

República Federativa do Brasil
Ministério do Desenvolvimento, Indústria
e do Comércio Exterior
Instituto Nacional da Propriedade Industrial

(21) **PI0900961-2 A2**



(22) Data de Depósito: 23/03/2009
(43) Data da Publicação: 21/12/2010
(RPI 2085)

(51) *Int.Cl.:*

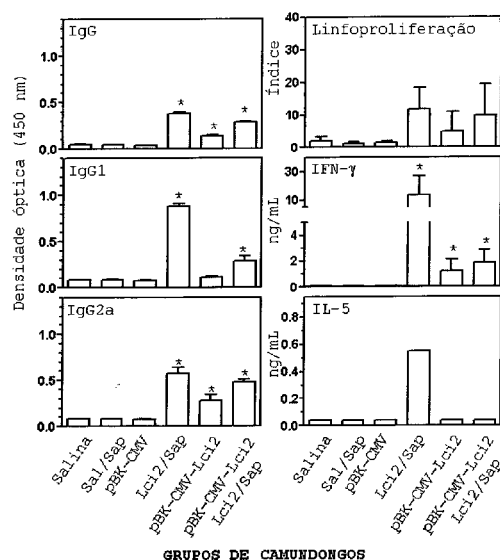
C07K 14/44
C07H 21/04
C07K 16/20
A61K 39/008
G01N 33/53
A61P 3/02

(54) Título: **USO DE ANTÍGENOS DE LEISHMANIA EM MÉTODO DIAGNÓSTICO, VACINA E TERAPIA PARA LEISHMANIOSE**

(73) Titular(es): Fundação Oswaldo Cruz

(72) Inventor(es): Andrea Mendes Pereira, Antonio Carlos Gomes, Cristiane Garboggini Melo de Pinheiro, Edimilson Domingos da Silva, Franklin Barbalho Magalhães, Geraldo Gileno de Sá Oliveira, Lain Carlos Pontes de Carvalho, Lenita Ramires dos Santos, Marco Antonio Araujo Silvany, Márcia Cristina Aquino Teixeira, Nathanael de Freitas Pinheiro Jr., Osvaldo Pompílio de Melo Neto, Patricia Oliveira Meira Santos, Ricardo Evangelista Fraga, Washington Luis Conrado dos Santos

(57) **Resumo:** USO DE ANTÍGENOS DE LEISHMANIA EM MÉTODO DIAGNÓSTICO, VACINA E TERAPIA PARA LEISHMANIOSE. A presente invenção se refere ao uso de antígenos recombinantes diferentes entre si obtidos a partir de genes de *Leishmania chagasi*/*Leishmania infantum*, em ensaios visando identificar, detectar e quantificar anticorpos específicos em material biológico, incluindo soro, plasma, saliva e urina, obtido de seres humanos, de cães e de outros hospedeiros vertebrados da *Leishmania*. Estes antígenos recombinantes ou seus genes ou parte dos genes que os codificam podem ser utilizados para o diagnóstico das leishmanioses, quer seja a infecção e/ou a doença. A presente invenção se refere ainda ao uso desses antígenos recombinantes, ou genes ou parte dos genes que os codificam ou ainda formulações contendo esses antígenos, para o tratamento e/ou vacinas para seres humanos, cães e outros hospedeiros vertebrados, contra leishmanioses.





PI0900961-2

USO DE ANTÍGENOS DE LEISHMANIA EM MÉTODO DIAGNÓSTICO, VACINA E TERAPIA PARA LEISHMANIOSE

Campo da Invenção

A presente invenção se refere ao uso de antígenos, ou
5 parte desses antígenos, identificados, a partir de
bibliotecas genéticas de *Leishmania chagasi*/*Leishmania*
infantum, com o objetivo de identificar, detectar e
quantificar anticorpos específicos em material biológico,
incluindo soro, plasma, saliva e urina provenientes de
10 seres humanos, de cães e de outros hospedeiros vertebrados
da *Leishmania*. Estes antígenos recombinantes ou seus genes
ou parte dos genes que os codificam podem ser utilizados
para o diagnóstico das leishmanioses, quer seja a infecção
e/ou a doença. A presente invenção se refere ainda ao uso
15 desses antígenos recombinantes, ou genes ou parte dos genes
que os codificam ou ainda formulações contendo esses
antígenos, para o tratamento e/ou vacinas para seres
humanos, cães e outros hospedeiros vertebrados, contra
leishmanioses.

20 Fundamentos da Invenção

Leishmania é um gênero de protozoários da família
Trypanosomatidae. Existem cerca de 20 espécies do gênero
Leishmania capazes de causar doença no homem. Esses
protozoários, durante seu ciclo de vida, infectam um inseto
25 vetor hematófago (do gênero *Phlebotomus* ou do gênero
Lutzomyia, ambos da família Psychodidae, comumente
denominado flebótomos) e um hospedeiro vertebrado. Após o
protozoário ser adquirido pelo inseto vetor ele se
transforma dentro do tubo digestivo do hospedeiro

invertebrado, em uma forma alongada com flagelo aparente que é denominada promastigota. No interior do inseto, formas promastigotas aderem-se, por certo período de tempo, às vilosidades das células do epitélio de revestimento do tubo digestivo e, após desenvolverem mudanças bioquímicas e morfológicas (um processo denominado metaciclogênese), perdem a aderência. Durante um novo repasto sanguíneo formas promastigotas metacíclicas podem ser transferidas para a derme de um hospedeiro vertebrado. A partir daí, as formas promastigotas são rapidamente fagocitadas por células do sistema fagocítico mononuclear e, dentro de vesículas denominadas fagolisossomas, adquirem uma forma ovalada, com flagelo quase que completamente restrito a bolsa flagelar, chamada forma amastigota. No interior dos fagolisossomas, formas amastigotas podem se multiplicar, promover a ruptura da célula hospedeira e alcançar o meio extracelular. Posteriormente, as formas amastigotas podem ser interiorizadas por novas células fagocíticas presentes na pele, mucosas e, especialmente, em órgãos com abundante número de células do sistema fagocítico mononuclear, como por exemplo, o baço, o fígado, a medula óssea e os linfonodos. Durante o parasitismo intracelular e ou/ liberação do protozoário, por ruptura ou exocitose, das células hospedeiras, pode ocorrer o desenvolvimento de resposta inflamatória e de resposta imune adaptativa bem como alterações estruturais de órgãos do hospedeiro.

Após a introdução de *Leishmania* em um hospedeiro vertebrado, por exemplo, o homem ou o cão, na dependência do controle sobre a multiplicação do parasito no interior

de fagócitos, o indivíduo pode apresentar infecção subclínica ou exibir manifestações clínicas variadas decorrentes do comprometimento de pele, de mucosa ou de vísceras. Indivíduos que desenvolvem a doença com

5 comprometimento visceral, denominada leishmaniose visceral, tendem a apresentar, principalmente, anemia, hipoalbuminemia, hipergamaglobulinemia, perda de peso, hepatomegalia, esplenomegalia e, na ausência de tratamento específico, na maioria das vezes, morrem. Além disso,

10 paralelamente à apresentação de manifestações clínicas, os indivíduos infectados por *Leishmania chagasi/ infantum* ou por *Leishmania donovani* e, mais raramente, *Leishmania archibaldi*, que talvez seja idêntica a *Leishmania donovani* [Jamjoom, M.B., Ashford, R.W., Bates, P.A., Chance, M.L.,

15 Kemp, S.J., Watts, P.C., and Noyes, H.A. (2004). *Leishmania donovani* is the only cause of visceral leishmaniasis in East Africa; previous descriptions of *L. infantum* and "*L. archibaldi*" from this region are a consequence of convergent evolution in the isoenzyme data. **Parasitology**

20 **129, 399-409**], *Leishmania tropica* [Alborzi, A., Rasouli, M., and Shamsizadeh, A. (2006). *Leishmania tropica*-isolated patient with visceral leishmaniasis in southern Iran. **Am J Trop Med Hyg 74, 306-307**] e *Leishmania amazonensis* [Barral, A., Pedral-Sampaio, D., Grimaldi Junior, G., Momen, H.,

25 McMahon-Pratt, D., Ribeiro de Jesus, A., Almeida, R., Badaro, R., Barral-Netto, M., Carvalho, E.M., and et al. (1991). Leishmaniasis in Bahia, Brazil: evidence that *Leishmania amazonensis* produces a wide spectrum of clinical disease. **Am J Trop Med Hyg 44, 536-546**] que desenvolvem

leishmaniose visceral, produzem grande quantidade de anticorpos reativos a variados antígenos de *Leishmania*.

O diagnóstico da leishmaniose visceral é muitas vezes feito pelo encontro de manifestações clínicas, incluindo as mencionadas acima, e pelo achado de *Leishmania* em material aspirado de órgãos internos, como por exemplo, a medula óssea e o baço. Como a procura do protozoário em material aspirado de órgãos internos é um método pouco sensível e a coleta de material é feita, obrigatoriamente, através de manipulações invasivas, alternativamente o diagnóstico clínico é confirmado por testes sorológicos. Os testes sorológicos mais comumente utilizados, a imunofluorescência indireta (IFI), o ensaio imuno-enzimático (ELISA) e o teste da aglutinação direta (DAT), utilizam *Leishmania* obtida de cultura como fonte de antígeno. Como diferentes lotes do mesmo isolado de *Leishmania*, cultivados apenas em momentos diferentes, podem exibir composição antigênica distinta entre si, a reprodutibilidade desses testes, principalmente em termos de sensibilidade, nem sempre está assegurada [Nolan, T. J. and R. Herman.(1985) "Effects of long-term in vitro cultivation on *Leishmania donovani* promastigotes." *J Protozool* **32(1): 70-5**; Wilson, M. E., K. K. Hardin, et al.(1989) "Expression of the major surface glycoprotein of *Leishmania donovani* chagasi in virulent and attenuated promastigotes." *J Immunol* **143(2): 678-84**]. Além disso, em testes diagnósticos baseados no protozoário inteiro ou em extrato do parasito, resultados falso-positivos ocorrem com alguma frequência, devido à reação cruzada com outros parasitos [Kar, K. (1995). Serodiagnosis of leishmaniasis.

Crit Rev Microbiol 21, 123-152]. Os testes sorológicos baseados no uso de apenas um antígeno recombinante, atualmente disponíveis, podem apresentar sensibilidade variável, uma vez que nem todos os indivíduos infectados por *Leishmania* e enfermos produzem anticorpos contra um mesmo determinado antígeno do parasita [Brandonisio, O., Fumarola, L., Maggi, P., Cavaliere, R., Spinelli, R., and Pastore, G. (2002). Evaluation of a rapid immunochromatographic test for serodiagnosis of visceral leishmaniasis. **Eur J Clin Microbiol Infect Dis** 21, 461-464; Schallig, H.D., Canto-Cavalheiro, M., and da Silva, E.S. (2002). Evaluation of the direct agglutination test and the rK39 dipstick test for the sero-diagnosis of visceral leishmaniasis. **Mem Inst Oswaldo Cruz** 97, 1015-1018; e, Sundar, S., Singh, R.K., Maurya, R., Kumar, B., Chhabra, A., Singh, V., and Rai, M. (2006). Serological diagnosis of Indian visceral leishmaniasis: direct agglutination test versus rK39 strip test. **Trans R Soc Trop Med Hyg** 100, 533-537]. Dessa forma, é importante a ampliação do painel de antígenos recombinantes, por meio de seleção e produção, para o desenvolvimento de testes sorodiagnostics mais sensíveis e específicos.

A leishmaniose visceral encontra-se em franca expansão no Brasil e no mundo. Os métodos utilizados no controle da leishmaniose visceral envolvem tratamento de casos humanos, combate ao inseto vetor e controle da infecção nos reservatórios como, por exemplo, o cão. Esses métodos são onerosos e trabalhosos e, por isso, freqüentemente não podem ser aplicados de forma continuada de tal forma a

promover uma restrição permanente da incidência da doença. Uma vacina contra leishmaniose capaz de prevenir o desenvolvimento da doença, da infecção nos hospedeiros vertebrados, como por exemplo, o homem ou o cão, ou
 5 prevenir a transmissão do protozoário do hospedeiro vertebrado para o inseto vetor, deverá contribuir para o controle da enfermidade.

O sistema imune dos animais vertebrados, que é composto por órgãos, tecidos, células e moléculas,
 10 distribuídos pelo corpo, é capaz desenvolver respostas imunes adaptativas (ou específicas) eficientes no controle da multiplicação de microrganismos invasores e, dessa forma, impedir o estabelecimento de doenças promovidas por tais microrganismos [Pulendran, B. (2004). Modulating
 15 vaccine responses with dendritic cells and Toll-like receptors. **Immunol Rev 199, 227-250**].

As respostas imunes adaptativas podem ser agrupadas em respostas imunes humorais (que podem ser T independentes ou T-dependentes) e respostas imunes celulares.

20 Nas respostas imunes humorais T-dependentes, linfócitos T CD4 produtores de citocinas como IL-4, IL-5, IL-10 e IL-13, estimulam linfócitos B a se diferenciarem e produzirem imunoglobulinas, que funcionam como moléculas efectoras [Mosmann, T.R., and Sad, S. (1996). The expanding
 25 universe of T-cell subsets: Th1, Th2 and more. **Immunol Today 17, 138-146**; e, Coffman, R.L. (2006). Origins of the T(H)1-T(H)2 model: a personal perspective. **Nat Immunol 7, 539-541**].

Nas respostas imunes celulares, também denominadas de resposta imune do tipo Th1, linfócitos T CD4, produtores de citocinas como interferon gamma (IFN- γ), interleucina (IL-2) e fator de necrose tumoral (TNF) estimulam a atividade microbicida de macrófago e/ou a atividade citolítica de linfócitos T CD8 (linfócitos citotóxicos), resultando na destruição de microrganismos presentes em compartimentos intracelulares [Mosmann, T.R., and Sad, S. (1996). The expanding universe of T-cell subsets: Th1, Th2 and more. **Immunol Today** 17, 138-146; e, Sher, A., and Coffman, R.L. (1992). Regulation of immunity to parasites by T cells and T cell-derived cytokines. **Annu Rev Immunol** 10, 385-409].

Nos hospedeiros vertebrados, como por exemplo, o homem e o cão, além do camundongo, esse último, utilizado como modelo experimental, o controle sobre a multiplicação da *Leishmania* (da infecção) e, conseqüentemente, sobre o estabelecimento de doença, está associado a desenvolvimento de resposta imune do celular específica do tipo Th1. Nesse tipo de resposta imune, células T CD4 específicas (para antígenos de *Leishmania*) ativadas produzem, principalmente, as citocinas interferon gama e IL-2 e, a primeira, favorece ativação de células fagocíticas capazes de destruir *Leishmania* dentro dos fagolisossomas, através da produção de radicais livres de óxido nítrico e de oxigênio. A maioria dos seres humanos enfermos com leishmaniose visceral quando são especificamente tratados com drogas como antimoniais pentavalentes (especialidades farmacêuticas: Glucantime ou Pentostan), ou anfotericina B, entre outras, desenvolvem cura clínica e, independentemente

de permanecerem em área endêmica, portanto, sujeitos à re-infecção, não apresentam recaída ou novo episódio de doença. O estado de resistência adquirido, após o tratamento quimioterápico, ocorre associado ao aparecimento
5 de resposta imune celular específica do tipo Th1.

Por outro lado, cães que desenvolvem leishmaniose visceral e são submetidos ao tratamento quimioterápico específico, na maioria das vezes, com as mesmas drogas usadas no tratamento humano, embora desenvolvam redução da
10 carga parasitária e remissão das manifestações clínicas, apresenta, com grande frequência, recaída após a interrupção da administração dos fármacos, mesmo quando na ausência de re-infecção [Slappendel, R. J. and E. Teske.(1997) "The effect of intravenous or subcutaneous
15 administration of meglumine antimonate (Glucantime) in dogs with leishmaniasis. A randomized clinical trial." **Vet Q 19(1): 10-3**]. Durante o período de remissão clínica, os cães tendem apresentar resposta imune celular específica, que desaparece com a recaída da enfermidade. Tais fatos
20 sugerem que métodos terapêuticos adicionais, como por exemplo, imunoterapia, provavelmente são necessários para a indução de um estado de resistência duradoura contra a leishmaniose visceral no cão.

A leishmaniose visceral ocorre em 65 países e
25 constitui-se em um sério problema para saúde pública, em especial para a Índia, Bangladesh, o Nepal, o Sudão e o Brasil. Em vários países, nas últimas décadas, tem sido difícil manter o controle da infecção por *Leishmania viscerotrópica* e tem ocorrido um aumento do número de casos

de infecção e de doença, tanto em seres humanos quanto no cão.

Tanto uma vacina quanto uma imunoterapia eficaz contra a Leishmaniose Visceral Canina - LVC, que estabeleçam um estado de resistência contra a infecção, prevenindo o desenvolvimento da doença e/ou promovendo esterilização da infecção e/ou impedindo a transmissão de *Leishmania* de cão para flebótomo, seriam de grande utilidade no controle da endemia. Reagentes capazes de atuar tanto na prevenção como no tratamento seriam ideais. Estes seriam altamente desejáveis por várias razões, como por exemplo: (a) uma campanha de vacinação e/ou imunoterapia canina seria bem menos onerosa e demorada do que o atual programa de eliminação de cães, e mesmo do que um possível programa de vacinação humana, (b) sua aceitação seria grande nas comunidades, pois evitaria o sacrifício de cães; (c) os cães com resistência induzida pela vacinação e/ou imunoterapia permaneceriam na área, diminuindo o aporte de novos cães susceptíveis (o que ocorre prontamente após a eliminação de cães).

Pelas razões mencionadas acima, continua havendo carência de ferramentas para o controle da infecção, tais como vacinas, formulações imunoterapêuticas e métodos para diagnóstico da doença e detecção da infecção, especialmente em doadores de sangue e em indivíduos (homem e cão) de áreas endêmicas. Nesse sentido, a presente invenção tem como finalidade eliminar a referida carência.

Sumário da Invenção

Um primeiro objetivo da presente invenção é proporcionar antígenos recombinantes identificados a partir de bibliotecas genéticas de *Leishmania chagasi*/*Leishmania infantum*. Mais especificamente, esses antígenos recombinantes são codificados pelos genes, ou parte dos genes, indicados a seguir: *Lci1*, *Lci2*, *Lci3*, *Lci4*, *Lci5*, *Lci6*, *Lci7*, *Lci8*, *Lci9*, *Lci10*, *Lci11*, *Lci12*, e *Lci13*. Como ilustrado na invenção esses antígenos recombinantes podem ser usados para identificar, detectar e quantificar anticorpos específicos em material biológico, incluindo soro, plasma, saliva e urina, obtido de seres humanos, de cães e de outros hospedeiros vertebrados da *Leishmania*. Pretende-se assim utilizar estes antígenos recombinantes ou seus genes ou parte dos genes que os codificam para o diagnóstico das leishmanioses, quer seja a infecção e/ou a doença.

É ainda um objetivo da invenção, usar esses antígenos recombinantes, ou genes ou parte dos genes que os codificam ou ainda formulações contendo esses antígenos, para o tratamento e/ou vacinas para seres humanos, cães e outros hospedeiros vertebrados, contra leishmanioses.

Breve Descrição dos Desenhos

A **Figura 1** é uma representação esquemática das regiões codificadoras dos clones de cDNA que contém segmentos com motivos repetitivos.

A **Figura 2** é uma representação esquemática das regiões codificadoras contidas dentro dos fragmentos dos clones genômicos que contém segmentos com motivos repetitivos.

A **Figura 3** mostra uma comparação entre a seqüência dos domínios repetitivos de 39 aminoácidos encontrados correspondentes aos insertos dos clones *Lci2A* e *Lci2B* e a seqüência consensual dos domínios repetitivos incluídos na seqüência do rK39 patenteada. Na **Figura 3A** está apresentada a seqüência consensual patenteada para o domínio repetitivo do rK39. A **Figura 3B** lista todos os domínios repetitivos presentes nos clones *Lci2A* e *Lci2B* sendo que os aminoácidos que divergem da seqüência consensual do rK39 estão sublinhados. A seqüência consensual derivada dos domínios do antígeno recombinante *Lci2B* (r*Lci2B*) está apresentada na **Figura 3C** para fins ilustrativos.

A **Figura 4** mostra um ensaio de "dipstick" realizado em uma tira de plástico flexível (P), dobrável longitudinalmente em sua região central, onde foram colados pequenos retângulos de papel de nitrocelulose (a-h) sensibilizados com antígenos ou soluções contendo proteínas controle.

A **Figura 5** mostra uma análise representativa de algumas das proteínas recombinantes selecionadas utilizadas nos ensaios de ELISA para imunodiagnóstico.

A **Figura 6** mostra o resultado de dois conjuntos de ELISA realizados com os antígenos r*Lci1A*, r*Lci2B*, r*Lci4A*, r*Lci6A*, r*Lci7A*, r*Lci10A-II*, r*Lci12A-II* e r*Lci13A* e com os antígenos r*Lci5A-I*, r*Lci8A-I*, r*Lci9A-I* e r*Lci11A-I* e soros de cães naturalmente infectados por *Leishmania chagasi* / *Leishmania infantum* (casos confirmados parasitologicamente) ou de cães sadios de área não endêmica (controle negativo). Cada símbolo corresponde ao resultado, em densidade óptica,

obtido de um soro individual. A linha horizontal (de lado a lado do gráfico) corresponde a média mais três desvios padrão dos resultados obtidos com os soros grupo controle.

A **Figura 7** mostra o resultado de ELISA realizado com os antígenos rLci1A, rLci2B, rLci6A, rLci7A, rLci10A-II e rLci12A-II e soros de pacientes humanos com leishmaniose visceral (LV) e de indivíduos sadios (controle negativo). Cada símbolo corresponde ao resultado, em densidade óptica, obtido de um soro individual. A linha horizontal (de lado a lado do gráfico) corresponde a média mais três desvios padrão dos resultados obtidos com os soros grupo controle.

A **Figura 8** mostra o resultado de um teste rápido ("lateral flow"), utilizando uma mistura em partes iguais dos antígenos rLci1A e rLci2B.

A **Figura 9** mostra a avaliação da resposta imune de camundongos injetados com salina, rLci2B ou rLci2B em associação com saponina. A **Figura 9** mostra ainda os ensaios de linfoproliferação e de produção de IFN- γ e IL-5.

A **Figura 10** mostra a avaliação da resposta imune de camundongos injetados com salina, salina/saponina, plasmídeo pBK-CMV sem inserto, rLci2B/saponina, pBK-CMV-*Lci2B* ou pBK-CMV-*Lci2B* seguido de rLci2B/saponina. A **Figura 10** mostra ainda os ensaios de linfoproliferação e de produção de IFN- γ e IL-5.

A **Figura 11** mostra a avaliação da resposta imune específica de camundongos injetados com salina, plasmídeo pBK-CMV sem inserto, pBK-CMV-*Lci2B* ou pBK-CMV-*Lci3A*.

A **Figura 12** mostra a avaliação da resposta imune de camundongos injetados com salina, plasmídeo pBK-CMV sem

inserto ou uma mistura dos plasmídeos pBK-CMV-*Lci1A* (*pLci1A*), pBK-CMV-*Lci2B* (*pLci2B*), pBK-CMV-*Lci3A* (*pLci3A*) e pBK-CMV-*Lci4A* (*pLci4A*).

