTF1 (5'-agattccggtgacatag-gacc-3' (SEQ ID NO: 26)), RTR1 (5'-tggtctgggctctgtccctgc-3' (SEQ ID NO: 27)), y dos cebadores que son capaces de amplificar una parte del gen β -actina para usar en la comparación a la cantidad de nueva colectina expresada en
 10 cada uno de los tejidos: cebador homosenido de β -actina humana (5'-caagagatggccacggctgct-3' (SEQ ID NO: 28)), cebador antisentido de β -actina humana (5'-tccttctgcatcctgtcggca-3' (SEQ ID NO: 29)). Todos estos cebadores fueron sintetizados de manera similar al cebador CAP1 para llevar a cabo la RT-PCR.

La RT-PCR fue llevada a cabo usando el kit RNA LA PCR (AMV) Ver. 1.1 (TAKARA Syuzo, Co.) con cada
 15 ARN derivado de varios tejidos humanos ((1) cerebro, (2) corazón, (3) riñón, (4) hígado, (5) pulmón, (6) tráquea, (7) médula ósea, (8) colon, (9) intestino delgado, (10) bazo, (11) estómago, (12) timo, (13) glándula mamaria, (14) glándula prostática, (15) músculo esquelético, (16) testículos, (17) útero, (18) cerebelo, (19) cerebro fetal, (20) hígado fetal, (21) columna vertebral, (22) placenta, (23) glándula adrenal, (24) páncreas, (25) glándula salivar, y (26) tiroides) como plantilla. Primero, se llevó a cabo una reacción de transcripción inversa en la siguiente mezcla de
 20 reacción.

La mezcla de la reacción contenía 5 mM de $MgCl_2$, un tampón 1 x RNA PCR, una mezcla de 1 mM de dNTP, un inhibidor de 1 U/ μ L RNasa y 2 μ g de ARN, y el volumen total de la mezcla fue ajustado para dar 40 μ L con agua destilada libre de RNasa. Al mismo tiempo, una mezcla de reacción sin transcriptasa inversa fue preparada también
 25 como testigo negativo. La mezcla de la reacción como se describe anteriormente fue colocada en un tubo de 0,2 ml, y sujeta a una reacción de transcripción inversa con GeneAmp PCR System 9700 fabricado por PE Applied Biosystems Inc. a través de un ciclo de: 30 minutos a 42°C, 5 minutos a 99°C, y 5 minutos a 5°C. Así el producto de reacción de transcripción inversa resultante fue usado subsecuentemente a 10 μ L para LA PCR en la siguiente mezcla de reacción con 28 ciclos y 35 ciclos respectivamente. Se añadieron a la misma 2,5 mM de $MgCl_2$, un tampón 1 x LA PCR (libre de Mg^{2+}), 2U TaKaRa LA Taq, 0,2 μ M del cebador RTF1 y 0,2 μ M del cebador RTR1, y la muestra fue
 30 ajustada para dar un volumen total de 50 μ L con agua destilada esterilizada. La PCR fue realizada con un programa de 28 a 35 ciclos de desnaturalización por calor a 95°C durante 20 segundos, hibridación a 60°C durante 20 segundos, reacción de elongación a 72°C durante 60 segundos; y en adición, desnaturalización por calor a 95°C durante 5 min antes de la reacción repetida y la reacción final de elongación a 72°C durante 10 min. El producto de reacción fue
 35 separado en electroforesis de gel de agarosa al 1,5%, seguido por tinción con una solución de bromuro de etidio (0,1 μ g/mL), verificación del patrón de electroforesis con transiluminador e identificación del tejido de expresión. Para comparar la cantidad expresada en cada uno de los tejidos, se realizó una RT-PCR para amplificar una parte de la β -actina con cada uno de los tejidos, y se llevó a cabo la corrección de la cantidad de ARN. La RT-PCR fue realizada similarmente al procedimiento anterior con la reacción de transcripción inversa, PCR, y se realizó la estimación. Los
 40 resultados son ilustrados en la Fig. 7, la cual demuestra la expresión de la nueva colectina según el presente invento mediante PCR realizada con 28 ciclos en el riñón (carril 3) intensamente, y también en el hígado (carril 4), intestino delgado (carril 9), timo (carril 12), hígado fetal (carril 20), médula espinal (carril 21), glándula adrenal (carril 23) y el páncreas (carril 24). Además, con respecto a la PCR realizada con 35 ciclos, la expresión ubicua de la nueva colectina pudo ser verificada en todos los tejidos ensayados, aunque se observó una variación de la intensidad en la
 45 expresión.

Ejemplo 7

Análisis genético de la nueva colectina

50 En base a la secuencia de ADNs de las colectinas nuevas obtenidas (hCL-L2-1 (SEQ ID NO: 1) y mCL-L2 (SEQ ID NO: 12)) se produjo un árbol filogenético a través de la realización del análisis con el propósito de clarificar la posición genética entre las colectinas conocidas.

55 Las colectinas seleccionadas para el análisis fueron proteínas en diversas familias de colectina ilustradas en la Fig. 8 (en la figura, la CL-L1 y CL-P1 fueron aisladas con éxito por los presentes inventores). Una alineación múltiple fue producida con el método clustalw usando una región que contenía un dominio de lectina en la base de datos que fueron obtenidos por la búsqueda de cada secuencia de aminoácidos de la base de datos GenBank. Un árbol filogenético fue producido con el programa del paquete Phylip versión 3.57c usando un proceso N-J (proceso de unión - vecino) basado
 60 en la alineación múltiple así resultante.

Consecuentemente, se supuso que el SP-D, CL-43 bovino, y la conglutina bovina formaron un agrupamiento, mientras que el MBP y SP-A formaron respectivamente agrupamientos separados, sin embargo la nueva colectina del presente invento no pertenecía a ninguno de estos agrupamientos pero pertenecía al mismo agrupamiento que la CL-L1. Por consiguiente, se especuló que la nueva colectina del presente invento es una homóloga de la CL-L1.

Ejemplo 8

Análisis de la distribución de la expresión de la nueva colectina (CL-L2-1 y CL-L2-2) en tejidos humanos

5 El análisis con la técnica RT-PCR fue llevado a cabo para examinar la expresión del CL-L2-1 (SEQ ID NO: 1) y CL-L2-2 (SEQ ID NO: 3) en diversos tejidos. La RT PCR fue llevada a cabo usando los cebadores que son capaces de amplificar la región traducida completa de la CL-L2-1 obtenida como (RTF2 (5'-atgagggggaatctggccttggtg-3' (SEQ ID NO: 30)), RTR2 (5'-catgttctctgtgcaaaactcac-3' (SEQ ID NO: 31))); los cebadores que son capaces de amplificar la región traducida completa del CL-L2-2 obtenida como (RTF3 (5'-atgtgggggtgcctccgagtc-3' (SEQ ID NO: 32)), RTR2 (SEQ ID NO: 31)); y dos cebadores β -actina humanos usados en el Ejemplo 6, que son capaces de amplificar una parte del gen β -actina para el uso en comparación de la cantidad de la nueva colectina expresada en cada uno de los tejidos. Todos estos cebadores fueron sintetizados en una manera similar al cebador CAP1, y la RT-PCR fue realizada similarmente al Ejemplo 6.

15 Los resultados son ilustrados en la Fig. 9, que demuestra una expresión intensa del CL-L2-1 (SEQ ID NO: 1) según el presente invento mediante PCR realizada con 28 ciclos en el riñón (carril 3), en el hígado (carril 4), intestino delgado (carril 9), timo (carril 12), hígado fetal (carril 20), médula espinal (carril 21), glándula adrenal (carril 23), páncreas (carril 24). Además, con respecto a la PCR realizada con 35 ciclos, la expresión ubicua de CL-L2-1 (SEQ ID NO: 1) se pudo verificar en todos los tejidos ensayados, aunque se observó intensidad variable en la expresión. Además, se encontró que la CL-L2-2 (SEQ ID NO: 3) se expresa intensamente en el riñón (carril 3) para la PCR realizada con 28 ciclos, mientras que en PCR realizada con 35 ciclos se expresa en el riñón (carril 3) así como en la glándula prostática (carril 14), testículos (carril 16), médula espinal (carril 21), placenta (carril 22).

25 Adicionalmente, varios fragmentos amplificados fueron encontrados en los productos de RT-PCR de las CL-L2-1 y CL-L2-2 como se muestra en la Fig. 9. Estas bandas fueron cortadas del gel y purificadas mediante un proceso similar al del Ejemplo 2, es decir, por congelación a -80°C durante 10 min, centrifugación a 15000 rpm durante 10 min seguido por precipitación en etanol del sobrenadante. El fragmento de ADN purificado fue incorporado en el vector pT7Blue fabricado por Novagen Co., y el vector así resultante fue transformado en las células competentes, células CL1-Blue. El transformante fue cultivado en un medio LB (100 μ g/mL de ampicilina) y luego el plásmido fue extraído con un método SDS alcalino. La secuencia de bases fue determinada por el kit BigDye Terminador Cycle Sequencing FS Ready Reaction y el secuenciador ABI PRISM 377 fabricado por Applied Biosystems Inc. Los cebadores empleados fueron el cebador universal M13 (5'-cgacgttgtaaaccagcgccagt-3' (SEQ ID NO: 20)) y el cebador inverso M13 (5'-caggaaacagctatgac-3' (SEQ ID NO: 21)).

35 La secuencia de bases resultante fue la misma que CL-L2-2v1, CL-L2-2v2 y CL-L2-2v3 que son variantes de CL-L2-2 (SEQ ID NO: 3) obtenidas en el Ejemplo 2. Además, las tres proteínas estuvieron presentes como CL-L2-1 expuestas en la SEQ ID NO: 2, que fueron derivados del corte y empalme alternativo del mRNA. Estos se refieren a CL-L2-1v1 (SEQ ID NO: 36, 37), CL-L2-1v2 (SEQ ID NO: 38, 39) y CL-L2-1v3 (SEQ ID NO: 40, 41). El CL-L2-1v1 tiene una delección de la posición aminoacídica 44-91 del CL-L2-1 establecida en la SEQ ID NO: 2 (delección de la posición de bases 394-537 de la CL-L2-1 expuesta en la SEQ ID NO: 1), cuya secuencia aminoacídica es codificada por la posición del 265-933 de una secuencia de bases expuesta en la SEQ ID NO: 36 (SEQ ID NO: 59). El CL-L2-1v2 tiene una delección de la posición de aminoácidos 44-67 del CL-L2-1 establecida en la SEQ ID NO: 2 (delección de la posición de bases 394-465 de la CL-L2-1 expuesta en la SEQ ID NO: 1), cuya secuencia aminoacídica está codificada por la posición del 265-1005 de una secuencia de bases expuesta en la SEQ ID NO: 38 (SEQ ID NO: 60). La CL-L2-1v3 tiene una delección de la posición de aminoácidos 68-91 de la CL-L2-1 expuesta en la SEQ ID NO: 2 (delección de la posición de bases 466-537 de la CL-L2-1 expuesta en la SEQ ID NO: 1), cuya secuencia aminoacídica está codificada por la posición 265-1005 de una secuencia de bases expuesta en la SEQ ID NO: 40 (SEQ ID NO: 61). Además, el gen mCL-L2-2 puede ser obtenido en un proceso similar al del Ejemplo 14.

Ejemplo 9

Construcción del vector de expresión pcADN 3,1/Myc-His(+)-A-CL-L2-1.2 de la nueva colectina

55 Una región traducida de la CL-L2-1 (SEQ ID NO: 1) fue amplificada usando el cebador CL-L2-1F (5'-gggaagcttc-gatcaggatgaggggaatctggccttggtg-3' (SEQ ID NO: 33)) y el cebador CL-L2-1R (5'-gggctcgagcatgttctctt gtaaaactcac-3' (SEQ ID NO: 34)) por PCR (Takara thermal Cycler MP fabricado por Takara Shuzo Co., Ltd.) con una librería de cADN derivada de riñón humano como plantilla. Además, una región traducida de la nueva colectina (SEQ ID NO: 3) fue amplificada usando el cebador CL-L2-2F (5'-gggaagcttcagcacaatgtgggtggcctccgagtc-3' (SEQ ID NO: 35)) y el cebador CL-L2-1R (SEQ ID NO: 34) por PCR con una librería de cADN derivada del riñón humano como plantilla. El cADN CL-L2-1 así resultante fue ligado al vector T pT7Blue (fabricado por Novagen Co.) y fue transformado en *Escherichia coli* XLI-Blue. Un plásmido que contenía cADN CL-L2-1 fue purificado de los clones resultantes. Tras la confirmación de la secuencia de bases del plásmido resultante con un secuenciador, el plásmido sin errores fue digerido con las enzimas de restricción *Hind* III y *Xho* I, y ligado al vector pcADN 3,1/Myc-His(+)-A (fabricado por Invitrogen Co.,) que había sido digerido con las mismas enzimas y purificado. Después de que el plásmido ligado fue transformado en *Escherichia coli*, XLI-Blue, el clon resultante fue cultivado. El plásmido fue luego purificado para dar un vector de expresión pcADN 3,1/Myc-His(+)-A-CL-L2-1.2. En el mismo momento, los vectores de expresión fueron producidos similarmente por variantes de CL-L2-1 y CL-L2-2 (SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9; SEQ ID NO: 36; SEQ ID NO: 38 y SEQ ID NO: 40).

Ejemplo 10

Producción de la cepa celular, que es estable en la expresión de la nueva colectina

5 La expresión transitoria fue llevada a cabo a través de la cotransfección del vector de expresión pcADN 3,1/Myc-His(+)-A-CL-L2-1 obtenido en el Ejemplo 9 y el vector pEGFP-F (fabricado por Clontech Co.) a las células CHO usando el reactivo LIPOFECTAMINA 2000 (LF2000) (fabricado por GIBCO BRL Co.). Una disolución de 0,5 ml del reactivo LF2000 (30 μ l del reactivo LF2000, Ham F-12 mezcla nutriente (medio F-12 de Ham, (fabricado por Sigma Co.))) fue preparada primero e incubado a temperatura ambiente durante 5 minutos. Después, 0,5 ml de una
10 disolución del vector (pcADN 3,1/Myc-His(+)-A-CL-L2-1.2:7,5 μ g, 2,5 μ g del vector pEGFP-F, medio F-12 de Ham) fue mezclada con la misma, seguido por una incubación durante 20 minutos. A partir de entonces, la disolución fue añadida a las células CHO que habían sido cultivadas a una elevada densidad en un frasco de 25 cm² incluyendo 5 ml del medio F-12 de Ham que contenía 5% de FCS. Después de incubarla a 37°C durante 4 horas en presencia de 5% de CO₂, el medio fue remplazado con un medio F-12 de Ham, seguido por la subsiguiente incubación a 37°C durante 20
15 horas en presencia de 5% de CO₂. A continuación, el medio fue reemplazado con el medio F-12 de Ham que contenía 5% de FCS, 0,4 mg/ml de Geneticina, (fabricado por GIBCO BRL Co.) y consiguientemente se dejaron transcurrir 10 días de cultivo. En este proceso el reemplazo del medio se llevó a cabo una vez.

A través de esta selección con un fármaco durante 10 días, sólo las células transformadas pudieron sobrevivir y
20 proliferar, al contrario sin embargo, las células que no fueron transformadas murieron. Para obtener células de alta expresión a partir de las células transformadas resultantes, la clasificación fue realizada por un clasificador celular (fabricado por Becton Dickinson Co.) con fluorescencia del GFP como marcador. Después de lavar las células transformadas en un frasco de 25 cm² con 5 ml de PBS (-) dos veces, las células fueron despegadas con 0,3 ml de una disolución de EDTA al 0,02% (fabricada por Nakarai Tesc KK). Las células fueron suspendidas en 10 ml de PBS (-)
25 y a partir de ese momento centrifugadas a 200x g durante 7 minutos a 4°C para eliminar el sobrenadante. El resto de las células fueron suspendidas en 0,5 ml de FCS/PBS (-) al 2% de para dar una muestra de selección. Después de que la muestra fuera hecha pasar a través de un tubo de 5 ml equipado con una tapa de filtro celular (fabricado por Becton Dickinson Co.) se aplicó a un aparato de selección celular. Las células CHO sin estar sujetas a la transformación, las cuales han sido tratadas similarmente, fueron usadas como células testigo. Consecuentemente, una muestra fue seleccionada, la cual exhibió una intensidad fluorescente de 10 veces o más que la muestra testigo. Estas células fueron
30 dispuestas en una placa de microvaloración celular de 96 pocillos, en las que los pocillos contenían respectivamente 100 μ l del medio F-12 de Ham (que contenía 5% de FCS, 0,4 mg/ml de Geneticina), para cargar una célula única por pocillo. Después de que las células fueron cultivadas a 37°C en presencia de 5% de CO₂ durante una semana, cada 100 μ l de medio de cultivo fue además añadido al mismo seguido por el cultivo adicional durante una semana.
35 Un clon proliferado con el fármaco Geneticina de selección fue dividido en dos partes, que fueron sujetas a pases en placas de microvaloración de 12 pocillos y 24 pocillos. Tras el pase, los clones fueron excluidos, los cuales fueron derivados de la proliferación en un pocillo en el que dos o más células existían por pocillo y las células fueron puestas en placa en una relación de número celular de 9:1 para las placas de microvaloración de 12 pocillos y 24 pocillos. Las células fueron cultivadas a 37°C en presencia de 5% de CO₂ hasta que las células en la placa de 12 pocillos alcanzaron
40 una densidad alta. Luego, 200 μ l del sobrenadante de cultivo fueron sometidos a la transferencia dot plot sobre una membrana Immobilon-P (fabricada por Millipore Co., Ltd) usando el aparato de microfiltración Bio-Dot (fabricado por BIO-RAD Co., Ltd) y la membrana fue incubada en una disolución de anticuerpos anti-myc (fabricado por Invitrogen Co.) x 5000 diluido en 0,05% de un tampón Tween 20 al 0,05%/TBS (fabricado por Takara Shuzo Co., Ltd.) a temperatura ambiente durante 1 hora. A partir de entonces, la membrana fue lavada con 100 ml del tampón Tween 20 al 0,05%/TBS a temperatura ambiente durante 20 min. x 3 seguido por la incubación adicional en una disolución de anti-IgG-HRP (fabricado por Chemicon Co., Ltd) x 5000 diluido en tampón Tween 20 al 0,05%/TBS a temperatura ambiente durante 1 hora. A partir de entonces, la membrana fue lavada con 100 ml del tampón Tween 20 al 0,05%/TBS a temperatura ambiente durante 20 min. x 3 seguido de la detección usando un sistema de sustrato de peroxidasa de membrana TMB (fabricado por Funakoshi KK). Después de confirmar los clones con un desarrollo de color intenso,
50 las células en los correspondientes pocillos respectivos de la placa de 24 pocillos fueron identificadas como una cepa celular de expresión estable (CHO/CL-L2-1).

Ejemplo 11

55 *El análisis de la especificidad de unión al azúcar de la nueva colectina*

Un litro del sobrenadante de cultivo de la cepa celular de expresión estable de la nueva colectina (CHO/CL-L2-1) producido en el Ejemplo 10 fue concentrado a 50 ml usando el VIVAPORE10 (fabricado por Funakoshi KK), a partir de ahí se le añadieron 200 μ l de agarosa Ni-NTA (fabricado por Quiagen Co., Ltd) al mismo. La nueva colectina fue
60 vinculada a la agarosa Ni-NTA por incubación de la mezcla con agitación a 4°C durante toda la noche. La agarosa Ni-NTA fue embalada en columnas de cromatografía poli-prep (fabricadas por BIO-RAD Co., Ltd.) seguido de lavados con 5 ml de 50 mM de NaH₂PO₄, 300 mM de NaCl, 20 mM de imidazole, 0,05% de Tween20 (pH8,0) tres veces, y por elusión con 200 μ l de 50 mM de NaH₂PO₄, 300 mM de NaCl, 250 mM de imidazole, 0,05% de Tween20 (pH 8,0) cinco veces para purificar la nueva colectina. La nueva colectina purificada fue determinada cuantitativamente y usada
65 para el análisis de la especificidad del azúcar.