A **Figura 13** mostra a resposta imune de cães que foram
 5 injetados com salina/saponina, r*Lci1A*/r*Lci2B*/saponina ou r*Lci1A*/r*Lci2B*/saponina em associação com pcDNA3.1-scca-IL-12.

Descrição Detalhada da Invenção

A invenção está baseada na identificação de proteínas
 10 de *L. chagasi* / *L. infantum* as quais foram selecionadas devido à presença de alto título de anticorpos contra *L. chagasi* / *L. infantum* em amostras de sangue de humanos, que apresentavam manifestações clínicas de LV, ou de cães que exibiam infecção natural por *L. chagasi* / *L. infantum*. A
 15 invenção, assim, consiste no uso de antígenos diferentes, entre si, *Lci1*, *Lci2*, *Lci3*, *Lci4*, *Lci5*, *Lci6*, *Lci7*, *Lci8*, *Lci9*, *Lci10*, *Lci11*, *Lci12*, e *Lci13*, ou parte desses antígenos, identificados a partir de bibliotecas genéticas de *Leishmania chagasi*/*Leishmania infantum*, úteis para
 20 identificar, detectar e quantificar anticorpos específicos em material biológico obtido de seres humanos, de cães e de outros hospedeiros vertebrados da *Leishmania*. Estes antígenos ou seus genes ou parte dos genes que os codificam podem então ser utilizados para o diagnóstico das
 25 leishmanioses, quer seja a infecção e/ou a doença.

A invenção propõe ainda usar os antígenos *Lci1*, *Lci2*, *Lci3*, *Lci4*, *Lci5*, *Lci6*, *Lci7*, *Lci8*, *Lci9*, *Lci10*, *Lci11*, *Lci12*, e *Lci13*, ou parte desses antígenos ou genes ou parte dos genes que os codificam ou ainda formulações contendo

esses antígenos, no tratamento e/ou em vacinas para seres humanos, cães e outros hospedeiros vertebrados, contra leishmanioses.

Diversos processos conhecidos do estado da arte podem ser aqui empregados para obtenção das seqüências de polinucleotídeos que codificam para os polipeptídeos Lci1, Lci2, Lci3, Lci4, Lci5, Lci6, Lci7, Lci8, Lci9, Lci10, Lci11, Lci12, e Lci13, ou parte desses polipeptídeos. Esses processos incluem, mas não estão limitados a: (i) técnica de isolamento de DNA usando hibridização de cDNA ou bibliotecas genômicas com sondas para detecção de seqüências homólogas de nucleotídeos; (ii) seleção por anticorpos das bibliotecas de expressão para detectar fragmentos de DNA clonado com aspectos estruturais compartilhados; (iii) reação em cadeia da polimerase (PCR) em cDNA ou DNA genômico usando iniciadores capazes de amplificar seqüências de DNA de interesse; (iv) buscas computadorizadas de base de dados de seqüências similares aquelas de polinucleotídeos que codificam Lci1, rLci2B, Lci3, Lci4, Lci5, Lci6, Lci7, Lci8, Lci9, Lci10, Lci11, Lci12, e Lci13; e, (v) síntese química de polinucleotídeos.

Na presente invenção a identificação dos antígenos foi baseada no conhecimento de que existe expressão diferencial de antígenos de *Leishmania* durante a cultura (*in vitro*) e durante infecção do hospedeiro (*in vivo*). Acredita-se que a expressão diferencial de antígenos de *Leishmania* é importante na adaptação do parasito durante a infecção. A presente invenção utilizou uma estratégia para identificar

os antígenos imunoreativos e, assim, os antígenos que são expressos durante infecção do hospedeiro.

Visando a obtenção de novos antígenos recombinantes a serem avaliados em ensaios imunodiagnósticos e/ou como
5 componentes de vacina e/ou método imunoterápico, foram confeccionadas uma biblioteca de cDNA e outra genômica de *Leishmania chagasi/infantum*. A biblioteca de cDNA foi elaborada usando-se RNA de formas amastigotas purificadas de baço de hamsters enquanto que a biblioteca genômica foi
10 elaborada usando-se DNA de formas promastigotas de cultura da cepa de MHOM/BR2000/Merivaldo2 de *Leishmania chagasi/infantum*. Utilizando-se estas bibliotecas, e mais uma segunda biblioteca de cDNA obtida independentemente, foram selecionados um conjunto de clones recombinantes que
15 codificam antígenos com propriedades que os habilitam a serem usados tanto no diagnóstico da leishmaniose visceral como constituintes de vacina e/ou imunoterápicos.

Parasitas

O isolado de *Leishmania chagasi/infantum* utilizado foi
20 obtido pela punção aspirativa de baço de um ser humano com manifestações clínicas de leishmaniose visceral (LV). O paciente, do qual foi isolada a *Leishmania*, residia em Jequié-Bahia, Brasil, que é uma área endêmica para leishmaniose visceral. A partir do isolamento a *Leishmania*
25 foi mantida em laboratório através de passagens sucessivas em meio de cultura e congelamento em nitrogênio líquido ou passagens sucessivas em hamsters, nos quais a infecção exibe desfecho letal. Esse isolado (MHOM/BR2000/Merivaldo2)

foi definido como *Leishmania chagasi/infantum* pelo perfil de isoenzimas.

Para obtenção de formas promastigotas, os parasitas foram cultivados em meio de Schneider (Sigma-Aldrich, Saint Louis, MO, EUA) com 20 % de soro bovino fetal (SBF, Invitrogen Corporation). Formas amastigotas desse isolado foram obtidas a partir de baço e fígado de hamsters, previamente inoculados com 1×10^8 formas promastigotas de cultura, submetidas a um pequeno número de passagens sucessivas, por via intraperitoneal. Para isso, tecido macerado de fígado e baço foi submetido à centrifugação sobre um gradiente de Percoll, conforme método descrito por Chang, K.P. (1980). Human cutaneous leishmania in a mouse macrophage line: propagation and isolation of intracellular parasites [**Science 209, 1240-1242**].

Soros utilizados

Durante a realização de atividades de vigilância epidemiológica em uma área endêmica de leishmaniose visceral, em Jequié-Bahia (BR), cerca de cem cães domiciliados ou errantes foram estudados. Amostras de sangue foram coletadas e, a partir daí, alíquotas de soro foram obtidas e armazenadas a -20° C. Além disso, as respostas imunes humoral e celular específicas para *Leishmania* foram avaliadas na maioria desses cães. Alguns desses animais foram submetidos a necropsia, sendo que, imediatamente após a realização do sacrifício de cada animal, foi realizada punção aspirativa do baço. Parte do material aspirado do baço foi transferida para tubos contendo meio bifásico de cultura para detecção de

Leishmania, conforme método previamente descrito por Barrouin-Melo et al., 2006 [Barrouin-Melo, S.M., Larangeira, D.F., de Andrade Filho, F.A., Trigo, J., Juliao, F.S., Franke, C.R., Palis Aguiar, P.H., Conrado dos-Santos, W.L., and Pontes-de-Carvalho, L. (2006). Can spleen aspirations be safely used for the parasitological diagnosis of canine visceral leishmaniosis? A study on asymptomatic and polysymptomatic animals. **Vet J** 171, 331-339].

10 Para a seleção de antígenos recombinantes na biblioteca de cDNA de *Leishmania* (ver descrição abaixo), uma mistura de soro de quatro cães, exibindo resultado positivo na cultura para detecção de *Leishmania* e no teste de hipersensibilidade cutânea tardia (reação de Montenegro)

15 foi preparada com volumes iguais de soro de cada animal. Para seleção de antígenos recombinantes de *Leishmania* na biblioteca genômica (ver descrição abaixo), amostras de soros de seres humanos, com manifestações clínicas de leishmaniose visceral e infecção confirmada pelo encontro

20 de *Leishmania* em material aspirado de medula óssea, foram cedidas pela Dra. Aldina Barral, do Centro de Pesquisas Gonçalo Moniz, Fundação Oswaldo Cruz, Salvador-Bahia. Após a realização de Western blot, foi preparada uma mistura de seis soros, com volume igual de cada soro, selecionados por

25 reagir, separadamente, a vários antígenos de formas promastigotas de *Leishmania chagasi*, a qual foi utilizada na seleção dos clones da biblioteca genômica.

Confecção de bibliotecas de cDNA e genômica de *Leishmania chagasi/infantum*

A confecção da biblioteca de cDNA foi realizada usando-se RNA de formas amastigotas de *Leishmania chagasi/infantum* e reagentes da Stratagene Corporation (Stratagene Corporation, La Jolla, EUA), seguindo-se as instruções do fabricante. Resumidamente, RNA total extraído de formas amastigotas, usando-se Trizol (Invitrogen), foi usado para transcrição reversa. Posteriormente, foi realizada a síntese da segunda fita de cDNA. Sítios de restrição para as endonucleases *EcoR* I e *Xho* I foram colocados nas extremidades 5' e 3' das moléculas de cDNA de *Leishmania*. Em seguida, as moléculas de cDNA de *Leishmania* foram ligadas a dois fragmentos DNA (braço direito e braço esquerdo) do bacteriófago λ ZAP Express, previamente digeridos pelas endonucleases *EcoR* I e *Xho* I, e o produto da ligação foi incubado com as proteínas de empacotamento para gerar partículas virais.

A biblioteca genômica também foi confeccionada usando-se reagentes da Stratagene. Resumidamente, cerca de 100 ng de DNA genômico de formas promastigotas de *Leishmania*, parcialmente digeridos pela endonuclease Tsp509I (New England Biolabs Inc., Ipswich, MA, EUA) foram ligados aos braços do bacteriófago λ ZAP Express, previamente digerido com *EcoR* I e, depois disso, o produto da ligação foi submetido a empacotamento para gerar partículas virais. Mais tarde, as bibliotecas foram tituladas antes e depois da amplificação dos clones, usando-se *Escherichia coli* da linhagem XL1-Blue.

Seleção dos antígenos recombinantes

Para a seleção de antígenos da biblioteca de cDNA, foram preparadas placas de petri com meio sólido NZY-1,5 % Agar [NaCl a 0,5 % (m/v) - $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ a 0,2 % (m/v) - extrato de levedura a 0,5 % (m/v) - caseína hidrolisada a 1 % (m/v) - agar a 1,5 % (m/v)]. Sobre NZY-1,5 % Agar, foi colocada uma camada formada pela mistura de NZY-0,7 % Agar, *E. coli* XL1-Blue e cerca de 1×10^3 partículas virais da biblioteca. As placas de petri foram incubadas a 42°C. Cerca de quatro horas depois, membranas de nitrocelulose, previamente incubadas com isopropil-tio-galactopiranosídeo (IPTG), foram colocadas sobre a camada de cima do meio de cultura e as placas de petri foram incubadas a 37°C por mais oito horas. As membranas de nitrocelulose foram removidas, bloqueadas com leite desnatado a 5 % em salina tamponada com fosfato a 0,15 M, pH 7,4 (PBS), com 0.05% Tween 20 (PBS-T) a 4°C por cerca de 14 horas. Em seguida, as membranas foram incubadas com uma mistura de soro de cães, diluída de 1:800 em leite desnatado a 5 % - PBS-T, por 1 h, a temperatura ambiente (20°C - 23°C), sob suave agitação. Depois disso, as membranas foram lavadas com PBS-T e incubadas com imunoglobulinas de cabra conjugadas com peroxidase, diluídas de 1:1000 em leite desnatado a 5 % - PBS-T, específicas para IgG de cão (Sigma-Aldrich), por mais 1 h a temperatura ambiente, sob suave agitação. As membranas foram lavadas e, em seguida, reveladas com tetrametilbenzidina (TMB) e peróxido de hidrogênio em tampão fosfato-citrato. A seleção de antígenos da biblioteca genômica foi realizada com anticorpos humanos, essencialmente, conforme método descrito acima. Para isso,

membranas de nitrocelulose bloqueadas com leite desnatado a 5 % - PBS-T foram incubadas, sucessivamente, com uma mistura de seis soros humanos, diluída de 1:1000, imunoglobulinas de coelho conjugadas com peroxidase (Sigma-Aldrich), diluídas de 1:3000 e substrato de peroxidase. Nas membranas de nitrocelulose, foram identificadas as áreas correspondentes a placas de lise bacteriana causadas por clones de bacteriófago λ ZAP Express. Foram coletados cilindros das placas de petri correspondentes a clones de bacteriófagos indutores da produção de polipeptídeos recombinantes de *Leishmania* reativos a anticorpos específicos. Cada um desses cilindros foi, separadamente, transferido para um tubo do tipo Eppendorf contendo 200-500 μ L de tampão SM (NaCl a 0,1 M, $MgSO_4$ a 8 mM, Tris-HCl a 50 mM, pH 7,5, e gelatina 0,01 %). Uma a duas gotas de clorofórmio foram acrescentadas a cada tubo. Para obtenção de clones isolados, foram realizados mais dois ciclos de geração de placas de lise, impregnação de membrana de nitrocelulose e reação com anticorpos específicos. Para uso como controle negativo em alguns experimentos, foi obtido um clone de bacteriófago λ ZAP Express sem inserto de *Leishmania*, seguindo-se as orientações do fabricante (Stratagene).

Obtenção de fagomídeos pBK-CMV

A obtenção dos fagomídeos (fagimídeos) foi realizada conforme as instruções do fabricante (Stratagene). Resumidamente, amostras *E. coli* XL1-Blue foram infectadas com cada clone de bacteriófago λ , separadamente, incluindo o clone controle negativo, e o bacteriófago filamentosos

auxiliador ExAssist e, depois, foram cultivadas em caldo NZY por 3 h. Após aquecimento da suspensão bacteriana, para lise de bacteriófago λ ZAP Express, amostras de bacteriófagos filamentosos empacotados com pBK-CMV de fita simples de DNA, exibindo inserto de *Leishmania* ou sem inseto (controle negativo), foram usadas para infectar *E. coli* XL0LR, para gerar pBK-CMV de fita dupla de DNA (dsDNA pBK-CMV). A partir daí, dsDNA pBK-CMV foram manipulados como plasmídeos convencionais. Alternativamente, no caso da segunda biblioteca de cDNA, o processo de excisão gerou clones com o plasmídeo pBluescript SK(-) (Stratagene).

Caracterização dos antígenos recombinantes

As seqüências de DNA das extremidades 5' e 3' dos insertos presentes nos clones derivados das bibliotecas de cDNA e genômica de *Leishmania chagasi/infantum* foram obtidas a partir de reações de seqüenciamento com di-desoxiribonucleotídeos, usando-se amostras de DNA dos plasmídeos pBK-CMV obtidos a partir dos bacteriófagos isolados no processo de seleção. Este seqüenciamento foi realizado utilizando-se oligonucleotídeos iniciadores universais, como por exemplo, M13F e M13R, que se anelam a regiões que flanqueiam os insertos de *Leishmania*, e reagentes da Applied Biosystems (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA), seguindo-se as recomendações o fabricante. Os produtos das reações foram fracionados em seqüenciador ABI3100 (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA). O seqüenciamento das extremidades do plasmídeo pBluescript® SK(-) contendo o inserto *Lc13A* foi realizado da mesma forma.

A identificação dos insertos foi realizada utilizando-se as seqüências obtidas no sequenciamento preliminar em buscas com o programa BLAST ("Basic Local Alignment Search Tool") contra seqüências protéicas de tripanosomatídeos disponíveis nas páginas do banco de dados GeneDb (www.genedb.org - "The Wellcome Trust Institute, Pathogen Sequencing Unit") e também do GenBank no NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov - "National Center for Biotechnology Information"). Nas etapas subseqüentes, e de forma a evitar redundâncias, nos casos em que vários clones codificavam para uma mesma proteína, um ou no máximo dois clones codificando segmentos de cada proteína foram escolhidos de forma arbitrária, e denominados com o nome da proteína seguido de uma letra maiúscula. A maioria dos insertos contidos nos clones selecionados das bibliotecas de cDNA (*Lci2A* e *Lci2B*, *Lci3A* e *Lci3B*, *Lci4A* e *Lci13A*), assim como o inserto do clone *Lci9A* da biblioteca genômica, foram então seqüenciados em sua totalidade por meio da utilização de oligonucleotídeos iniciadores que se anelam especificamente a seqüências internas dos insertos e ou deleção de segmentos internos por digestão com enzimas de restrição seguida de nova reação de sequenciamento. Este sequenciamento foi em parte realizado utilizando-se o seqüenciador AlfII da empresa Amersham Biosciences e em parte o seqüenciador ABI3100 da Applied Biosystems. No caso do *Lci13A*, parte do sequenciamento foi realizado a partir da subclonagem de fragmentos menores internos em um segundo vetor de clonagem (pTZ18R, PL-Pharmacia, número de acesso no GenBank: L08956) e sequenciamento com os iniciadores

M13F e M13R. Com relação aos clones derivados da biblioteca genômica (*Lci6A*, *Lci7A*, *Lci8A*, *Lci10A*, *Lci11A* e *Lci12A*), e também os clones *Lci1A* e *Lci5A* das bibliotecas de cDNA, as seqüências parciais obtidas das extremidades de cada
5 inserto foram utilizadas em novas buscas com o programa BLAST contra seqüências genômicas de nucleotídeos de *L. chagasi/infantum* disponíveis na página do GeneDb. No caso das seqüências das extremidades 5', foram encontradas seqüências equivalentes (idênticas em praticamente 100% dos
10 nucleotídeos) dentro de regiões preditas como codificadoras de proteínas enquanto que as seqüências 3' correspondentes se alinharam com seqüências próximas dentro da mesma região codificadora ou em regiões intergênicas/codificadoras vizinhas. Em todos os casos as seqüências 5' e 3' de um
15 mesmo fragmento estavam compatíveis com a presença de um único segmento cromossômico (ou cDNA para os *Lci1A* e *Lci5A*) e delimitavam dessa forma suas extremidades. Na maioria das análises subseqüentes foram então utilizadas as regiões codificadoras identificadas pelas seqüências 5' de cada
20 inserto.

Subclonagem em vetor de expressão pRSET

De forma a expressar as respectivas proteínas recombinantes fusionadas a uma cauda de 6 histidinas na sua extremidade amino-terminal, que permite a purificação
25 destas proteínas por cromatografia de afinidade, os insertos codificando segmentos ou a totalidade das proteínas rLci1, rLci2, rLci3, rLci4, rLci5, rLci6, rLci7, rLci8, rLci9, rLci10, rLci11, rLci12 e rLci13, contidos nos clones selecionados, foram subclonados em plasmídeos da

série pRSET (Invitrogen), utilizando-se métodos de biologia molecular convencionais. Resumidamente, para as subclonagens, cada um dos plasmídeos de interesse e amostras de uma das versões (A, B ou C) do plasmídeo pRSET foram submetidas a digestão dupla com endonucleases de restrição. Em seguida, os produtos das reações de digestão foram purificados, após fracionamento em gel de agarose, e submetidos à reação de ligação. Os produtos de ligação foram utilizados para transformar amostras de *E. coli* competentes (DH5-alfa ou TOP10) para o subsequente isolamento de clones recombinantes contendo os novos plasmídeos. Para cada inserto foi utilizada uma estratégia de subclonagem distinta, definida de acordo com a ocorrência de sítios de restrição compatíveis com a subclonagem e com a fase de leitura adequada para a produção dos polipeptídeos recombinantes. Em algumas situações foi possível subclonar os insertos em sua totalidade enquanto em outras situações apenas fragmentos menores foram selecionados. Em todos os casos, as construções resultantes codificavam uma proteína de fusão com um segmento de 32 aminoácidos (decorrente do vetor pRSET, MRGSHHHHHHGMASMTGGQQMGRDLYDDDDKD, que inclui a sequência de 6 histidinas sublinhada) na extremidade aminoterminal seguido do segmento protéico codificado pelo DNA recombinante de *Leishmania* e, entre os dois, alguns poucos aminoácidos codificados pelos múltiplos sítios de clonagem do vetor. Dependendo dos sítios de clonagem utilizados, nos insertos originários da biblioteca genômica, sem sítios de terminação da tradução, alguns aminoácidos codificados pelo

vetor também foram incluídos na extremidade C-terminal das proteínas.

A seguir segue uma descrição individual de cada uma das subclonagens realizada.

5 ***Lci1A***

O fragmento de ~3 kb obtido por digestão com as enzimas de restrição *BamH* I e *Xho* I do plasmídeo pBK-CMV-*Lci1A*, compreendendo toda a sequência codificadora da proteína mais 162 nt da extremidade 5' não traduzível do seu cDNA, foi subclonado entre os mesmos sítios do vetor pRSET-B. A proteína recombinante resultante contém na sua extremidade amino-terminal, além do segmento codificado pelo vetor pRSET, um segmento extra de 54 aminoácidos codificados pelo fragmento da extremidade 5' não traduzível do cDNA (sequência:

DPKHALALKLSEENTYAHRHTSLSLCALLRNPITLLPPPPPIPHANTHTTTAAE

com um peso molecular predito final de cerca de 88 kDa.

Lci2A* e o *Lci2B

Dois clones distintos de pBK-CMV com insertos de cDNAs de 1902 (*Lci2A*) e 1203 (*Lci2B*) nt foram identificados. Para a expressão da respectiva proteínas recombinantes, o inserto *Lci2B* foi recuperado por digestão com as enzimas de restrição *BamH* I e *Kpn* I e subclonado nos mesmos sítios do plasmídeo pRSET-B.

25 ***Lci3A* e *Lci3B***

Dois clones distintos de pBK-CMV com insertos de cDNAs com insertos de cDNAs de 2265 (*Lci3A*) e 1890 (*Lci3B*) nt foram identificados. O fragmento de cDNA original de 2265 nt (*Lci3A*) foi subclonado sob a forma de 2 fragmentos

distintos, levando a produção de 2 proteínas de fusão com propriedades antigênicas diferenciadas. Em um primeiro momento, um fragmento de ~1300 nt foi obtido por digestão com as enzimas *EcoR* I e *Hind* III e subclonado nos mesmos sítios do vetor pRSET-C (construção denominada pRSET-*Lci3A-R22*). Um segundo fragmento de ~1500 nt foi recuperado por digestão com *Sac* I / *Kpn* I e subclonado entre os mesmos sítios do vetor pRSET-A (*Lci3A-R3*).

Lci4A

Para a expressão da respectiva proteína recombinante o fragmento de ~2180 pb do cDNA original foi recuperado por digestão com as enzimas restrição *BamH* I e *Kpn* I e subclonado nos mesmos sítios do plasmídeo pRSET-B.

Lci5A

Dois fragmentos de 915pb (*Lci5A-I*) e de 468pb (*Lci5A-II*) foram amplificados a partir do clone *Lci5A* com um mesmo par de oligonucleotídeos (oligonucleotídeo 5' - 5'CGA GGT ACC GGC GCA GCG TGA GGA GCA GGC3'; oligonucleotídeo 3' - 5'CGA GAA TTC CAC CGG TGG CTC CTC CTG CTG3'). Estes fragmentos foram clonados no vetor pGEM-T Easy (Promega) e subclonados nos sítios de *Kpn* I e *EcoR* I do vetor pRSET-C, utilizando sítios de enzimas de restrição incluídos nos oligonucleotídeos (sublinhados). A expressão dos plasmídeos resultantes em *E. coli* leva a produção de proteínas recombinantes, e/ou seus produtos de degradação, de ~33kDa e ~16kDa, respectivamente, para os *Lci5A-I* e *Lci5A-II*.