Específicamente, 1 μ g de la nueva colectina purificada fue transferida mediante dot blot a una membrana Immobilon-P (fabricada por Millipore Co., Ltd) para dar manchas en un número correspondiente a los tipos de las sondas

de cadena del azúcar para ser examinadas en lo que se refiere a la especificidad de unión, usando el aparato de Microfiltración Bio-Dot (fabricado por BIO-RAD Co., Ltd.). Cada punto fue a partir de entonces cortado para rendir 1 cm cuadrado, y fue inmerso en un Block Ace (fabricada por Dai Nippon Pharmaceutical Co., Ltd.), y fue incubado a temperatura ambiente durante 1 hora. Luego, la membrana fue lavada tres veces con el tampón 0,05% de Tween 20, 5 mM de CaCl_2 , TBS, y fue incubada en cada disolución de sonda de cadena del azúcar (véase, Fig. 10) diluida con 5 mM de CaCl_2 , con el tampón TBS para dar 1 $\mu\text{g/ml}$ a temperatura ambiente durante 1 hora. A partir de entonces, la membrana fue lavada de nuevo tres veces con el tampón 0,05% de Tween 20, 5 mM de CaCl_2 , TBS. Luego la membrana fue incubada en una disolución de HRP biotinilada unida a estreptavidina (fabricado por Amersham Co.) x 1000 diluido con el tampón 0,05% de Tween20, 5 mM de CaCl_2 , TBS a temperatura ambiente durante 30 min. seguido por tres lavados con el tampón 0,05% de Tween 20, 5 mM de CaCl_2 , TBS y por detección usando el sistema de sustrato de peroxidasa de membrana TMB (fabricado por Funakoshi KK). Como se muestra en la Fig. 10, la nueva colectina fue activa en la unión con manosa, fucosa, N-acetilgalactosamina, ácido N-acetilneuramínico, manosa-6 ácido fosfórico.

Debido a que la proteína CL-L2 del presente invento tiene una estructura de colectina, se cree que es una sustancia que ejerce efectos característicos a esas estructuras. Por tanto, se puede utilizar en la elucidación de mecanismos de inmunidad fundamental; en la elucidación de mecanismos del desarrollo de una amplia variedad de enfermedades tales como infecciones bacterianas; en el diagnóstico, profilaxis y métodos terapéuticos de las mismas; y en el desarrollo de reactivos y fármacos para el mismo.

REIVINDICACIONES

- 5 1. Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 245 aminoácidos expuestos en la posición aminoacídica 1-245 de la SEQ ID NO: 4.
2. Un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica expuesta en la posición aminoacídica 1-245 de la SEQ ID NO: 4.
- 10 3. Un polinucleótido reivindicado en la reivindicación 2, en el que la secuencia de bases está expuesta en la SEQ ID NO: 46.
4. Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 197 aminoácidos expuestos en la posición aminoacídica 1-197 de la SEQ ID NO: 6.
- 15 5. Un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica expuesta en la posición aminoacídica 1-197 de la SEQ ID NO: 6.
- 20 6. Un polinucleótido como se reivindica en la reivindicación 5, en la que la secuencia de bases está expuesta en la SEQ ID NO: 55.
7. Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 221 aminoácidos expuestos en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 8.
- 25 8. Un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica expuesta en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 8.
9. Un polinucleótido como se reivindica en la reivindicación 8, en la que la secuencia de bases está expuesta en la SEQ ID NO: 56.
- 30 10. Una proteína que comprende una secuencia aminoacídica que consiste en 221 aminoácidos expuestos en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 10.
- 35 11. Un polinucleótido que codifica una secuencia aminoacídica expuesta en la posición aminoacídica 1-221 de la SEQ ID NO: 10.
12. Un polinucleótido como se reivindica en la reivindicación 11, en la que la secuencia de bases está expuesta en la SEQ ID NO: 57.
- 40 13. Un vector que comprende un polinucleótido según una cualquiera de las reivindicaciones 2, 3, 5, 6, 8, 9, 11 ó 12.
14. Una célula transformada con el vector según la reivindicación 13, a manera de permitir la expresión ahí del polinucleótido según una cualquiera de las reivindicaciones 2, 3, 5, 6, 8, 8, 11 ó 12.
- 45 15. Un proceso para producir una proteína, proceso que comprende las etapas de cultivar una célula según la reivindicación 14 y recoger las proteínas hCL-L2 así producidas.
16. Un proceso para cribar un fármaco, en el que la proteína según la reivindicación 1, 4, 7 ó 10 es usada.
- 50 17. La célula según la reivindicación 14, en la que la célula es una célula de *Escherichia coli*, una célula animal o una célula de insecto.

55

60

65

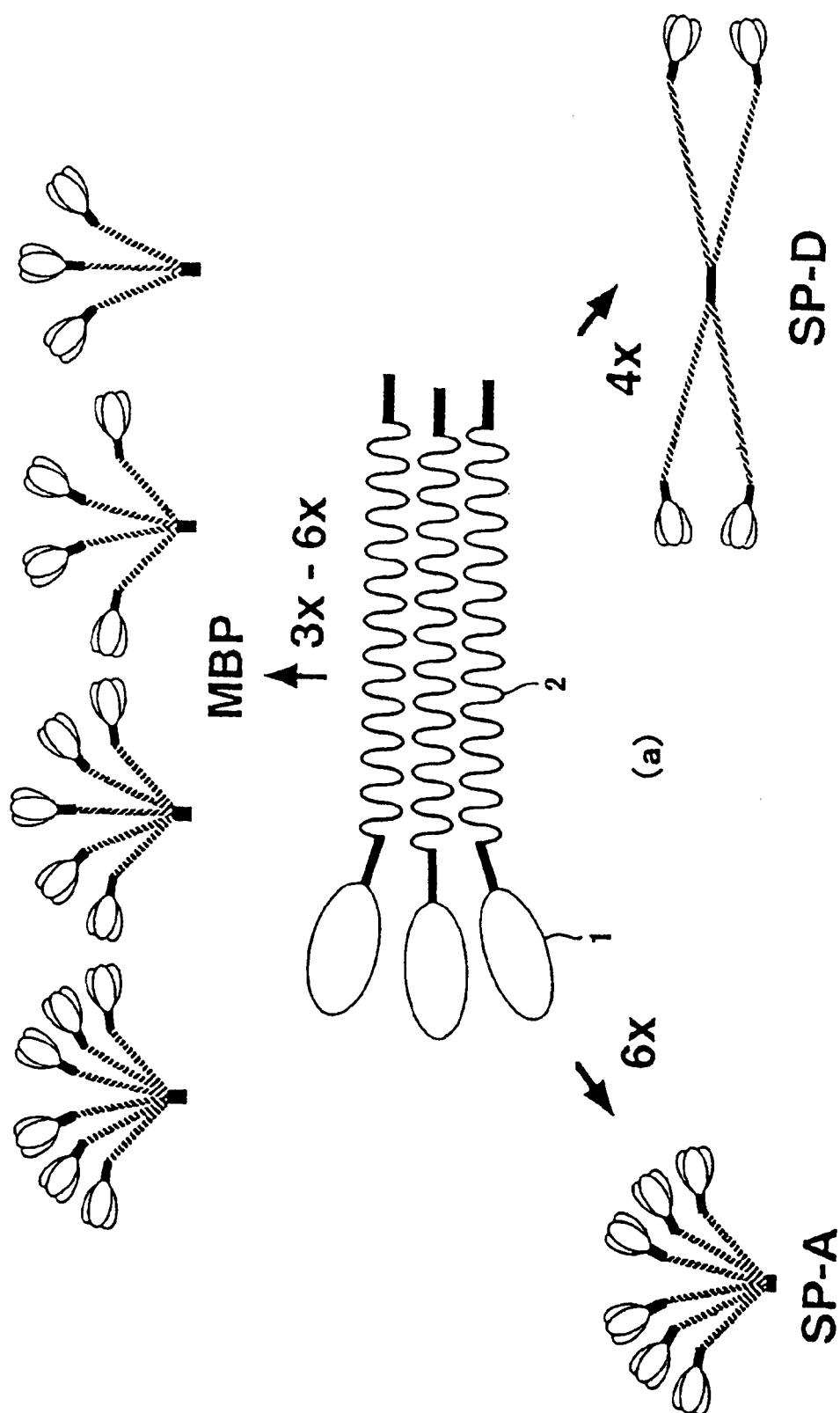


Fig. 1

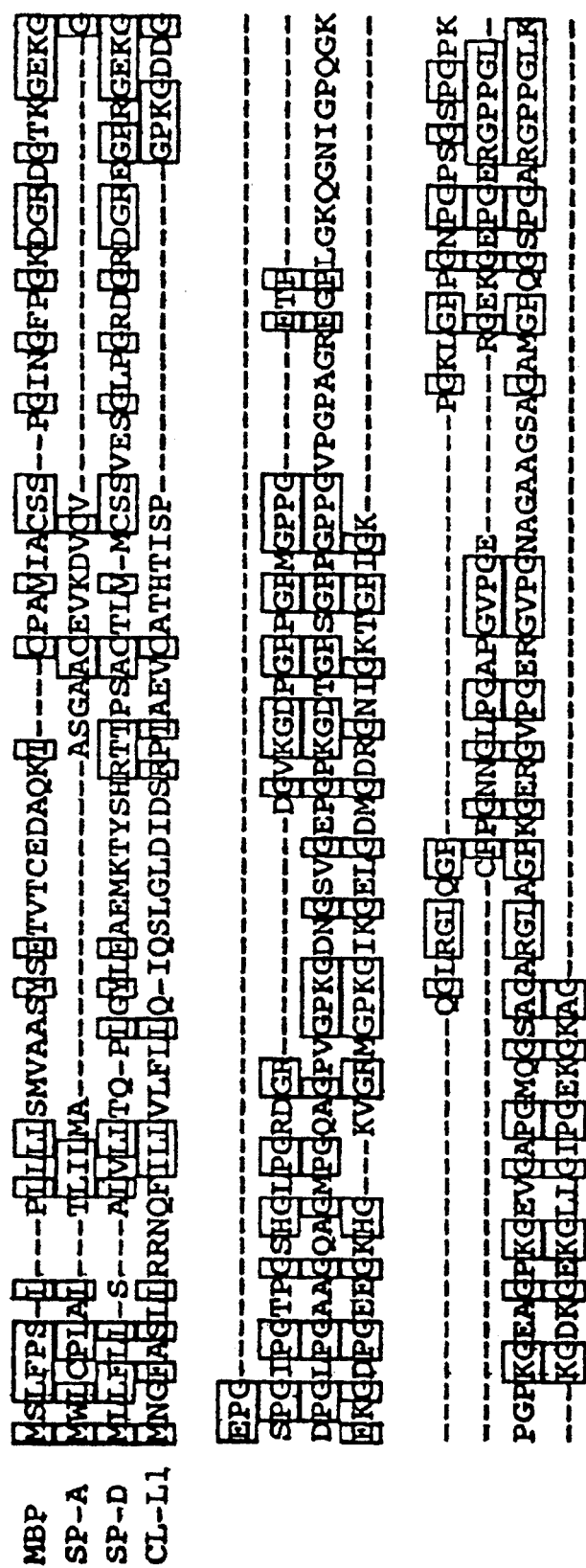


Fig. 2

MBP GOKGDPGKSPDGDSSIAA-----SERKALQTEEMARIKKWLTFSLCKQVGNKFFLTNGEIMTF
 SP-A FAHLDEELOQATIED-----FRHILITRGAALS-LQGSII-----MTVGERVFSNNGQSITTF
 SP-D GDKGIPGDGAKGCEGCLPFAVASLEQQVEALQQGVQHLCQAFSQYKKVVELHPNQQSVGERIEKTAGFVRF
 CL-L1 -----IVQDCGRYBKFKVCGQDISIARIKTSMKFVKNN--VIAGIRETEKEFYIIVQEEKNY

 EKVKALQVKFOASVETPRNAAENGAIQNII---KKE-AFLGITTEKTEGQFVDLTGNRLT-YTNWNEGEH
 PAIQEACARAGGRITVPRNPPEENEAIASFVKYNTY--RYVGLTEGPSPQDFRYSQGTENV-YTNWYRGEH
 TEACILCTQAGGCLASPSFSAENAAIQQLLVAKNEA-AFLSMITLSTKTEGKFTPTGESIV-YSNWAFGEH
 RSLTHQIRIRGGMLAMEKDEENATLIADYNAKSGFFRVFIQVNDLEREGQYMTDNTPLQNYSNWNEGEH

 NNAGSDEDCVLLIKNGQWNDVPCSTSHLAVCEEPI*---
 AGRG-KEQCVEMYTDCQWNDRNCLYSRLTICEF*-----
 NIDGGSEDCVFIIFTNGKWNDRACGEKRIWVCEE*-----
 SDPYGHEDCVEMISSGRWNDTECHLTMYFVCEEIKKKK*

Fig. 3

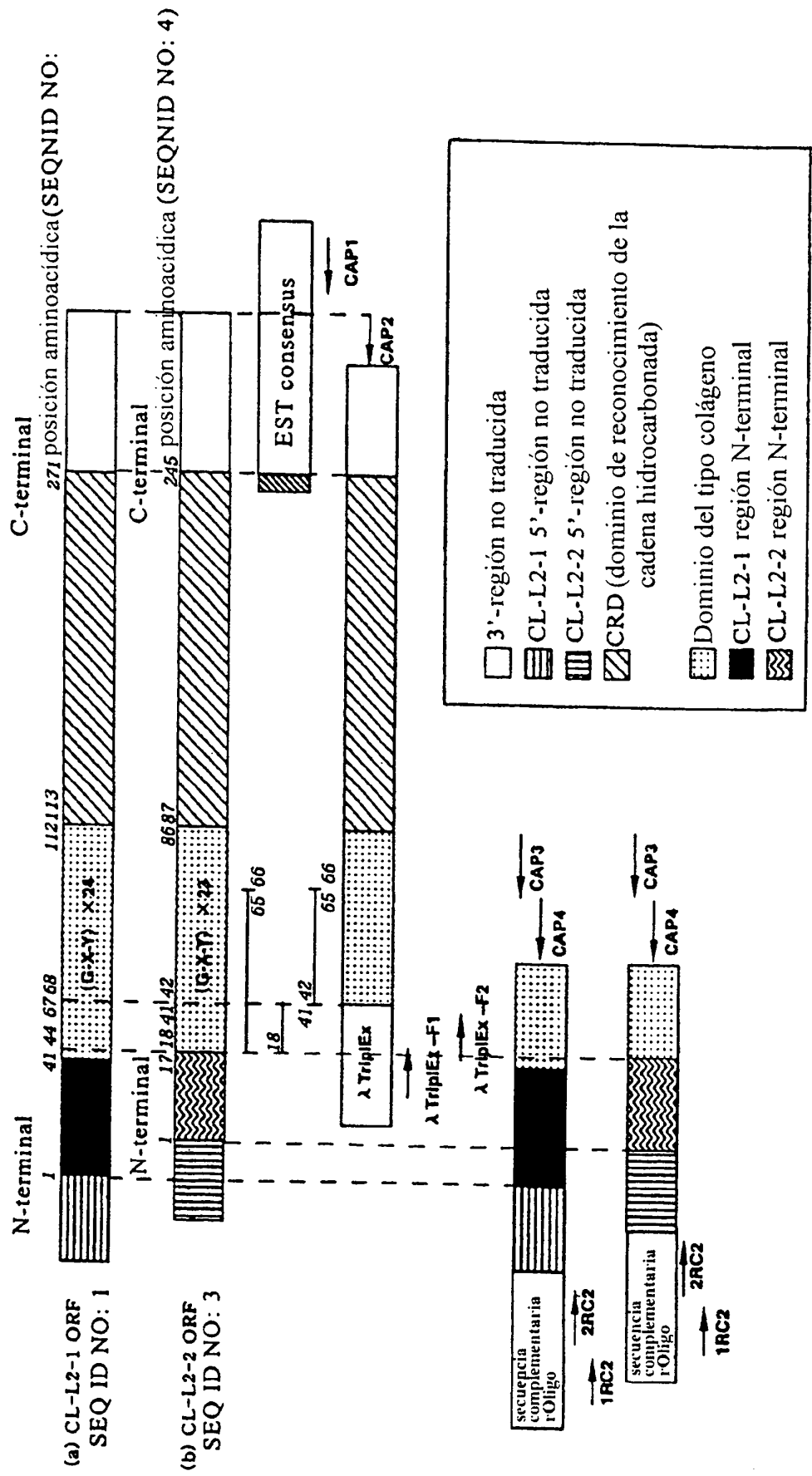


Fig. 4

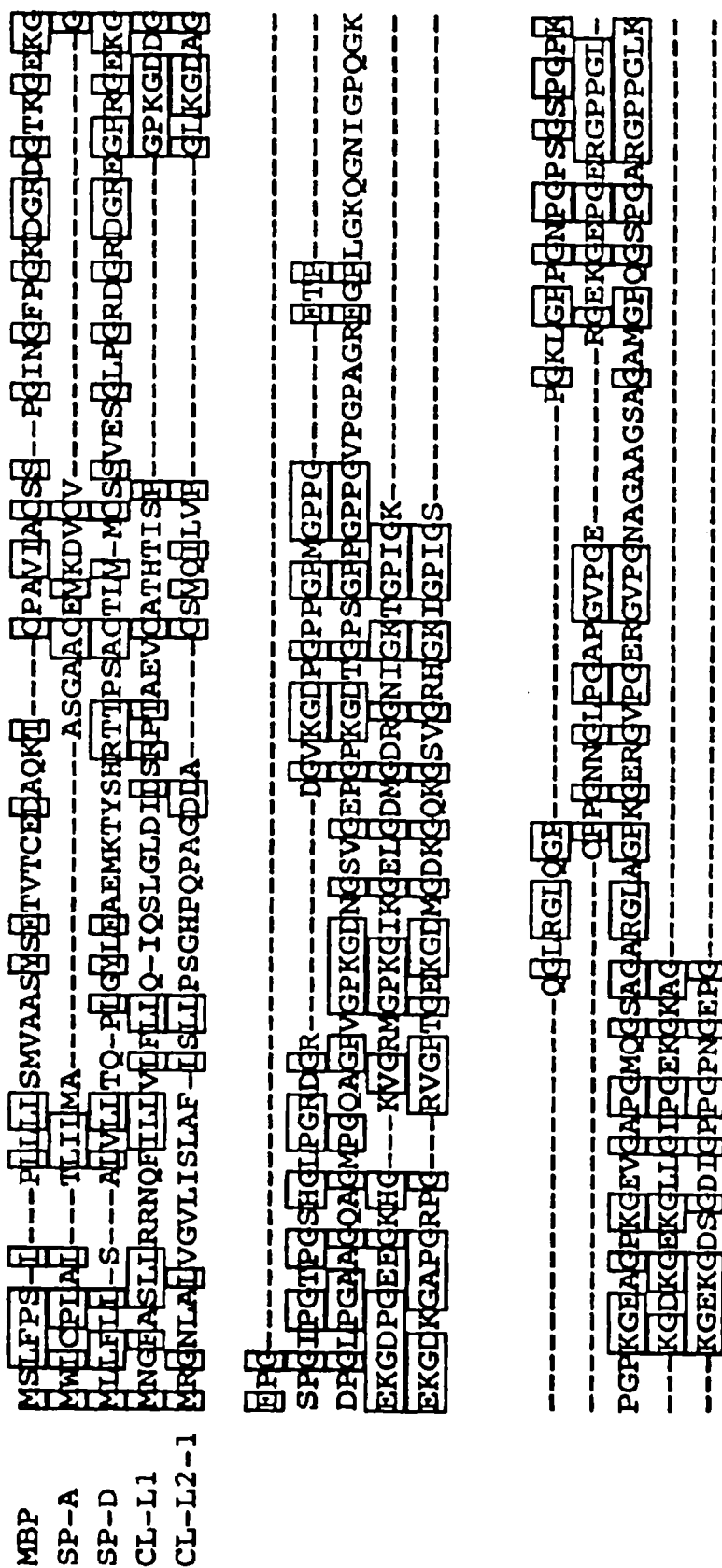


Fig. 5

MBP GKKGDPG KSPDGD SLAA -----SERKALQTEMARIKKWLTE SLKQVGNKFFLTNGEIMTF
 SP-A FAHLDEELQATIH -----FRHQILQTRGALS-LQGSI -----MTVGEKVFSSNCQSSITF
 SP-D GDKGIPGD GAKGES CLPEVASLQQVEALQGVQHLQAAFSQYKKVELE PNGQSVGEKIFKIACFVRRPF
 CL-L1 -----JVCDCGRYRKFVQGLDISIARIKLSMKFVKN --VIAGIRETEEFYIVCEERNY
 CL-L2-1 -----LPQECQLRKAIGEMNQVSQLTSEILKFIKN --AVAGVRETESKIYILVKEERRY

EKVKA LVKFQASV TERNA FENGATQNL I ---KEE-AEILGIT DEKTEGQFV DLT CNRIT -YTNWNEGEE
 DAI EACARAGGR IAV ERNPEE EALISF KKYNTY -AVVGLT EGPSF GDFRYS DGT HVN -YTNWYRGEH
 TEAQL CTQAGG QLASHRS AENAA LQQLVAKNER -AELSMIT SKTECKE TPT GESIV -YSNWAPGEE
 RESLTH CRIRGGMLAMPKDEAANTLIADYVAKSGFFRVFIGVNDLE REGQYMF T DNTPI QYNSNWNEGEE
 ADAQL SCQGRGGT ISMPKDEAANGIMFAAYLQACILARVFIGINDLE KECAFVYS DHS MRTFNKWRS GEE