Lci6A

Um fragmento de 582 pb do inserto foi recuperado por digestão com as enzimas de restrição *BamH* I/*Hind* III e

subclonado entre os mesmos sítios do vetor pRSET-C. A proteína recombinante resultante migra em gel de SDS-PAGE com um peso molecular aparente de ~30 kDa. Um segundo fragmento, de cerca de 3,8 Kb foi obtido por digestão com
5 *BamH* I/*Kpn* I e subclonado entre os mesmos sítios do pRSET-C. Este plasmídeo leva a produção de uma proteína recombinante de ~40kDa, provavelmente gerada pela clivagem proteolítica da proteína, mantendo contudo sua extremidade N-terminal, que inclui a sequência de poli-histidinas,
10 intacta.

Lci7A

Um fragmento de 2429 pb (que inclui 1437 pb da sequência codificadora mais 982 da região intergênica subsequente) foi recuperado por digestão com as enzimas de
15 restrição *BamH* I/*Sal* I e subclonado nos sítios de *BamH* I/*Xho* I do plasmídeo pRSET-B (extremidade de DNA gerada pela digestão com *Sal* I pode ligar-se à extremidade de DNA gerada pela digestão com *Xho* I). A proteína recombinante resultante migra em SDS-PAGE com um peso molecular de cerca
20 de 65 kDa.

Lci8A

Um fragmento de 3145 pb foi recuperado por digestão com *BamH* I/*Xho* I e subclonado nos mesmos sítios do vetor pRSET-B. A proteína recombinante resultante migra em SDS-
25 PAGE com um peso molecular superior a 100 kDa. Variantes dessa proteína foram obtidas por meio da deleção, no gene clonado no pRSET-B, de múltiplos fragmentos de DNA que codificam para os domínios repetitivos por meio de

digestões parciais com a enzima *Bgl* I. Essas variantes foram as utilizados nos ensaios de ELISA.

Lci9A

Um fragmento de 2400 pb foi recuperado por digestão
5 com *BamH* I/*Xho* I e subclonado nos mesmos sítios do vetor
pRSET-B gerando o plasmídeo com o inserto *Lci9A-I*. Para a
obtenção do *Lci9A-II* o plasmídeo resultante foi digerido
com *Sal* I e o fragmento de DNA correspondente ao vetor mais
10 ~1100 pb, a metade C-terminal do inserto, foi removida. A
expressão dos plasmídeos resultantes em *E. coli* leva a
produção de proteínas recombinantes, e/ou seus produtos de
degradação, de >100kDa e ~40kDa, respectivamente, para os
Lci9A-I e *Lci9A-II*.

15 ***Lci10A***

Para a expressão da respectiva proteína (rLci10A-I) o
inserto *Lci10A* foi recuperado integralmente (~2600 pb) por
digestão com as enzimas de restrição *BamH* I e *Xho* I, mas
com digestão parcial com *Xho* I, e subclonado entre os
20 mesmos sítios do plasmídeo pRSET-C. Esta proteína migra em
gel de SDS-PAGE com um peso molecular maior que 100kDa mas
durante sua purificação é clivada em um polipeptídeo menor
com peso estimado de ~70kDa. Para a expressão da segunda
proteína recombinante (rLci10A-II), um fragmento de 928 pb,
25 recuperado por digestão total com as mesmas enzimas de
restrição, foi também subclonado no pRSET-C. A proteína
recombinante resultante migra em gel de SDS-PAGE com um
peso molecular aparente de ~55 kDa.

Lci11A

Para a expressão da proteína Lc11A foram utilizadas três estratégias distintas. Na primeira delas um fragmento de 1874 pb foi recuperado por digestão com as enzimas de restrição *BamH* I/*Not* I e subclonado nos mesmos sítios do vetor pET21-A (Novagen). Em seguida este mesmo fragmento, acrescido do sítio de *Xho* I na sua extremidade 3', foi recuperado do plasmídeo resultante por digestão com as enzimas *BamH* I/*Xho* I e subclonado nos mesmos sítios do pRSET-A (Lc11A-I). O fragmento gênico de 1167 pb codificando para a Lc11A-II foi amplificado flanqueado por sítios para as enzimas de restrição *BamH* I/ *Xho* I (oligonucleotídeo 5' - CGA GGA TCC CCC AAC GGT GGT GGC AAC AGC; oligonucleotídeo 3' - CGA CTC GAG AGT TTG GGG CGG CGT GTG AGG), clonado no vetor pGEM-T-Easy e subclonado nos sítios de *BamH* I/ *Xho* I do pRSET-A. Para a Lc11A-III, um fragmento de DNA de 933 pb foi amplificado também flanqueado por sítios para as enzimas de restrição *BamH* I/ *Xho* I (oligonucleotídeo 5' - GCA GGA TCC CCT CAC ACG CCG CCC CAA AC; oligonucleotídeo 3' - GTC CTC GAG CTG CAT AAA CAC AGT CCC GTC) e clonado no pGEM-T-Easy. Em seguida, parte deste fragmento (de 679 pb) foi recuperado por digestão com *BamH* I/*Not* I e subclonado nos mesmos sítios do pET21-A. O mesmo fragmento, acrescido do sítio de *Xho* I na sua extremidade 3', foi recuperado do plasmídeo resultante por digestão com as enzimas *BamH* I/*Xho* I e subclonado nos mesmos sítios do pRSET-A. Todos os fragmentos recombinantes possuem na sua extremidade aminoácidos adicionais derivados da inclusão dos sítios de restrição necessários a realização das etapas de clonagem.

Lci12A

Para a expressão da proteína duas estratégias distintas foram realizadas. Na primeira, um fragmento de 2800 pb, obtido por digestão com *BamH* I/*Pst* I, foi subclonado entre os mesmos sítios do vetor pRSET-B (Lci12A-I, peso molecular aparente da proteína recombinante >100 kDa). Em uma segunda estratégia um fragmento menor de 1600 pb foi recuperado por digestão com *BamH* I/*Nco* I e subclonado nos mesmos sítios do pRSET-B (Lci12A-II, peso molecular de ~90 kDa).

Lci13A

Um fragmento interno de 1005 pb, recuperado por digestão com *Pst* I, foi inicialmente subclonado no sítio de *Pst* I do vetor plasmidial pTZ18R, orientado de forma que a extremidade codificando para o trecho inicial da proteína estava posicionada junto ao promotor T7. O plasmídeo resultante foi então digerido com as enzimas de restrição *BamH* I e *Hind* III (sítios que flanqueiam o sítio de *Pst* I original) e o fragmento resultante subclonado entre os sítios de *BamH* I/*Hind* III do pRSET-A. O plasmídeo resultante codifica para uma proteína recombinante cuja extremidade amino-terminal inclui os aminoácidos codificados pelo vetor pRSET mais aminoácidos codificados pelos sítios de clonagem do pTZ18R (totalizando 40 aminoácidos). Outros 24 aminoácidos são incluídos na extremidade carboxi-terminal da proteína recombinante, codificados pelos sítios de clonagem dos plasmídeos pTZ18R e pRSET-A.

Produção e purificação dos antígenos recombinantes

Ensaaios para produção de proteínas recombinantes de *Leishmania* foram realizados usando-se amostras de *E. coli* da cepa BL21(DE3)pLysS (Invitrogen) transformadas com uma das construções plasmideais: pRSET-Lci1A, pRSET-Lci2B, pRSET-Lci3A-R3, pRSET-Lci4A, pRSET-Lci5A-I, pRSET-Lci6A, pRSET-Lci7A, pRSET-Lci8A-I, pRSET-Lci9A-I, pRSET-Lci10A-I, pRSET-Lci11A-I, pRSET-Lci12A-II, e pRSET-Lci13A, seguindo-se as instruções do fabricante (Invitrogen). Além disso, foram realizados ensaios para produção da proteína recombinante rLci1A usando-se *E. coli* da cepa TOP10F' (Invitrogen) transformadas com construção plasmideal pBK-CMV-Lci1A, seguindo-se as recomendações dos fabricantes da bactéria hospedeira. Os sedimentos bacterianos resultantes dos ensaios mencionados acima foram submetidos a processamento convencional, usando-se lisozima, ácido desoxicolato de sódio e/ou ultrasonicação. As proteínas recombinantes solúveis ou solubilizadas com uréia, produzidas por BL21(DE3)pLysS transformadas pelas construções plasmideais, foram purificadas por cromatografia de afinidade, usando-se sepharose-níquel e seguindo-se as recomendações do fabricante (Sephacel, Pharmacia LKB, Uppsalla, Suécia). A proteína recombinante produzida TOP10F' transformada com pBK-CMV foi purificada por cromatografia de troca iônica ou por eletroeluição. A purificação por eletroeluição foi realizada em gel de poliacrilamida com dodecil sulfato de sódio (SDS-PAGE), usando-se um aparelho Prep Cell modelo 491 (Bio-Rad Laboratories, Hercules, EUA), seguindo-se as recomendações do fabricante. Após a

purificação, o SDS foi removido da proteína por essencialmente conforme método descrito por Tuszynski e Warren, 1975 [Tuszynski, G. P. and L. Warren.(1975) "Removal of sodium dodecyl sulfate from proteins." **Anal Biochem** 67(1): 55-65]. A concentração das proteínas foi determinada pelo método de descrito por Bradford [Bradford, Marion M. (1976) A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Anal Biochem.** 72, 248-254]. O grau pureza das proteínas foi avaliado por SDS-PAGE.

Preparação de DNA plasmideal para imunização

Colônias de *Escherichia coli* da linhagem TOP10F' (Invitrogen) transformadas com uma das construções plasmideais pBK-CMV-*Lci1A*, pBK-CMV-*Lci2B*, pBK-CMV-*Lci3A*, pBK-CMV-*Lci4A* ou plasmídeo pBK-CMV sem inserto foram usadas, separadamente, para inocular cerca 5 a 10 ml de caldo de cultura Luria-Bertani [LB, tripotona a 1 % (m/v), extrato de levedura a 0,5 % (m/v) e NaCl 1 % (m/v), pH 7,0] com ampicilina na concentração de 50 mg/ml. As suspensões bacterianas foram incubadas, por oito horas, a 37°C, sob agitação constante de cerca de 300 rpm. Após esse período, uma amostra de cada cultura foi usada para inocular um volume maior de caldo LB com ampicilina. Depois de um período de incubação por cerca de 12 a 16 h, a 37°C, sob agitação constante de 300 rpm, os sedimentos bacterianos foram obtidos pela centrifugação a 6.000 x g e a 4°C, por 15 minutos, sendo, posteriormente, armazenados a -20°C até o momento do uso. Os sedimentos bacterianos foram

processados e os plasmídeos purificados por colunas cromatográficas de troca iônica, usando-se reagentes e seguindo-se as recomendações da Qiagen (Qiagen, GmbH, Hilden, Alemanha). Após eluição das colunas, lavagem de
5 cada amostra de DNA com etanol a 70 %, incubação a temperatura ambiente por cerca de 20 minutos para evaporação de etanol residual, DNA plasmidial correspondente a cada construção diferente foi ressuspensão em água deionizada (Milli-Q, Millipore, Billerica, MA, EUA), para alcançar uma concentração de cerca de 1,5 a 2,0
10 mg/mL, e armazenado a -20°C. Antes do armazenamento, uma alíquota de cada amostra foi usada para determinação da concentração por espectrofotometria e a integridade por eletroforese em gel de agarose. No momento do uso, cada
15 amostra de plasmídeo foi precipitada com NaCl a 0,1 M e etanol a 70 %. Depois disso, cada amostra foi ressuspensa na concentração de 1 mg/mL DNA em solução de NaCl a 0,85 % estéril (Isofar, Duque de Caxias, Brasil).

Animais

20 Camundongos da linhagem isogênica BALB/c, fêmeas ou de ambos os sexos, com seis a 12 semanas idade, produzidos pelo biotério do Centro de Pesquisas Gonçalo Moniz (CPqGM-FIOCRUZ) em Salvador-Bahia (BR), foram usados. Os camundongos foram mantidos durante todo o período do
25 experimento, no biotério do CPqGM. Os animais receberam alimentação e água *ad libitum*.

Cães mestiços adultos com idade de cerca de 4 a 9 anos, de ambos os sexos, foram obtidos no Centro de Controle de Zoonoses dos municípios de Dias D'Ávila, Lauro

de Freitas e Salvador (Bahia, BR). Os animais foram alojados nos canis experimentais do Laboratório Central do Estado da Bahia (LACEN) e do Centro de Pesquisas Gonçalo Moniz (CPqGM) e manipulados conforme as Boas Práticas de Experimentação Animal. Visando eliminação de possíveis exo e endoparasitoses pré-existentes, cerca de três meses antes do início do experimento, os cães foram tratados com três doses de 5 mg/kg de praziquantel, 14,4 mg/kg de pirantel e 15 mg/kg de febantel (Vedbrands Saúde Animal, Jacareí, Brasil), com intervalo de sete dias entre doses consecutivas, e com amitraz (Schering-Plough Veterinária, São Paulo, Brasil) a 12,5%, na forma de banhos com duração e intervalos variados, determinados de acordo com avaliação médico-veterinária. Os animais foram imunizados para prevenção contra leptospirose causada por duas cepas, cinomose, adenovirose, virose causada por parainfluenza, parvovirose, hepatite viral, coronavirose (vacina óctupla, Fort Dodge Laboratories, EUA), conforme recomendação do fabricante, cerca de 40 dias antes do início do experimento. Os cães machos foram submetidos a orquiepididectomia para facilitar o manuseio e diminuir o estresse resultante da agressividade nos períodos de cio das fêmeas (http://www.pasteur.saude.sp.gov.br/cao/cao_03.htm) cerca de 190 dias antes do início do experimento. Inicialmente, cada animal foi submetido à avaliação imunológica e parasitológica para reduzir a possibilidade de uso de animal naturalmente infectado por *L. chagasi* no experimento aqui descrito. Foram usados somente os animais

com resultados negativos nos dois ensaios mencionados acima.

Avaliação de linfoproliferação

Nos ensaios para avaliação da resposta imune em camundongos, o baço de cada animal foi removido após o sacrifício. Suspensão de células esplênicas isoladas foram obtidas. Células esplênicas foram ressuspensas em RPMI 1640 suplementado com 10% de soro fetal bovino [(v/v), SFB, Gibco BRL Life Technologies, EUA], 2 mM de L-glutamina (Sigma-Aldrich) e 0,01 mM de 2-mercaptoetanol (Sigma-Aldrich). As células foram distribuídas em triplicatas (3×10^5 /poço em 200 μ L) em placas de microtitulação de 96 poços de fundo chato (Costar Corning Inc., Nova Iorque, EUA) e incubadas por três dias na ausência de estímulo adicional ou com concanavalina A (Con A, 2 μ g/mL) ou por cinco dias com extrato total de antígenos de *Leishmania chagasi/infantum* (10 μ g/mL) ou antígeno recombinante (rLci1A, rLci2B, rLci3A ou rLci4A nas concentrações de 0,1 μ g/mL, 1 μ g/mL ou 10 μ g/mL) a 37°C, em atmosfera úmida, com CO₂ a 5 % (v/v). Foram acrescentados em cada poço 20 μ L de RPMI 1640 suplementado contendo 1 μ Ci de timidina[H]³⁺ (Amersham Biosciences, Uppsalla, Suécia). Após 18 horas, as placas foram armazenadas a -20°C. As células foram coletadas em papel de filtro de fibra de vidro (Packard Canberra Company, Meriden, EUA) e a avaliação de emissão de partículas beta emitidas por minuto (cpm) foi realizada em contador beta modelo Matrix 9600 (Packard Canberra Company). Os resultados foram expressos pelos índices de proliferação [média aritmética da contagem de partículas

por minuto (cpm) de células estimuladas com Con A ou antígeno dividida média aritmética de cpm de células cultivadas somente com meio suplementado].

Para a mensuração da produção de citocinas (interferon-gama e IL-5), esplenócitos (9×10^5 /poço em 600 μ L) foram cultivados em placas de poliestireno de fundo chato de 24 poços (Costar Corning Inc.) em meio de cultura sem estímulo adicional ou com Con A a 2 μ g/mL, extrato bruto de antígenos de *L. chagasi* (10 μ g/mL) ou antígeno recombinante (rLci1A, rLci2B, rLci3A ou rLci4A, a 10 μ g/mL por 48 horas, a 37°C, em atmosfera úmida, com 5% CO₂. Após este período, o sobrenadante foi coletado armazenado a -20°C até o momento do uso.

Para mensuração da produção de inteferon gama de cão, células mononucleares de sangue periférico (CMNSP) foram obtidas através de gradiente de Ficoll-Paque Plus (Amersham Biosciences, Suécia) e seguindo-se as recomendações do fabricante. As CMNSP foram ressuspensas em RPMI 1640 suplementado com 10% de soro fetal bovino [(v/v), SFB, Gibco BRL Life Technologies, EUA], 2 mM de L-glutamina (Sigma-Aldrich) e 0,01 mM de 2-mercaptoetanol (Sigma-Aldrich). Em seguida, as CMNSP foram distribuídas (1×10^6 /poço em 2 mL) em placas de poliestireno 6 poços (Costar Corning Inc., EUA) e, depois, cultivadas por 48 h sem estímulo adicional, com Con A (10 μ g/mL) ou extrato bruto de antígenos de *L. chagasi/infantum* (20 μ g/mL) à 37°C com 5% CO₂. Os sobrenadantes foram coletados e armazenados a -20°C até o momento do uso.

Quantificação de citocinas

Ensaaios imunoenzimáticos de captura (ELISA) foram realizados para a mensuração da concentração de IFN- γ e IL-5 murinos presentes nos sobrenadantes de esplenócitos usando-se placas de microtitulação de 96 poços ("High Binding"; Corning Incorporated Life Sciences) e reagentes da BD Pharmigen, seguindo-se as instruções do fabricante. As amostras foram avaliadas em duplicatas. A concentração de citocina da cada amostra foi determinada usando-se uma curva de calibração, programa de computador Graph Pad, PRISM, versão 4.0. e fazendo correção pelo fator de diluição.

A mensuração da concentração de IFN- γ canino em sobrenadantes de CMNSP foi realizada por ELISA de captura usando-se reagentes da R&D Systems (R&D Systems Incorporation, Minneapolis, EUA), seguindo-se as recomendações do fabricante. As amostras foram avaliadas em duplicata. A leitura da densidade óptica a 450 nm foi realizada em espectrofotômetro (Emax Precision Microplate Reader, Molecular Devices Corporation, Sunnyvale, CA, EUA). A concentração de IFN- γ canino foi determinada usando-se a média aritmética de valores de densidade óptica das duplicatas com o programa de computador Softmax 3.0, corrigidas pelo fator de diluição, quando apropriado.

Análise estatística

Os dados foram analisados com os testes paramétricos de análise de variância (ANOVA). Quando a ANOVA mostrou diferença estatística significativa, a comparação entre os grupos, dois a dois, foi realizada pelo pós-teste Tukey. O

valor definido para significância estatística foi de $p < 0,05$.

Os Exemplos seguintes devem ser considerados como ilustrativos da presente invenção.

5 **Isolamento dos antígenos recombinantes**

O rastreamento de clones de fagos lambda de uma biblioteca de cDNA de *L. chagasi* com um conjunto de quatro soros de cães naturalmente infectados por *Leishmania chagasi/infantum*, com confirmação parasitológica, levou a
10 identificação de 30 clones positivos. A subsequente excisão dos fagomídeos pBK-CMV de cada um dos clones e o sequenciamento das extremidades 5' e 3' de cada um dos insertos permitiu a identificação de quatro genes distintos (*Lci1*, *Lci2*, *Lci3* e *Lci4*). Os clones de fagomídeos exibiam
15 insertos que codificavam uma parte ou a totalidade dos polipeptídeos correspondentes esses genes. Destes clones, 24 foram encontrados para o genes *Lci1* (incluindo um com o inserto *Lci1A*), 2 para o *Lci2* (com os insertos *Lci2A* e *Lci2B*), 2 para o *Lci3* (com os insertos *Lci3A* e *Lci3B*) e 1
20 para o *Lci4* (com o inserto *Lci4A*). Um rastreamento adicional da biblioteca com uma mistura de três soros de pacientes humanos com leishmaniose visceral levou à identificação de um quinto gene (*Lci5*), através do isolamento de um unico clone de fagomídeo contendo o
25 inserto *Lci5A*, que codifica parte do polipeptídeo correspondente a *Lci5*.

Um segundo conjunto de clones recombinantes foi selecionado a partir do rastreamento de cerca de 30.000 clones de fagos lambda de uma biblioteca genômica de *L.*

chagasi com um conjunto de seis soros de pessoas diagnosticadas com leishmaniose visceral (diagnóstico parasitologicamente confirmado). Este rastreamento levou a identificação de 60 clones positivos, dos quais 43 foram utilizados para a excisão dos respectivos fagomídeos e sequenciamento das extremidades 5' e 3'. A análise das seqüências obtidas levou a identificação de outros 7 genes, entre eles o *Lci6* (33 clones, incluindo um com o inserto *Lci6A*), o *Lci7* (4 clones, um com o inserto *Lci7A*), o *Lci8* (2 clones, um com o inserto *Lci8A*), o *Lci9* (1 clone, com o *Lci9A*), o *Lci10* (1 clone, com o *Lci10A*), o *Lci11* (1 clone, com o *Lci11A*) e o *Lci12* (1 clone, com o *Lci12A*).

Por fim, um terceiro rastreamento foi realizado em uma outra biblioteca de cDNA de *L. chagasi*, desta vez utilizando-se soro policlonal de coelhos produzido contra as proteínas situadas na faixa de peso molecular de 67 e 94 kDa de *L. braziliensis*. Este rastreamento levou a identificação de dois cDNAs distintos que codificam para variantes de uma mesma proteína, a *Lci13*. Um destes foi selecionado arbitrariamente e a proteína por ele codificada denominada de *rLci13A*.

A maioria dos genes identificados codifica para proteínas que têm em comum um alto peso molecular predito e a ocorrência em série de múltiplos motivos repetitivos, os quais variam entre as proteínas no que se refere ao comprimento e composição de aminoácidos. Isto é válido para os genes *Lci2*, *Lci3*, *Lci4*, *Lci5*, *Lci6*, *Lci8*, *Lci9*, *Lci10* e *Lci12*. As proteínas codificadas por outros três genes citados acima (*Lci1*, *Lci7* e *Lci13*) têm sua função associada

a eventos de "stress" celular. Apenas o *Lci11* codifica para uma proteína hipotética que não se enquadra nestas duas situações. A Tabela 1 apresenta um sumário dos resultados mais relevantes associados a cada inserto. Dados mais

5 detalhados sobre tais insertos serão descritos a seguir. As **Figuras 1 e 2** apresentam um esquema dos insertos que contém segmentos repetitivos. Nestas figuras estes segmentos estão indicados por setas com comprimento variável de acordo com o seu tamanho. Na **Figura 1** estão representados os insertos

10 oriundos da biblioteca de cDNA, enquanto que na **Figura 2** se encontram aqueles derivados da biblioteca genômica. Na **Figura 1**, em relação aos insertos correspondentes aos genes *Lci2* e *Lci3* (A e B), o esquema mostra apenas a extensão dos cDNAs de maior comprimento que foram isolados (*Lci2A* e

15 *Lci3A*), incluindo os trechos que codificam para as extremidades C-terminais das respectivas proteínas (em preto) e as regiões 3' não traduzidas. Para o *Lci4* (C) está ilustrada a região codificadora completa, obtida a partir da sequência genômica, conforme descrito no texto, assim

20 como o cDNA *Lci4A* completo com sua região 3' não traduzida. No caso do *Lci5* (D) está ilustrado a metade N-terminal da sua região codificadora, também obtida a partir da sequência genômica, assim como a extensão completa do cDNA *Lci5A*. Em A, B, C e D os trechos presentes nas respectivas

25 proteínas recombinantes estão assinalados em **cinza**. No caso dos *Lci2*, *Lci3* e *Lci4*, sequências de aminoácidos de segmentos repetitivos isolados estão representadas, o que não significa que todos os segmentos de uma mesma proteína sejam idênticos. Na **Figura 2** estão representados os genes

Lci6 (A), *Lci8* (B), *Lci9* (C), *Lci10* (D) e *Lci12* (E) e/ou os
 insertos presentes nos clones recombinantes *Lci6A*, *Lci8A*,
Lci9A, *Lci10A*, e *Lci12A*, onde a representação dos segmentos
 repetitivos e daqueles presentes nas respectivas proteínas
 5 recombinantes é a mesma daquela mostrada na **Figura 1**. Da
 mesma forma, seqüências de aminoácidos de segmentos
 isolados estão representadas apenas a título de ilustração.

Caracterização dos antígenos recombinantes

A proteína *Lci1* corresponde ao homólogo citoplasmático
 10 de *L. chagasi* da proteína de choque térmico de 70 kDa, mais
 conhecida como HSP70. Esta proteína tem sido assinalada em
 inúmeros ensaios voltados à identificação de proteínas
 imunogênicas de diferentes espécies de *Leishmania*. O termo
 HSP compreende diferentes famílias de proteínas
 15 classificadas de acordo com o seu peso molecular e que
 atuam como chaperonas moleculares, isto é, auxiliando
 outras proteínas a manter sua estrutura/função em condições
 de stress (como o choque térmico) ou logo após a sua
 síntese. A família das HSP70 compreende proteínas
 20 abundantes, extremamente conservadas ao longo da evolução,
 e que podem ser encontradas em diferentes compartimentos
 celulares. A proteína recombinante produzida após a
 subclonagem do inserto *Lci1A* no vetor de expressão pRSET
 inclui toda a região codificadora da proteína mais um
 25 segmento de 52 aminoácidos na sua extremidade amino-
 terminal codificado por parte da região 5' não traduzível
 do seu cDNA. No genoma de *L. infantum* (cujo acesso pode ser
 realizado através da página <http://www.genedb.org>), quatro
 genes distintos foram mapeados que codificam para esta

proteína, sendo que ao menos três destes parecem ser idênticos ao que codifica a proteína Lci1, identificados com os números de acesso: LinJ28_V3.3000, LinJ28_V3.2960 e LinJ28_V3.3060. A sequência completa de nucleotídeos do
5 fragmento gênico codificando para a proteína rLci1, incluindo o segmento da 5'UTR presente no clone recombinante, está mostrada na SEQ ID NO: 1 enquanto a respectiva sequência de aminoácidos está mostrada na SEQ ID NO: 2.

10 Os clones contendo os insertos *Lci2A* e *Lci2B* codificam a extremidade carboxi-terminal de uma proteína classificada como uma N-cinesina da família N-3 (segundo classificação proposta por Miki, H., Setou, M., Kaneshiro, K., and Hirokawa, N. (2001). All kinesin superfamily protein, KIF,
15 genes in mouse and human. **Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A 98, 7004-7011**), previamente descrita em *L. chagasi* e denominada de LcKin. Esta proteína teve seu peso molecular completo estimado em cerca de 230 kDa e consiste basicamente de um domínio motor na sua extremidade N-terminal, seguido por
20 uma região composta por um grande número de repetições de 39 aminoácidos. A região correspondente aos primeiros 956 aminoácidos desta proteína, que inclui o domínio motor N-terminal, já foi clonada e sequenciada. Desta, o segmento compreendendo os últimos 46 aminoácidos da região não
25 repetitiva próxima ao domínio motor mais 242 aminoácidos dos segmentos repetitivos constituem o antígeno rK39, já utilizado em testes de diagnóstico contra leishmaniose visceral. O uso do rK39 no diagnóstico da leishmaniose visceral está coberto pelas patentes US5.411.865 e

US5.719.263 e pela patente brasileira PI1101114-9 (pedido depositado em 14/05/1997). Os polipeptídios rLci2A e rLci2B são formados basicamente por segmentos repetitivos de 39 aminoácidos com uma região não repetitiva de 76 aminoácidos na sua extremidade C-terminal. A **Figura 1A** descreve de forma esquemática a seqüência de nucleotídeos do cDNA codificando o polipeptídeo rLci2A, ilustrando os vários segmentos repetitivos de 39 aminoácidos (incluindo a seqüência de aminoácidos de um destes), a região C-terminal não repetitiva e a seqüência 3' não traduzida. Também pode se visualizar trecho da região codificadora contida no inserto *Lci2B* e que foi subclonado no vetor pRSET para produzir uma proteína recombinante fusionada a uma seqüência N-terminal de polihistidinas. O que diferencia o polipeptídeo codificado pelo inserto *Lci2A* daquele codificado pelo inserto *Lci2B* é a presença de um maior número de repetições de domínios repetitivos presentes em no polipeptídeo rLci2A (11 repetições enquanto no rLci2B só são encontradas 5 completas) e um segmento mentor de DNA na região 3' não traduzível em *Lci2B* (não mostrado na figura), que não interfere com a seqüência da proteína. Os fragmentos protéicos que constituem os polipeptídeos rLci2A/rLci2B e aquele compreendido pela proteína rK39 parecem então constituir fragmentos distintos de uma única proteína de *L. chagasi/infantum*, cuja seqüência parcial no genoma está disponível sob o número de acesso LinJ14_V3.1180. Entretanto, como se tratam de fragmentos distintos de uma mesma proteína existe uma variação significativa na seqüência dos domínios repetitivos de

forma que nenhuma das seqüências dos domínios presentes nos codificados pelos insertos *Lci2A* e *Lci2B* se enquadram completamente dentro da seqüência consenso patenteada junto com a rK39 e a maioria diverge significativamente em diferentes posições. A **Figura 3** mostra a seqüência consenso dos domínios repetitivos da rK39 (**Fig. 3A**) e os domínios repetitivos presentes nas proteínas rLci2A e rLci2B, ressaltando os aminoácidos que divergem do consenso da rK39 (**Fig. 3B**). O consenso gerado pelos domínios repetitivos do polipeptídeo rLci2B está representado de forma ilustrativa na **Figura 3C**, lembrando que um consenso gerado a partir das seqüências dos domínios do polipeptídeo rLci2A seria ainda mais complexo. A seqüência completa de nucleotídeos do fragmento de cDNA codificando a proteína rLci2A está mostrada na SEQ ID NO: 3 e a seqüência de aminoácidos da matriz de leitura correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 4. Já as seqüências de nucleotídeos e de aminoácidos da proteína rLci2B estão representadas nas SEQ IDs 5 e 6, respectivamente.

Insertos de dois clones codificam segmentos da proteína *Lci3*, o rLci3A e o rLci3B. A proteína *Lci3* consiste basicamente de uma seqüência de 14 aminoácidos repetida muitas vezes (centenas de vezes no homólogo mais semelhante de *L. major*, o qual possui mais de 3.000 aminoácidos), seguida de uma extremidade carboxi-terminal não repetida de cerca de 240 aminoácidos. O gene que codifica esta proteína parece estar presente no genoma de *L. infantum*, porém seu seqüenciamento ainda não foi concluído (duas seqüências incompletas relacionadas -

números de acesso LinJ34_V3.0700 e LinJ34_V3.0710). Uma proteína relacionada de *T. cruzi* com motivos repetitivos semelhantes já foi descrita [Hoft, D.F., Kim, K.S., Otsu, K., Moser, D.R., Yost, W.J., Blumin, J.H., Donelson, J.E.,
5 and Kirchhoff, L.V. (1989). Trypanosoma cruzi expresses diverse repetitive protein antigens. **Infect.Immun.** **57**, **1959-1967**]. A proteína codificada pelo clone *Lci3A* consiste de 22 repetições de 14 aminoácidos com uma sequência consenso basicamente idêntica a de *L. major* e uma
10 conservação muito grande de sequência na região Carboxi-terminal não repetitiva (esquematizado na **Figura 1B**). A única diferença entre os insertos *Lci3A* e *Lci3B* é que neste último o número de repetições é menor (15 ao todo - dados não mostrados). A sequência completa de nucleotídeos do
15 fragmento de cDNA *Lci3A* está mostrada na SEQ ID NO: 7 e a sequência de aminoácidos da matriz de leitura correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 8. A sequência de nucleotídeos do primeiro fragmento subclonado no vetor pRSET (*Lci3A*-R22) e a sequência do respectivo fragmento
20 protéico (r*Lci3A*-R22) estão mostradas nas SEQ ID NO: 9 e SEQ ID NO: 10, respectivamente. Da mesma forma, as sequências de nucleotídeos e aminoácidos dos segundo fragmento subclonado no vetor de expressão, *Lci3A*-R3, estão descritas nas SEQ ID NO: 11 e SEQ ID NO: 12,
25 respectivamente. Conforme ilustrado na **Figura 1B** os *Lci3A*-R22 e *Lci3A*-R3 variam quanto ao número de repetições do segmento de 14 aminoácidos e a extensão da sequência C-terminal não repetitiva contidos em cada proteína recombinante.

A proteína Lci4 é codificada por um gene identificado no banco de sequências do genoma de *L. infantum* com o número de acesso LinJ36_V3.3690. Este gene codifica para uma proteína altamente conservada em eucariotos, denominada de poli-ubiquitina, e previamente descrita em outras espécies de *Leishmania*. Esta proteína contém múltiplas repetições (nove ao todo na proteína de *L. infantum*) da sequência que codifica a ubiquitina, de 76 aminoácidos, que em células eucarióticas é ligado covalentemente a diferentes proteínas. A ligação a ubiquitina pode servir como sinal para degradação de proteínas, pelo complexo proteasoma, ou ainda para seu transporte a diferentes compartimentos subcelulares. O fragmento protéico da Lci4 codificado pelo clone por nós isolado, o rLci4A, compreende as últimas duas cópias completas da ubiquitina mais um terço da cópia anterior, totalizando 173 aminoácidos. A sequência da ubiquitina é altamente conservada e não existem diferenças significativas na sua sequência de aminoácidos quando se compara com outras sequências de eucariotos. A sequência completa de nucleotídeos do gene *Lci4* (LinJ36_V3.3690) está mostrada na SEQ ID NO: 13 e a sequência de aminoácidos correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 14. Já a sequência de nucleotídeos do inserto *Lci4A*, subclonado no vetor pRSET e utilizado na produção da proteína recombinante, assim como a sequência de aminoácidos correspondente estão representadas nas SEQ ID NO: 15 e SEQ ID NO: 16, respectivamente. Representações esquemáticas da sequência protéica completa e do

polipeptídeo recombinante rLci4A podem ser observadas na **Figura 1C**.

O gene *Lci5* é o mesmo representado no GeneDb de *L. infantum* com o número de acesso LinJ33_V3.3230. Este gene
5 codifica para uma proteína hipotética cuja sequência ainda precisa ser revisada, tendo em vista que a sua fase de leitura se encontra interrompida por códons de terminação da tradução, embora ela se inicie com uma sequência contínua de 7665 pb. Uma representação esquemática dos
10 primeiros 4,5Kb desta sequência codificadora pode ser observada na **Figura 1D** e demonstra sua organização em segmentos repetitivos de duas classes distintas. O cDNA *Lci5A* codifica para um trecho desta região englobando 4 dos domínios repetitivos de 148 aminoácidos, totalizando 2025
15 pb. A sequência integral dos ~7,6Kb da primeira fase de leitura completa está representada na SEQ ID NO 17 e a sequência de aminoácidos correspondente representada na SEQ ID NO 18. Já a sequência de nucleotídeos do inserto *Lci5A* e a sequência de aminoácidos por ele codificada estão
20 representadas nas SEQ ID NO: 19 e SEQ ID NO: 20, respectivamente. A sequência de nucleotídeos do primeiro fragmento clonado no vetor pRSET (*Lci5A-I*) e a sequência do respectivo fragmento protéico (rLci5A-I) estão mostradas nas SEQ ID NO: 21 e SEQ ID NO: 22, respectivamente. Da
25 mesma forma, as sequências de nucleotídeos e aminoácidos dos segundo fragmento subclonado no vetor de expressão, *Lci5A-II*, estão descritas nas SEQ ID NO: 23 e SEQ ID NO: 24, respectivamente. Os dois fragmentos recombinantes, totalizando 305 e 156 aminoácidos, consistem de uma e duas

cópias, respectivamente, do segmento repetitivo da proteína e tem a mesma extremidade N-terminal. A representação esquemática destes polipeptídeos recombinantes também está ilustrada na **Figura 1D**.

5 A proteína Lci6 é codificada pelo mesmo gene identificado no banco de seqüências do genoma de *L. infantum* com o número de acesso LinJ26_V3.1950. Este gene codifica para o ortólogo de *Leishmania* da proteína denominada GB4, uma proteína descrita previamente em
10 *Trypanosoma brucei* e que se associa a proteínas de microtúbulos de citoesqueleto. Em *T. brucei* esta proteína é codificada por um gene muito grande, composto por inúmeras repetições de 600 pb, porém sua forma madura é de 28 kDa (Rindisbacher, L., Hemphill, A., and Seebeck, T. (1993). A
15 repetitive protein from *Trypanosoma brucei* which caps the microtubules at the posterior end of the cytoskeleton. **Mol.Biochem.Parasitol.** **58**, 83-96). Em *L. chagasi/infantum* o seu homólogo também é codificado por um gene muito grande (7599 pb), mas as seqüências repetidas não são tão
20 conservadas como em *T. brucei*. A seqüência completa de nucleotídeos do gene *Lci6* está mostrada na SEQ ID NO: 25 e a seqüência de aminoácidos correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 26. Já a seqüência de nucleotídeos do fragmento *Lci6A*, subclonado no vetor pRSET, e utilizado na produção
25 da proteína recombinante, assim como a seqüência de aminoácidos correspondente estão representadas nas SEQ ID NO: 27 e SEQ ID NO: 28, respectivamente. A representação esquemática do polipeptídeo rLci6A, ilustrando os vários motivos repetitivos pode ser observada na **Figura 2A**.

A proteína Lci7 é codificada pelo mesmo gene identificado com o acesso LinJ08_V3.1020 no genoma de *L. infantum*. Este gene codifica para a proteína induzida pelo stress stil, originalmente descrita em *L. major*. O uso desta proteína para fins de imunização como componente de uma vacina contra Leishmaniose está previsto nas patentes US6.365.165, US6.613.337 e US6.709.661. Seu uso para diagnóstico, entretanto, não está explicitado nas reivindicações das referidas patentes. Esta proteína será discutida nesta patente então apenas no que concerne a sua utilização para fins de diagnóstico. A sequência completa de nucleotídeos do gene *Lci7* está mostrada na SEQ ID NO: 29 e a sequência de aminoácidos correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 30. Já a sequência de nucleotídeos do fragmento *Lci7A*, subclonado no vetor pRSET, e utilizado na produção da proteína recombinante, assim como a sequência de aminoácidos correspondente estão representadas nas SEQ ID NO: 31 e SEQ ID NO: 32, respectivamente.

A proteína Lci8 é codificada pelo mesmo gene identificado no banco de sequências do genoma de *L. infantum* com código de acesso LinJ32_V3.2420. A principal característica desta proteína é seu segmento central que consiste de 61 repetições de 10 aminoácidos codificadas por fragmentos de DNA idênticos flanqueados por sítios para a enzima de restrição *Bgl* I. Este segmento central é flanqueado por regiões N- e C-terminais de 331 e 242 aminoácidos de extensão, respectivamente. A Lci8 possui ortólogos identificados nos genomas de *L. major* e de espécies de *Trypanosoma*. Seu ortólogos de *T. brucei* é uma

proteína de membrana intracelular, possivelmente associada ao transporte vesicular (Lee, M.G., Russell, D.G., D'Alesandro, P.A. and Van der Ploeg, L.H. (1994). Identification of membrane-associated proteins in
5 *Trypanosoma brucei* encoding an internal, EARLRAEE amino acid repeat. **J Biol Chem.** **269**, 8408-15). A sequência de nucleotídeos do gene *Lci8* está mostrada na SEQ ID NO: 33 e a sequência de aminoácidos correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 34. A sequência de nucleotídeos do segmento do
10 clone *Lci8A* clonado no pRSET e a sequência do respectivo fragmento protéico recombinante (*Lci8A-I* e r*Lci8A-I*) estão representadas nas SEQ ID NO: 35 e SEQ ID NO: 36, respectivamente. A representação esquemática do gene *Lci8* e do clone *Lci8A*, ilustrando o segmento central e os motivos
15 repetitivos pode ser observada na **Figura 2B**.

O gene *Lci9* não é representado por uma única região codificadora devidamente anotada nas sequências genômicas de *L. infantum*, embora segmentos idênticos às sequências das extremidades do clone *Lci9A* sejam encontradas em dois
20 trechos distintos do cromossomo 28. Já em *L. major* um único gene homólogo foi encontrado codificando para uma proteína com extremidades N- e C-terminais curtas (169 e 97 aminoácidos, respectivamente) e uma região central consistindo de 14 repetições de um motivo com 25
25 aminoácidos seguida de outras 11 repetições com um motivo relacionado de 34 aminoácidos (LmjF28.3010). Esta proteína possui ortólogos com baixa homologia em espécies de *Trypanosoma* sendo que no caso de *T. cruzi* seu ortólogo foi avaliados quanto ao seu uso no diagnóstico de pacientes com

doença de Chagas (Gruber,A. and Zingales,B. (1993) *Trypanosoma cruzi*: characterization of two recombinant antigens with potential application in the diagnosis of Chagas' disease. **J. Exp. Parasitol.** **76**, 1-12). A sequência

5 de nucleotídeos do inserto do clone *Lci9A* com 13 repetições de 25 aminoácidos seguida de 11 repetições com 34 aminoácidos, flanqueadas por trechos das extremidades não repetitivas, está mostrada na SEQ ID NO: 37 e a sequência de aminoácidos correspondente está mostrada na SEQ ID NO:

10 38. Esta sequência foi subclonada na sua totalidade no pRSET gerando o clone *Lci9A-I*. Já a sequência de nucleotídeos do segmento menor clonado no pRSET e a sequência do respectivo fragmento protéico recombinante (*Lci9A-II* e *rLci9A-II*) estão representadas nas SEQ ID NO:

15 39 e SEQ ID NO: 40, respectivamente. A representação esquemática do clone *Lci9A* de *L. infantum*, ilustrando o segmento central, os motivos repetitivos e as proteínas recombinantes produzidas pode ser observada na **Figura 2C**.

Lci10 é codificada pelo mesmo gene identificado no

20 banco de seqüências do genoma de *L. infantum* com o número de acesso LinJ34_V3.2360, cujo sequenciamento ainda não foi concluído. Este gene codifica para uma proteína hipotética de *L. infantum* e um ortólogo pode ser identificado em seqüências genômicas de *Leishmania* mas não de *T. brucei* ou

25 *T. cruzi*. Recentemente o mesmo gene (identificado pelo seu número de acesso anterior no GeneDb - LinJ34.2140) foi identificado em um outro rastreamento de biblioteca de expressão de *L. infantum* com soro de humanos ou hamsters infectados com este protozoário (Goto, Y., Coler, R.N.,

Guderian, J., Mohamath, R., and Reed, S.G. (2006). Cloning, characterization, and serodiagnostic evaluation of *Leishmania infantum* tandem repeat proteins. **Infect.Immun.** **74**, 3939-3945), porém, nada além disso foi descrito para
 5 essa proteína. Até o momento nada de conclusivo pode-se inferir desta proteína a partir de sua sequência de aminoácidos, a não ser de que se trata de uma proteína que contém múltiplos domínios repetitivos de diferentes tamanhos (variando de 68 a 198 aminoácidos) que se seguem a
 10 uma região N-terminal não repetitiva. A **Figura 2D** mostra uma representação esquemática do clone *Lci10A* com os diferentes domínios repetitivos. Na mesma figura pode-se observar o segmento que foi incluído na proteína rLci10A-II e que inclui apenas uma pequena fração do segmento contendo
 15 os domínios repetitivos. A sequência de nucleotídeos da região codificadora da *Lci10* está mostrada na SEQ ID NO: 41 e a sequência de aminoácidos correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 42. A sequência de nucleotídeos do clone *Lci10A* (a mesma presente no inserto *Lci10A-I*) e a sequência
 20 de aminoácidos do respectivo fragmento protéico recombinante estão representadas nas SEQ ID NO: 43 e SEQ ID NO: 44, respectivamente. Da mesma forma as sequências de nucleotídeos e de aminoácidos do fragmento *Lci10A-II*, estão representadas nas SEQ ID NO: 45 e SEQ ID NO: 46,
 25 respectivamente.

A proteína hipotética Lci 11 é codificada pelo mesmo gene identificado com o acesso LinJ35_V3.4030 no genoma de *L. infantum*. Esta é uma proteína hidrofílica conservada em diferentes espécies de *Leishmania* mas com possíveis

homólogos em espécies de *Trypanosoma* muito pouco conservados. Esta proteína contém um provável peptídeo de sinal na sua extremidade N-terminal sugerindo uma função extracelular de membrana ou secretada. Possui ponto

5 isoelétrico alto e é rica nos aminoácidos prolina, glutamina, alanina e serina, que constituem 50% da proteína e muitas vezes estão organizados em repetições de 3 ou 4 resíduos. A sequência de nucleotídeos do gene *Lc111* está mostrada na SEQ ID NO: 47 e a sequência de aminoácidos

10 correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 48. A sequência de nucleotídeos do primeiro fragmento subclonado no vetor pRSET (*Lc111A-I*) e a sequência do respectivo fragmento protéico (*rLc111A-I*) estão mostradas nas SEQ ID NO: 49 e SEQ ID NO: 50, respectivamente. Da mesma forma, as

15 seqüências de nucleotídeos e aminoácidos do segundo fragmento subclonado no vetor de expressão, *Lc111A-II*, estão descritas nas SEQ ID NO: 51 e SEQ ID NO: 52, respectivamente, e as respectivas seqüências do *Lc111A-III* estão mostradas nas SEQ IDs NOs: 53 e 54. Os três

20 fragmentos recombinantes resultantes se iniciam após o peptídeo de sinal e compreendem trechos distintos da proteína. O *rLc111A-I* compreende os aminoácidos 47-667 da proteína nativa, enquanto que o *rLc111A-II* compreende os aminoácidos 68-450 e o *rLc111A-III* compreende os

25 aminoácidos 444-667.