NN GSD EDCVLIL KNGQWNDV PCST SHLAVCEFP I* ----
 AGRG--KE QCVEM YTDGQW NDRNCLYSRLTICEF * -----
 NDDG SEDCV EIF TNGK WDRACGEKRLV VCEF * -----
 SDPYGHEDCVEMIS SGRW NLT ECHLTM YFVCEFI KKK*
 NNA YDEEDCVEMV VASG GWN DVACHTTM YFMCED KENM*

Fig. 6

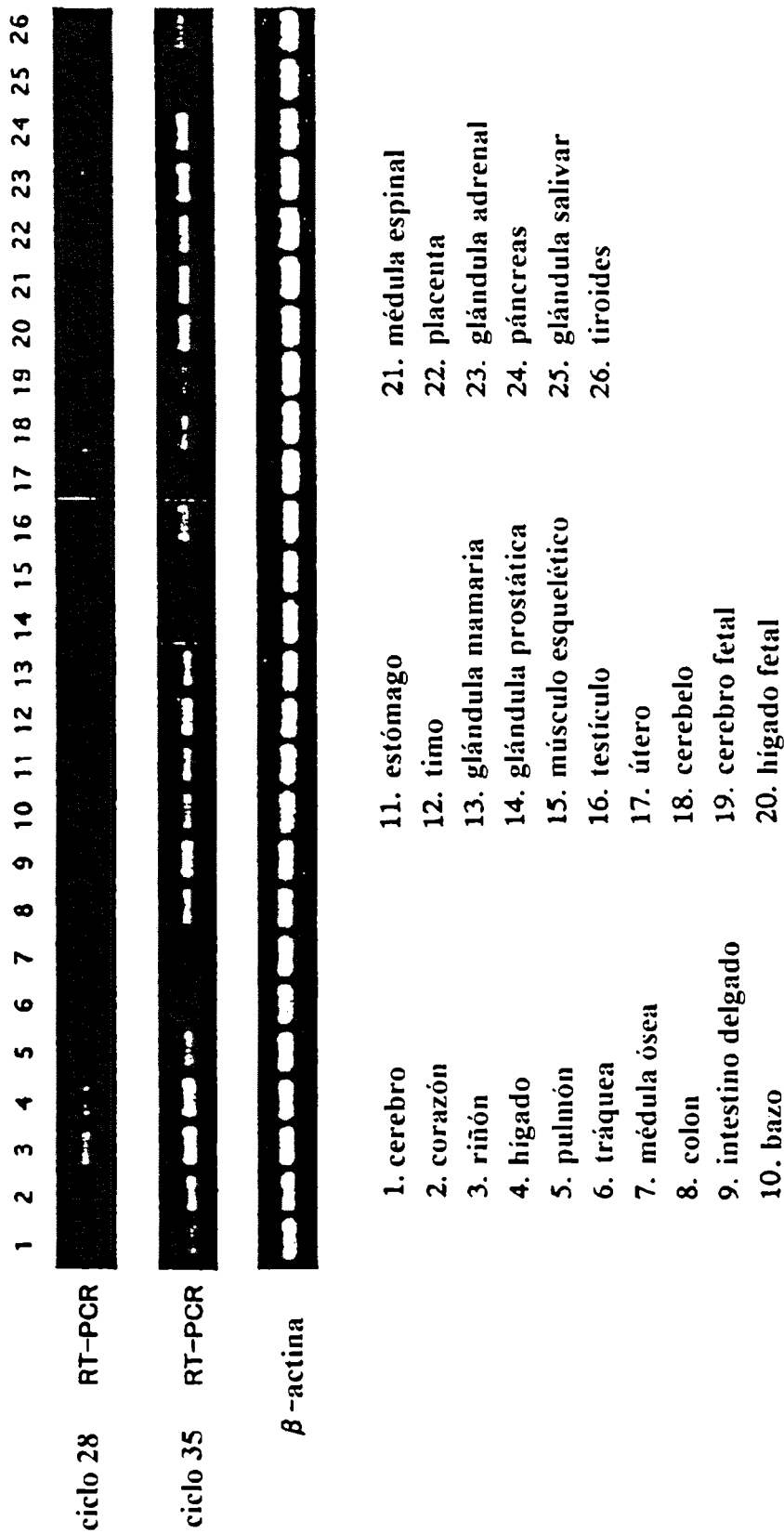


Fig. 7

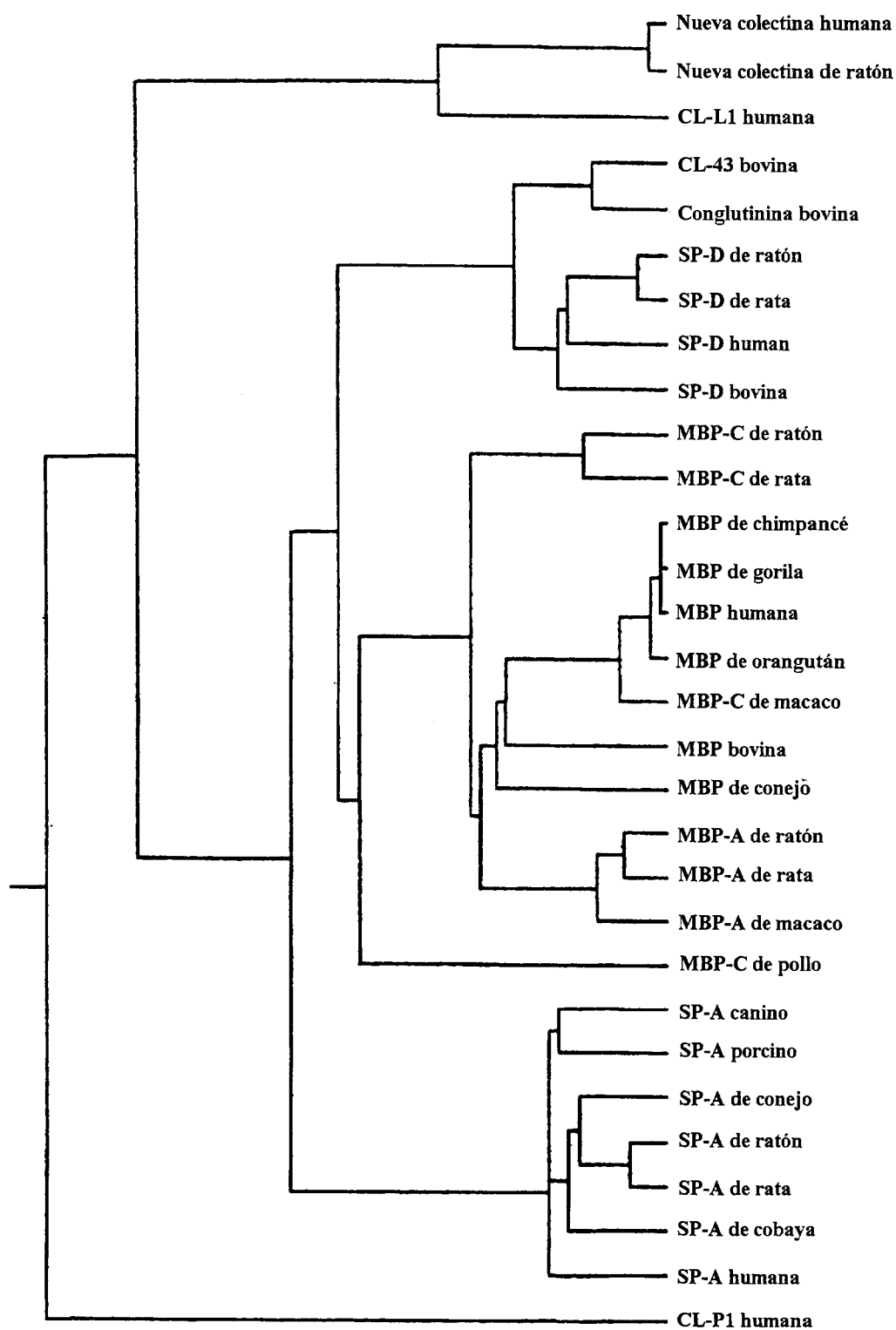


Fig. 8

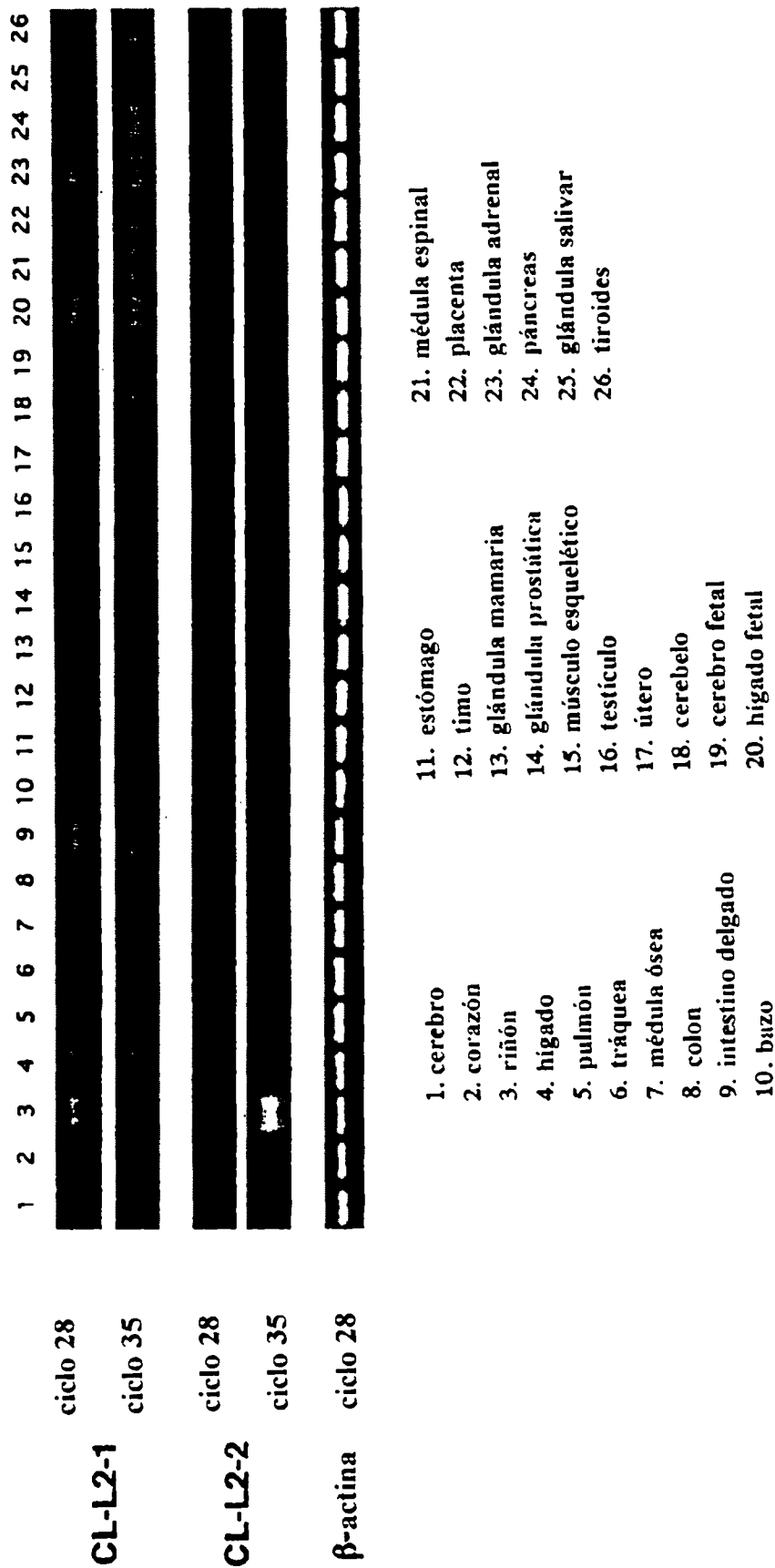


Fig. 9

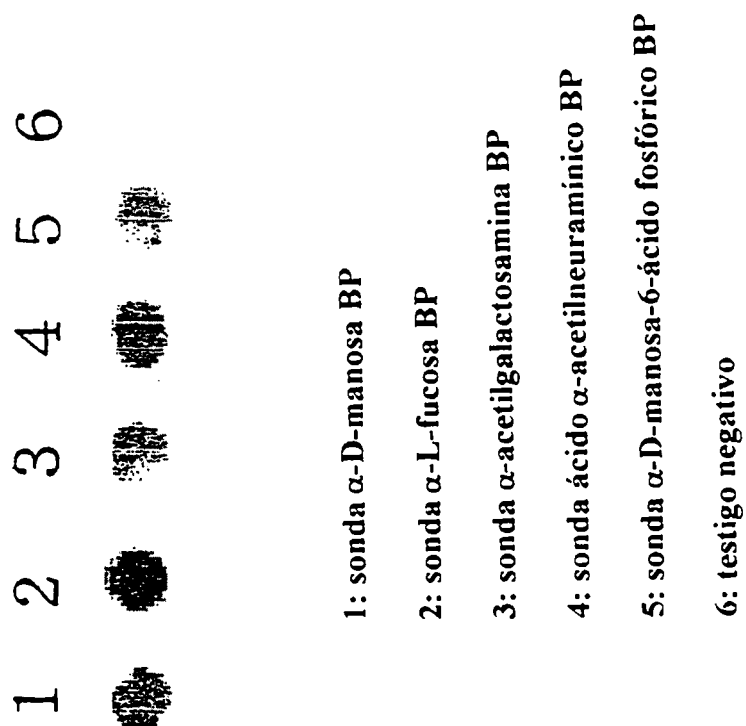


Fig. 10

ES 2 281 413 T3

LISTA DE SECUENCIAS

<110> FUSO PHARMACEUTICAL INDUSTRIES. LTD.

5 <120> Nueva colectina

<130> 01P237WO

10 <160> 61

<210> 1

<211> 1341

15 <212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

<220>

20 <221> CDS

<222> (265) .. (1077)

25 <400> 1

```

cgcgggccgcg tcgacggacg gtggacgcag cgcagacagg aagctccccg agataacgct      60
gcggccgggc ggccctgattt gctgggcigt ctgatggccc gggccgaggc ttctccctgc      120
30 gccigggact gcggccgcct cctaaatag cagccatgag gcgcctgggg gcagtgtcct      180
cgcgggccgcg tcgaccgacg gccgcagtcg acgccccgtt cgcctagcgc gtgctcagga      240
gttgggtgcc tgccctgcgt cagg atg agg ggg aat ctg gcc ctg gtg ggc      291
35                               Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly
                               1           5

gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct      339
40 Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro
   10           15           20           25
cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct gtg cag atc ctc gtc cct ggc      387
45 Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly
           30           35           40

ctc aaa ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc gcc ccc gga cgg      435
50 Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg
           45           50           55

cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa gga gac atg ggg gac aaa      483
55 Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Asp Met Gly Asp Lys
           60           65           70

gga cag aaa ggc agt gtg ggt cgt cat gga aaa att ggt ccc att ggc      531

```

60

65

ES 2 281 413 T3

	Gly	Gln	Lys	Gly	Ser	Val	Gly	Arg	His	Gly	Lys	Ile	Gly	Pro	Ile	Gly	
	75						80					85					
5	tct	aaa	ggt	gag	aaa	gga	gat	tcc	ggt	gac	ata	gga	ccc	cct	ggt	cct	579
	Ser	Lys	Gly	Glu	Lys	Gly	Asp	Ser	Gly	Asp	Ile	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	
	90						95				100					105	
10	aat	gga	gaa	cca	ggc	ctc	cca	tgt	gag	tgc	agc	cag	ctg	cgc	aag	gcc	627
	Asn	Gly	Glu	Pro	Gly	Leu	Pro	Cys	Glu	Cys	Ser	Gln	Leu	Arg	Lys	Ala	
					110					115					120		
15	atc	ggg	gag	atg	gac	aac	cag	gtc	tct	cag	ctg	acc	agc	gag	ctc	aag	675
	Ile	Gly	Glu	Met	Asp	Asn	Gln	Val	Ser	Gln	Leu	Thr	Ser	Glu	Leu	Lys	
					125				130					135			
20	ttc	atc	aag	aat	gct	gtc	gcc	ggt	gtg	cgc	gag	acg	gag	agc	aag	atc	723
	Phe	Ile	Lys	Asn	Ala	Val	Ala	Gly	Val	Arg	Glu	Thr	Glu	Ser	Lys	Ile	
					140				145					150			
25	tac	ctg	ctg	gtg	aag	gag	gag	aag	cgc	tac	gcg	gac	gcc	cag	ctg	tcc	771
	Tyr	Leu	Leu	Val	Lys	Glu	Glu	Lys	Arg	Tyr	Ala	Asp	Ala	Gln	Leu	Ser	
					155				160					165			
30	tgc	cag	ggc	cgc	ggg	ggc	acg	ctg	agc	atg	ccc	aag	gac	gag	gct	gcc	819
	Cys	Gln	Gly	Arg	Gly	Gly	Thr	Leu	Ser	Met	Pro	Lys	Asp	Glu	Ala	Ala	
	170					175				180				185			
35	aat	ggc	ctg	atg	gcc	gca	tac	ctg	gcg	caa	gcc	ggc	ctg	gcc	cgt	gtc	867
	Asn	Gly	Leu	Met	Ala	Ala	Tyr	Leu	Ala	Gln	Ala	Gly	Leu	Ala	Arg	Val	
					190					195				200			
40	ttc	atc	ggc	atc	aac	gac	ctg	gag	aag	gag	ggc	gcc	ttc	gtg	tac	tct	915
	Phe	Ile	Gly	Ile	Asn	Asp	Leu	Glu	Lys	Glu	Gly	Ala	Phe	Val	Tyr	Ser	
					205					210				215			
45	gac	cac	tcc	ccc	atg	cgg	acc	ttc	aac	aag	tgg	cgc	agc	ggt	gag	ccc	963
	Asp	His	Ser	Pro	Met	Arg	Thr	Phe	Asn	Lys	Trp	Arg	Ser	Gly	Glu	Pro	
					220				225					230			
50	aac	aat	gcc	tac	gac	gag	gag	gac	tgc	gtg	gag	atg	gtg	gcc	tcg	ggc	1011
	Asn	Asn	Ala	Tyr	Asp	Glu	Glu	Asp	Cys	Val	Glu	Met	Val	Ala	Ser	Gly	
					235				240					245			
55	ggc	tgg	aac	gac	gtg	gcc	tgc	cac	acc	acc	atg	tac	ttc	atg	tgt	gag	1059
	Gly	Trp	Asn	Asp	Val	Ala	Cys	His	Thr	Thr	Met	Tyr	Phe	Met	Cys	Glu	
	250					255					260				265		
60	ttt	gac	aag	gag	aac	atg	tgagcctcag	gctggggctg	cccatgggg								1107
	Phe	Asp	Lys	Glu	Asn	Met											
					270												
65	gccccacatg	tccttcaggg	gttggcaggg	acagagccca	gacctgggtg	ccagccaggg											1167
	agctgtccct	ctgtgaaggg	tggaggcica	ctgagtagag	ggctgtgtgc	laaactgaga											1227

ES 2 281 413 T3

aaatggccta tgcctaagag gaaaatgaaa gtgttcttgg ggltcgtgtc ctaagaagc 1287
agagtttcat taccigtatt gtagccccaat gtcattatg taattattac ccag 1341

5

<210> 2

<211> 271

<212> PRT

10

<213> *Homo Sapiens*

<220>

15

<223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 1.