A proteína *Lc112*, também hipotética, é codificada por um gene cuja sequência no genoma de *L. infantum* possui o número de acesso LinJ29_V3.0110. Esta proteína possui ortólogos identificados nos genomas de *L. major* e de

espécies de *Trypanosoma*. Em *T. brucei* seu ortólogo parece ser a proteína denominada de Tb-292, uma proteína de membrana que parece se associar a regiões situadas próximas ao núcleo e a bolsa flagelar do parasito. Recentemente esta

5 proteína foi identificada em uma análise de bioinformática que buscou identificar proteínas contendo domínios repetitivos no genoma de *L. infantum* e a região contendo o domínio repetitivo desta proteína foi reconhecida por soros de indivíduos acometidos com leishmaniose visceral

10 [Goto,Y., Coler,R.N., and Reed,S.G. (2007). Bioinformatic identification of tandem repeat antigens of the *Leishmania donovani* complex. **Infect. Immun.** **75**, 846-851]. A proteína de *L. infantum* é composta por uma região N-terminal de cerca de 160 aminoácidos seguido de um trecho contendo 30

15 motivos repetitivos de 8 aminoácidos e, ao final, uma região C-terminal bem mais extensa contendo possíveis motivos trans-membrânicos e totalizando cerca de 2.000 aminoácidos. A sequência completa de nucleotídeos do *Lci12* está mostrada na SEQ ID NO: 55 e a sequência de aminoácidos

20 correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 56. A sequência de nucleotídeos do primeiro fragmento subclonado no vetor pRSET (*Lci12A-I*) e a sequência do respectivo fragmento protéico (*rLci12A-I*) estão mostradas nas SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 58, respectivamente. Da mesma forma, as

25 sequências de nucleotídeos e aminoácidos dos segundo fragmento subclonado no vetor de expressão, *Lci12A-II*, estão descritas nas SEQ ID NO: 59 e SEQ ID NO: 60, respectivamente. Os dois fragmentos recombinantes se iniciam no primeiro dos 30 motivos repetitivos, incluem

todo o segmento repetitivo e parte da região C-terminal. As duas proteínas variam na sua extremidade C-terminal e totalizam 928 e 534 aminoácidos para os polipeptídeos rLcil2A-I e rLcil2A-II respectivamente. A **Figura 2E** mostra
 5 uma representação esquemática da proteína rLcil2A e das duas proteínas recombinantes geradas a partir dos insertos *Lcil2A-I* e *Lcil2A-II*.

O inserto *Lcil3A* codifica para parte de uma proteína que corresponde a um homólogo mitocondrial da proteína de
 10 choque térmico HSP70 de *L. chagasi/infantum*. A sequência codificadora completa do *Lcil3* está está identificado no genoma de *L. infantum* com o número de acesso LinJ30_V3.2530. Embora a respectiva proteína *Lcil3* também
 15 pertença à família das HSP70s, a identidade entre a sequência de aminoácidos de *Lcil3* e de *Lcil* (outra proteína da família HSP70) é inferior a 50%. A proteína *Lcil3* é codificada por um dos quatro genes de HSP70 mitocondrial de *L. chagasi/infantum* que, embora não sejam idênticos, codificam para proteínas com um nível de homologia igual ou
 20 superior a 94% entre si [Campos, R.M., Nascimento, M., Ferraz, J.C., Pereira, M.M., Rocham P.O., Thompson, G.M., Cysne-Finkelstein, L., Figueiredo, R.C., de Melo Neto, O.P. (2008). Distinct mitochondrial HSP70 homologues conserved in various Leishmania species suggest novel biological
 25 functions. **Mol. Biochem. Parasitol.** **160**, 157-162]. A sequência completa de nucleotídeos do gene *Lcil3* está mostrada na SEQ ID NO: 61 e a sequência de aminoácidos correspondente está mostrada na SEQ ID NO: 62. A sequência de nucleotídeos do fragmento subclonado no vetor pRSET

(Lci13A) e a sequência do respectivo fragmento protéico recombinante (rLci13A) estão representadas nas SEQ ID NO: 63 e SEQ ID NO: 64, respectivamente.

Ensaio de "dipstick" para detecção de anticorpos anti- 5 *Leishmania*

Discos de papel de nitrocelulose foram individualmente sensibilizados com os polipeptídeos rLci1A, rLci2B, rLci3A, rLci3B e rLci5A como descrito a seguir. Amostra de cada clone de bacteriófagos Lambda ZAP codificando informação
10 para cada um dos polipeptídeos rLci1A, rLci2B, rLci3A, rLci3B e rLci5A foi misturada com suspensão de *E. coli*, meio de cultura contendo agar e isopropil- β -D-tiogalactosídeo (IPTG) e, depois, foi colocada em uma placa de petri, para produção de cada proteína recombinantes
15 codificada. A quantidade de bacteriófagos foi previamente determinada, por titulação, para causar placas de lise confluentes na camada de bactérias no final de um período de incubação de 4 horas a 42°C e 12 horas a 37°C. Após um período de incubação de quatro horas da mistura de
20 bacteriófago-bactéria, discos de papel de nitrocelulose foram justapostos à superfície do agar e incubados por 12 horas a 37°C, de maneira a serem sensibilizados com as proteínas recombinantes produzidas. Como controle negativo do antígeno ligado à fase sólida, discos de nitrocelulose
25 foram sensibilizados com lisados de placas de agar nas quais a *E. coli* foi infectada pelo bacteriófago lambda ZAP não recombinante. Promastigotas de *L. chagasi*/*L. infantum*, obtidos de culturas de fase estacionária em meio de Schneider's para células de inseto contendo 10% de soro

bovino fetal, foram lisados a 4°C (como fonte de antígeno de *Leishmania*) e usados para sensibilizar papel de nitrocelulose na concentração de 20 µg.mL⁻¹ de PBS, em uma incubação de 16 horas a 4°C. Sítios de ligação para

5 proteína possivelmente remanescentes nos discos de nitrocelulose, sensibilizados com os antígenos recombinantes ou controle, foram bloqueados pela incubação com 5% (m/v) de leite em pó desnatado em PBS (PBS-L) por pelo menos uma hora a temperatura ambiente. Pequenos (8 x 2

10 mm) pedaços retangulares dos discos de nitrocelulose sensibilizados com os diferentes antígenos foram cortados e colados transversalmente em uma única fita de plástico flexível (*dipstick* de 8 x 700 mm), de forma a formar uma matriz dos antígenos insolubilizados, dispostos lado a

15 lado, para serem simultaneamente testados no ensaio de *dipstick*. A matriz de *dipstick* foi formada por: (i) polipeptídeos rLci1A, rLci2B, rLci3A, rLci3B e rLci5A em lisado de *E. coli*; (ii) controle negativo de lisado de *E. coli*; e (iii) controle positivo de lisado de *Leishmania*.

20 Sessenta e um soros de pacientes com leishmaniose visceral parasitologicamente confirmada, e 14 soros de indivíduos sadios de área não-endêmica, foram testados na matriz de pedaços de papel de nitrocelulose, sensibilizados com antígenos, descrita acima. Isto foi feito como descrito

25 abaixo. A matriz antigênica foi incubada com diluições de soro a 1:400, em PBS-L contendo 0.05% de Tween 20 (PBS-LT), por duas horas a temperatura ambiente. Depois de quatro lavagens com PBS-T, a ligação de anticorpos aos antígenos foi revelada por incubações sucessivas com anticorpos anti-

Fc de IgG humana conjugados a peroxidase (específica para IgG) e com uma mistura de peróxido de hidrogênio e o cromógeno diaminobenzidina (Sigma-Aldrich), como descrito anteriormente. A coloração de um dos pedaços de papel de nitrocelulose que formavam a matriz antigênica era considerada uma reação positiva conforme mostrada na **Figura 4**.

O resultado dos testes de 61 soros de pacientes com leishmaniose visceral, e de 14 indivíduos sadios de região não-endêmica, no ensaio de *dipstick* mostrou sensibilidade, calculada a partir destes resultados, para os antígenos rLci2B e rLci5A de 73,8 % e 63,9 %, respectivamente, e a especificidade para cada um dos antígenos foi de 100 %.

Expressão e purificação de antígenos recombinantes

A análise eletroforética dos antígenos recombinantes produzidos e purificados como descrito acima, realizada para avaliar o grau de pureza desses antígenos, encontra-se ilustrada na **Figura 5**. Os resultados mostrados nesta figura são representativos do observado para os demais antígenos. Em alguns casos observam-se mais de uma banda que provavelmente representam produtos de degradação do polipeptídeo sintetizado, uma vez que não são encontrados com as demais proteínas recombinantes.

Uso de antígenos recombinantes em ensaios imunodiagnósticos por ELISA

Poços de placas de microtitulação de poliestireno com 96 poços (Cliniplate, Thermo Labsystems, Helsink, Finlândia) foram sensibilizados com antígeno diluído em 100 µL de tampão carbonato-bicarbonato de sódio a 0,1 M

(Na_2HCO_3 a 15 mM e NaHCO_3 a 28 mM, pH 9.6), por 16 horas, a 4°C. Extrato total de antígenos de *Leishmania chagasi/infantum* ou antígenos recombinantes de *Leishmania* purificados foram usados nas concentrações de 10 µg/mL e 2 a 5 µg/mL, respectivamente. Sítios de ligação de proteína não ocupados por antígeno foram bloqueados com 200 µL/poço de leite desnatado a 5 % em PBS (m/v) por 1 h a 37°C. Os poços foram lavados três vezes com PBS-T. Cem microlitros dos soros diluídos [humanos 1:1.600, caninos 1:400 (**Figura 13**), 1:400 ou 1:200 (**Figura 6**), e murinos 1:200, **Figuras 10 e 11**, 1:5.000, **Figura 9**] em PBS-T contendo 10% de leite desnatado, foram adicionados aos poços em duplicatas. As placas foram incubadas por 1 h, a 37° C. Amostras de soro controle negativo e soro controle positivo foram usadas em cada ensaio. Os poços das placas de microtitulação foram lavados três vezes com PBS-T. Foram utilizados 100 µL por poço de solução de anticorpos específicos para imunoglobulina da classe IgG humana (diluída 1:15.000), canina [diluída 1:1.000 (**Figura 13**) ou 1:1.200 (**Figura 6**) ou murina (diluída 1:400 ou 1:4.000, foram lotes diferentes de conjugado) conjugados a peroxidase (Sigma-Aldrich ou Jackson ImmunoResearch) conforme apropriado para o ensaio. As placas foram incubadas por 1 h, a 37°C. Os poços foram lavados 3 vezes com PBS-T e a reação foi revelada pela adição de 100 µL de tetrametilbenzidina (TMB; Sigma-Aldrich) em tampão citrato/acetato, por 30 minutos, a temperatura ambiente e ao abrigo de luz. A reação enzimática foi interrompida pela adição de 50 µL de ácido sulfúrico 4 M. A leitura de densidade óptica foi realizada

com filtro de 450 nm. Os resultados foram expressos como recíprocas e médias geométricas das recíprocas dos títulos de soro.

Os resultados dos ELISAs com soros de cães
5 naturalmente infectados por *Leishmania chagasi* e soros de cães controle, inicialmente com os antígenos rLci1A, rLci2B, rLci4A, rLci6A, rLci10A-II, rLci7A, rLci12A-II e rLci13A e em seguida com os antígenos rLci5A-I, rLci8A-I, rLci9A-I e rLci11A-I, estão apresentados na **Figura 6**. As
10 sensibilidades e especificidades desses ELISAs, para cada antígeno recombinante, nos grupos de soros testados, encontram-se apresentadas na **Tabela 2**.

Os resultados do ELISA com 43 soros de pacientes com leishmaniose visceral e 50 de indivíduos sadios, com os
15 antígenos rLci1A, rLci2B, rLci6A, rLci7A, rLci10A-I e rLci12A-II, estão apresentados na **Figura 7**.

Ensaio de "lateral flow" para detecção de anticorpos anti-*Leishmania*

Para ilustrar ainda mais o uso da invenção para a
20 detecção de anticorpos contra os polipeptídeos recombinantes, uma plataforma patenteada de ensaio de *lateral-flow* (Chembio, EUA) foi utilizada para desenvolvimento de um kit que permitiu a detecção de anticorpos caninos contra os polipeptídeos recombinantes.
25 Uma mistura em partes iguais dos antígenos rLci1A e rLci2B foi utilizada para sensibilizar o fundo de um receptáculo na plataforma do kit. Volumes de 5 µL de soro não diluído de 23 cães com leishmaniose visceral parasitologicamente confirmada, e de 10 cães controle de uma área não-endêmica,

foram aplicados em um receptáculo na plataforma do *kit*, seguidos por 40 µL de uma solução de lavagem. Depois de um período de incubação de 5 minutos, a formação de linhas visíveis na plataforma do *kit* indicou as reações positivas.

5 Um exemplo dos resultados obtidos com o teste de "lateral flow", produzido contra soros de cães controle e soros de cães naturalmente infectados por *Leishmania chagasi* (formação de uma e duas bandas violetas, respectivamente), está ilustrados na **Figura 8**. A **Tabela 3**
10 apresenta um sumário dos resultados obtidos com o conjunto de soros analisados.

Indução de resposta imune em camundongos por imunização com plasmídeos e/ou antígenos recombinantes

Grupos de seis a 18 camundongos fêmeas, ou fêmeas e
15 machos, com idade entre 6 e 12 semanas foram injetados três vezes, com 21 dias entre cada duas séries de injeções consecutivas, com:

i) 200 µL de salina ou 200 µL do polipeptídeo rLci2B a 500 µg/mL em salina ou em saponina a 500 µg/ml, sendo
20 100 µL em cada flanco, por via subcutânea;

ii) 200 µL de salina, 200 µL de salina com saponina a 500 µg/ml, 200 µL do polipeptídeo rLci2B a 500 µg/mL e saponina a 500 µg/ml, 50 µg de plasmídeo pBK-CMV sem inserto ou 50 µg pBK-CMV-*Lci2B*. Além disso, um grupo foi
25 injetado duas vezes com 50 µg pBK-CMV-*Lci2B* e uma vez com 200 µL do polipeptídeo rLci2B a 500 µg/mL e saponina a 500 µg/ml, com 21 dias entre cada duas injeções consecutivas. As injeções de salina, salina/saponina e rLci2B/saponina foram realizadas por via subcutânea

enquanto que as injeções de plasmídeo foram realizadas por via muscular, seguidas de eletroporação local (Mir, L. M., M. F. Bureau, et al.(1999) "High-efficiency gene transfer into skeletal muscle mediated by electric pulses." **Proc Natl Acad Sci U S A** 96(8): 4262-7; Lucas, M. L. and R. Heller.(2001) "Immunomodulation by electrically enhanced delivery of plasmid DNA encoding IL-12 to murine skeletal muscle." **Mol Ther** 3(1): 47-53];

10 iii) 50 µL de salina, 50 µg de pBK-CMV sem inserto ou pBK-CMV-*Lc3A*. As injeções foram realizadas por via muscular, seguidas de eletroporação local;

15 iv) 50 µL de salina, 200 µg de plasmídeo pBK-CMV sem inserto ou 200 µg de uma mistura, com quantidades iguais, dos plasmídeos pBK-CMV-*Lci1A*, pBK-CMV-*Lci2B*, pBK-CMV-*Lci3A* e pBK-CMV-*Lci4A*. As injeções foram realizadas por via muscular seguidas, ou não, de eletroporação local.

20 ELISAs para mensuração do título de anticorpos das subclasses IgG1 e IgG2a contra antígenos de *Leishmania* foram realizados, essencialmente, conforme descrito anteriormente, utilizando-se entretanto anticorpos de rato específicos para IgG1 ou IgG2a de camundongos conjugados a biotina (Sigma-Aldrich) e um conjugado de avidina com peroxidase (Sigma-Aldrich).

25 Camundongos injetados com o polipeptídeo r*Lci2B* produzem anticorpos específicos da classe IgG e das subclasses IgG2a e IgG1, conforme dados apresentados na **Figura 9**. Adicionalmente, esses animais desenvolvem linfoproliferação e produção de interferon gama, bem como de interleucina-5 (IL-5), após estimulação específica in

vitro. Estes resultados foram obtidos por meio de ensaios
 de ELISA realizados com polipeptídeo rLci2B, soros dos
 camundongos e anticorpos anti-IgG (**IgG**), anti-IgG1 (**IgG1**)
 ou anti-IgG2a (**IgG2a**) conjugados a peroxidase. Os
 5 resultados dos ensaios de linfoproliferação e de produção
 de interferon gama (**IFN- γ**) e interleucina-5 (**IL-5**) por
 esplenócitos foram obtidos após estimulação *in vitro* com o
 polipeptídeo rLci2B. Ainda na **Figura 9** e figuras seguintes,
 as colunas e as barras correspondem a média e desvio padrão
 10 ($X \pm SD$), respectivamente, de valores obtidos com pelo menos
 cinco camundongos por grupo. A concentração de IL-5 foi
 avaliada em "pool" de sobrenadante de esplenócitos
 (* $p < 0,05$).

Camundongos injetados com plasmídeo codificando rLci2B
 15 (pBK-CMV-*Lci2B*) ou pBK-CMV-*Lci2B* (administrados por
 eletroporação) e, posteriormente, injetados com o
 polipeptídeo rLci2B, como previamente aqui descrito,
 produziram, respectivamente, pequena e moderada quantidade
 de anticorpos específicos da classe IgG (**Figura 10**). Os
 20 animais injetados somente com pBK-CMV-*Lci2B* ou pBK-CMV-
Lci2B e rLci2B, desenvolveram anticorpos específicos
 exclusivamente e predominantemente da subclasse IgG2a,
 respectivamente (**Figura 10**). Além disso, esses animais
 apresentam uma tendência a desenvolver linfoproliferação e
 25 produção de interferon gama, mas não de IL-5, após
 estimulação específica *in vitro*. Nestes resultados, os
 ELISAs foram realizados com extrato total de antígenos de
L. chagasi / *L. infantum*.

Camundongos injetados com plasmídeo codificando rLci3A (pBK-CMV-Lci3A), como descrito anteriormente, desenvolveram anticorpos específicos da classe IgG, com moderada quantidade de anticorpos da subclasse IgG2a e pequena
 5 quantidade da subclasse IgG1 (**Figura 11**). Estes resultados também foram obtidos por meio de ensaios de ELISA realizados com extrato total de antígenos de *L. chagasi* / *L. infantum*.

Camundongos injetados com uma mistura de plasmídeos
 10 codificando rLci1A, rLci2B, rLci3A e rLci4A (seguida de eletroporação - EL - ou não) produziram anticorpos da classe IgG e da subclasse IgG2a (**Figura 12A, Figura 12B, Figura 12C**). Nesses ensaios os resultados dos ELISAs também foram realizados com extrato total de antígenos de *L.*
 15 *chagasi* / *L. infantum*.

Indução de resposta imune em cães por rLci1A e rLci2B recombinantes em associação à saponina

Grupos de cães foram formados com um macho e duas fêmeas (G1), um macho e três fêmeas (G2) e um macho e duas
 20 fêmeas (G3). Esses animais foram injetados três vezes, nos dias 0, 21 e 42 do experimento, por via subcutânea, com 1 mL de salina com 1 mg de saponina (G1) ou 200 µg de rLci1A, 200 µg de rLci2B e 1 mg saponina (G2 e G3), e com 0,5 mL de salina (G1 e G2) ou 800 µg de plasmídeo codificando
 25 interleucina-12 canina de cadeia única (pcDNA3.1-scca-IL12, dos Santos, L. R., S. M. Barrouin-Melo, Chang, Y. F.; Olsen, J.; McDonough, S. P.; Quimby, F.; dos Santos, W. L.; Pontes-de-Carvalho, L. C.; Oliveira, G. G. (2004) Recombinant single-chain canine interleukin 12 induces

interferon gamma mRNA expression in peripheral blood mononuclear cells of dogs with visceral leishmaniasis. **Vet Immunol Immunopathol** **98(1-2): 43-8]** diretamente no linfonodo poplíteo drenante, para promover atividade biológica intensa.

Cães injetados com **Lci1A e Lci2B** associados ou não a plasmídeo codificando IL-12 canina de cadeia única, produziram anticorpos da classe IgG reativos com extrato bruto de antígenos *Leishmania* (**Figura 13**). Nesses ensaios os resultados dos ELISAS foram realizados com extrato total de antígenos de *L. chagasi* / *L. infantum* (extrato bruto), rLci1A ou rLci2B, soros de cães e anticorpos anti-IgG conjugados à peroxidase. Na figura, cada símbolo e as barras correspondem ao valor obtido para cada cão e as médias aritméticas dos grupos, respectivamente (*p<0,05).

Assim, verifica-se que a presente invenção envolve treze moléculas individuais de DNA que codificam as proteínas Lci1, Lci2B, Lci3, Lci4, Lci5, Lci6, Lci7, Lci8, Lci9, Lci10, Lci11, Lci12 e Lci13 no protozoário *Leishmania chagasi/Leishmania infantum* e o uso delas, ou o uso de proteínas recombinantes codificadas por elas, aplicações na área de diagnóstico, terapêutica e vacinas. Na presente invenção, as moléculas individuais de DNA, bem como as proteínas por elas codificadas, são usadas para prevenção da infecção por *Leishmania chagasi/infantum* e por outras espécies de *Leishmania* capazes de causar doença no homem ou em outros mamíferos, incluindo aqueles com importância veterinária, e para tratar doenças resultantes dessas infecções. As proteínas recombinantes codificadas pelas

moléculas de DNA são usadas para a detecção de anticorpos específicos em amostras biológicas, incluindo soro, plasma, urina e saliva, obtidas de seres humanos e de outros mamíferos, particularmente o cão, visando a determinação do diagnóstico de leishmaniose visceral ou a detecção da infecção causada por *Leishmania*.