<400> 2

20

Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe
1 5 10 15

25

Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala
20 25 30

Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu
35 40 45

30

Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr
50 55 60

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

35

Arg His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp
85 90 95

Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
100 105 110

40

Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln
115 120 125

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

45

Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu
145 150 155 160

Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu-Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr
165 170 175

55

Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr
180 185 190

Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu
195 200 205

60

Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr

65

ES 2 281 413 T3

	210	215	220	
	Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu			
5	225	230	235	240
	Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys			
	245	250	255	
10	His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met			
	260	265	270	
15	<210> 3			
	<211> 1139			
	<212> ADN			
	<213> <i>Homo Sapiens</i>			
20	<220>			
	<221> CDS			
	<222> (141).. (875)			
25	<400> 3			
30	cagaagtttt ggtgaaagtg gctttggccc tgacltttg gtagcgttg tgggttttg	60		
	agtggaacct tcagctttag gtiggaacg gtggctggg agagctggac tttggctgt	120		
	ggaggtcacg tccclgcca atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt	173		
	Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys			
35	1 5 10			
	ctt ccc tgc gcc ctg cca ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc	221		
	Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly			
40	15 20 25			
	gcc ccc gga cgg cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa gga gac	269		
	Ala Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Asp			
45	30 35 40			
	atg ggg gac aaa gga cag aaa ggc agt gtg ggt cgt cat gga aaa att	317		
	Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly Arg His Gly Lys Ile			
50	45 50 55			
	ggt ccc att ggc tct aaa ggt gag aaa gga gat tcc ggt gac ata gga	365		
	Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly			
55	60 65 70 75			
	ccc cct ggt cct aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag	413		
	Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln			
60	80 85 90			
	ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg gac aac cag gtc tct cag ctg acc	461		
	Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr			

ES 2 281 413 T3

	95	100	105	
5	agc gag ctc aag ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg			509
	Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr			
	110	115	120	
10	gag agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgc tac gcg gac			557
	Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp			
	125	130	135	
15	gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag			605
	Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys			
	140	145	150	155
20	gac gag gct gcc aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc			653
	Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly			
	160	165	170	
25	ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc aac gac ctg gag aag gag ggc gcc			701
	Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala			
	175	180	185	
30	ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc			749
	Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg			
	190	195	200	
35	agc ggt gag ccc aac aat gcc tac gac gag gag gac tgc gtg gag atg			797
	Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met			
	205	210	215	
40	gtg gcc tcg ggc ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac acc acc atg tac			845
	Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr			
	220	225	230	235
45	ttc atg tgt gag ttt gac aag gag aac atg tgagcctcag gctggggctg			895
	Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met			
	240	245		
50	cccatgtggg gccccacatg tcccctgcagg gtgggcagg acagagccca gaccatgggtg			955
	ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca ctgagtagag ggctgtgtgc			1015
	taaaactgaga aaatggccta tgccttaagag gaaaatgaaa gigtctctgg ggtgctgtct			1075
	ctgaagaagc agagtttcat taccigtatt gttagcccaa tgcattatg taattattac			1135
55	ccag			1139

<210> 4

<211> 245

60 <212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<220>

65 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 3

ES 2 281 413 T3

<400> 4

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

<210> 5

<211> 995

60 <212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

<220>

65 <221> CDS

<222> (141).. (731)

ES 2 281 413 T3

<400> 5

	cagaagtttt ggtagaaagtg gctttggccc tgaatttgtagtagcgtgtagtggttttgtag	60
5	agtaggaacct tcagccttag gttggaaacg gtggcgtgtag agagcgtggac ttttggtgt	120
	ggaggtcacg tccctgcccc atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt	173
	Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys	
	1 5 10	
10	ctt ccc tgc gcc ctg cca ggt gag aaa gga gat tcc ggt gac ata gga	221
	Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly	
	15 20 25	
15	ccc cct ggt cct aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag	269
	Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln	
	30 35 40	
20	ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg gac aac cag gtc tct cag ctg acc	317
	Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr	
	45 50 55	
25	agc gag ctc aag ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg	365
	Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr	
	60 65 70 75	
30	gag agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgc tac gcg gac	413
	Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp	
	80 85 90	
35	gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag	461
	Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys	
	95 100 105	
40	gac gag gct gcc aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc	509
	Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly	
	110 115 120	
45	ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc aac gac ctg gag aag gag ggc gcc	557
	Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala	
	125 130 135	
50	ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc	605
	Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg	
	140 145 150 155	
55	agc ggt gag ccc aac aat gcc tac gac gag gag gac tgc gtg gag atg	653

60

65

ES 2 281 413 T3

Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met
 160 165 170
 5 glg gcc lcg ggc ggc tgg aac gac glg gcc tgc cac acc acc atg tac 701
 Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr
 175 180 185
 10 ttc atg tgl gag ttt gac aag gag aac alg lgagccctcag gctggggctg 751
 Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
 190 195
 15 cccattgggg gccccacatg tccctgcagg gtiggcaggg acagagccca gaccatgggtg 811
 ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca ctgagtagag ggctgtgtc 871
 taaactgaga aaatggccia tgcitaaagag gaaaatgaaa ggttccctgg ggtgcigict 931
 20 ctgaagaagc agagtllcat tacctgtatt giagcccca lgtcattatg taattattac 991
 ccag 995
 25 <210> 6
 <211> 197
 <212> PRT
 <213> *Homo Sapiens*
 30 <220>
 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID
 NO: 5
 35 <400> 6
 Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys Leu Pro Cys Ala Leu
 1 5 10 15
 40 Pro Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn
 20 25 30
 45 Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile
 35 40 45
 Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe
 50 55 60
 Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr
 65 70 75 80
 55 Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys
 85 90 95
 Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn
 100 105 110
 60 Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe
 115 120 125
 65

ES 2 281 413 T3

11e Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp
 130 135 140
 5 His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn
 145 150 155 160
 Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly
 10 165 170 175
 Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe
 180 185 190
 15 Asp Lys Glu Asn Met
 195
 <210> 7
 20 <211> 1067
 <212> ADN
 <213> *Homo Sapiens*
 25 <220>
 <221> CDS
 <222> (141)..(803)
 30 <400> 7
 cagaagtttt ggtgaaagtg gcttggccc tgcatttgtagtagcgtg tgggttltgt 60
 agtggaaacct tcagctttag gttggaaacg gtggctgtgg agagciggac ttttggctgt 120
 35 ggaggtcacg tccctgccca atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt 173
 Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys
 1 5 10
 40 ctt ccc tgc gcc ctg cca gga gac atg ggg gac aaa gga cag aaa ggc 221
 Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly
 15 20 25
 45 agt gtg ggt cgt cat gga aaa att ggt ccc att ggc tct aaa ggt gag 269
 Ser Val Gly Arg His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu
 30 35 40
 50 aaa gga gat tcc ggt gac ata gga ccc cct ggt cct aat gga gaa cca 317
 Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro
 45 50 55
 55 ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg 365
 Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met
 60 65 70 75
 60 gac aac cag gtc tct cag ctg acc agc gag ctc aag ttc atc aag aat 413
 Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn

65

ES 2 281 413 T3

	80	85	90	
5	gcl glc gcc ggt glg cgc gag acg gag agc aag atc tac ctg ctg gtg			461
	Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val			
	95	100	105	
10	aag gag gag aag cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc			509
	Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg			
	110	115	120	
15	ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag gac gag gct gcc aat ggc ctg atg			557
	Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met			
	125	130	135	
20	gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt glc ttc atc ggc atc			605
	Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile			
	140	145	150	155
25	aac gac ctg gag aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc			653
	Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro			
	160	165	170	
30	atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc aac aat gcc tac			701
	Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr			
	175	180	185	
35	gac gag gag gac tgc gtg gag atg gtg gcc tgc ggc ggc tgg aac gac			749
	Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp			
	190	195	200	
40	gtg gcc tgc cac acc acc atg tac ttc atg tgt gag ttt gac aag gag			797
	Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu			
	205	210	215	
45	aac atg tgagcctcag gctggggctg cccattgggg gccccacatg tccctgcagg			853
	Asn Met			
	220			
	gttggcaggg acagagccca gaccatggig ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg			913
	tggaggctca ctgagtagag ggctgtgtc taaactgaga aaatggccta tgccttaagag			973
50	gaaaatgaaa ggttccctgg ggtgtgtgt ctgaagaagc agagtctcat taccigtatt			1033
	gtagccccaa tgcattatg taattattac ccag			1067
55	<210> 8			
	<211> 221			
	<212> PRT			
60	<213> <i>Homo Sapiens</i>			
	<220>			
	<223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID			
65	NO: 7			

ES 2 281 413 T3

<400> 8

```

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

```

50 <210> 9

<211> 1067

<212> ADN

55 <213> *Homo Sapiens*

<220>

<221> CDS

60 <222> (141)..(803)

65

ES 2 281 413 T3

<400> 9

	cagaagtttt gglgaaagtg gctttggccc tgaclttgtg glagcgtgtg tgggtttgtg	60
5	aglggaacct tcagctttag gtgggaaacg gttggctgtg agagctggac ttttggctgt	120
	ggaggtaacg tccctgccc atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt	173
	Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys	
	1 5 10	
10	ctt ccc tgc gcc ctg cca ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc	221
	Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly	
	15 20 25	
15	gcc ccc gga cgg cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa ggt gag	269
	Ala Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu	
	30 35 40	
20	aaa gga gat tcc ggt gac ata gga ccc cct ggt cct aat gga gaa cca	317
	Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro	
	45 50 55	
25	ggc ctg cca tgt gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg	365
	Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met	
	60 65 70 75	
30	gac aac cag gtc tct cag ctg acc agc gag ctg aag ttc atc aag aat	413
	Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn	
	80 85 90	
35	gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg gag agc aag atc tac ctg ctg gtg	461
	Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val	
	95 100 105	
40	aag gag gag aag cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc	509
	Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg	
	110 115 120	
45	ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag gac gag gct gcc aat ggc ctg atg	557
	Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met	
	125 130 135	
50	gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc	605
	Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile	
	140 145 150 155	
55	aac gac ctg gag aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc	653
	Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro	
	160 165 170	
60	atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc aac aat gcc tac	701
	Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asp Asn Ala Tyr	
	175 180 185	

65

ES 2 281 413 T3

gac gag gag gac tgc gtg gag atg gtg gcc tgc ggc ggc tgg aac gac 749
 Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp
 5 190 195 200
 gtg gcc tgc cac acc acc atg tac ttc atg tgt gag ttt gac aag gag 797
 Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu
 10 205 210 215
 aac atg tgagccctcag gctggggcctg cccattgggg gccccacatg tccctgcagg 853
 Asn Met
 15 220
 gttggcaggg acagagccca gaccatgggtg ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg 913
 tggaggctca ctgagtagag ggctgtgtgtc taaactgaga aaatggccta tgccttaagag 973
 20 gaaaaatgaaa ggtgtccctg gggtgtgtgt ctgaagaagc agagtttcat tacctgtatt 1033
 gttagcccaa tgcattatg taattattac ccag 1067
 25 <210> 10
 <211> 221
 <212> PRT
 <213> *Homo Sapiens*
 30 <220>
 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID
 NO: 9
 35 <400> 10
 40 Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys Leu Pro Cys Ala Leu
 1 5 10 15
 Pro Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg Pro
 20 25 30
 45 Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly
 35 40 45
 Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu
 50 50 55 60
 Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser
 65 70 75 80
 55 Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val
 85 90 95
 Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg
 60 100 105 110
 Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser
 115 120 125
 65

ES 2 281 413 T3

Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala
 130 135 140
 5 Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys
 145 150 155 160
 Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn
 10 165 170 175
 Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys
 180 185 190
 15 Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr
 195 200 205
 Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
 20 210 215 220

<210> 11
 25 <211> 45
 <212> PRT
 <213> *Homo Sapiens*
 30 <220>
 <223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada
 <400> 11

35 Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg Pro Gly
 1 5 10 15
 40 Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp
 20 25 30
 Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
 45 35 40 45

<210> 12
 50 <211> 1522
 <212> ADN
 <213> *Mus musculus*
 55 <220>
 <221> CDS
 <222> (157).. (969)

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 12

	cagcccagcg aatcicicig agctggacig cagctggctt ctglaaataa cagccatgag	60
5	gciccttggg gcagigicic tgcagccgg tgacigicag gacagcicct tgcctagtg	120
	tgcatccagg agtctagtg cctgcctgca ctcatg atg alg agg gac ctg gct	174
	Met Met Arg Asp Leu Ala	
10	1 5	
	ctt gca ggc atg ctg att agc ctg gct ttc ctg tcc ctg ctg cca tct	222
	Leu Ala Gly Met Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser	
15	10 15 20	
	gga tgt cct cag cag acc aca gag gac gcc tgc tct gtg cag att ctt	270
	Gly Cys Pro Gln Gln Thr Thr Glu Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu	
20	25 30 35	
	gtc ccc ggc ctc aaa ggg gat gca gga gaa aag gga gac aaa gga gcc	318
	Val Pro Gly Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala	
25	40 45 50	
	cca gga cgg cca gga aga gtc ggc cct aca gga gaa aaa gga gac atg	366
	Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Asp Met	
30	55 60 65 70	
	ggg gac aaa gga cag aaa ggc act gtg ggc cgc cat gga aaa att ggt	414
	Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Thr Val Gly Arg His Gly Lys Ile Gly	
35	75 80 85	
	ccc att ggc gca aaa ggt gaa aaa gga gat tct ggt gat atc gga ccc	462
	Pro Ile Gly Ala Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro	
40	90 95 100	
	cct ggc ccc agt gga gaa cct ggt att cca tgt gag tgc agt cag ctg	510
	Pro Gly Pro Ser Gly Glu Pro Gly Ile Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu	
45	105 110 115	
	agg aag gct att ggg gag atg gac aac cag gtc act caa ctg aca act	558
	Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Thr Gln Leu Thr Thr	
50	120 125 130	
	gag cta aaa ttc ata aaa aat gct gtt gct ggc gtg cgc gag act gag	606
	Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu	
55	135 140 145 150	
	agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgg tac gca gat gcc	654
	Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala	
60	155 160 165	
	cag ctg tcc tgc caa gcc cga ggc ggc aca ctg agc atg ccc aaa gac	702
	Gln Leu Ser Cys Gln Ala Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp	
65	170 175 180	
	gag gca gcc aat ggc ctg atg gct tca tac ctg gca cag gct ggc ctg	750
	Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ser Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu	

ES 2 281 413 T3

	185	190	195	
5	gcc cga gtc ttc atc ggt atc aat gac ctg gag aaa gaa ggt gct ttc			798
	Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe			
	200	205	210	
10	gtg tac tgc gac cgc tcc ccc atg cag acc ttc aac aag tgg cgc agt			846
	Val Tyr Ser Asp Arg Ser Pro Met Gln Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser			
	215	220	225	230
15	gga gag ccc aac aac gcc tat gat gag gag gac tgt gtg gag atg gtg			894
	Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val			
	235	240	245	
20	gcc tca ggt ggc tgg aat gat gtg gcc tgc cac att acc atg tac ttc			942
	Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Ile Thr Met Tyr Phe			
	250	255	260	
25	atg tgc gag ttt gac aaa gag aac ttg tgagagccga caggggagat			989
	Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Leu			
	265	270		
30	ggccatciga acgccaccit ttatagacac cagcggccac aaactaacc tgagcaccag			1049
	tcgccatgic tgcgggttcc tctctgcatg gaagtgcctgg gccctcatga cagttggaag			1109
	ggctgtttga accgtaggag gggagaaacc ttgcttccgg ggctgttctg aataggtggc			1169
	gtattatcac cttgtcaga cgttcattat ggctaaccac tcggaaggat gctgtgaagc			1229
35	tctgtcttg gtccagcata gtaaattitg cagcagtcac caaactggct ataggggcag			1289
	gagttgccgc ccacctata aagtacacag agtgcccagg tggigaccaa tgtttctata			1349
	ggttalgcta tcacatagat tccittcacl attatccggg taggaagac gctgtcttgc			1409
40	ttcacalcca tatttcagga aaacaaataa atcctctgat ttctgtctaaa aaaaaaaaaa			1469
	aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa			1522

45 <210> 13
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> *Mus musculus*

50 <220>
 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 12

55 <400> 13

	Met Met Arg Asp Leu Ala Leu Ala Gly Met Leu Ile Ser Leu Ala Phe
	1 5 10 15
60	Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly Cys Pro Gln Gln Thr Thr Glu Asp Ala
	20 25 30

65

ES 2 281 413 T3

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

<210> 14

<211> 159

<212> PRT

<213> *Homo sapiens*

<220>

<223> Secuencia CRD aminoacídica conocida del CL-L1 documentado que ha sido empleado para la búsqueda de EST en bases de datos

ES 2 281 413 T3

<400> 14

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

<210> 15

<211> 619

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

45 <223> Secuencia nucleotídica consenso de la nueva colectina derivada de varias secuencias nucleotídicas obtenidas de las bases de datos de EST

<400> 15

50	ttctcagatg	attcctgtgc	atggcgaagt	ttggaaactc	tgagtgttgc	ttttgagatc	60
	agacatacag	tgctatccat	tggtgcccic	gtggaggatg	gaacttactt	gttgactNNt	120
	gccacaccac	catgtacile	atgtgtgagt	ttgacaagga	gaacatgtga	ccctcaggct	180
55	ggggctgccc	atggggggcc	ccacatgtcc	ctgcaggggt	ggcagggaca	gagcccagac	240
	catggtgcca	gccagggagc	tgtccctctg	tgaagggigg	aggctcactg	agtagagggc	300
	tgttgtctaa	actgagaaaa	tggcctatgc	ttaagaggaa	aatgaaagtg	ttcctggggt	360
60	gctgtctctg	aagaagcaga	gtttcatlac	ctgtattgta	gcccgaatgt	catatgttaa	420
	ttatitacca	gaattgctct	tccataaagc	ttgtgccctt	gtccaagcta	tacaataaaa	480

65

ES 2 281 413 T3

	tccttaagta gtcagtagt taagtcctaa aagtggaat ggggtcttga aaaaaaaaaa	540
	aaaaatttat aaaaaaaaaa gaactcactt lgaccaacac ttcgttaa lacattacaa	600
5	talagglicc ttcacacia	619
	<210> 16	
10	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético CAP1 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
	<400> 16	
20	agattttatt gtatagcttg g	21
	<210> 17	
25	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Cebador sintético CAP2 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
	<400> 17	
35	ctgggtaata attacataat g	21
	<210> 18	
40	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético λ TriplEx-F1 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
	<400> 18	
50	aagctccgag atctggacga g	21
	<210> 19	
55	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Cebador sintético λ TriplEx-F2 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
	<400> 19	
65	ctcggaagc gcgccattgt g	21

ES 2 281 413 T3

	<210> 20	
	<211> 24	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador universal M13 sintético para secuenciar la nueva colectina	
10	<400> 20	
	cgacgttgta aaacgacggc cagt	24
15	<210> 21	
	<211> 17	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador inverso M13 sintético para secuenciar la nueva colectina	
25	<400> 21	
	caggaaacag ctatgac	17
30	<210> 22	
	<211> 20	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético CAP3 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
40	<400> 22	
	ggctctatgt caccggaatc	20
45	<210> 23	
	<211> 21	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético CAP4 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
55	<400> 23	
	ttccatgacg acccacactg c	21
60	<210> 24	
	<211> 21	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 413 T3

	<220>	
	<223> Cebador sintético IRC2 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
5	<400> 24	
	caaggtacgc cacagegtat g	21
10	<210> 25	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético IRC2 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
20	<400> 25	
	gtacgccaca gcgtatgatg c	21
25	<210> 26	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Cebador sintético RTF1 para RT-PCR para determinar la distribución tisular de la nueva colectina	
35	<400> 26	
	agattccggt gacataggac c	21
40	<210> 27	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético RTR1 para RT-PCR para determinar la distribución tisular de la nueva colectina	
50	<400> 27	
	tggtctgggc tctgtccctg c	21
55	<210> 28	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Cebador homosentido β -actina sintético para RT-PCR para determinar el nivel de control	
65	<400> 28	
	caagagatgg ccacggctgc t	21

ES 2 281 413 T3

	<210> 29	
	<211> 21	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador antisentido β -actina sintético para RT-PCR para determinar el nivel de control	
10	<400> 29	
	tccttctgca tcctgtcggc a	21
15	<210> 30	
	<211> 24	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético RTF2 para amplificación de CL-L2-1	
25	<400> 30	
	atgaggggga atctggccct ggtg	24
30	<210> 31	
	<211> 23	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético RTR2 para amplificación de CL-L2-1	
40	<400> 31	
	catgttctcc ttgtcaaact cac	23
45	<210> 32	
	<211> 22	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético RTF3 para amplificación de CL-L2-2	
55	<400> 32	
	atgtggtggg tgcctccgag tc	22
60	<210> 33	
	<211> 41	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 413 T3

<220>

<223> Cebador CL-L2-1F sintético para amplificación de CL-L2-1

5 <400> 33

gggaagcttc gatcaggatg agggggaatc tggccctggt g

41

10 <210> 34

<211> 32

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

15

<220>

<223> Cebador CL-L2-IR sintético para amplificación de CL-L2-1

20 <400> 34

gggctcgagc atgttctcct tgcaaaactc ac

32

25 <210> 35

<211> 46

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

30

<220>

<223> Cebador CL-L2-2F sintético para amplificación de CL-L2-2

35 <400> 35

gggaagcttc cagcacaatg tgggtgggtgc ctccgagtcc ctggtg

46

40 <210> 36

<211> 1197

<212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

45

<220>

<221> CDS

<222> (265)..(933)

50

55

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 36

	cgcgccgcg lcgacggacg gggacgcag cgcagacagg aagctccccg agataacgct	60
5	gcggccgggc ggccigattt gctgggcigt cigtatggccc gggccgaggc ttcicccctgc	120
	gcctgggact gcggccgcct ctciaaalag cagccatgag gcgcctgggg gcagtgtcct	180
	cgcgccgcg lcgaccgacg gccgcagtcg acgccccgtt cgcctagcgc gtgctcagga	240
10	gttgggtgcc tgccctgcgt cagg atg agg ggg aat ctg gcc ctg gtg ggc	291
	Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly	
	1 5	
15	gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct	339
	Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro	
	10 15 20 25	
20	cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct gtg cag atc ctc gtc cct ggc	387
	Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly	
	30 35 40	
25	ctc aaa ggt gag aaa gga gat tcc ggt gac ata gga ccc cct ggt cct	435
	Leu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro	
	45 50 55	
30	aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc	483
	Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala	
	60 65 70	
35	atc ggg gag atg gac aac cag gtc tct cag ctg acc agc gag ctc aag	531
	Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys	
	75 80 85	
40	ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg gag agc aag atc	579
	Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile	
	90 95 100 105	
45	tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc	627
	Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser	
	110 115 120	
50	tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag gac gag gct gcc	675
	Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala	
	125 130 135	
55	aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc	723
	Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val	
	140 145 150	

ES 2 281 413 T3

5 ttc atc ggc atc aac gac ctg gag aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct 771
 Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser
 155 160 165
 10 gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc 819
 Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro
 170 175 180 185
 15 aac aat gcc tac gac gag gag gac tgc gtg gag atg gtg gcc tgc ggc 867
 Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly
 190 195 200
 20 ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac acc acc atg tac ttc atg tgt gag 915
 Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu
 205 210 215
 25 ttt gac aag gag aac atg tgagcctcag gctggggctg cccattgggg 963
 Phe Asp Lys Glu Asn Met
 220
 30 gccccacatg tccctgcagg gttaggcaggg acagagccca gaccatgggtg ccagccaggg 1023
 agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca ctgagtagag ggctgtgttc taaactgaga 1083
 35 aaatggccta tgcctaagag gaaaatgaaa gtgttccctgg ggtgtgtgtc ctgaagaagc 1143
 agagtgtcat taccgtgtat gtgccccaa tgcattatg taattattac ccag 1197

<210> 37

35 <211> 223

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

40 <220>

<223> Secuencia aminoacídica deducida de la variante de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 36

45 <400> 37

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

65

ES 2 281 413 T3

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

<210> 38

<211> 1269

<212> ADN

35 <213> *Homo Sapiens*

<220>

40 <221> CDS

<222> (265)..(1005)

<400> 38

45 cgcggccgcg tcgacggacg gtggacgcag cgcagacagg aagciccgcg agataacgct 60
gcgcccgggc ggcctgattt gctgggcgtg ctgatggccc gggccgaggc ttctccctgc 120
gctggggact gcggccgcct ctctaaatag cagccatgag gcgcctgggg gcagtgtcct 180
50 cgcggccgcg tcgaccgacg gccgcagtcg acgccccgtt cgcctagcgc gtgctcagga 240
gttgggtgcc tgcctgcgct cagg atg agg ggg aat ctg gcc ctg gtg ggc 291
Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly
55 1 5
gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct 339
Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro
60 10 15 20 25
cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct gtg cag atc ctc gtc cct ggc 387

65

ES 2 281 413 T3

	Gln	Pro	Ala	Gly	Asp	Asp	Ala	Cys	Ser	Val	Gln	Ile	Leu	Val	Pro	Gly	
					30				35						40		
5	ctc	aaa	gga	gac	atg	ggg	gac	aaa	gga	cag	aaa	ggc	agt	glg	ggt	cgt	435
	Leu	Lys	Gly	Asp	Met	Gly	Asp	Lys	Gly	Gln	Lys	Gly	Ser	Val	Gly	Arg	
					45				50						55		
10	cat	gga	aaa	att	ggt	ccc	att	ggc	tct	aaa	ggt	gag	aaa	gga	gat	tcc	483
	His	Gly	Lys	Ile	Gly	Pro	Ile	Gly	Ser	Lys	Gly	Glu	Lys	Gly	Asp	Ser	
					60				65						70		
15	ggt	gac	ata	gga	ccc	cct	ggt	cct	aat	gga	gaa	cca	ggc	ctc	cca	tgt	531
	Gly	Asp	Ile	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Asn	Gly	Glu	Pro	Gly	Leu	Pro	Cys	
					75				80						85		
20	gag	tgc	agc	cag	ctg	cgc	aag	gcc	atc	ggg	gag	atg	gac	aac	cag	gtc	579
	Glu	Cys	Ser	Gln	Leu	Arg	Lys	Ala	Ile	Gly	Glu	Met	Asp	Asn	Gln	Val	
					90				95						100		
25	tct	cag	ctg	acc	agc	gag	ctc	aag	ttc	atc	aag	aat	gct	gtc	gcc	ggt	627
	Ser	Gln	Leu	Thr	Ser	Glu	Leu	Lys	Phe	Ile	Lys	Asn	Ala	Val	Ala	Gly	
						110									120		
30	gtg	cgc	gag	acg	gag	agc	aag	atc	tac	ctg	ctg	gtg	aag	gag	gag	aag	675
	Val	Arg	Glu	Thr	Glu	Ser	Lys	Ile	Tyr	Leu	Leu	Val	Lys	Glu	Glu	Lys	
						125									135		
35	cgc	tac	gcg	gac	gcc	cag	ctg	tcc	tgc	cag	ggc	cgc	ggg	ggc	acg	ctg	723
	Arg	Tyr	Ala	Asp	Ala	Gln	Leu	Ser	Cys	Gln	Gly	Arg	Gly	Gly	Thr	Leu	
					140				145						150		
40	agc	atg	ccc	aag	gac	gag	gct	gcc	aat	ggc	ctg	atg	gcc	gca	tac	ctg	771
	Ser	Met	Pro	Lys	Asp	Glu	Ala	Ala	Asn	Gly	Leu	Met	Ala	Ala	Tyr	Leu	
					155				160						165		
45	gcg	caa	gcc	ggc	ctg	gcc	cgt	gtc	ttc	atc	ggc	atc	aac	gac	ctg	gag	819
	Ala	Gln	Ala	Gly	Leu	Ala	Arg	Val	Phe	Ile	Gly	Ile	Asn	Asp	Leu	Glu	
					170				175						185		
50	aag	gag	ggc	gcc	ttc	gtg	tac	tct	gac	cac	tcc	ccc	atg	cgg	acc	ttc	867
	Lys	Glu	Gly	Ala	Phe	Val	Tyr	Ser	Asp	His	Ser	Pro	Met	Arg	Thr	Phe	
					190										200		
55	aac	aag	tgg	cgc	agc	ggt	gag	ccc	aac	aat	gcc	tac	gac	gag	gag	gac	915
	Asn	Lys	Trp	Arg	Ser	Gly	Glu	Pro	Asn	Asn	Ala	Tyr	Asp	Glu	Glu	Asp	
					205				210						215		
60	tgc	gtg	gag	atg	gtg	gcc	tgc	ggc	ggc	tgg	aac	gac	gtg	gcc	tgc	cac	963
	Cys	Val	Glu	Met	Val	Ala	Ser	Gly	Gly	Trp	Asn	Asp	Val	Ala	Cys	His	
					220				225						230		
65	acc	acc	atg	tac	ttc	atg	tgt	gag	ttt	gac	aag	gag	aac	atg			1005
	Thr	Thr	Met	Tyr	Phe	Met	Cys	Glu	Phe	Asp	Lys	Glu	Asn	Met			

ES 2 281 413 T3

	235	240	245	
	tgagccacag	gctggggcig	cccatgggg	gccccacag
5	acagagccca	gaccatggig	ccagccaggg	agctgtccct
	ctgagtagag	ggcigtgtgc	taaactgaga	aaatggccta
	gigtgccig	ggigtgtgt	ctgaagaagc	agagtgtcat
10	tgicattatg	taattattac	ccag	

<210> 39
 15 <211> 247
 <212> PRT
 <213> *Homo Sapiens*
 20 <220>
 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la variante de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 38
 25 <400> 39

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

ES 2 281 413 T3

```

                    165                    170                    175
Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr
5
                    180                    185                    190
Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu
                    195                    200                    205
10 Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser
                    210                    215                    220
Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys
15
225                    230                    235                    240
Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
                    245

20 <210> 40
    <211> 1269
    <212> ADN
    <213> Homo Sapiens
25
    <220>
    <221> CDS
    <222> (265)..(1005)
30
    <400> 40

cgcgcccgcg tcgacggacg gtggacgcag cgcagacagg aagctccccg agataacgct 60
35 gcggccgggc ggccatgatit gctgggctgt ctgatggccc gggccgaggc ttctccctgc 120
    gcctgggact gcggccgcct ctctaaatag cagccatgag gcgcctgggg gcagtgctct 180
cgcgcccgcg tcgaccgacg gccgcagtcg acgccccgtt cgcctagcgc gtgctcagga 240
40 gttgggtgtcc tgcctgcgct cagg atg agg ggg aat ctg gcc ctg glg ggc 291
    Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly
                    1                    5
45 gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct 339
Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro
    10                    15                    20                    25
50 cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct glg cag atc ctc gtc cct ggc 387
Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly
    30                    35                    40
55 ctc aaa ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc gcc ccc gga cgg 435
Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg
    45                    50                    55
60 cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa ggt gag aaa gga gat tcc 483
Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser

```

ES 2 281 413 T3

	60	65	70	
5	ggt gac ala gga ccc cct ggt cct aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt			531
	Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys			
	75	80	85	
10	gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg gac aac cag glc			579
	Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val			
	90	95	100	105
15	tct cag ctg acc agc gag ctc aag ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt			627
	Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly			
	110	115	120	
20	gtg cgc gag acg gag agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag			675
	Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys			
	125	130	135	
25	cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg			723
	Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu			
	140	145	150	
30	agc atg ccc aag gac gag gct gcc aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg			771
	Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu			
	155	160	165	
35	gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc aac gac ctg gag			819
	Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu			
	170	175	180	185
40	aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc			867
	Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe			
	190	195	200	
45	aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc aac aat gcc tac gac gag gag gac			915
	Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp			
	205	210	215	
50	tgc gtg gag atg gtg gcc tgc ggc ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac			963
	Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His			
	220	225	230	
55	acc acc atg tac ttc atg tgt gag ttt gac aag gag aac atg			1005
	Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met			
	235	240	245	
60	tgagcctcag gctggggctg cccattgggg gccccacatg tccctgcagg gttggcaggg			1065
	acagagccca gaccatggig ccagccaggg agctgtccct ctglgaaggg lggaggctca			1125
	ctgagtagag ggctgtgtc taaactgaga aaatggccta tgccttaagag gaaaatgaaa			1185
	gigtctcctgg ggtgtgtgt ctgaagaagc agagtctcat taccgtgtatt gtagcccca			1245
	tgicattatg laattattac ccag			1269

65

<210> 41

<211> 257

ES 2 281 413 T3

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

5 <220>

<223> Secuencia aminoacídica deducida de la variante de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 40

10 <400> 41

```

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

```

<210> 42

<211> 48

65 <212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

ES 2 281 413 T3

<220>

<223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada

5 <400> 42

```

      Gly Leu Lys Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly
      1             5             10             15
10    Arg His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp
      20             25             30
15    Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
      35             40             45

```

<210> 43

20 <211> 24

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

25 <220>

<223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada

<400> 43

```

30    Gly Leu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly
      1             5             10             15
      Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
      20

```

35

<210> 44

<211> 48

40 <212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<220>

45 <223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada

<400> 44

```

50    Gly Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly
      1             5             10             15
      Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu Lys Gly Asp
      20             25             30
55    Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
      35             40             45

```

60

<210> 45

<211> 813

<212> ADN

65 <213> *Homo Sapiens*

ES 2 281 413 T3

<400> 45

	algaggggga atctggccct ggtgggcgtt ctaatcagcc tggccttccct gtcacigctg	60
5	ccatciggac atccicagcc ggctggcgaat gacgcctgct ctgigcagat cctcgtccct	120
	ggcctcaaag gggatgcggg agagaaggga gacaaaggcg ccccgggacg gcctggaaga	180
	gtcggcccca cgggagaaaa aggagacatg ggggacaaag gacagaaagg cagtiggggt	240
10	cgatcatggaa aaattgggcc catlggctct aaaggltgaga aaggagatc cggtgacata	300
	ggacccccctg gtccaaatgg agaaccaggc ctcccatgtg agtgcagcca gctgcgaag	360
	gccatcgggg agatggacaa ccaggtctct cagctgacca gcgagctcaa gtcatcaag	420
	aatgctgtcg ccggtgtgag cgagacggag agcaagaat acctgctggt gaaggaggag	480
15	aagcgctacg cggacgcca gctgtcctgc caggggccgc ggggcacgt gagcatgcc	540
	aaggacgagg ctgccaatgg cctgatggcc gcataccagg cgaagccgg cctggccctg	600
	gtcttcatcg gcatcaacga cctggagaag gaggggcgtc tctgtactc tgaccactcc	660
20	cccatgcgga ccttcaacaa gtggcgagc ggtagacca acaatgccta cgacgaggag	720
	gactgcgtgg agatggggc ctcggggcgc tggaaacgag tggcctgcca caccacatg	780
	tacttcatgt gtgagttga caaggagaac atg	813

25

<210> 46

<211> 735

<212> ADN

30

<213> *Homo Sapiens*

<400> 46

35	atgtggltggg tgcctccgag tccctacggt tglcttccct gcgcccigcc aggggatgcg	60
	ggagagaagg gagacaaagg cgccccgga cggccigga gagtcggccc caggggagaa	120
	aaaggagaca tgggggacaa aggacagaaa ggcagltggt gtcgtcatgg aaaaatlggt	180
40	cccatlggct claaaggtag gaaaggagat tccggtaga laggaccccc tggltccaat	240
	ggagaaccag gccctccatg lgatgcagc cagctgcgca aggccatcgg ggagalggac	300
	aaccaggctc ctacagctgac cagcgagctc aagltcatca agaattgctg cgccggltgt	360
45	cgcgagacgg agagcaagat ctacctgtg gtgaaggagg agaagcgta cgcgagcgcc	420
	cagctgtcct gccagggcgc cgggggcacg ctgagcatgc ccaaggacga ggctgccaat	480
	ggcctgatgg ccgcatacct ggcgcaagcc ggccigggcc gltgttcat cggcataaac	540
50	gacctggaga aggagggcgc ctctgtgtac tctgaccact ccccatgcg gaccttcaac	600
	aagtggcgca gcggtgagcc caacaatgcc tacgacgagg aggactgcgt ggagatgggt	660
	gcctcgggcg gctggaacga cgtggccctg cacaccacca tgtacttcat gtgtgagtt	720
55	gacaaggaga acatg	735

<210> 47

<211> 159

60

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

65

ES 2 281 413 T3

<400> 47

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

35 <210> 48

<211> 477

<212>

40 <213> *Homo Sapiens*

<400> 48

45	tgtagtgca gccagctgcg caaggccatc ggggagatgg acaaccaggt ctctcagctg	60
	accagcgcgac tcaagltcat caagaatgcl gtcgccggtg tgcgcgagac ggagagcaag	120
	atctacctgc tggigaagga ggagaagcgc tacgcggacg cccagctgtc ctgccagggc	180
50	cgcgggggca cgctgagcat gcccaaggac gaggcctgcca atggcctgat ggccgcatac	240
	ctggcgcaag ccggccctggc ccgtgtcttc atcgccatca acgacctgga gaaggagggc	300
	gccttcgtgt actctgacca ccccccatg cggaccttca acaagtggcg cagcggtag	360
55	cccaacaatg cctacgacga ggaggactgc gtggagatgg tggcctcggg cggctggaac	420
	gacgtggcct gccacaccac catgtacttc atgtgtgagt ttgacaagga gaacatg	477

<210> 49

60 <211> 72

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

65

ES 2 281 413 T3

<400> 49

```

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

```

<210> 50

20 <211> 69

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

25 <400> 50

```

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

```

45 <210> 51

<211> 21

<212> PRT

50 <213> *Homo Sapiens*

<400> 51

```

      Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly
      1           5           10           15
55    Glu Pro Gly Leu Pro
      20

```

60 <210> 52

<211> 45

<212> PRT

65 <213> *Homo Sapiens*

ES 2 281 413 T3

<400> 52

```

5      Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly Arg His Gly
      1          5          10          15
      Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp
          20          25          30
10     Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
          35          40          45

```

15 <210> 53

<211> 40

<212> PRT

20 <213> *Homo Sapiens*

<400> 53

```

25     Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe
      1          5          10          15
      Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala
          20          25          30
30     Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro
          35          40

```

35 <210> 54

<211> 17

<212> PRT

40 <213> *Homo Sapiens*

<400> 54

```

45     Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys Leu Pro Cys Ala Leu
      1          5          10          15
      Pro

```

50 <210> 55

<211> 591

<212> ADN

55 <213> *Homo Sapiens*

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 55

5	atgttggtggg tgcctccgag tccctacggt tgtcttccct gcgcccigcc aggtgagaaa	60
	ggagattccg gtgacatagg accccctggg cctaattggag aaccaggcct cccatgtgag	120
	tgcagccagc tgcgcaaggc catcggggag atggacaacc aggtctctca gctgaccagc	180
	gagctcaagt tcaicaagaa tgcgttcgcc gggtgtcgcg agacggagag caagatctac	240
10	ctgcctggga aggaggagaa gcgctacgcg gacgccagc tgtccigcca gggccgcggg	300
	ggcacgctga gcatgcccaa ggacgaggct gccaatggcc tgaatggccg atacctggcg	360
	caagccggcc tggcccggt cttcatcggc atcaacgacc tggagaagga gggcgccctc	420
15	gtgtactctg accactcccc catcgggacc ttcaacaagt ggcgcagcgg tgagcccaac	480
	aatgcctacg acgaggagga ctgcgtggag atggtggcct cgggcggctg gaacgacgtg	540
	gccigccaca ccaccaatga cttcatgtgt gagtgtgaca aggagaacat g	591

20

<210> 56

<211> 663

25 <212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

<400> 56

30

30	atgttggtggg tgcctccgag tccctacggt tgtcttccct gcgcccigcc aggtgacatg	60
	ggggacaaag gacagaaagg cagtgtgggt cgtcatggaa aaattgggtc catlggctct	120
35	aaagggtgaga aaggagattc cgggtgacata ggacccccig gtcctaattg agaaccaggc	180
	ctcccatgtg agtgcagcca gctgcgcaag gccatcgggg agatggacaa ccaggctctt	240
	cagctgacca gcgagctcaa gttcatcaag aatgcgttcg ccggtgtgcg cgagacggag	300
40	agcaagatct acctgctggg gaaggaggag aagcgctacg cggacgcca gctgtcctgc	360
	cagggccgcg ggggcacgt gagcatgccc aaggacgagg ctgccaatgg cctgatggcc	420
	gcatacctgg cgcaagccgg cctggcccggt gttctcatcg gcatcaacga cctggagaag	480
45	gagggcgcct tcgtgtactc tgaccactcc cccatgcgga ccttcaacaa gtggcgagc	540
	ggtagccca acaatgccta cgacgaggag gactgcgtgg agatgggtgg ctcgggcggc	600
	tggaacgacg tggcctigcca caccaccaatg taccitcatgt gtgagtttga caaggagaac	660
50	atg	663

<210> 57

55 <211> 663

<212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 57

5	atgiggiggg igcciccgag lccctacggt tgtcttccct gcgcccigcc aggggatgcg	60
	ggagagaagg gagacaaagg cgcccccgga cggcctggaa gattcgcccc cacgggagaa	120
	aaaggigaga aaggagattc cggtagacata ggacccccig gtcctaattg agaaccaggc	180
	ctcccaigtg agtgcagcca gctgcgcaag gccatcgggg agatggacaa ccaggctctt	240
10	cagcigacca gcgagcicaa gticacaaag aatgcctgct cgggtgtgct cgagacggag	300
	agcaagaict acctgctggt gaaggaggag aagcgctacg cggacgcccc gctgtctctg	360
	cagggccgct ggggcacgct gagcatgccc aaggacgagg ctgccaatgg cctgatggcc	420
15	gcataaccig cgcaagccgg cctggcccggt gctcttctcg gcatcaacga cctggagaag	480
	gagggcgcct tctgttactc tgaccactcc cccatgcgga ccttcaacaa gtggcgccagc	540
	ggtgagccca acaatgccta cgacgaggag gactgcgtgg agatggctgg ctcgggcggc	600
20	tggaaacgac tggcctgcca caccaccaat tacttcatgt gtgagtttga caaggagaac	660
	atg	663