Tabela 1

Proteína	Identificação preliminar	Número de acesso no GeneDB V3	Número de acesso da proteína no GenBank. Depósito em 30/04/2007	Polipeptídeos recombinantes disponíveis
Lci1	Proteína de choque térmico HSP70	LinJ28_V3.3060 LinJ28_V3.2960 LinJ28_V3.3000	XP_001470324	rLci1A
Lci2	N-Kinesina	LinJ14_V3.1180 Sequência parcial	XP_001464298 Sequência incompleta - homologia <100%.	rLci2B
Lci3	Proteína hipotética com motivos repetitivos	Sequência similar às: LinJ34_V3.0700 LinJ34_V3.0710	XP_001468457 Sequência incompleta - homologia <100%.	rLci3A-R22 rLci3A-R3
Lci4	Poli-ubiquitina	LinJ36_V3.3690	Não disponível	rLci4A
Lci5	Proteína hipotética com motivos repetitivos	LinJ33_V3.3230. Contém outras CDS fora de fase	Não disponível	rLci5A-I, rLci5A-II
Lci6	Proteína associada ao citoesqueleto GB4	LinJ26_V3.1950	XP_001470534	rLci6A-I rLci6A-II
Lci7	Proteína relacionada ao stress Stil	LinJ08_V3.1020	XP_001463435	rLci7A
Lci8	Proteína hipotética com motivos repetitivos	LinJ32_V3.2420	XP_001467919	rLci8A
Lci9	Proteína hipotética com motivos repetitivos	Não anotada em <i>L. infantum</i> . Ortólogo da LmjF28.3010.	Não disponível	rLci9A-I, rLci9A-II
Lci10	Proteína hipotética com motivos repetitivos	LinJ34_V3.2360 Sequência incompleta	XP_001468598 Sequência incompleta	rLci10A-I, rLci10A-II
Lci11	Proteína hipotética com peptídeo de sinal	LinJ35_V3.4030	XP_001469205	rLci11A-I, rLci11A-II e III
Lci12	Proteína hipotética com motivos repetitivos	LinJ29_V3.0110	XP_001466517	rLci12A-I rLci12A-II
Lci13	Proteína de choque térmico HSP70 mitocondrial	LinJ30_V3.2530	XP_001467098	rLci13A

Tabela 2

Antígeno	Sensibilidade	Especificidade ^a
Extrato Total	92,8 % (39/42)	93,5 % (2/31)
rLci1A	92,5 % (37/40) ^b	Não avaliada
rLci2B	92,5 % (37/40) ^c	Não avaliada
rLci4A	100 % (17/17) ^d	Não avaliada
rLci5A-I	87,5 % (18/21) ^c	Não avaliada
rLci6A	69,8 % (30/43)	100 % (0/31)
rLci7A	51,2 % (22/43)	90,3 % (3/31)
rLci8A-I	100 % (6/6) ^c	Não avaliada
rLci9A-I	71,4 % (15/21) ^c	Não avaliada
rLci10A-I	74,4 % (32/43)	87,1 % (4/31)
rLci11A-I	76,2 % (16/21) ^c	Não avaliada
rLci12A	90,7 % (39/43)	71,0 % (9/31)
rLci13A	45,0 % (9/20)	Não avaliada

^a A especificidade da detecção de anticorpos anti-Leishmania foi determinada pelo uso de amostras de soro de cães com Demodicose (*Demodex canis*), Babesiose (*Babesia canis*) e Ehrlichiose (*Anaplasma platys*), diagnosticados por exame parasitológico. Os valores entre parênteses correspondem a número de resultados positivos/número de amostras testadas. Amostras de soro de 14^b, 15^c ou 5^d cães sadios e de área não endêmica para leishmaniose foram usados para definição do "cut off".

Tabela 3

Soros	Reatividade
Cães infectados	18/23 (78%)
Controles	0/10 (0%)

Proporção de soros de cães infectados por *Leishmania chagasi* (n=23) e de cães não infectados (n=10) que reagiram com uma mistura em partes iguais (massa/massa) dos antígenos rLci1A e rLci2B no teste de "lateral flow".

Para facilitar a informação sobre as seqüências da invenção, a **Tabela 4** mostra os números identificadores das seqüências com informação adicional sobre as mesmas.

Tabela 4

SEQ ID NO	Informação Adicional	Localização
1 (Lci1A)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da 5'UTR e a CDS.	5'UTR (1)...(162) CDS (163)...(2127)
2 (rLci1A)	Seqüência de aminoácidos do fragmento recombinante.	
3 (Lci2A)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da CDS e 3'UTR.	CDS (1)...(1575) 3'UTR (1576)...(1881)
4 (rLci2A)	Seqüência de aminoácidos do fragmento recombinante.	
5 (Lci2B)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da CDS e 3'UTR.	CDS (1)...(882) 3'UTR (883)...(1188)
6 (rLci2B)	Seqüência de aminoácidos do fragmento recombinante.	
7 (Lci3A)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da CDS e 3'UTR.	CDS (1)...(1633) Lci3A-R22 (2)...(1282) Lci4A-R3 (800)...(1630) 3'UTR (1634)...(2242)
8 (rLci3A)	Seqüência de aminoácidos do fragmento recombinante.	
9 (Lci3A-R22)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica a proteína recombinante	
10 (rLci3A-R22)	Seqüência de aminoácidos do fragmento recombinante	
11 (Lci3A-R3)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica a proteína recombinante	
12 (rLci3A-R3)	Seqüência de aminoácidos do fragmento recombinante	
13 (Lci4)	Seqüência de nucleotídeos do gene completo incluindo CDS e 3'UTR.	CDS (1)...(2055) 3'UTR (2056)...(3696)
14 (Lci4)	Seqüência de aminoácidos completa.	
15 (Lci4A)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da CDS e 3'UTR.	CDS (1)...(522) 3'UTR (523)...(2163)
16 (rLci4A)	Seqüência de aminoácidos do fragmento recombinante.	

17 (Lci5)	Sequência de nucleotídeos da 1ª CDS completa.	Lci5A (1456)...(3480) Lci5A-I (2482)...(3396) Lci5A-II (2482)...(2941)
18 (Lci5)	Sequência de aminoácidos da 1ª CDS completa.	
19 (Lci5A)	Sequência de nucleotídeos do cDNA	
20 (rLci5A)	Sequência de aminoácidos do fragmento codificado pelo cDNA.	
21 (Lci5A-I)	Sequência de nucleotídeos do 1º fragmento recombinante.	
22 (rLci5A-I)	Sequência de aminoácidos do 1º fragmento recombinante.	
23 (Lci5A-II)	Sequência de nucleotídeos do 2º fragmento recombinante.	
24 (rLci5A-II)	Sequência de aminoácidos do 2º fragmento recombinante.	
25 (Lci6)	Sequência de nucleotídeos do gene completo.	Lci6A (802)...(4641)
26 (Lci6)	Sequência de aminoácidos completa.	
27 (Lci6A)	Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.	
28 (rLci6A)	Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.	
29 (Lci7)	Sequência de nucleotídeos do gene completo.	Lci7A (303)...(1736)
30 (Lci7)	Sequência de aminoácidos completa.	
31 (Lci7A)	Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.	
32 (rLci7A)	Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.	
33 (Lci8)	Lci8 Sequência de nucleotídeos do gene completo	Lci8A-I (580)...(3723)
34 (Lci8)	Lci8 Sequência de aminoácidos completa	
35 (Lci8A-I)	Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica a proteína recombinante.	
36 (rLci8A-I)	Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.	
37 (Lci9A)	Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico completo.	Lci9A-I (2)...(2398) Lci9A-II (2)...(1099)
38 (Lci9A)	Sequência de aminoácidos da proteína codificada pelo fragmento gênico.	
39 (Lci9A-II)	Sequência de nucleotídeos do fragmento que codifica a proteína recombinante.	

40 (rLci9A-II)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante.	
41 (Lci10)	Seqüência de nucleotídeos de CDS incompleta.	Lci10A-I (1210)...(3816) Lci10A-II (1210)...(2148)
42 (Lci10)	Seqüência de aminoácidos de CDS incompleta.	
43 (Lci10A-I)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.	
44 (rLci10A-I)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante.	
45 (Lci10A-II)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.	
46 (rLci10A-II)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante.	
47 (Lci11)	Seqüência de nucleotídeos da CDS.	Lci11A-I (357)...(2220) Lci11A-II (420)...(1568) Lci11A-III (1548)...(2220)
48 (Lci11)	Seqüência de aminoácidos da proteína completa.	
49 (Lci11A-I)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.	
50 (rLci11A-I)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante.	
51 (Lci11A-II)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.	
52 (rLci11A-II)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante.	
53 (Lci11A-III)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.	
54 (rLci11A-III)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante.	
55 (Lci12)	Seqüência de nucleotídeos de CDS.	Lci12A-I (457)...(3240) Lci12A-II (457)...(2058)
56 (rLci12)	Seqüência de aminoácidos de CDS.	
57 (Lci12A-I)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante	
58 (rLci12A-I)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante	
59 (Lci12A-II)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante	
60 (rLci12A-II)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante	
61 (Lci13)	Seqüência de nucleotídeos da CDS completa.	Lci13A (835)...(1839)

62 (Lci13)	Seqüência de aminoácidos de CDS.	
63 (Lci13A)	Seqüência de nucleotídeos do fragmento de cDNA que codifica para a proteína recombinante.	
64 (rLci13A)	Seqüência de aminoácidos da proteína recombinante	

Assim, a descrição da presente invenção demonstra que uso de antígenos recombinantes diferentes obtidos a partir de genes de *Leishmania chagasi*/*Leishmania infantum* identificam, detectam e quantificam anticorpos específicos em material biológico obtido de seres humanos, de cães e de outros hospedeiros vertebrados da *Leishmania*.

Deve ficar claro que a presente invenção não está limitada às concretizações aqui descritas. Aqueles com habilidade na técnica irão perceber que, qualquer característica particular introduzida, deve ser entendida apenas como algo que foi descrito para facilitar a compreensão.

LISTAGEM SEQUÊNCIA

I) Depositante

- a) Nome: Fundação Oswaldo Cruz
- b) Endereço: Av. Brasil, 4365, Castelo Mourisco, sala 05, Manguinhos - 21045-900 - Rio de Janeiro - RJ

II) Dados da Prioridade Unionista: -

III) Título: USO DE ANTÍGENOS DE LEISHMANIA EM MÉTODO DIAGNÓSTICO, VACINA E TERAPIA PARA LEISHMANIOSE

IV) Numero de Sequências: 64

V) Formato para leitura em computador:

- a) Meio: CD ROM
- b) Computador: compatível com IBM PC.
- c) Sistema operacional: PC-DOS/MS-DOS.

1) Informação para a SEQ ID NO:1

Lc1A Sequência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da 5'UTR e a CDS.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 2127
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: Leishmania chagasi
- d) Localização: **5' UTR** (1)...(162)
CDS (163)...(2127)

GATCCTAAACACGCACTCGCACTCAAGCTGTCCGAAGAGAACACATACGCGCACAGGCATACGTCTCTCT
CGCTCTGCGCTCTATTACGTAACCCTATAACCACCCTCCTCCCCCACCCTCCACACGCACATAC
ACACACGACCACTGCCGAGAGATGACATTGACAGGCGCCATCGGCATCGACCTGGGCACGACGTACTCG
TGCGTGCGGTGTGGCAGAACGAACGCGTGGATATCATCGGAACGACCAGGGCAACCGCACGACACCGT
CGTACGTTGCGTTACCGACTCGGAGCGCCTGATCGGCGATGCCGGAAGAACCAGGTGGCAATGAACCC
GCACAACACGGTGTTCGACGCGAAGCGCCTGATTGGCCGCAAGTTCAACGACTCGGTTGTGCAGTCGGAC
ATGAAGCACTGGCCGTTCAAGGTGACGACGAAGGGCGACGACAAGCCCATGATTGCGGTGCAGTACCGCG
GCGAGGAGAAGACCTTCACGCCGAGGAGATCAGCTCGATGGTGCTGCTGAAGATGAAGGAGACAGCGGA
GGCGTACCTGGGCAAGCAGGTGAAGAAGGCCGTGGTGACGGTGCCGGCGTACTTCAACGACTCGCAGCGC
CAGGCAACGAAGGACGCCGACGATTGCTGGCCTGGAGGTGCTGCGCATCATCAACGAGCCGACGGCGG
CGGCCATCGCGTACGGCCTGGACAAGGGCGACGACGGCAAGGAGCGCAACGTGCTGATCTTCGACCTGG
CGGCGGCACGTTGATGTGACGCTGTTGACGATCGACGGCGGCATCTTCGAGGTGAAGGCGACGAACGGC
GACACGCACCTTGGCGGCGAGGACTTCGACAACCGCCTCGTCACGTTCTTCACCGAGGAGTTCAAGCGCA
AGAACAAGGGTAAGAACCCTGGCGTCGAGCCACCGCGCTGCGCCGTCTGCGCACGGCGTGCGAGCGCGC
GAAGCGCACGCTGTCTGTCGCGACGACGAGGCGACGATCGAGATCGACGCGTTGTTTCGAGAACGTTGACTTT
CAGGCCACCATCACGCGCGCGCTTCGAGGAGCTGTGCGGCGACCTGTTCCGACGACGATCCAGCCGG
TGGAGCGCGTGCTGCAGGACGCGAAGATGGACAAGCGCTCCGTGCACGACGTGGTGCTGGTGGGCGGGTC
AACGCGCATCCGAAGGTGCAGTCCCTCGTGTGCGACTTCTTCGGCGGCAAGGAGCTGAACAAGAGCATC
AACCCCGACGAGGCTGTGCGGTACGGCGCGCGGTGCAGGCCTTCATCCTGACGGGCGGCAAGAGCAAGC
AGACGGAGGGCCTGCTGCTGCTGGACGTGACGCCGCTGACGCTGGGCATCGAGACGGCCGGCGCGTGAT
GACGGCGCTGATCAAGCGCAACACGACGATTCCGACCAAGAAGAGCCAGATCTTCTCGACGTACGCGGAC
AACCAGCCCGCGTGACATCCAGGTCTTCGAGGGCGAGCGCGGATGACGAAGGACTGCCACCTGCTGG
GCAGTTTCGACCTGTCCGGCATCCCGCCGGCGCGCGGTGTGCCGAGATCGAGGTGACGTTTCGACCT
GGACGCAACGGCATCCTGAACGTGTCCGCGGAGGAGAAGGGCACCGGCAAGCGCAACCAGATCACCATC
ACCAACGACAAGGGCCGGCTGAGCAAGGACGAGATCGAGCGCATGGTGAACGACGCGATGAAGTACGAGG
CGGACGACAGGGCGAGCGGACCGCGTGGAGGCAAGAAGGGCCTGGAGAACTACGCGTACTCGATGAA
GAACACGCTCGGCGACTCGAACGTGTCCGGCAAGCTGGACGATAGCGACAAGGCCACGCTGAACAAGGAG

ATCGACGTGACGCTGGAGTGGCTGAGCAGCAACCAGGAGGCGACGAAGGAGGAGTACGAGCACAAGCAGA
AGGAGCTGGAGAGCGTATGCAACCCGATCATGACCAAGATGTACCAGAGCATGGGCGGTGCTGGGGGCGG
CATGCCCGGCGGTATGCCGGACATGAGCGGCATGAGCGGTGGTGCGGGCGCGCGGCGGTGCGTCTCTT
GGCCCCAAGGTCGAGGAGGTCGACTAA

2) Informação para a SEQ ID NO:2

Lci1A Sequência de aminoácidos do fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 708

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

DPKHALALKLSEENTYAHHRHTSLSLCALLRNPIITLLPPPPPIPHAHTHTTTAAEMTFDGAIGIDLGTYS
CVGVWQNERVDIIANDQGNRTTPSYVAFTDSERLIGDAKNQVAMNPHTVFDKRLIGRKFNDSVVQSD
MKHWPFKVTTKGDDKPMIAVQYRGEKFTTPEEISSMVLKMKETAAYLGKQVKAVVTPAYFNDSQR
QATKDAGTIAGLEVLRIINEPTAAAIAYGLDKGDDGKERNVLIFDLGGGTFDVTLTIDGGIFEVKATNG
DTHLGGEDFDNRLVTFFTEEFKRKNKGKNLASSHRALRRLRTACERAKRTLSSATQATIEIDALFENVDF
QATITRARFEELCGDLFRSTIQPVERVLQDAKMDKRSVHDVVLVGGSTRIPKVQSLVSDFFGGKELNCSI
NPDEAVAYGA AVQAFILTGGKSKQTEGLLLLDVTPLTGIE TAGGVMTALIKRNTTIPTKKSQIFSTYAD
NQPGVHIQVFEGERAMTKDCHLLGTFDLGSI PPAPRGVPQIEVTFDL DANGILNVSAAEEKGTGKRNQITI
TNDKGRLSKDEIERMVNDAMKYEADDRAQRDRVEAKNGLENYAYSMKNTLGDSNVSGKLDDSDKATLNKE
IDVTLEWLSSNQEATKEEYEHKQKELESVCNPIMTKMYQSMGGAGGMPGGMPDMSGMSGGAGPAGGASS
GPKVEEVD

3) Informação para a SEQ ID NO:3

Lci2A Sequência de nucleotídeos do fragmento de cDNA
incluindo parte da CDS e 3'UTR.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 1902

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

d) Localização: CDS (1)...(1575)
3'UTR (1576)...(1881)

TCCACTGCTGCTGCGAAGACGTCGGCGGAGCAGGACCGCGAGAGGATGAGGGTCACGTTGGAGGAGCGGC
TGCGCGTCGCTGAGTTGCGCGCTGCGGAGCTGGCGGGAGTGCTGGAGGCCACTGCTGCTGCGAAGACGTC
GGCGGAGCAGGATCGTGAGAGGACGAGGACCAGCTGTCAGGAGCAGCTTCGCGAATCCGAGGCGCGCT
GCGGAGCTGAAGGCCGAGCTGGAGGCCACTGCTGCTGCGAAGTCGTCGGCGGAGAAGGACCGCGAGAACA
CGAGGGCTGCTCTGGAGGAGAAGCTAAGGGGCACCGAGGCGCGCTGCGGAGCTGGAAGCCCGCTAAA
GGCTATCGCTGCGACAAAGGCGTCGATCGAGCAGGAGAGGAGCTCGATGGCTTCTCTGGAGGAAAGG
CTAAGGGGCTCTGAGGCGCGCTGCGGAGCTGGCAGCTCGGCTAAAGGCTGCTGTTGCTGCGAAGTCGT
CGGCGGAGCAGGAACGTGAGAACACGAGGGTGACGTTGGAGCAGCAGCTTCGCGAATCCGAGAAGCGCGC
TGCGGAGCTGGCGAGTCAGCTGGAGTCCACTGCTGCTGCGAAGACGTCGGCGGAGCAGGACCGCGAGAAC
ACGAGGGCCACGCTAGAGCAGCAGCTTCGCGAATCCGAGGAGCGCGCTGCGGACGTGAAGGCCGAGCTGG
AGGCCACTGCTGCTGCGAAGACGTCGGCGGAGAAGGACCGCGAGAACACGAGGGCTGCTCTGGAGGAGAA
GCTAAGGGGCACCGAGGCGCGCTGCGGAGCTGGCGGCCCGCTAAAGGCTATTGCTGCGATGAAGGCG
TCGATGGTGAGGAGCGGAAAGCGCGAGGGATGCTCTGGAGGAAAAGCTAAGGGGCTCTGAGGTGCGCG
CTGCGGAGCTGGCTGCTCGGCTAAAGGCTGCTGTTGCTGCGAAGTCGTCGGCGGAGCAGGACCGCGAGAA
CACGAGGGCCACGCTAGAGCAGCGGCTTCGCGAATCCGAGGAGCGCGCTGCGGAGCTGGCGAGTCAGCTG
GAGGCCGCTGCTGCTGCGAAGTCGTCGGCGGAGCAGGACCGCGAGAACACGAGGGCTGCTCTGGAGGAGA
AGCTAAGAGGCTCCGAGGAGCGCGCTGCGGAGCTGGGAACCCGTGTAAAGGCTAGTTCTGCGGCGAAGGC
TTTGGCGGAGCAGGAGCGGGACAGGATAAGGGCTGCCCTGGAGGAGAAGTTGCGTGATTGCGAGGCGCGC
GCTGCGGAGCTGACGACCAAGCTGGAGGCCACTGTTGCTGCGAAGTCGTCGGCGGAGCAGGAGCGGGAGA
ATATAAAGGTGGCTTTAGAGGAAGAATTGGTTGATGCAAGGGCGAAATTGGCTGGAATGGAGGCGTCGTT
GAAGGAATCGAAGTTGGAGTTTGAAGGTGCTGTCGGGGAGCTTGAAGGAGAGTGCGAGAAGCTGAGGAAT
GATAAGGTCAGGTATGCGAAAAGGTTCAATCGCTTGAGTATCAGATGCGCATCGATGAGGCTCGACTGA
AGGCGCGTCGTGATGCGGTTTCATCGAAAGGAGTGAGGCGAGGATGTTATAGCGGAGAGCTCGTCGTTGTC
TTGATGGGGAGGTGTTCTGCTGCGTCGCCGGCGTTACTGTAATGGTTTTGCGGCGGTGGGTAGGGCGCGA

TGCTGTTCTGCTGATTTCTTATTATTATATCTCCAATATTATATTGACGACATCTGCGGACTGACACCTG
GCGCGCGGTGCTGACGGGAGTTGCTGACTGCGCATGCTCGGTTTACAGTACCGCAGACGATGCCGTCGTC
TTTTCGATTGCGAATCAGTGCTGCCGGTGGCTATGCCGCACTTTCATCGAGATGCTTTTCCAAAAA
AAAAA

4) Informação para a SEQ ID NO:4

Lci2A Sequência de aminoácidos do fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 524

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

STAAAKTSAEQDRERMVLTLEERLRVAELRAAELAGVLEATAAAKTSAEQDRERTRTTLQEQRLRESEARA
AELKAELEATAAAKSSAEKDRENTAAALEEKLRGTEARAAELEARLKAIAATKASIEQERESSMASLEER
LRGSEARAELAARLKA AVAAKSSAEQERENTRVLTLEQQLRESEKRAAELASQLESTAAAKTSAEQDREN
TRATLEQQLRESEERAADVKALEATAAAKTSAEKDRENTAAALEEKLRGTEARAAELAARLKAIAAMKA
SMVQERESARDALEEKLRGSEVRAAELAARLKA AVAAKSSAEQDRENTATLEQRLRESEERAELASQL
EAAAAKSSAEQDRENTAAALEEKLRGSEERAELGTRVKASSAAKALAEQERDRIRAAALEEKLRDSEAR
AAELTTKLEATVAAKSSAEQERENIKVALEELVDARAKLAGMEASLKESKLEFEGRVGELEGECEKLRN
DKVRYAKKVQSLEYQMRIDEARLKARRDAVHRKE

5) Informação para a SEQ ID NO:5

Lci2B Sequência de nucleotídeos do fragmento de cDNA
incluindo parte da CDS e 3'UTR.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 1203

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

d) Localização: CDS (1)...(882)

3'UTR (883)...(1188)

GAGCTGGAGGCCACTGCTGCTGCGAAGACGTCGGCGGAGAAGGACCGCGAGAACACGAGGGCTGCTCTGG
AGGAGAAGCTAAGGGGCACCGAGGCGCGCGCTGCGGAGCTGGCGGCCCGCCTAAAGGCTATTGCTGCGAT
GAAGGCGTCGATGGTGCAGGAGCGGGAAAGCGCGAGGGATGCTCTGGAGGAAAAGCTAAGGGGCTCTGAG
GTGCGCGCTGCGGAGCTGGCTGCTCGGCTAAAGGCTGCTGTTGCTGCGAAGTCGTCGGCGGAGCAGGACC
GCGAGAACACGAGGGCCACGCTAGAGCAGCGGCTTCGCGAATCCGAGGAGCGCGCTGCGGAGCTGGCGAG
TCAGCTGGAGGCCGCTGCTGCTGCGAAGTCGTCGGCGGAGCAGGACCGCGAGAACACGAGGGCTGCTCTG
GAGGAGAAGCTAAGAGGCTCCGAGGAGCGCGCTGCGGAGCTGGGAACCCGTGTAAAGGCTAGTTCTGCGG
CGAAGGCTTTGGCGGAGCAGGAGCGGGACAGGATAAGGGCTGCCCTGGAGGAGAAGTTGCGTGATTGCGGA
GGCGCGCGCTGCGGAGCTGACGACCAAGCTGGAGGCCACTGTTGCTGCGAAGTCGTCGGCGGAGCAGGAG
CGGGAGAATATAAAGGTGGCTTTAGAGGAAGAATTGGTTGATGCAAGGGCGAAATTGGCTGGAATGGAGG
CGTCGTTGAAGGAATCGAAGTTGGAGTTTGAAGGTCGTGTCGGGGAGCTTGAAGGAGAGTGCGAGAAGCT
GAGGAATGATAAGGTCAGGTATGCGAAAAAGGTTCAATCGCTTGAGTATCAGATGCGCATCGATGAGGCT
CGACTGAAGGCGCGTCGTGATGCGGTTTCATCGAAAGGAGTGAGGCGAGGATGTTATAGCGGAGAGCTCGT
CGTTGTCTTGATGGGGAGGTGTTCTGCTGCGTCGCCGGCGTTACTGTAATGGTTTTGCGGCGGTGGGTAG
GGCGCGATGCTGTTCTGCTGATTTCTTATTATTATATCTCCAATATTATATTGACGACATCTGCGGACTG
ACACCTGGCGCGCGGTGCTGACGGGAGTTGCTGACTGCGCATGCTCGGTTTACAGTACCGCAGACGATGC
CGTCGTCTTTTCGATTGCGAATCAGTGCTGCCGGTGGCTATGCCGCACTTTCATCGAGATGCTTTTCCAA
AAAAA

6) Informação para a SEQ ID NO:6

Lci2B Sequência de aminoácidos do fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 293

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ELEATAAAKTSAEKDRENTAALEEKLRGTEARAAELAARLKAIAAMKASMVQERESARDALEEKLRGSE
 VRAAEALAAARLKA AVAAKSSAEQDRENTATLEQRLRESEERAAELASQLEAAAAAKSSAEQDRENTAAAL
 EEKLRGSEERAAELGTRVKASSAAKALAEQERDRIRAALEEKLRDSEARAAELTTKLEATVAAKSSAEQE
 RENIKVALEEEELVDARAKLAGMEASLKESKLEFEGRVGELEGECEKLRNDKVRYAKKVQSLEYQMRIDEA
 RLKARRDAVHRKE

7) Informação para a SEQ ID NO:7

Lci3A Sequência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da CDS e 3'UTR.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 2265
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*
- d) Localização: CDS (1)...(1633)
Lci3A-R22 (2)...(1282)
Lci4A-R3 (800)...(1630)
 3'UTR (1634)...(2242)

GGCACGAGAGAGGGCGCAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGCCGAGCTGCAGAAGGCGCAGGAGGACGGG
 GAGAGGCAGAAGGCCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGG
 CGCAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGGCAGAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGG
 CGATCTCGAAAAGGCGCAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGGCGAGCTCCAGAAGGCGCAGGAGGACGGG
 GAGAGGCAGAAGGCCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGG
 CGCAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGGCAGAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGG
 CGATCTCGAAAAGGCGCAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGCCGAGCTGCAGAAGGCGCAGGAGGACGGG
 GAGAGGCAGAAGGCCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGG
 CGCAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGGCAGAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGG
 CGAGCTCCAGAAGGCGCAGGAGGACGGGGAGAGGCAGAAGGCCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAAC
 GAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGCGCAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGG
 CAGAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGGCGAGCTCCAGAAGGCGCAGGAGGACGGGGAGAGGCAGAAGGC
 CGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGCGCAGGAGGAGGCC
 GAGAGGCTGGCTGGTGAGCTGGCGGATAAGGATCCGGAGCTGGCTGCATTTCGGGAGAAGCGGCGTGCCG
 CGCATGGAGCGCGCGCCGATGAGCCAGAGCTGGCTGCGGCCGACGGCATCTCGACGCGCAATGCCCGCGC
 AGGTAGCCGAGGCCGCCCCGCTGCGCAGATAAACCCCTGCCGCGGAGGCCGCTCGACCCCGTCACTATCGCC
 GCGGAGCCGCTGTACGCTGTACGCTGGATGAGTACAAAGCCAAGCAGACCGCTCTTGAAAATGCAGTGG
 AGGTGGCTTGTGCTGTGAGGAGACTGTGAAGGAAAAGTTGAGGGAAAACCTCAGATCTGATGGTAGAACT
 CGAGAAGTACGCGATCAAGCTTATGAGATGGATCGTGGCGCCAAGAGGATGGTGCGGCCATGGAAGGG
 GAGCTTCTTGTGTTGATGGAGTTGAAGAAGCTGAAGGGAATCAATGATGCGCTGCTGGCGGTACTGC
 GCGACAAGGAATGCGAAGTAAAGGAAGTGCCTATCACAATGAGCTTTGGGTGGATCCCACCGGGGACAA
 GAAGCAGGTTGTGACACGGCACACTAAGATATTTGATGGAACTGGGAGAGGATTGTTCCGCGAGCGTCCA
 GAGGGCCTATTTCGACGCTTTGTAATTGATTCTAGTAATGCATGCCACGTCCCCGGGGACAACATCAAAC
 AAGTGAGCTTTGATCACGACTAAGTCGCGACTTTCTTGCTCGGGAGGCGGGTGATGTGTGGCGCAGTTTG
 AGTGGCGAACGTATGGAAGAGCTGGAGGCGGGGGAACAGCTGCCCCGAGCATTGGCGAGCCCATTGCGCG
 TTTGCACCACTCCTGCTCCCCCTCTGTTTTCACTCCCTCAACCTGCTTCCGCTTGCAATTGCTTTATCTC
 GCCTACCTTGCGTGATCTCTACGGCGTTGAAGTAAAGTGTGTGGTCTGGTTTTTGTGTGTTTCTGTTT
 GCAGATTACAGGAATAGTAGCCTGTGCTCTTTTAGGAGGAGGTGGACTTTTCGCTCAGAGCGCATAGCGA
 GGAGAGAAGGTTGAGAAAGATATGCATTGTACATTTTCCACCGATGGCACTACTCACGCCCTCTCCCCCTT
 CGTGTGTATGACATTGTTTGTATTGGTATGTCGGTAACATTGCGGGGCGATTTGTTGCGGTATCGCGTCC
 GAGGGGCGAGCTTAGAAGCGTTTCGCCGAAAGCGACCCCATGCAGGAATTGGTGGTCTGCTACTGTTTCAGCA
 AAAGGAAACAGAAAACAAGGCCCGCTGAGGTTGAAGGGGTGCCTTGTATGCTTAGAGAGCTAAATGTCC
 ATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

8) Informação para a SEQ ID NO:8

Lci3A Sequência de aminoácidos do fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 543
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ARERAQEEAETLAAELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAERLAG
 DLEKAQEEAETLAGELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAERLAG
 DLEKAQEEAETLAAELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAETLAG
 ELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAETLAGELQKAQEDGERQKA
 DNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGELADKDPDLAAAFREKRRRAHGHARADEPELAAADGISTRNARA
 GSRGRPAAQINPAAEAVDPVTIAAEPLYAVTLDEYKAKQTALENAVEVACAAEETVKEKLRENSDLMVEL
 EKVRDQAYEMDRRRQEDGAAMEGELLVVLMELEKLLKLGINDALLAVLRDKECEVKELRYHNELWVDPTGDK
 KQVVRHTKIFDGNWERIVRERPEGLFAAFVIDSSNACHVPGDNIKQVSFDHD

9) Informação para a SEQ ID NO: 9

Lci3A-R22 Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica a proteína recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 1281
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

GCACGAGAGAGGGCGCAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGCCGAGCTGCAGAAGGGCGCAGGAGGACGGGG
 AGAGGCAGAAGGGCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGC
 GCAGGAGGAGGGCGCAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGGCAGAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGGC
 GATCTCGAAAAGGGCGCAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGGCGAGCTCCAGAAGGGCGCAGGAGGACGGGG
 AGAGGCAGAAGGGCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGC
 GCAGGAGGAGGGCGCAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGGCAGAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGGC
 GATCTCGAAAAGGGCGCAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGGCGAGCTGCAGAAGGGCGCAGGAGGACGGGG
 AGAGGCAGAAGGGCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGC
 GCAGGAGGAGGGCGCAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGGCAGAGGAGGAGGCCGAGACACTGGCGGGC
 GAGCTCCAGAAGGGCGCAGGAGGACGGGGAGAGGCAGAAGGGCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACG
 AGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGCGCAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCCGGCGATCTCGAAAAGGC
 AGAGGAGGAGGGCGAGACACTGGCGGGCGAGCTCCAGAAGGGCGCAGGAGGACGGGGAGAGGCAGAAGGCC
 GACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACGAGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGCGCAGGAGGAGGCCG
 AGAGGCTGGCTGGTGAGCTGGCGGATAAGGATCCGGAGCTGGCTGCATTTCTGGGAGAAGCGGCGTGCCGC
 GCATGGAGCGCGCGCCGATGAGCCAGAGCTGGCTGCGGCCGACGGCATCTCGACGCGCAATGCCCGCGCA
 GGTAGCCGAGGCCGCCCGCTGCGCAGATAAACCTGCCGCGGAGGCCGTCGACCCCGTCACTATCGCCG
 CGGAGCCGCTGTACGCTGTACGCTGGATGAGTACAAAGCCAAGCAGACCGCTCTTGAAAATGCAGTGGA
 GGTGGCTTGTGCTGCTGAGGAGACTGTGAAGGAAAAGTTGAGGGAAAACCTCAGATCTGATGGTAGAACTC
 GAGAAGGTACGCGATCAAGCT

10) Informação para a SEQ ID NO: 10

Lci3A-R22 Sequência de aminoácidos do fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 427
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ARERAQEEAETLAAELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAERLAG
 DLEKAQEEAETLAGELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAERLAG
 DLEKAQEEAETLAAELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAETLAG
 ELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGDLEKAEAAAETLAGELQKAQEDGERQKA
 DNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGELADKDPDLAAAFREKRRRAHGHARADEPELAAADGISTRNARA
 GSRGRPAAQINPAAEAVDPVTIAAEPLYAVTLDEYKAKQTALENAVEVACAAEETVKEKLRENSDLMVEL
 EKVRDQA

11) Informação para a SEQ ID NO: 11

Lci3A-R3 Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica a proteína recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 831
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

GAGCTCCAGAAGGCGCAGGAGGACGGGGAGAGGCAGAAGGCCGACAACCGCCAGCTGGCCAGCGACAACG
 AGCGGCTGGCCACCGAGCTGGAGAGGGCGCAGGAGGAGGCCGAGAGGCTGGCTGGTGAGCTGGCGGATAA
 GGATCCGGAGCTGGCTGCATTTTCGGGAGAAGCGGCGTGCCGCGCATGGAGCGCGCGCCGATGAGCCAGAG
 CTGGCTGCGGCGGACGGCATCTCGACGCGCAATGCCCCGCGCAGGTAGCCGAGGCCGCCCCGCTGCGCAGA
 TAAACCCTGCCGCGGAGGCCGTGACCCCGTCACTATCGCCGCGGAGCCGCTGTACGCTGTCACGCTGGA
 TGAGTACAAAGCCAAGCAGACCGCTCTTGAAAATGCAGTGGAGGTGGCTTGTGCTGCTGAGGAGACTGTG
 AAGGAAAAGTTGAGGGAAAACCTCAGATCTGATGGTAGAACTCGAGAAGGTACGCGATCAAGCTTATGAGA
 TGGATCGTCGGCGCCAAGAGGATGGTGGCGCCATGGAAGGGGAGCTTCTTGTGGTGTGATGGAGTTGAA
 GAAGCTGAAGGGAATCAATGATGCGCTGCTGGCGGTACTGCGCGACAAGGAATGCGAAGTAAAGGAACTG
 CGCTATCACAATGAGCTTTGGGTGGATCCACCGGGGACAAGAAGCAGGTTGTGACACGGCACACTAAGA
 TATTTGATGGAACTGGGAGAGGATTGTTTCGCGAGCGTCCAGAGGGCCTATTTCGCGAGCGTTTGTAAATTGA
 TTCTAGTAATGCATGCCACGTCCCCGGGGACAACATCAAACAAGTGAGCTTTGATCACGAC

12) Informação para a SEQ ID NO: 12

Lci3A-R3 Sequência de aminoácidos do fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 277
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ELQKAQEDGERQKADNRQLASDNERLATELERAQEEAERLAGELADKDPELAAAFREKRRRAAHGARADEPE
 LAAADGISTRNARAGSRGRPAQINPAAEAVDPVTIAAEPLYAVTLDEYKAKQTALENAVEVACAAEETV
 KEKLRENSDLMVELEKVRDQAYEMDRRRQEDGAAMEGELLVVLMELEKLLKLGINDALLAVLRDKECEVKEL
 RYHNELWVDPTGDKKQVVRHTKIFDGNWERIVRERPEGLFAAFVIDSSNACHVPGDNIKQVSFDHD

13) Informação para a SEQ ID NO: 13

Lci4 Sequência de nucleotídeos do gene completo incluindo CDS e 3' UTR.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 3696
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*
- d) Localização: **CDS** (1) ... (2055)
3' UTR (2056) ... (3696)

ATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACGATCG
 AGAACGTGAAGGCGAAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTGATCTTCGCCGG
 CAAGCAGCTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGTTG
 CTGCGCCTGCGCGGCGGCATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGG
 AGCCGAGCGACACGATCGAGAATGTGAAGGCCAAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCA
 GCGCCTGATCTTCGCCGGCAAGCAGCTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAG
 TCCACGCTGCACCTGGTGCTGCGCCTGCGCGGCGGCATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGA
 CGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACGATCGAGAACGTGAAGGCCAAGATCCAGGACAAGGAGGG
 CATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTGATCTTCGCCGGCAAGCAGCTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGGAC
 TACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGGTGCTGCGCCTGCGCGGCGGCATGCAGATCTTCGTGA
 AGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACGATCGAGAACGTGAAGGCCAA
 GATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTGATCTTCGCCGGCAAGCAGCTGGAGGAG
 GGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGGTGCTGCGCCTGCGCGGCG
 GCATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACGAT
 CGAGAATGTGAAGGCCAAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTGATCTTCGCC
 GGCAAGCAGCTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGG
 TGCTGCGCCTGCGCGGCGGCATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGT

GGAGCCGAGCGACACGATCGAGAACGTGAAGGCCAAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAG
 CAGCGCTGATCTTCGCCGGCAAGCAGCTGGAGGAGGGTCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGG
 AGTCCACGCTGCACCTGGTGTGCGCCTGCGCGGCGGCATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAA
 GACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACGATCGAGAACGTGAAGGCCAAGATCCAGGACAAGGAG
 GGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCTGATCTTCGCCGGCAAGCAGCTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGG
 ACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGGTGTGCGCCTGCGCGGCGGCATGCAGATCTTCGT
 GAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACGATCGAGAACGTGAAGGCC
 AAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTGATCTTCGCCGGCAAGCAGCTGGAGG
 AGGGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGGTGTGCGCCTGCGCGG
 CGGCATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACG
 ATCGAGAACGTGAAGGCCAAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTGATCTTCG
 CCGGCAAGCAGCTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCT
 GGTGTGCGCCTGCGCGGCGGCTAATAAGTTTCGTAGGCTGTAGCGTGGTAGCATATGGGCTCTTCGCGT
 TTTTGTGCGTGTACGATGTTGCTTATGGTACTCGTAGTGACGCTGAGTCTTCTCGGGAGCGTGTGCGT
 GTTGTGGCGTGATGTGAATGAAAATGCTTCGGAAGGGCGAGGCGGTGATGTTGTGCTGAGTTTTTATTCTA
 GAATGTGACGCGGCGTTGTAGGATGTGTTTCGGGCCAGTGGAGTTCGGTGTGTGTGCAGGCACTGATAA
 TGCTTGTATGTGGATTACAGTATGCAGTACACGTTACGGGGACAAGATGAATATGCCAGAGGCAAGGGTCT
 TTGTCGAGCCGCGTATTGGCCCTATGAGTGGATGAATGACTATCTTCTCGATATACGCTCTCGCTCTCATT
 GAAGGAAGTGGAGCAGAACTCATCCGTGAGCAGCGCTCCGATGTGCAGGGAAC TAGCAAGCGGCAAGG
 GGTGAGGCAAGGTGGATGCGGTTCTACTTTGCTGAAAAAAGATGCTAAAGGCTCTTATTGTTTGCTTGTG
 GTGTGGCGAGAGGCTTTCTGCCCCGCGCTCTCCCTGTGTGTGTCTGCACCTACCCTTCTCCAGCGCA
 TCTTCTCTGTGCTGTGGCTTGCTCTCTTCACTGTACCTCCGCTGTGTTTTTCTGCTCGCATTGTGTGCG
 TGTTTTCCCCCTTCTGTTTGGTGTGCATGTGCCCTCTGATCTGTTTCGCGCCACCCTGTTTTGTGCGTT
 GTACGTGAGCTGTCTATAAAAGGACCGTGTGCGTGTGCTGTATTCTCAGACGTGTGCATTTTCTTTTTC
 CCACACCTGTTCTACCGTGCCGTGTATCAGACAAAGAGGGAGAGAGTTACTCCCGCGTGCGGATGTGAGA
 GATGAAGAGGAAGCAGGGCAAGGGTACTGCGAAAGAATGGACGCGAGTCTGAAGGGGTGAGGAGAACCG
 CGCAAGACGCCGCTGGCGGTGCTGCGGCGGTGGGCACGAGGATTTGCGAAACCGACGGTCACTGTAGGAG
 TGCTCGTGCCGTTGTGGAGTTCTTTGGGGCCTTGTTCTGCGTTGTCATCCCCCTCTTCTCTCTACTCTC
 GTCTTTTTTTTCGAGTGTTTACACGCACCGACACTGTGCATCACTGCACCCTCTCTTCTCTCTACTCTC
 TCTTGTATGGCATCATGTTTTCGACGCTTCAGCGTGGGCAGCTCGTGGAACGCACTGTAGCTGCATCTTC
 CTCTTTTACTCTTGCCATTTTCACTGTTTCTTCTGCGCTCAGCACACCCATCTACTTATATCTCTCCATC
 TATATATATATATGTGTGTGTGTATGTGCGCGCCTGTGTTTTGTGCATGCTCCACCGAAGCGCCGACCCC
 TTCCCCCACTACCACTTCAAACACCACTTTTCTTCGGTTTTTGTGTTGTGTGTACATCTGCCAGCCT
 GTCGTTGGGCAAACCCCTGGTGCCCGCCCTGTCTATCTGTTGCGCCTGGGTGCGCACGTTTCGAGGCGGC
 TGATCTCTCTCTTTCTCTGACACCCCTTCTTTATGAGCCTCATCCCGGATACGGTGACGGGGAGAGG
 GTCGAGAGGTGGGGAGGTGCTGTACGCACATACGTGTGTGTCTGGACAGAATAAAA

14) Informação para a SEQ ID NO: 14

Lci4 Sequência de aminoácidos completa.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 684

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

MQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQRILIFAGKQLEEGRTLSDYNIQKESTLHLL
 LRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQRILIFAGKQLEEGRTLSDYNIQKE
 STLHLVLRRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQRILIFAGKQLEEGRTLSD
 YNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQRILIFAGKQLEE
 GRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQRILIFA
 GKQLEEGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQ
 QRLIFAGKQLEEGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKE
 GIPPDQQRILIFAGKQLEEGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDTIENVKA
 KIQDKEGIPPDQQRILIFAGKQLEEGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKTLTGKTIALEVEPSDT
 IENVKAKIQDKEGIPPDQQRILIFAGKQLEEGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGG

15) Informação para a SEQ ID NO: 15

Lci4A Sequência de nucleotídeos do fragmento de cDNA incluindo parte da CDS e 3'UTR.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 2177
 b) Tipo: DNA
 c) Organismo: *Leishmania chagasi*
 d) Localização: **CDS** (1)...(522)
 3' UTR (523)...(2163)

CTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGGTGCTGCGCCTGCGCGGCGGCATGCAGA
 TCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAGCGACACGATCGAGAACGT
 GAAGGCGAAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTGATCTTCGCCGGCAAGCAG
 CTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGCTGCACCTGGTGCTGCGCC
 TGCGCGGCGGCATGCAGATCTTCGTGAAGACGCTGACCGGCAAGACGATCGCGCTGGAGGTGGAGCCGAG
 CGACACGATCGAGAACGTGAAGGCGAAGATCCAGGACAAGGAGGGCATCCCGCCGGACCAGCAGCGCCTG
 ATCTTCGCCGGCAAGCAGCTGGAGGAGGGCCGCACGCTCTCGGACTACAACATCCAGAAGGAGTCCACGC
 TGCACCTGGTGCTGCGCCTGCGCGGCGGCTAATAAGTTTCGTAGGCTGTAGCGTGGTAGCATATGGGCTC
 TTCGCGTTTTTTTCGCTGCTACGATGTTGCTTATGGTACTCGTAGTGTACGCTGAGTCTTCTCGGGAGCG
 TGTGCGTGTGTGGCGTGTGAATGAAATGCTTCGGAAGGGCGAGGCGGTGATGTTTGCTGAGTTTT
 TATTCTAGAATGTGACGCGCGTGTAGGATGTGTTTCGGGCCAGTGGAGTTCGGTGTGTGTGCAGGCA
 CTGATAATGCTTGTATGTGGATTGAGTATGCAGTACACGTTACGGGGACAAGATGAATATGCCAGAGGCA
 AGGGTCTTTGTCGAGCCGCGTATTGGCCCTATGAGTGGATGAATGACTATCTTCTCGATATACGTCTCGC
 TCTCATTGAAGGAAGTGGAGCACGAACATCCGTGAGCAGCGCGTCCGATGTGCAGGGAAGTAGCAAGC
 GGCAAGGGGTGAGGCAAGGTGGATGCGGTTCTACTTTGCTGAAAAAGATGCTAAAGGCTCTTATTGTTT
 GCTTGTGGTGTGGCGAGAGGCTTTCTGCCCCGCCGCTCTCCCTGTGTGTGTCTGCACCTACCCTTCTC
 CAGCGCATCTTCTGTGCTGTGGCTTGTCTCTTCACTGTCACCTCCGCTGTGTTTTTCTGCTCGCATT
 GTGTGCGTGTTCCTTCTGTTTGGTGTGCATGTGCCCTCTGATCTGTTTCGCGCCACCCTGTTTT
 GTGCGTTGTACGTGAGCTGTCTATAAAGGACCGTGTGCGTGTGCTGTATTCTCAGACGTGTGCATTTT
 CTTTTTCCACACCTGTTCTACCGTGCCGTGTATCAGACAAAGAGGGAGAGAGTTACTCCCGCGTGCGGA
 TGTGAGAGATGAAGAGGAAGCAGGGCAAGGGTACTGCGAAAGAATGGACGCGAGTCCTGAAGGGGTGAGG
 AGAACC GCGCAAGACGCCGCTGGCGGTGCTGCGGCGGTGGGCACGAGGATTTCGGAACCGACGGTCACT
 GTAGGAGTGCTCGTGCCGTTGTGGAGGTTCTTTGGGGCCTTGTGTTCTGCGTTGTATCCCCCTCTTCA
 TCTGCCCGTCTTTTTTTCGAGTGTTCACACGCACCGACACTGTGCATCACTGCACCCTCTCTCTCTC
 TACTCTCTCTTGTATGGCATCATGTTTGCACGCTTCAGCGTGGGCAGCTCGTGGAAACGCACTGTAGCTG
 CATCTTCTCTTTTACTCTTGCCTATTTCACTGTTTCTTCTGCGCTCAGCACACCCTCTACTTATATCT
 CTCCATCTATATATATATATGTGTGTGTGTATGTGCGCGCCTGTGTTTTGTGCATGCTCCACCGAAGCGC
 CGACCCCTTCCCCACTACCCTTCAAACACCAACCCCTTTTCTTCGTTTTTGTGTGTGTACATCTG
 CCAGCCTGTGTTGGGCAAACCCCTGGTGCCCGCCCTGTCTATCTGTTGCGCCTGGGTGCGCACGTTTCG
 AGGCGGCTGATCTCTCTCTCTTTCTCTGACACCCCTTCTTTATGAGCCTCATCCCGGATACGGTGACGG
 GGAGAGGGTCGAGAGGTGGGGAGGTGCTGTACGCACATACGTGTGTGTCTGGACAGAATAAAAAAAAAA
 AAAAAA