25 <210> 58

<211> 813

<212> ADN

<213> *Mus musculus*

30

<400> 58

35	atgatgaggg acctggctct tgcaggcatg ctgattagcc tggcttctct gtcccctgtg	60
	ccatctggat gtcttcagca gaccacagag gacgctctgt ctgtgcagat tctgttcccc	120
	ggcctcaaaag gggatgcagg agaaaaggga gacaaaggag ccccaggacg gccaggaaga	180
40	gtcggcccta caggagaaaa aggagacatg ggggacaaag gacagaaagg cactgtgggc	240
	cgccatggaa aaattggctc catgtggcga aaaggtagaa aaggagattc tggtagatct	300
	ggacccccig gcccagctgg agaacciggt attccatgtg agtgcagica gctgaggaag	360
45	gctatitgggg agatggacaa ccaggctact caactgacaa ctgagctaaa attcataaaa	420
	aatgtctgtg ctggcgtgct cgagacagag agcaagaict acctgtctgt gaaggaggag	480
	aagcggtagc cagatgcccc gctgtctctg caagcccgag gcggcacact gagcatgccc	540
50	aaagacgagg cagccaatgg cctgatggct tcataccigc cacaggctgg cctggcccca	600
	gtcttctctg gtatcaatga cctggagaaa gaagggtgtt tctgttactc ggaccgtctc	660
	cccatgcaga ccttcaacaa gtggcgccagt ggagagccca acaacgccta tgalgaggag	720
55	gactgtgtgg agatggctgg ctgaggctgg tggaaatgt tggcctgcca cattaccatg	780
	tacttcatgt gcgagtttga caaagagaac ttg	813

60 <210> 59

<211> 669

<212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

65

ES 2 281 413 T3

<400> 59

5	atgaggggga atctggccct ggtgggcggt ctaatcagcc tggccttcct gtcactgctg	60
	ccatctggac atcctcagcc ggctggcgat gacgccctgct ctgtgcagat cctcgiccc	120
	ggcctcaaag gtgagaaagg agattccggt gacataggac cccctggtec taatggagaa	180
	ccaggcctcc calgtgagtg cagccagctg cgcaaggcca tcggggagat ggacaaccag	240
10	gtctctcagc tgaccagcga gctcaagttc atcaagaatg ctgtcgccgg tgtgcgcgag	300
	acggagagca agatclacct gctgggtgaag gaggagaagc gctacgcgga cgcccagctg	360
	tcctgccagg gccgcggggg cagctgagc atgcccagg acgaggctgc caatggcctg	420
15	atggccgcat acctggcgca agccggcctg gcccgigtct tcatcggcac caacgacctg	480
	gagaaggagg gcgccttcgt gtactcigac cactcccca tgcggacctt caacaagtgg	540
	cgcagcggtg agcccaacaa tgcctacgac gaggaggact gcgtggagat ggtggcctcg	600
20	ggcggctgga acgacgtggc ctgccacacc accatgtact tcatgtgtga gtttgacaag	660
	gagaacatg	669

25 <210> 60
 <211> 741
 <212> ADN
 <213> *Homo Sapiens*
 30
 <400> 60

35	atgaggggga atctggccct ggtgggcggt ctaatcagcc tggccttcct gtcactgctg	60
	ccatctggac atcctcagcc ggctggcgat gacgccctgct ctgtgcagat cctcgiccc	120
	ggcctcaaag gagacalggg ggacaaagga cagaaaggca gtgtgggtcg lcatggaaaa	180
40	atlggtccca tlggtctcaa aggtgagaaa ggagatccg gtgacatagg acccccggg	240
	cclaalggag aaccaggcct cccalgtgag tgcagccagc tgcgcaaggc catcggggag	300
	atggacaacc aggtctctca gctgaccagc gaggctcaagt lcatcaagaa tgcgtgcgcc	360
45	ggtgtgcgcg agacggagag caagatclac ctgtcgggtga aggaggagaa gcgclacgcg	420
	gacgcccagc tgtcclgcca gggccgcggg ggcacgciga gcatgcccga ggacgaggct	480
	gccaalggcc lgalggccgc ataccggcg caagccggcc tggcccgtgt ctltcalcggc	540
50	atcaacgacc tggagaagga gggcgccctc gtgtactcig accactcccc catgcggacc	600
	ttcaacaagt ggcgagcgg tgagcccaac aalgccctacg acgaggagga ctgcgtggag	660
	atggltggcct cgggcggctg gaacgacgtg gccctgccaca ccacatgta ctltcalgtgt	720
55	gagtttgaca aggagaacat g	741

60 <210> 61
 <211> 741
 <212> ADN
 <213> *Homo Sapiens*

65

ES 2 281 413 T3

<400> 61

5	atgaggggga atctggccct ggigggctt ctaatcagcc tggccttct gtcactgctg	60
	ccatctggac atcttcagcc ggcggcgat gacgctgct ctgtgcagat cctcgicct	120
	ggcctcaaag gggatgcggg agagaaggga gacaaaggcg ccccgagcg gccctggaaga	180
	gtcgcccca cgggagaaaa aggtgagaaa ggagattccg gtgacatagg acccctggt	240
10	cclaatggag aaccaggcct cccatgtgag tgcagccagc tgcgaaggc catcggggag	300
	atggacaacc aggtctctca gctgaccagc gagctcaagt tcatcaagaa tgcgtcgcc	360
	gggtgctgctg agacggagag caagatctac ctgctggtga aggaggagaa gcgctacgctg	420
15	gacgcccagc tgccttgcca gggcgcgggg ggcacgctga gcatgcccga ggacgaggct	480
	gccaatggcc tgaaggcgc ataccggcg caagcggcc lggcccggt ctctcagggc	540
	atcaacgacc tggagaagga gggcgcttc gigtactctg accactccc catcgcgacc	600
20	ttcaacaagt ggcgagcgg tgaagccaac aatgcttacc acgaggagga ctgcgtggag	660
	atggtggcct cgggcggtctg gaacgacgtg gcctgccaca ccacatgia ctctatgtgt	720
	gagtttgaca aggagaacat g	741

25

LISTADO DE SECUENCIAS

30 <110> FUSO PHARMACEUTICAL INDUSTRIES, LTD.

<120> Nueva colectina

35 <130> 01P237WO

<160> 61

40 <210> 1

<211> 1341

<212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

45

<220>

<221> CDS

<222> (265)..(1077)

50

55

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 1

	cgcggccgcg tcgacggacg gtggacgcag cgcagacagg aagctccccg agataacgct	60
5	gcggccgggc ggcctgattt gctgggctgt ctgatggccc gggccgagge ttctccctgc	120
	gcctgggact gcggccgcct ctctaaatag cagccatgag gcgcctgggg gcagtgtcct	180
	cgcggccgcg tcgaccgacg gccgcagtcg acgccccgtt cgcctagcgc gtgctcagga	240
	gttgggtgcc tgcctgcgct cagg atg agg ggg aat ctg gcc ctg gtg ggc	291
10	Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly	
	1 5	
	gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct	339
	Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro	
	10 15 20 25	
15	cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct gtg cag atc ctc gtc cct ggc	387
	Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly	
	30 35 40	
20	ctc aaa ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc gcc ccc gga cgg	435
	Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg	
	45 50 55	
	cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa gga gac atg ggg gac aaa	483
	Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Asp Met Gly Asp Lys	
	60 65 70	
25	gga cag aaa ggc agt gtg ggt cgt cat gga aaa att ggt ccc att ggc	531
	Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly Arg His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly	
	75 80 85	
30	tct aaa ggt gag aaa gga gat tcc ggt gac ata gga ccc cct ggt cct	579
	Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro	
	90 95 100 105	
	aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc	627
	Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala	
35	110 115 120	
	atc ggg gag atg gac aac cag gtc tct cag ctg acc agc gag ctc aag	675
	Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys	
	125 130 135	
40	ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg gag agc aag atc	723
	Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile	
	140 145 150	
	tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc	771
	Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser	
45	155 160 165	
	tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag gac gag gct gcc	819

ES 2 281 413 T3

	Cys	Gln	Gly	Arg	Gly	Gly	Thr	Leu	Ser	Met	Pro	Lys	Asp	Glu	Ala	Ala	
	170				175				180						185		
5	aat	ggc	ctg	atg	gcc	gca	tac	ctg	gcg	caa	gcc	ggc	ctg	gcc	cgt	gtc	867
	Asn	Gly	Leu	Met	Ala	Ala	Tyr	Leu	Ala	Gln	Ala	Gly	Leu	Ala	Arg	Val	
				190					195					200			
	ttc	atc	ggc	atc	aac	gac	ctg	gag	aag	gag	ggc	gcc	ttc	gtg	tac	tct	915
10	Phe	Ile	Gly	Ile	Asn	Asp	Leu	Glu	Lys	Glu	Gly	Ala	Phe	Val	Tyr	Ser	
			205					210					215				
	gac	cac	tcc	ccc	atg	cgg	acc	ttc	aac	aag	tgg	cgc	agc	ggg	gag	ccc	963
	Asp	His	Ser	Pro	Met	Arg	Thr	Phe	Asn	Lys	Trp	Arg	Ser	Gly	Glu	Pro	
			220					225					230				
15	aac	aat	gcc	tac	gac	gag	gag	gac	tgc	gtg	gag	atg	gtg	gcc	tgc	ggc	1011
	Asn	Asn	Ala	Tyr	Asp	Glu	Glu	Asp	Cys	Val	Glu	Met	Val	Ala	Ser	Gly	
		235					240				245						
	ggc	tgg	aac	gac	gtg	gcc	tgc	cac	acc	acc	atg	tac	ttc	atg	tgt	gag	1059
20	Gly	Trp	Asn	Asp	Val	Ala	Cys	His	Thr	Thr	Met	Tyr	Phe	Met	Cys	Glu	
	250				255				260				265				
	ttt	gac	aag	gag	aac	atg	tgagcctcag	gctggggctg	cccattgggg								1107
	Phe	Asp	Lys	Glu	Asn	Met											
				270													
25	gccccacatg	tccctgcagg	ggtggcaggg	acagagccca	gacctgggtg	ccagccaggg											1167
	agctgtccct	ctgtgaaggg	tggaggctca	ctgagtagag	ggctgttgct	taaactgaga											1227
	aaatggccta	tgcttaagag	gaaaatgaaa	gtgttcctgg	ggtgctgtct	ctgaagaagc											1287
	agagtttcat	tacctgtatt	gtagcccca	tgtcattatg	taattattac	ccag											1341
30																	
	<210> 2																
	<211> 271																
35	<212> PRT																
	<213> Homo Sapiens																
	<220>																
40	<223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 1.																
45																	
50																	
55																	
60																	
65																	

ES 2 281 413 T3

<400> 2

```

5      Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe
        1          5          10          15
      Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala
        20          25          30
      Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu
        35          40          45
10     Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr
        50          55          60
      Gly Glu Lys Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly
        65          70          75          80
15     Arg His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp
        85          90          95
      Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
        100         105         110
20     Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln
        115         120         125
      Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala
        130         135         140
25     Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu
        145         150         155         160
      Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr
        165         170         175
      Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr
        180         185         190
30     Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu
        195         200         205
      Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr
        210         215         220
35     Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu
        225         230         235         240
      Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys
        245         250         255
40     His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
        260         265         270

```

<210> 3

<211> 1139

<212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

<220>

<221> CDS

<222> (141)..(875)

ES 2 281 413 T3

<400> 3

	cagaagtttt ggtgaaagtg gcttttgccc tgactttgtg gtagecgtgtg tgggtttgtg	60
	agtggaaacct tcagcttttag gttggaacg gtggctgtgg agagctggac ttttggtgtg	120
5	ggaggtcacg tccctgccc atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt	173
	Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys	
	1 5 10	
	ctt ccc tgc gcc ctg cca ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc	221
10	Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly	
	15 20 25	
	gcc ccc gga cgg cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa gga gac	269
	Ala Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Asp	
	30 35 40	
15	atg ggg gac aaa gga cag aaa ggc agt gtg ggt cgt cat gga aaa att	317
	Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly Arg His Gly Lys Ile	
	45 50 55	
	ggg ccc att ggc tct aaa ggt gag aaa gga gat tcc ggt gac ata gga	365
20	Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly	
	60 65 70 75	
	ccc cct ggt cct aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag	413
	Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln	
	80 85 90	
25	ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg gac aac cag gtc tct cag ctg acc	461
	Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr	
	95 100 105	
	agc gag ctc aag ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg	509
30	Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr	
	110 115 120	
	gag agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgc tac gcg gac	557
	Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp	
	125 130 135	
35	gcc eag ctg tcc tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag	605
	Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys	
	140 145 150 155	
40	gac gag gct gcc aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc	653
	Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly	
	160 165 170	
	ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc aac gac ctg gag aag gag ggc gcc	701
45	Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala	
	175 180 185	
	ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc	749
50	Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg	
	190 195 200	
	agc ggt gag ccc aac aat gcc tac gac gag gag gac tgc gtg gag atg	797
	Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met	
	205 210 215	
55	gtg gcc tcg ggc ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac acc acc atg tac	845
	Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr	
	220 225 230 235	
	ttc atg tgt gag ttt gac aag gag aac atg tgagcctcag gctggggctg	895
60	Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met	
	240 245	
	cccattgggg gccccacatg tccctgcagg gttggcaggg acagagccca gaccatggtg	955
	ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca ctgagtagag ggctgttgtc	1015
65	taaactgaga aaatggccta tgcttaagag gaaaatgaaa gtgttccctgg ggtgctgtct	1075
	ctgaagaagc agagtttcat tacctgtatt gtagecccaa tgtcattatg taattattac	1135
	ccag	1139

ES 2 281 413 T3

<210> 4

<211> 245

<212> PRT

5 <213> *Homo Sapiens*

<220>

10 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 3

<400> 4

```

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

      Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe
        225          230          235          240
50      Asp Lys Glu Asn Met
        245

```

<210> 5

<211> 995

55 <212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

<220>

60 <221> CDS

<222> (141)..(731)

65

ES 2 281 413 T3

<400> 5

```

cagaagtttt ggtgaaagtg gctttggccc tgactttgtg gtagecgtgtg tgggtttgtg      60
agtggaaacct tcagcttttag gttggaaacg gtggtgtgtg agagctggac ttttggtgtg      120
5 ggaggtcacg tccctgccc atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt      173
      Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys
      1          5          10
ctt ccc tgc gcc ctg cca ggt gag aaa gga gat tcc ggt gac ata gga      221
10 Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly
      15          20          25
ccc cct ggt cct aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag      269
Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln
      30          35          40
15 ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg gac aac cag gtc tct cag ctg acc      317
Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr
      45          50          55
20 agc gag ctc aag ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg      365
Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr
      60          65          70          75
gag agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgc tac gcg gac      413
Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp
      80          85          90
25 gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag      461
Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys
      95          100          105
30 gac gag gct gcc aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc      509
Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly
      110          115          120
ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc aac gac ctg gag aag gag ggc gcc      557
Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala
      125          130          135
35 ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc      605
Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg
      140          145          150          155
40 agc ggt gag ccc aac aat gcc tac gac gag gag gac tgc gtg gag atg      653
Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met
      160          165          170
gtg gcc tcg ggc ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac acc acc atg tac      701
Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr
      175          180          185
45 ttc atg tgt gag ttt gac aag gag aac atg tgagcctcag gctggggctg      751
Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
      190          195
50 cccattgggg gccccacatg tccctgcagg gttggcaggg acagagccca gaccatggtg      811
ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca ctgagtagag ggctgttgtc      871

taaactgaga aaatggccta tgcttaagag gaaaatgaaa gtgttcctgg ggtgctgtct      931
55 ctgaagaagc agagtttcat tacctgtatt gtagccccaa tgtcattatg taattattac      991
ccag      995

```

<210> 6

<211> 197

60 <212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<220>

65 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 5

ES 2 281 413 T3

<400> 6

```

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

```

35

<210> 7

<211> 1067

<212> ADN

40 <213> *Homo Sapiens*

<220>

<221> CDS

45 <222> (141)..(803)

<400> 7

```

50     cagaagtttt ggtgaaagtg gctttggccc tgactttgtg gtagcgtgtg tgggtttgtg      60
      agtggaaacct tcagcttttag gttggaaacg gtggctgtgg agagctggac ttttggctgt      120
      ggaggtcacg tccctgceca atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt      173
      Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys
      1      5      10
55     ctt ccc tgc gcc ctg cca gga gac atg ggg gac aaa gga cag aaa ggc      221
      Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly

```

60

65

ES 2 281 413 T3

		15		20		25		
		agt gtg ggt cgt cat gga aaa att ggt ccc att ggc tct aaa ggt gag	269					
5		Ser Val Gly Arg His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu						
		30		35		40		
		aaa gga gat tcc ggt gac ata gga ccc cct ggt cct aat gga gaa cca	317					
		Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro						
		45		50		55		
10		ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg	365					
		Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met						
		60		65		70		75
		gac aac cag gtc tct cag ctg acc agc gag ctc aag ttc atc aag aat	413					
15		Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn						
		80		85		90		
		gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg gag agc aag atc tac ctg ctg gtg	461					
		Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val						
		95		100		105		
20		aag gag gag aag cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc	509					
		Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg						
		110		115		120		
		ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag gac gag gct gcc aat ggc ctg atg	557					
25		Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met						
		125		130		135		
		gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc	605					
		Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile						
		140		145		150		155
30		aac gac ctg gag aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc	653					
		Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro						
		160		165		170		
		atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc aac aat gcc tac	701					
35		Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr						
		175		180		185		
		gac gag gag gac tgc gtg gag atg gtg gcc tcg ggc ggc tgg aac gac	749					
		Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp						
40		190		195		200		
		gtg gcc tgc cac acc acc atg tac ttc atg tgt gag ttt gac aag gag	797					
		Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu						
		205		210		215		
45		aac atg tgagcctcag gctggggctg cccattgggg gccccacatg tccctgcagg	853					
		Asn Met						
		220						
		gttggcaggg acagagccca gaccatgggtg ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg	913					
		tggaggctca ctgagtagag ggtgtgtgtc taaactgaga aaatggccta tgettaagag	973					
50		gaaaatgaaa gtgttcctgg ggtgctgtct ctgaagaagc agagtctcat tacctgtatt	1033					
		gtagccccaa tgtcattatg taattattac ccag	1067					
55	<210>	8						
	<211>	221						
	<212>	PRT						
	<213>	Homo Sapiens						
60	<220>							
	<223>	Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 7						
65								

ES 2 281 413 T3

<400> 8

```

5      Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys Leu Pro Cys Ala Leu
      1          5          10          15
      Pro Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly Arg His

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

```

```

40 <210> 9
    <211> 1067
    <212> ADN
    <213> Homo Sapiens
45
    <220>
    <221> CDS
50 <222> (141)..(803)

```

55

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 9

	cagaagtttt ggtgaaagtg gctttggccc tgactttgtg gtagcgtgtg tgggtttgtg	60
5	agtggaaacct tcagcttttag gttggaaacg gtggctgtgg agagctggac ttttggtgtg	120
	ggaggtcacg tccctgcccc atg tgg tgg gtg cct ccg agt ccc tac ggt tgt	173
	Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys	
	1 5 10	
10	ctt ccc tgc gcc ctg cca ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc	221
	Leu Pro Cys Ala Leu Pro Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly	
	15 20 25	
	gcc ccc gga cgg cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa ggt gag	269
15	Ala Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu	
	30 35 40	
	aaa gga gat tcc ggt gac ata gga ccc cct ggt cct aat gga gaa cca	317
	Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro	
	45 50 55	
20	ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg	365
	Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met	
	60 65 70 75	
	gac aac cag gtc tct cag ctg acc agc gag ctc aag ttc atc aag aat	413
25	Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn	
	80 85 90	
	gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg gag agc aag atc tac ctg ctg gtg	461
	Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val	
30		
	95 100 105	
	aag gag gag aag cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc	509
	Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg	
	110 115 120	
35	ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag gac gag gct gcc aat ggc ctg atg	557
	Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met	
	125 130 135	
40	gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc	605
	Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile	
	140 145 150 155	
	aac gac ctg gag aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc	653
	Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro	
45	160 165 170	
	atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc aac aat gcc tac	701
	Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr	
	175 180 185	
50	gac gag gag gac tgc gtg gag atg gtg gcc tcg ggc ggc tgg aac gac	749
	Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp	
	190 195 200	
	gtg gcc tgc cac acc acc atg tac ttc atg tgt gag ttt gac aag gag	797
55	Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu	
	205 210 215	
	aac atg tgagcctcag gctggggctg cccattgggg gccccacatg tccctgcagg	853
	Asn Met	
	220	
60	gttggcaggg acagagccca gaccatggtg ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg	913
	tggaggtcca ctgagtagag ggctgttgtc taaactgaga aaatggccta tgcttaagag	973
	gaaaatgaaa gtgttcctgg ggtgctgtct ctgaagaagc agagtttcat tacctgtatt	1033
	gtagcccca taatcattatg taattattac ccag	1067
65		

ES 2 281 413 T3

<210> 10

<211> 221

<212> PRT

5 <213> *Homo Sapiens*

<220>

10 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 9

<400> 10

```

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

```

50 <210> 11

<211> 45

<212> PRT

55 <213> *Homo Sapiens*

<220>

60 <223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 11

5 Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg Pro Gly
1 5 10 15
Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp
20 25 30
10 Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
35 40 45

<210> 12

<211> 1522

15 <212> ADN

<213> *Mus musculus*

<220>

20 <221> CDS

<222> (157)..(969)

<400> 12

25 cagcccagcg aatctctctg agctggactg cagctgggtct ctgtaaataa cagccatgag 60
gctccttgga gcagtgtctc tgccagccgg tgactgtcag gacagctcct tcgcctagtg 120
30 tgcattccagg agtctagtgt cctgcctgca ctcatg atg atg agg gac ctg gct 174
Met Met Arg Asp Leu Ala
1 5
ctt gca ggc atg ctg att agc ctg gct ttc ctg tcc ctg ctg cca tct 222
Leu Ala Gly Met Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser
10 15 20
35 gga tgt cct cag cag acc aca gag gac gcc tgc tct gtg cag att ctt 270
Gly Cys Pro Gln Gln Thr Thr Glu Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu
25 30 35
40 gtc ccc ggc ctc aaa ggg gat gca gga gaa aag gga gac aaa gga gcc 318
Val Pro Gly Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala
40 45 50
cca gga cgg cca gga aga gtc ggc cct aca gga gaa aaa gga gac atg 366
Pro Gly Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Asp Met
45 55 60 65 70
ggg gac aaa gga cag aaa ggc act gtg ggc cgc cat gga aaa att ggt 414
Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Thr Val Gly Arg His Gly Lys Ile Gly
75 80 85

50

55

60

65

ES 2 281 413 T3

```

ccc att ggc gca aaa ggt gaa aaa gga gat tct ggt gat atc gga ccc      462
Pro Ile Gly Ala Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro
          90          95          100
5  cct ggc ccc agt gga gaa cct ggt att cca tgt gag tgc agt cag ctg      510
   Pro Gly Pro Ser Gly Glu Pro Gly Ile Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu
          105          110          115
10  agg aag gct att ggg gag atg gac aac cag gtc act caa ctg aca act      558
   Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Thr Gln Leu Thr Thr
          120          125          130
15  gag cta aaa ttc ata aaa aat gct gtt gct ggc gtg cgc gag act gag      606
   Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu
          135          140          145          150
20  agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgg tac gca gat gcc      654
   Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala
          155          160          165
25  cag ctg tcc tgc caa gcc cga ggc ggc aca ctg agc atg ccc aaa gac      702
   Gln Leu Ser Cys Gln Ala Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp
          170          175          180
30  gag gca gcc aat ggc ctg atg gct tca tac ctg gca cag gct ggc ctg      750
   Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ser Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu
          185          190          195
35  gcc cga gtc ttc atc ggt atc aat gac ctg gag aaa gaa ggt gct ttc      798
   Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe
          200          205          210
40  gtg tac tcg gac cgc tcc ccc atg cag acc ttc aac aag tgg cgc agt      846
   Val Tyr Ser Asp Arg Ser Pro Met Gln Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser
          215          220          225          230
45  gga gag ccc aac aac gcc tat gat gag gag gac tgt gtg gag atg gtg      894
   Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val
          235          240          245
50  gcc tca ggt ggc tgg aat gat gtg gcc tgc cac att acc atg tac ttc      942
   Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Ile Thr Met Tyr Phe
          250          255          260
55  atg tgc gag ttt gac aaa gag aac ttg tgagagccga caggggagat      989
   Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Leu
          265          270
60  ggccatctga acgccacctt ttatagacac cagcggccac aaactaacc ttagcaccag      1049
   tcgccatgtc tgcgggttcc tctctgcatg gaagtgccgg gcctcattga cagttggaag      1109
   ggctgtttga accgtaggag gggagaaacc ttgcttcagg ggctgttctg aataggtggc      1169
   gtattatcac ctttgtcaga cggttcattat ggctaaccac tcggaaggat gctgtgaagc      1229
   tcttgtcttg gtccagcata gtaaattttg cagcagtcac caaactggct ataggggcag      1289
   gagttgccgc ccaccctata aagtacacag agtgcccagg tggtgaccaa tgtttctata      1349
   ggttatgcta tcacatagat tcctttcact attatccggg taggaagact gctgctctgc      1409
   ttcacatcca tatttcagga aaacaaataa atcctctgat ttctgctaaa aaaaaaaaaa      1469
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa      1522

```

<210> 13

<211> 271

<212> PRT

<213> *Mus musculus*

<220>

<223> Secuencia aminoacídica deducida de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 12

ES 2 281 413 T3

<400> 13

5	Met	Met	Arg	Asp	Leu	Ala	Leu	Ala	Gly	Met	Leu	Ile	Ser	Leu	Ala	Phe
	1				5				10					15		
	Leu	Ser	Leu	Leu	Pro	Ser	Gly	Cys	Pro	Gln	Gln	Thr	Thr	Glu	Asp	Ala
				20				25						30		
10	Cys	Ser	Val	Gln	Ile	Leu	Val	Pro	Gly	Leu	Lys	Gly	Asp	Ala	Gly	Glu
			35					40					45			
	Lys	Gly	Asp	Lys	Gly	Ala	Pro	Gly	Arg	Pro	Gly	Arg	Val	Gly	Pro	Thr
		50					55					60				
15	Gly	Glu	Lys	Gly	Asp	Met	Gly	Asp	Lys	Gly	Gln	Lys	Gly	Thr	Val	Gly
	65					70					75				80	
	Arg	His	Gly	Lys	Ile	Gly	Pro	Ile	Gly	Ala	Lys	Gly	Glu	Lys	Gly	Asp
				85						90					95	
20	Ser	Gly	Asp	Ile	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Ser	Gly	Glu	Pro	Gly	Ile	Pro
				100					105					110		
	Cys	Glu	Cys	Ser	Gln	Leu	Arg	Lys	Ala	Ile	Gly	Glu	Met	Asp	Asn	Gln
			115					120					125			
25	Val	Thr	Gln	Leu	Thr	Thr	Glu	Leu	Lys	Phe	Ile	Lys	Asn	Ala	Val	Ala
		130					135					140				
	Gly	Val	Arg	Glu	Thr	Glu	Ser	Lys	Ile	Tyr	Leu	Leu	Val	Lys	Glu	Glu
	145					150				155					160	
	Lys	Arg	Tyr	Ala	Asp	Ala	Gln	Leu	Ser	Cys	Gln	Ala	Arg	Gly	Gly	Thr
30				165					170					175		
	Leu	Ser	Met	Pro	Lys	Asp	Glu	Ala	Ala	Asn	Gly	Leu	Met	Ala	Ser	Tyr
				180					185					190		
	Leu	Ala	Gln	Ala	Gly	Leu	Ala	Arg	Val	Phe	Ile	Gly	Ile	Asn	Asp	Leu
35			195					200					205			
	Glu	Lys	Glu	Gly	Ala	Phe	Val	Tyr	Ser	Asp	Arg	Ser	Pro	Met	Gln	Thr
		210				215						220				
	Phe	Asn	Lys	Trp	Arg	Ser	Gly	Glu	Pro	Asn	Asn	Ala	Tyr	Asp	Glu	Glu
	225					230				235					240	
40	Asp	Cys	Val	Glu	Met	Val	Ala	Ser	Gly	Gly	Trp	Asn	Asp	Val	Ala	Cys
				245					250					255		
	His	Ile	Thr	Met	Tyr	Phe	Met	Cys	Glu	Phe	Asp	Lys	Glu	Asn	Leu	
				260					265					270		

45

<210> 14

<211> 159

50 <212> PRT

<213> *Homo sapiens*

<220>

55 <223> Secuencia CRD aminoacídica conocida del CL-L1 documentado que ha sido empleado para la búsqueda de EST en bases de datos

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 14

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

<210> 15

<211> 619

30 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

35 <223> Secuencia nucleotídica consenso de la nueva colectina derivada de varias secuencias nucleotídicas obtenidas de las bases de datos de EST

<400> 15

40	ttctcagatg	attcctgtgc	atggcgaaagt	ttggaaactc	tgagtgttgc	ttttgagatc	60
	agacatacag	tgctatccat	tggtgccctc	gtggaggatg	gaacttactt	gttgactNNt	120
	gccacaccac	catgtacttc	atgtgtgagt	ttgacaagga	gaacatgtga	ccctcaggct	180
45	ggggctgcc	attgggggcc	ccacatgtcc	ctgcagggtt	ggcagggaca	gagcccagac	240
	catggtgcca	gccagggagc	tgtccctctg	tgaagggtgg	aggctcactg	agtagagggc	300
	tgttgtctaa	actgagaaaa	tggcctatgc	ttaagaggaa	aatgaaagtg	ttcctggggg	360
	gctgtctctg	aagaagcaga	gtttcattac	ctgtattgta	gcccacatgt	cattatgtaa	420
	ttattaccca	gaattgctct	tccataaaagc	ttgtgccttt	gtccaagcta	tacaataaaa	480
50	tctttaagta	gtgcagtagt	taagtccaaa	aagtggcaat	ggggctttga	aaaaaaaaaa	540
	aaaaatttat	aaaaaaaaaa	gaactcactt	tgaccaacac	ttctgtaaat	tacattacaa	600
	tatagggtcc	ttcacacta					619

<210> 16

55 <211> 21

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

60

<220>

<223> Cebador sintético CAP1 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina

65 <400> 16

agattttatt gtatagcttg g

ES 2 281 413 T3

	<210> 17	
	<211> 21	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético CAP2 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
10	<400> 17	
	ctgggtaata attacataat g	21
15	<210> 18	
	<211> 21	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético λ TriplEx-F1 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
25	<400> 18	
	aagctccgag atctggacga g	21
30	<210> 19	
	<211> 21	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético λ TriplEx-F2 para clonar la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
40	<400> 19	
	ctcgggaagc gcgccattgt g	21
45	<210> 20	
	<211> 24	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador universal M13 sintético para secuenciar la nueva colectina	
55	<400> 20	
	cgacgttgta aaacgacggc cagt	24
60	<210> 21	
	<211> 17	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 413 T3

	<220>	
	<223> Cebador inverso M13 sintético para secuenciar la nueva colectina	
5	<400> 21	
	caggaaacag ctatgac	17
10	<210> 22	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador sintético CAP3 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
20	<400> 22	
	ggtcctatgt caccggaatc	20
25	<210> 23	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Cebador sintético CAP4 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
35	<400> 23	
	ttccatgacg acccacactg c	21
40	<210> 24	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> Cebador sintético 1RC2 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
50	<400> 24	
	caaggtacgc cacagcgtat g	21
55	<210> 25	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
60	<220>	
	<223> Cebador sintético 2RC2 para un clonaje adicional de la región 5' aguas arriba de la nueva colectina	
65	<400> 25	
	gtacgccaca gegtatgatg c	21

ES 2 281 413 T3

	<210> 26	
	<211> 21	
	<212> ADN	
5	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético RTF1 para RT-PCR para determinar la distribución tisular de la nueva colectina	
10	<400> 26	
	agattccggt gacataggac c	21
15	<210> 27	
	<211> 21	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador sintético RTR1 para RT-PCR para determinar la distribución tisular de la nueva colectina	
25	<400> 27	
	tggtctgggc tctgtccctg c	21
30	<210> 28	
	<211> 21	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador homosenido β -actina sintético para RT-PCR para determinar los niveles de control	
40	<400> 28	
	caagagatgg ccacggctgc t	21
45	<210> 29	
	<211> 21	
	<212> ADN	
50	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador antisentido β -actina sintético para RT-PCR para determinar los niveles de control	
55	<400> 29	
	tccttctgca tcctgtcggc a	21
60	<210> 30	
	<211> 24	
	<212> ADN	
65	<213> Secuencia artificial	

ES 2 281 413 T3

	<220>		
	<223> Cebador sintético RTF2 para amplificación de CL-L2-1		
5	<400> 30		
	atgaggggga atctggccct ggtg		24
10	<210> 31		
	<211> 23		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Cebador sintético RTR2 para amplificación de CL-L2-1		
20	<400> 31		
	catgttctcc ttgtcaaact cac		23
25	<210> 32		
	<211> 22		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
30	<220>		
	<223> Cebador sintético RTF3 para amplificación de CL-L2-2		
35	<400> 32		
	atgtggtggg tgcctccgag tc		22
40	<210> 33		
	<211> 41		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Cebador sintético CL-L2-1F para amplificación de CL-L2-1		
50	<400> 33		
	gggaagcttc gatcaggatg agggggaatc tggccctggt g		41
55	<210> 34		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
60	<220>		
	<223> Cebador sintético CL-L2-1R para amplificación de CL-L2-1		
65	<400> 34		
	gggctcgagc atgttctcct tgtcaaactc ac		32

ES 2 281 413 T3

<210> 35
 <211> 46
 <212> ADN
 5 <213> Secuencia artificial

 <220>
 <223> Cebador sintético CL-L2-2F para amplificación de CL-L2-2
 10
 <400> 35

 gggaagcttc cagcacaatg tgggtgggtgc ctccgagtc ctggtg 46
 15
 <210> 36
 <211> 1197
 <212> ADN
 20 <213> *Homo Sapiens*

 <220>
 <221> CDS
 25 <222> (265)..(933)

 <400> 36
 30 cgcgggccgcg tcgacggacg gtggacgcag cgcagacagg aagctccccg agataacgct 60
 gcgggccgggc ggctgattt gctgggctgt ctgatggccc gggccgaggc ttctccctgc 120
 gcctgggact gcgggccgcct ctctaaatag cagccatgag gcgcctgggg gcagtgtcct 180
 cgcgggccgcg tcgacggacg gccgcagtcg acgccccgtt cgcctagcgc gtgctcagga 240
 gttggtgtcc tgctgcgct cagg atg agg ggg aat ctg gcc ctg gtg ggc 291
 35 Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly
 1 5
 gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct 339
 Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro
 40 10 15 20 25
 cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct gtg cag atc ctc gtc cct ggc 387
 Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly
 30 35 40
 45 ctc aaa ggt gag aaa gga gat tcc ggt gac ata gga ccc cct ggt cct 435
 Leu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro
 45 50 55
 aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc 483
 Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala
 50 60 65 70
 atc ggg gag atg gac aac cag gtc tct cag ctg acc agc gag ctc aag 531
 Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys

ES 2 281 413 T3

	75	80	85	
	ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt gtg cgc gag acg gag agc aag atc	579		
5	Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile			
	90 95 100 105			
	tac ctg ctg gtg aag gag gag aag cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc	627		
	Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser			
	110 115 120			
10	tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg agc atg ccc aag gac gag gct gcc	675		
	Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala			
	125 130 135			
	aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc	723		
15	Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val			
	140 145 150			
	ttc atc ggc atc aac gac ctg gag aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct	771		
	Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser			
	155 160 165			
20	gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc	819		
	Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro			
	170 175 180 185			
	aac aat gcc tac gac gag gag gac tgc gtg gag atg gtg gcc tcg ggc	867		
25	Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly			
	190 195 200			
	ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac acc acc atg tac ttc atg tgt gag	915		
	Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu			
	205 210 215			
30	ttt gac aag gag aac atg tgagcctcag gctggggctg cccattgggg	963		
	Phe Asp Lys Glu Asn Met			
	220			
35	gccccacatg tccctgcagg gttggcaggg acagagccca gaccatggtg ccagccaggg	1023		
	agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca ctgagtagag ggctgttgtc taaactgaga	1083		
	aaatggccta tgcttaagag gaaaatgaaa gtgttcctgg ggtgctgtct ctgaagaagc	1143		
	agaqtttcat tacctgtatt gtagcccaa tgcattatg taattattac ccag	1197		

<210> 37

<211> 223

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<220>

<223> Secuencia aminoacídica deducida de la variante de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 36

ES 2 281 413 T3

<400> 37

```

5      Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe
        1           5           10           15
      Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala
        20           25           30
      Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly Leu Lys Gly Glu Lys Gly Asp
        35           40           45
10     Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
        50           55           60
      Cys Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln
        65           70           75           80
15     Val Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala
        85           90           95
      Gly Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu
        100          105          110
20     Lys Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr

        115          120          125
25     Leu Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr
        130          135          140
      Leu Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu
        145          150          155          160
      Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr
        165          170          175
30     Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu
        180          185          190
      Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys
        195          200          205
35     His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
        210          215          220

```

40 <210> 38

<211> 1269

<212> ADN

45 <213> *Homo Sapiens*

<220>

<221> CDS

50 <222> (265)..(1005)

55

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 38

	cgcgccgcgcg	tcgacggacg	gtggaacgcag	cgacagacagg	aagctccccg	agataaacgtc		60
	ggcgccggggc	ggcctgattt	gttgggctgt	ctgatggccc	gggcccaggc	ttctccctgc	120	
5	gcctgggact	gcgccgcgct	ctctaaatag	cagccatgag	gcgcctgggg	gcagtgtcct	180	
	cgcgccgcgcg	tcgacgcagc	gcccagatcg	acgccccgtt	cgccatgcgc	gtgctcagga	240	
	gttggtgtcc	tgcctgcgct	cagg atg agg	ggg aat ctg	gcc ctg	gtg ggc	291	
			Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly					
			1		5			
10	gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct						339	
	Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro							
	10		15		20		25	
	cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct gtg cag atc ctc gtc cct ggc						387	
15	Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly							
		30		35		40		
	ctc aaa gga gac atg ggg gac aaa gga cag aaa ggc agt gtg ggt cgt						435	
	Leu Lys Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly Arg							
		45		50		55		
20	cat gga aaa att ggt ccc att ggc tct aaa ggt gag aaa gga gat tcc						483	
	His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser							
		60		65		70		
	ggt gac ata gga ccc cct ggt cct aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt						531	
25	Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys							
		75		80		85		
	gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg gac aac cag gtc						579	
	Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val							
		90		95		100		
30	tct cag ctg acc agc gag ctc aag ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt						627	
	Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly							
		110		115		120		
	gtg cgc gag acg gag agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag						675	
35	Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys							
		125		130		135		
	cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg						723	
	Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu							
40		140		145		150		
	agc atg ccc aag gac gag gct gcc aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg						771	
	Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu							
		155		160		165		
45	gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc aac gac ctg gag						819	
	Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu							
		170		175		180		
	aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc						867	
50	Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe							
		190		195		200		
	aac aag tgg cgc agc ggt gag ccc aac aat gcc tac gac gag gag gac						915	
	Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp							
		205		210		215		
55	tgc gtg gag atg gtg gcc tcg ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac						963	
	Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His							
		220		225		230		
	acc acc atg tac ttc atg tgt gag ttt gac aag gag aac atg						1005	
60	Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met							
		235		240		245		
	tgagcctcag gctggggctg cccattgggg gccccacatg tccctgcagg gttggcaggg						1065	
	acagagccca gaccatgggt ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca						1125	
65	ctgagtagag ggctgtgtgc taaactgaga aaatggccta tgcttaagag gaaaatgaaa						1185	
	gtgttcctgg ggtgctgtct ctgaagaagc agagtttcat tacctgtatt gtagccccaa						1245	
	tgtcattatg taattattac ccaq						1269	

ES 2 281 413 T3

<210> 39

<211> 247

<212> PRT

5 <213> *Homo Sapiens*

<220>

10 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la variante de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 38

<400> 39

```

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

40      Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr
        180      185      190
      Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu
        195      200      205
45      Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp Cys Val Glu Met Val Ala Ser
        210      215      220
      Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys
50      225      230      235      240
      Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
        245

```

<210> 40

55 <211> 1269

<212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

60 <220>

<221> CDS

<222> (265)..(1005)

65

ES 2 281 413 T3

<400> 40

```

cgcgggccgcg tcgacggacg gtggacgcag cgcagacagg aagctccccg agataacgct    60
5  gcggccgggc ggccctgattt gctgggctgt ctgatggccc gggccgaggc ttctccctgc    120
   gcctgggact gcggccgcct ctctaaatag cagccatgag gcgcctgggg gcagtgtcct    180
   cgcgggccgcg tcgacggacg gccgcagtcg acgccccgtt cgcctagcgc gtgctcagga    240
   gttggtgtcc tgccctgcgc cagg atg agg ggg aat ctg gcc ctg gtg ggc    291
                                     Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly
10                                     1           5
   gtt cta atc agc ctg gcc ttc ctg tca ctg ctg cca tct gga cat cct    339
   Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro
   10           15           20           25
15  cag ccg gct ggc gat gac gcc tgc tct gtg cag atc ctc gtc cct ggc    387
   Gln Pro Ala Gly Asp Ala Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro Gly
   30           35           40
   ctc aaa ggg gat gcg gga gag aag gga gac aaa ggc gcc ccc gga cgg    435
   Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg
   45           50           55
   cct gga aga gtc ggc ccc acg gga gaa aaa ggt gag aaa gga gat tcc    483
   Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser
   60           65           70
25  ggt gac ata gga ccc cct ggt cct aat gga gaa cca ggc ctc cca tgt    531
   Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro Cys
   75           80           85
   gag tgc agc cag ctg cgc aag gcc atc ggg gag atg gac aac cag gtc    579
   Glu Cys Ser Gln Leu Arg Lys Ala Ile Gly Glu Met Asp Asn Gln Val
   90           95           100           105
   tct cag ctg acc agc gag ctc aag ttc atc aag aat gct gtc gcc ggt    627
   Ser Gln Leu Thr Ser Glu Leu Lys Phe Ile Lys Asn Ala Val Ala Gly
   110           115           120
35  gtg cgc gag acg gag agc aag atc tac ctg ctg gtg aag gag gag aag    675
   Val Arg Glu Thr Glu Ser Lys Ile Tyr Leu Leu Val Lys Glu Glu Lys
   125           130           135
   cgc tac gcg gac gcc cag ctg tcc tgc cag ggc cgc ggg ggc acg ctg    723
   Arg Tyr Ala Asp Ala Gln Leu Ser Cys Gln Gly Arg Gly Gly Thr Leu
   140           145           150
   agc atg ccc aag gac gag gct gcc aat ggc ctg atg gcc gca tac ctg    771
   Ser Met Pro Lys Asp Glu Ala Ala Asn Gly Leu Met Ala Ala Tyr Leu
45  155           160           165

```

ES 2 281 413 T3

```

gcg caa gcc ggc ctg gcc cgt gtc ttc atc ggc atc aac gac ctg gag      819
Ala Gln Ala Gly Leu Ala Arg Val Phe Ile Gly Ile Asn Asp Leu Glu
170                      175                      180                      185
5  aag gag ggc gcc ttc gtg tac tct gac cac tcc ccc atg cgg acc ttc      867
Lys Glu Gly Ala Phe Val Tyr Ser Asp His Ser Pro Met Arg Thr Phe
                      190                      195                      200
aag aag tgg cgc agc ggt gag ccc aac aat gcc tac gac gag gag gag      915
10 Asn Lys Trp Arg Ser Gly Glu Pro Asn Asn Ala Tyr Asp Glu Glu Asp
                      205                      210                      215
tgc gtg gag atg gtg gcc tcg ggc ggc tgg aac gac gtg gcc tgc cac      963
Cys Val Glu Met Val Ala Ser Gly Gly Trp Asn Asp Val Ala Cys His
                      220                      225                      230
15 acc acc atg tac ttc atg tgt gag ttt gac aag gag aac atg      1005
Thr Thr Met Tyr Phe Met Cys Glu Phe Asp Lys Glu Asn Met
                      235                      240                      245
20 tgagcctcag gctggggctg cccattgggg gccccacatg tccctgcagg gttggcaggg 1065
acagagccca gaccatggtg ccagccaggg agctgtccct ctgtgaaggg tggaggctca 1125
ctgagtagag ggctgttgtc taaactgaga aaatggccta tgcttaagag gaaaatgaaa 1185
gtgttcctgg ggtgctgtct ctgaagaagc agagtttcat tacctgtatt gtagcccca 1245
25 tgcattatg taattattac ccag      1269

```

<210> 41

<211> 257

30 <212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<220>

35 <223> Secuencia aminoacídica deducida de la variante de la nueva colectina de la secuencia nucleotídica expuesta en la SEQ ID NO: 40

40

45

50

55

60

65

ES 2 281 413 T3

<400> 41

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

<210> 42

<211> 48

<212> PRT

45 <213> *Homo Sapiens*

<220>

50 <223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada

<400> 42

	Gly	Leu	Lys	Gly	Asp	Met	Gly	Asp	Lys	Gly	Gln	Lys	Gly	Ser	Val	Gly
	1				5					10					15	
55	Arg	His	Gly	Lys	Ile	Gly	Pro	Ile	Gly	Ser	Lys	Gly	Glu	Lys	Gly	Asp
			20						25					30		
	Ser	Gly	Asp	Ile	Gly	Pro	Pro	Gly	Pro	Asn	Gly	Glu	Pro	Gly	Leu	Pro
			35					40					45			

60 <210> 43

<211> 24

<212> PRT

65 <213> *Homo Sapiens*

<220>

ES 2 281 413 T3

<223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada

<400> 43

5 Gly Leu Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly
1 5 10 15
Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
20

10

<210> 44

<211> 48

<212> PRT

15

<213> *Homo Sapiens*

<220>

<223> Secuencia aminoacídica deducida de un dominio de tipo colágeno de la nueva colectina mutada

20

<400> 44

25 Gly Leu Lys Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly
1 5 10 15
Arg Pro Gly Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Glu Lys Gly Asp
20 25 30
Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
35 40 45

30

<210> 45

<211> 813

<212> ADN

35

<213> *Homo Sapiens*

<400> 45

40 atgaggggga atctggccct ggtgggcgtt ctaatcagcc tggccttcct gtcactgetg 60
ccatctggac atcctcagcc ggctggcgat gaogcctgct ctgtgcagat cctcgccct 120
ggcctcaaag gggatgcggg agagaaggga gacaaaggcg ccccgagcg gcctggaaga 180
gtcggcccca cgggagaaaa aggagacatg ggggacaaag gacagaaagg cagtgtgggt 240
cgtcatggaa aaattggtcc cattggctct aaaggtgaga aaggagattc cgggtgacata 300
45 ggacccctg gtcctaattg agaaccaggc ctcccatgtg agtgcagcca gctgcgcaag 360
gccatcgggg agatggacaa ccaggtctct cagctgacca gcgagctcaa gttcatcaag 420
aatgotgtcg ccggtgtgcg cgagacggag agcaagatct acctgctggt gaaggaggag 480
aagcgctacg cggacgcccc gctgtcctgc cagggccgcg ggggcacgct gagcatgccc 540
50 aaggacgagg ctgccaatgg cctgatggcc gcatacctgg cgcaagccgg cctggcccgt 600
gtcttcatcg gcatcaacga cctggagaag gagggcgccct tcgtgtactc tgaccactcc 660
cccatgcgga ccttcaacaa gtggcgagc ggtgagccca acaatgccta cgacgaggag 720
gactgcgtgg agatgggtggc ctggggcggc tgggaacgag tggcctgcca caccaccatg 780
55 tacttcatgt gtgagtttga caaggagaac atg 813

<210> 46

<211> 735

<212> ADN

60

<213> *Homo Sapiens*

65

ES 2 281 413 T3

<400> 46

```

5      atgtggtggg tgcctccgag tccctacggt tgtcttcctt gcgccttgcc aggggatgcg      60
      ggagagaagg gagacaaagg cgcccccgga cggcctggaa gagtccggccc cacgggagaa      120
      aaaggagaca tgggggacaa aggacagaaa ggcagtgtgg gtcgtcatgg aaaaattggt      180
      cccattggct ctaaagggtga gaaaggagat tccggtgaca taggaccccc tggtcctaata      240
      ggagaaccag gcctcccatg tgagtgcagc cagctgcgca aggccatcgg ggagatggac      300
10     aaccagggtct ctcagctgac cagcgagctc aagttcatca agaattgctgt cgcgggtgtg      360
      cgcgagacgg agagcaagat ctacctgctg gtgaaggagg agaagcgcta cgcggacgac      420
      cagctgtcct gccaggggccg cggggggcacg ctgagcatgc ccaaggacga ggctgccaat      480
      ggcctgatgg ccgcatacct ggcgcaagcc ggcctggccc gtgtcttcat cggcatcaac      540
      gacctggaga aggagggcgc cttcgtgtac tctgaccact ccccatgcg gaccttcaac      600
15     aagtggcgca gcggtgagcc caacaatgcc tacgacgagg aggactgcgt ggagatggtg      660
      gcctcggggcg gctggaacga cgtggcctgc cacaccacca tgtacttcat gtgtgagttt      720
      gacaaggaga acatg      735

```

20 <210> 47

<211> 159

<212> PRT

25 <213> *Homo Sapiens*

<400> 47

```

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

```

55 <210> 48

<211> 477

<212>

60 <213> *Homo Sapiens*

65

ES 2 281 413 T3

<400> 48

```
tgtgagtgc gccagctgcg caaggccatc ggggagatgg acaaccaggt ctctcagctg    60
accagcgagc tcaagttcat caagaatgct gtcgccggtg tgcgcgagac ggagagcaag    120
atctacctgc tggatgaagga ggagaagcgc tacgcggacg cccagctgtc ctgccagggc    180
cgcgggggca cgtcgagcat gcccaaggac gaggctgcca atggcctgat ggccgcatac    240
ctggcgcaag ccggcctggc ccgtgtcttc atcgcatca acgacctgga gaaggagggc    300
gccttcgtgt actctgacca ctcccccatg cggaccttca acaagtggcg cagcggtgag    360
cccaacaatg cctacgacga ggaggactgc gtggagatgg tggcctcggg cggctggaac    420
gacgtggcct gccacaccac catgtacttc atgtgtgagt ttgacaagga gaacatg    477
```

<210> 49

<211> 72

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<400> 49

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

<210> 50

<211> 69

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<400> 50

```
Gly Asp Ala Gly Glu Lys Gly Asp Lys Gly Ala Pro Gly Arg Pro Gly
  1           5           10           15
Arg Val Gly Pro Thr Gly Glu Lys Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln
          20           25           30
Lys Gly Ser Val Gly Arg His Gly Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys
          35           40           45
Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly
          50           55           60
Glu Pro Gly Leu Pro
  65
```

<210> 51

<211> 21

<212> PRT

<213> *Homo Sapiens*

<400> 51

```
Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly
  1           5           10           15
Glu Pro Gly Leu Pro
          20
```

ES 2 281 413 T3

<210> 52

<211> 45

<212> PRT

5 <213> *Homo Sapiens*

<400> 52

```

10      Gly Asp Met Gly Asp Lys Gly Gln Lys Gly Ser Val Gly Arg His Gly
        1          5          10          15
      Lys Ile Gly Pro Ile Gly Ser Lys Gly Glu Lys Gly Asp Ser Gly Asp
          20          25          30
      Ile Gly Pro Pro Gly Pro Asn Gly Glu Pro Gly Leu Pro
15          35          40          45

```

<210> 53

<211> 40

<212> PRT

20 <213> *Homo Sapiens*

<400> 53

```

25      Met Arg Gly Asn Leu Ala Leu Val Gly Val Leu Ile Ser Leu Ala Phe
        1          5          10          15
      Leu Ser Leu Leu Pro Ser Gly His Pro Gln Pro Ala Gly Asp Asp Ala
          20          25          30
      Cys Ser Val Gln Ile Leu Val Pro
30          35          40

```

<210> 54

<211> 17

<212> PRT

35 <213> *Homo Sapiens*

<400> 54

```

40      Met Trp Trp Val Pro Pro Ser Pro Tyr Gly Cys Leu Pro Cys Ala Leu
        1          5          10          15
      Pro

```

<210> 55

<211> 591

<212> ADN

50 <213> *Homo Sapiens*

<400> 55

```

55      atgtggtggg tgcctccgag tccctacggt tgtcttccct gcgcctgcc aggtgagaaa      60
      ggagattccg gtgacatagg acccctgggt cctaattggag aaccaggcct cccatgtgag      120
      tgcagccagc tgcgcaaggc catcggggag atggacaacc aggtctctca gctgaccagc      180
      gagctcaagt tcatcaagaa tgctgtcgcc ggtgtgcgcg agacggagag caagatctac      240
      ctgctggtga aggaggagaa gcgctacgcg gacgccagc tgtcctgcca gggccgcggg      300
60      ggcacgctga gcatgccc aa ggacgaggct gccaatggcc tgatggccgc atacctggcg      360

      caagccggcc tggcccgtgt cttcatcggc atcaacgacc tggagaagga gggcgccttc      420
      gtgtactctg accactcccc catgcgagacc ttcaacaagt ggcgcagcgg tgagcccaac      480
65      aatgcctacg acgaggagga ctgcgtggag atggtggcct cgggcggctg gaacgacgtg      540
      gcctgccaca ccacctgta cttcatgtgt gagtttgaca aggagaacat g      591

```

ES 2 281 413 T3

	<210> 56	
	<211> 663	
	<212> ADN	
5	<213> <i>Homo Sapiens</i>	
	<400> 56	

10	atgtggtggg tgcctccgag tccctacggg tgtcttccct gcgcctgcc aggagacatg	60
	ggggacaaag gacagaaagg cagtgtgggt cgtcatggaa aaattggtcc cattggctct	120
	aaaggtgaga aaggagattc cggtgacata ggacccctg gtcctaattg agaaccaggc	180
	ctcccatgtg agtgcagcca gctgcgcaag gccatcgggg agatggacaa ccaggctctct	240
	cagctgacca gcgagctcaa gttcatcaag aatgctgtcg ccggtgtgcg cgagacggag	300
15	agcaagatct acctgctggt gaaggaggag aagcgctacg cggacgcca gctgtcctgc	360
	cagggcgcg ggggcacgct gagcatgccc aaggacgagg ctgccaatgg cctgatggcc	420
	gcatacctgg cgcaagccgg cctggcccgt gtcttcatcg gcatcaacga cctggagaag	480
	gagggcgcc tctgtgtactc tgaccactcc cccatgcgga ccttcaacaa gtggcgagc	540
20	ggtgagccca acaatgccta cgacgaggag gactgcgtgg agatggtggc ctcgggcggc	600
	tggaacgacg tggcctgcc caccaccatg tacttcatgt gtgagtttga caaggagaac	660
	atg	663
	<210> 57	
25	<211> 663	
	<212> ADN	
	<213> <i>Homo Sapiens</i>	
30	<400> 57	
	atgtggtggg tgcctccgag tccctacggg tgtcttccct gcgcctgcc aggggatgcg	60
	ggagagaagg gagacaaagg cgccccgga cggcctggaa gaggcggccc cacgggagaa	120
35	aaaggtgaga aaggagattc cggtgacata ggacccctg gtcctaattg agaaccaggc	180
	ctcccatgtg agtgcagcca gctgcgcaag gccatcgggg agatggacaa ccaggctctct	240
	cagctgacca gcgagctcaa gttcatcaag aatgctgtcg ccggtgtgcg cgagacggag	300
	agcaagatct acctgctggt gaaggaggag aagcgctacg cggacgcca gctgtcctgc	360
40	cagggcgcg ggggcacgct gagcatgccc aaggacgagg ctgccaatgg cctgatggcc	420
	gcatacctgg cgcaagccgg cctggcccgt gtcttcatcg gcatcaacga cctggagaag	480
	gagggcgcc tctgtgtactc tgaccactcc cccatgcgga ccttcaacaa gtggcgagc	540
	ggtgagccca acaatgccta cgacgaggag gactgcgtgg agatggtggc ctcgggcggc	600
	tggaacgacg tggcctgcc caccaccatg tacttcatgt gtgagtttga caaggagaac	660
45	atg	663
	<210> 58	
	<211> 813	
50	<212> ADN	
	<213> <i>Mus musculus</i>	
	<400> 58	
55	atgatgaggg acctggctct tgcaggcatg ctgattagcc tggctttcct gtccctgctg	60
	ccatctggat gtcctcagca gaccacagag gacgcctgct ctgtgcagat tcttgctccc	120
	ggcctcaaag gggatgcagg agaaaaggga gacaaaggag cccagggacg gccagggaaga	180
	gtcgggccta caggagaaaa aggagacatg ggggacaaag gacagaaagg cactgtgggc	240
60	cgccatggaa aaattggtcc cattggcgca aaaggtgaaa aaggagattc tggatgatac	300
	ggacccctg gccccagtgg agaacctggt attccatgtg agtgcagtca gctgaggaag	360
	gctattgggg agatggacaa ccaggctact caactgacaa ctgagctaaa attcataaaa	420
	aatgctgttg ctggcggtcg cgagactgag agcaagatct acctgctggt gaaggaggag	480
65	aagcgggtacg cagatgcccc gctgtcctgc caagcccgag gcggcacact gagcatgccc	540

ES 2 281 413 T3

	aaagacgagg	cagccaatgg	cctgatggct	tcatacctgg	cacaggetgg	cctggccccga	600
	gtcttcatcg	gtatcaatga	cctggagaaa	gaaggtgctt	tcgtgtactc	ggaccgctcc	660
	cccatgcaga	cottcaacaa	gtggcgagct	ggagagccca	acaacgccta	tgatgaggag	720
5	gactgtgtgg	agatgggtggc	ctcaggtggc	tggaatgatg	tggcctgccca	cattaccatg	780
	tacttcatgt	gcgagtttga	caaagagaac	ttg			813

<210> 59

<211> 669

10 <212> ADN

<213> *Homo Sapiens*

<400> 59

15	atgaggggga	atctggccct	ggtagggcggt	ctaatacagcc	tggccttcct	gtcactgctg	60
	ccatctggac	atcctcagcc	ggctggcgat	gacgcctgct	ctgtgcagat	cctcgtccct	120
	ggcctcaaag	gtgagaaaag	agattccggg	gacataggac	cccctgggtcc	taatggagaa	180
20	ccaggcctcc	catgtgagtg	cagccagctg	cgcaaggcca	tcggggagat	ggacaaccag	240
	gtctctcagc	tgaccagcga	gctcaagtgc	atcaagaatg	ctgtcgccgg	tgtgcgcgag	300
	acggagagca	agatctacct	gctgggtgaag	gaggagaagc	gctaagcgga	cgcccagctg	360
	tcctgccagg	ggcgcggggg	cacgctgagc	atgccccagg	acgaggctgc	caatggcctg	420
	atggccgcat	acctggcgca	agcgggcctg	gcccgtgtct	tcacgagcat	caacgacctg	480
25	gagaaggagg	ggcgccttcgt	gtactctgac	cactccccca	tgcgagacct	caacaagtgg	540
	cgcagcggtg	agcccaacaa	tgctacgac	gaggaggact	gcgtggagat	ggtagcctcg	600
	ggcggtgga	acgacgtggc	ctgccacacc	accatgtact	tcagtgtgga	gtttgacaag	660
	gagaacatg						669

<210> 60

<211> 741

<212> ADN

35 <213> *Homo Sapiens*

<400> 60

40	atgaggggga	atctggccct	ggtagggcggt	ctaatacagcc	tggccttcct	gtcactgctg	60
	ccatctggac	atcctcagcc	ggctggcgat	gacgcctgct	ctgtgcagat	cctcgtccct	120
	ggcctcaaag	gagacatggg	ggacaaagga	cagaaaggca	gtgtgggtcg	tcattggaaaa	180
	attggtccca	ttggctctaa	aggtgagaaa	ggagattccg	gtgacatagg	acccctgggt	240
	cctaattggag	aaccaggcct	cccatgtgag	tgagccagc	tgcgcaaggc	catcggggag	300
45	atggacaacc	aggtctctca	gctgaccagc	gagctcaagt	tcatacaagaa	tgctgtcgcc	360
	ggtagtgccg	agacggagag	caagatctac	ctgctgggtga	aggaggagaa	gcgctacgcg	420
	gacgcccagc	tgtcctgcca	ggcgccgggg	ggcacgctga	gcattgcccga	ggacgaggct	480
	gccaatggcc	tgatggccgc	atacctggcg	caagccggcc	tggcccggtg	cttcatcggc	540
50	atcaacgacc	tgagagaagga	ggcgcccttc	gtgtactctg	accactcccc	catgcggacc	600
	ttcaacaagt	ggcgagcggg	tgagcccaac	aatgcctacg	acgaggagga	ctgcgtggag	660
	atggtagcct	cgggcggtcg	gaacgaagtg	gcctgccaca	ccaccatgta	cttcatgtgt	720
	gagtttgaca	aggagaacat	g				741

55 <210> 61

<211> 741

<212> ADN

60 <213> *Homo Sapiens*

65

ES 2 281 413 T3

<400> 61

	atgaggggga atctggccct ggtgggcgtt ctaatcagcc tggccttcct gtcactgctg	60
	ccatctggac atcctcagcc ggctggcgat gacgcctgct ctgtgcagat cctcgtccct	120
5	ggcctcaaag gggatgcggg agagaaggga gacaaaggcg ccccgagacg gcctggaaga	180
	gtcggcccca cgggagaaaa aggtgagaaa ggagattccg gtgacatagg accccctggt	240
	cctaattggag aaccaggcct cccatgtgag tgcagccagc tgcgcaaggc catcggggag	300
	atggacaacc aggtctctca gctgaccagc gagctcaagt tcatcaagaa tgctgtcgcc	360
10	ggtgtgcgcg agacggagag caagatctac ctgctggtga aggaggagaa gcgctacgcg	420
	gacgcccagc tgtcctgcc a gggcgcggg ggcacgctga gcatgccaa ggacgaggct	480
	gccaatggcc tgatggccgc atacctggcg caagccggcc tggcccggtg cttcatcggc	540
15	atcaacgacc tggagaagga gggcgccttc gtgtactctg accactcccc catgcggacc	600
	ttcaacaagt ggcgcagcgg tgagcccaac aatgcctacg acgaggagga ctgcgtggag	660
	atggtggcct cgggcggcgt gaacgacgtg gcctgccaca ccaccatgta cttcatgtgt	720
	gagtttgaca aggagaacat g	741
20		
25		
30		
35		
40		
45		
50		
55		
60		
65		