16) Informação para a SEQ ID NO: 16
 Lci4A Sequência de aminoácidos do fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 173
 b) Tipo: PRT
 c) Organismo: *Leishmania chagasi*

LSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQRLLIFAGKQ
 LEEGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGGMQIFVKLTGKTIALEVEPSDTIENVKAKIQDKEGIPPDQQRLL
 IFAGKQLEEGRTLSDYNIQKESTLHLVLRRLRGG

17) Informação para a SEQ ID NO: 17
 Lci5 Sequência de nucleotídeos da 1ª CDS completa.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 7665
 b) Tipo: DNA
 c) Organismo: *Leishmania chagasi*
 d) Localização: **Lci5A** (1456)...(3480)
 Lci5A-I (2482)...(3396)

Lci5A-II(2482) . . . (2941)

ATGAAAGGCAAGCGCGTCAACCTTCACGACACGGAAAGTTTCATGTCACTCGACGAATTCGACTCTGATA
 ACAACGCTTCATACACAGCGGAAAACGCCAGTGACCACACAAAGCAAGACAATCTCAGCAGTACCGCAGC
 CGCGCGGAACTCTGCAGAATCTTCCATGTTACTTGAGCCGCCGGGGAACACGCCTATATCGTACCTATCA
 CATTGCAACTCCCCGAAGAGCTTCGCGCCGCTGGAGGCGGCGGAGGAGGCCGCGCGGTGCAGCGTGAGG
 AGCAGGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGCCTCGCGGTACGACCCA
 CCGGGTTCGCCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTCTGCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAG
 TTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTGATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGCCG
 GCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGACGGAGGCCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGC
 CAGCTCGCCCTTACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACC
 CGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCGGTGGAGGAGGCCG
 CAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGCA
 GCCGCGCCTCGCGGTACGACACACCGGGTTCGCCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTCTGCGACGAG
 TGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTCTGA
 TGACGCGGTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCTCGCGAA
 GAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCC
 GAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGT
 CGCTGGACCCGGTGGAGGAGGCCGAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCG
 CGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGCCTCGCGGTACGACACACCGGGTTCGCCTGGACGGCGAT
 TTGTGGGCGCGTGTCTGTCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGACGTGTGCGATG
 CCACGGCGCTGCCGCGGACGTGATGCAGCGCCTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCA
 GCTCTCGCACGGAGGCCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTACCCGCACC
 TGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCC
 TTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGCCGCTGGAGGCGGTGGAGGAGGCCGAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGA
 GGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGCCTCGCGGTACGACA
 CACCGGGTTCGCCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTCTGTCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGG
 AGTTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTGATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGC
 CGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTT
 GCCAGCTCGCCCTTACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCCA
 CCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCGGTGGAGGAGGC
 CGCAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCG
 CAGCCGCGCCTCGCGGTACGACACACCGGGTTCGCCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTCTGCGACG
 AGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGT
 GATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCTCGCG
 AAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCG
 CCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTAGC
 GCCGCTGGAGGCGGCGGAGGAGGCTGGCGCGGCGCAGCGTGAGGAGCAGGCCAGCGCTGCAGCGCTC
 GGCACGCGGCTGGAGCCGAGCCGCGCCTCGCGGTACGACACACCGGGTTCGCCTGGACGGCGATTTGT
 GGGCGCGTGTCTGTCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCAC
 GCGCGTGCCGCGGACGTGATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTC
 TCGCACGGAGGCCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTACCCGCACCTGGG
 CACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCG
 CGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCGGTGGAGGAGGCCGAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAG
 CATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGCCTCGCGGTACGACACACC
 GGGTTTCGCCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTCTGTCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGT
 CACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTGATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGCCGGC
 AGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCA
 GCTCGCCCTTACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCG
 CGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCGGTGGAGGAGGCCGCA
 GTGCTGCGTGCGCAGCAGCAGGAGGAGCCACCGGTGGAGGCGATGACGGCGTTTCGAGGAGCATGCGCCAG
 CGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGATCGTGGTGCTCTCGAGGGGGCTTCCCCGGTAGACGC
 CCGTACCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGAGGCGGCGGAGGAG
 GCCGAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGGAGCCACCGGTGGAGGCGATGACGGCGTTTCGAGGAGCATG
 CGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGATCGTGGTGCTCTCGAGGGGGCTTCCCCGGT
 AGACGCCCGTACCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCGGT
 GAGGAGGCCGAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGGAGCCACCGGTGGAGGCGATGACGGCGTTTCGAGG
 AGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGATCGTGGTGCTCTCGAGGGGGCTTC
 CCCGTTAGAGCCCGTACCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGAC
 CCGGTGAGGAGGCGCTCAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGGAGCCACCGGTGGAGGCGATGACGGCGT
 TCGAGGAGCATGCGCCACGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGATCGTGGTGCTCTCGAGGG
 GGCTTCCCCGGTAGACGCCCGTACCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCG

CTGGACCCGGTGGAGGAGGCCACAGTGCTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGGAGCCACCGGTGGAGGCGATGA
 CGGCGTTTCGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCTCGGCACGCCGGTGGAGCCGCATCGTGGTGCTCT
 CGAGGGGGCTTCCCCGGTAGACGCCCGTACGGCCACGCCCGGGCTGCCCTTCGCGCTCGGAGAGCTTC
 GCGTTCGCTGGACCCGGTGGAGGAGGCCGAGTGCTGCGTGCGCAGCAGAAGGACGAGGCGCCGGCGCCG
 AGCGCGCCGCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGACGCCGGCACGCGAGCTCTG
 GCAGTCCGTCGCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCCGCTGCGCTGCAT
 GCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCCGCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCAT
 CCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGCGACGA
 CCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACAAGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCC
 GCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCG
 TCGCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGC
 GGAGGACAAGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCCGCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGGAG
 GTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGT
 GTGCGGAGCCCGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCCGGAGCC
 GCAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAG
 CCGGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGACA
 AGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCC
 GGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAG
 CCGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGG
 CACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGAGGG
 CTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCG
 GTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGGGCGACCTTGGGTGTGCGGAGCCCGCTGCGC
 TGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGC
 TGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGC
 GACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGCGGCCGAGC
 GCGCCGCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCA
 GTCCGTCGCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCG
 CTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGGCTACTCGCGGGGCGACCTTG
 GGTGTGCGGAGCCCGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCCGCGGA
 GCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCG
 GAGCCGGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGG
 ACAAGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCC
 GCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCG
 GAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGG
 AGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGGA
 GGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCG
 CCGGTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCAC
 GCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGC
 TCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGACCTGCGCGAG
 AGGGCTACTCGCGGGGCGACCTTGGGTGTGCGGAGCCCGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGC
 GCCGGCGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCA
 CGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGG
 CTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACAAGGCGCCGGCGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGGCACC
 CATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCTCTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGGAGGGCTAC
 TCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCCGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGG
 CCGAGCGCGCCGGAGCCGAGGAGGCACCCATGGCTGCATCCACGAGGTGCCGCCGGCACGCGAGCT
 CTGGCAGTCCGTCGCGGAGCCGGAGGGCTACTCGCGCGACGACCTCGGGTGTGCGGAGCCGGCTGCGCTG
 CATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGGCCGAGCGCGCCGGAGCCGGAGGGCTACTCGCGGGGCG
 ACCTTGGGTGTGCGGAGCCCGCTGCGCTGCATGCGCTGGCGGAGGACGAGGCGCCGGTGGCCGAGCGCG
 CGTGGAGCCGAGGAGTCAAGAATTATCCGCATGA

18) Informação para a SEQ ID NO: 18

Lci5 Sequência de aminoácidos da 1ª CDS completa.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 2554

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

MKGKRVNLHDTESFMSLDEFDSNNASYTAENASDHTKQDNLSSTAAARNSAESSMLLEPPGNTPISYLS
 HSNPKFSFAPLEAAEEAGAVQREEQAPALQRVGTPVEPQPR LAVTTHRVRLDGLWARVVDEWPDLLKQE

FTSDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPT
 RATPPAALRASESFASLDPVEEAAVLRAQQEEHAPALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDE
 WPDLLKQEFSTDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVA
 ETKETPPTTRATPPAALRASESFASLDPVEEAAVLRAQQEEHAPALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGD
 LDWARVVDEWPDLLKQEFSTDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRT
 WALYERVAETKETPPTTRATPPAALRASESFAPLEAVEEAAVLRAQQEEHAPALQRVGTPVEPQPRLAVT
 HRVRLDGDLDWARVVDEWPDLLKQEFSTDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQL
 ASSPFTRTWALYERVAETKETPPTTRATPPAALRASESFASLDPVEEAAVLRAQQEEHAPALQRVGTPVEP
 QPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDEWPDLLKQEFSTDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQLSHGGLA
 KRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTTRATPPAALRASESLAPLEAAEEAGAAQREEQAPALQRV
 GTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDEWPDLLKQEFSTDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQL
 SHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTTRATPPAALRASESFASLDPVEEAAVLRAQQEE
 HAPALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDEWPDLLKQEFSTDVCDATALPRTSMQRLVLTAG
 SLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTTRATPPAALRASESFASLDPVEEAA
 VLRAQQEEPPVEAMTAFEHHAPALQRVGTPVEPHRGALEGASPDARTATPPAALRASESFASLEAAEE
 AAVLRAQQEEPPVEAMTAFEHHAPALQRVGTPVEPHRGALEGASPDARTATPPAALRASESFASLDPV
 EEAALRAQQEEPPVEAMTAFEHHAPALQRVGTPVEPHRGALEGASPDARTATPPAALRASESFASLDPV
 PVEEASVLRAQQEEPPVEAMTAFEHHAPALQRVGTPVEPHRGALEGASPDARTATPPAALRASESFAS
 LDPVEEATVLRAQQEEPPVEAMTAFEHHAPALQRVGTPVEPHRGALEGASPDARTATPPAALRASESF
 ASLDPVEEAAVLRAQQKDEAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALH
 ALAEDEAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERA
 AEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTE
 VPPARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAE
 PEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAE
 PAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAP
 VAERAAEPPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSR
 DDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALHA
 LAEDEAPVAERAAEPPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSV
 EPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCA
 EPAALHALAEDKAPAAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDK
 PVAERAAEPQEAPMAASTEVTARELWQSVAEPEGYSRDDLGCAEPAALHALAEDKAPAAERAAEPHRE
 RATRGATLGVRSPRLCMRWRRTRRRRPSAPRSRRRHFWLHPRRCRRRHASSGSPSRRRRATRTTSGVRSR
 LRCMRWRRTRRRRPSAPRSRRRHFWLHPRRCRRRHASSGSPSRRRRATRTTSGVRSRPLRCMRWRRTRRR
 PSAPRSRRRHFWLHPRRCRRRHASSGSPSRRRRATRTTSGVRSRPLRCMRWRRTRRRWPSAPRSRRRATRGA
 TLGVRSPRLCMRWRRTRRRWPSAPRSRRSQELSA

19) Informação para a SEQ ID NO: 19

Lci5A Sequência de nucleotídeos do cDNA.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 2025
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

CCCTTACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCA
 CGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGCCGCTGGAGGCGGTGGAGGAGGCCGAGTGCT
 GCGTGCGCAGCAGGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGCCACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGC
 CTCGCGGTACGACACACCGGGTTTCGCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTGTCGACGAGTGGCCGG
 ACCTGCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTCGATGCAGCG
 GCTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCAGCTCTCGCACGGAGGCTCGCGAAGAGGGAG
 CTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGA
 AAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGA
 CCCGGTGGAGGAGGCCGAGTGTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGC
 ACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGCCTCGCGGTACGACACACCGGGTTTCGCTGGACGGCGATTTGTGGG
 CGCGTGTGTCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGC
 GCTGCCGCGGACGTCGATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCAGCTCTCG
 CACGGAGGCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTACCCGCACCTGGGCAC
 TGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGC
 CTCGGAGAGCTTAGCGCCGCTGGAGGCGGCGGAGGAGGCTGGCGCGGCGCAGCGTGAGGAGCAGGCCCA
 GCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGCCTCGCGGTACGACACACCGGGTTTCGCC
 TGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTGTCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGA

CGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTCGATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTC
 GCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCT
 TCACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCC
 GCGGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCGGTGGAGGAGGCCGAGTGTGCGT
 GCGCAGCAGGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGACGCCGCGCTCG
 CGGTACGACACACCGGGTTTCGCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTGCTCGACGAGTGGCCGGACCT
 GCTCAAGCAGGAGTTCAACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTCGATGCAGCGGCTG
 GTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCCTCGCGAAGAGGGAGCTGA
 ACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTCACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGA
 GACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCG
 GTGGAGGAGGCCGAGTGTGCGTGCAGCAGCAGGAGGAGCCACCGGTGGAGGCGATGACGGCGTTTCG
 AGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGCATCGTGGTGCTCTCGAG

20) Informação para a SEQ ID NO: 20

Lci5A Sequência de aminoácidos do fragmento codificado pelo cDNA.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 675
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

PFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRASESFAPLEAVEEAAVLRAQQEEHAPALQRVGTPVEPQPR
 LAVTTHRVRLDGDLDWARVVDWPDLLKQEFTSDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQLSHGGLAKRE
 LNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRASESFASLDPVEEAAVLRAQQEEHAPALQRVG
 TPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDWPDLLKQEFTSDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLVADFQLS
 HGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRASESLAPLEAAEEAGAAQREEQAP
 ALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDWPDLLKQEFTSDVCDATALPRTSMQRLVLTAGSLV
 ADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRASESFASLDPVEEAAVL
 AQQEEHAPALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDWPDLLKQEFTSDVCDATALPRTSMQRL
 VLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRASESFASLDP
 VEEAAVLRAQQEEPPVEAMTAFEHAPALQRVGTPVEPHRGAL

21) Informação para a SEQ ID NO: 21

Lci5A-I Sequência de nucleotídeos do 1º fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 915
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

GCGCAGCGTGAGGAGCAGGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGACGCCGCGCCTCG
 CGGTACGACACACCGGGTTTCGCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTGCTCGACGAGTGGCCGGACCT
 GCTCAAGCAGGAGTTCAACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTCGATGCAGCGGCTG
 GTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCCTCGCGAAGAGGGAGCTGA
 ACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTCACCCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGA
 GACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCG
 GTGGAGGAGGCCGAGTGTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGCATGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGC
 CGGTGGAGCCGACGCCGCGCCTCGCGGTACGACACACCGGGTTTCGCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCG
 TGTGCTCGACGAGTGGCCGGACCTGCTCAAGCAGGAGTTCAACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTG
 CCGCGGACGTCGATGCAGCGGCTGGTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACG
 GAGGCCCTCGCGAAGAGGGAGCTGAACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTCACCCGCACCTGGGCACTGTA
 CGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGAGACGCCGCCACCCGCGCCACGCCGCCGGCTGCCCTTCGCGCCTCG
 GAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCGGTGGAGGAGGCCGAGTGTGCGTGCGCAGCAGCAGGAGGAGCCAC
 CGGTG

22) Informação para a SEQ ID NO: 22

rLci5A-I Sequência de aminoácidos do 1º fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 305
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

AQREEQAPALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDEWPDLLKQFTSDVCDATALPRTSMQRL
 VLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRASESFASLDP
 VEEAAVLRAQQEEHAPALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDEWPDLLKQFTSDVCDATAL
 PRTSMQRLVLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRAS
 ESFASLDPVEEAAVLRAQQEEPPV

23) Informação para a SEQ ID NO: 23

Lci5A-II Sequência de nucleotídeos do 2º fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 468
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

GCGCAGCGTGAGGAGCAGGCGCCAGCGCTGCAGCGCGTCGGCACGCCGGTGGAGCCGAGCCGCGCCTCG
 CGGTACAGACACACCGGGTTCGCCTGGACGGCGATTTGTGGGCGCGTGTGTCGACGAGTGGCCGGACCT
 GCTCAAGCAGGAGTTCACAAGCGACGTGTGCGATGCCACGGCGCTGCCGCGGACGTGATGCAGCGGCTG
 GTGCTCACAGCCGGCAGCCTCGTCGCCGACTTCCAGCTCTCGCACGGAGGCCTCGCGAAGAGGGAGCTGA
 ACAAGCAGCTTGCCAGCTCGCCCTTCAACCGCACCTGGGCACTGTACGAGCGCGTCGCCGAGACGAAAGA
 GACGCCGCCACCGCGCCACGCCCGCGCTGCCCTTCGCGCCTCGGAGAGCTTCGCGTCGCTGGACCCG
 GTGGAGGAGGCCGAGTGTGCGTGCGCAGCAGGAGGAGCCACCGGTG

24) Informação para a SEQ ID NO: 24

rLci5A-II Sequência de aminoácidos do 2º fragmento recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 156
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

AQREEQAPALQRVGTPVEPQPRLAVTTHRVRLDGDLDWARVVDEWPDLLKQFTSDVCDATALPRTSMQRL
 VLTAGSLVADFQLSHGGLAKRELNKQLASSPFTRTWALYERVAETKETPPTRATPPAALRASESFASLDP
 VEEAAVLRAQQEEPPV

25) Informação para a SEQ ID NO: 25

Lci6 Sequência de nucleotídeos do gene completo.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 7599
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*
- d) Localização: (802)...(4641)

ATGACCGCAGTCAGTGTCAACGAAAATGAGCTGGTGCACCTCAGCGTGGGCGACTTTGTGCCATCCTCA
 CCCATCACATGAAGGATGGCAAGCTGCACTGGATCTTGGGCTCCGTCGAGACGCCACCGTACCTGCGCGA
 TGTCGAGATCCGCTGTGGGCGAAGCAGCGGTTGAGTACTACGACGAGGGCGACGCCCCGGCAGACCCG
 GAGACCGCGGCGCTGATGGATCGCATTGCCCAAGTGAAGGACGAACTCCGTAAGAGCATTGACCAGGCCG
 AGGACCTCACGGAGCAGCTGCGCGACCGCGCTGCCATTATTCAGAAGATCGCCGAGGCTGACAGGTA
 CGTGGCGGAGTCGAAGGCCGTCCGCGACGCTGCGCGACGACGTCGAGAGCATCTCCGATCGCAACTGG
 CAGGAGCTGAAGTCGTACCGTATTCACCCCAAGATGGTGTGAGTAATAATTCGCGCCGTGATGTTGCTGC
 TCTCGGAGGACGAGGCCCGCACGTGGCCGCATATGCAGCGAGTGCTGCGCGACTTTTACTTCAAGCGCCG
 CATTACAAGCTACGACCCCGTTACGCAGCTCTCCCCTGAGCGCCGGGACTACATTCTGCAGGAGTGCGTG
 AGCAAGAAGAGCTTTCGCTATGACCGCGCCATGCAGGGTAGCGTGGCGGTGGGCCCCATCTACTACTGGG

TGCTGGCTCAGCTCGACAGCGGCGAGGCCAGTCGCGAGAAGGAAGACGTCGAGCAGGAGAAAATTGCACG
 CCAGAAAGAGCTGCGCGGTGTGCTGAAGCAAATTAGCGAGCAACAGGAGCGGATATCGGAATACCAGGAG
 CTCATGGATGACCTGGACGATCAGCTGCGCCTGTGCAACCAGCGCAACAGCGACGGCAGCTCCGTGCGCT
 CGCACTCGCGCCGCCGCATCTCGATCAGCGACCGCTATGCGGAGAGCTTCGAGCTCGAGAGGGGAAGGA
 GTACCTTCGTCCAGCCTTCTACGCATGGAAGCCGACGGACCGCTCATCATTGTGCTTCGCAAGAATATC
 GTCTGCAACTTCGGCGCCGTACCTCGCAGGAGCAGGAGGAGGGCTACAACATGAGCGAGCCGAGATCC
 GCATGCTGGATGAAGCCCTCATACGCTCTCAGCAGGCCCTGGAGACGATTTGCGGCGACAACGAGGGCGA
 GGACGATGCCCTCGAGGAGGACATGCTCAAGCAGAACGACAACGAGACCGACCACACGGTGCACAAAGAT
 GAGGACATTCTGGAAGAGCGCCAGCGCAACGCTGCTGAGGGCAAGCCACGCCGATTCCGACGCCGAGG
 CGAGCGACACGAACAAGGTGCGCATAGGCCGCCGAGGCGACGTCGAAGCTTCAGCGCACGTTTGAGGG
 AAAGAAGTGGCACCAGCATTCTCGACCGCAAGCGTGAGGCCATCGAGGCTGCTTTACAGAGGACTCCTCA
 GAGTGCCTGAAAGTGCCGCCGTACTCGATCATGATCGAAAGCCTCATGGTCGGGAGCCTTATCGTCGACT
 TCTCGGCCAGCAGACGAGCGCCAGCGCTCCGACGCGGAGCTGCAGGAGCGCGTGAAGACTTTCGAGTTCCC
 GAAGGTCATGTCACTCTACGATGAGGAGGACGAGGAGGACGATGGCCCGGAGCATCAGATGAAGTTC
 GGCGGCGACCGCTGGGCCGACATGACCCCGGAGCACCATGACGAGATCGAGGCCGCTTTCCTGGCGGACA
 CAAGCGCCGCGACTGGTGCCTGCAGGACGAGATTGCCGTCCAAGACATTCGCGCTGACGCGGACGAAGG
 CCTCACGGTGGACTACTCGCTGCTGGACAAGGACCGTGACCCCGAGGAAGTGCAGGAGATGAGGAGGCT
 TACGCATACCCCTGCTGTGTGGGCTCTGTACCAGCGGCTCCGTGGGCTGGACGCGGCGCGCGATCCACC
 AGGTGCGCTTCCGCGGAGCGGTTGGCGGACATCATGCCGGGGCTGAAGAAGCGATCAGGCAGGCGTT
 TGCTGAGGACACCGCCGACGCGCTCGGCATTGCGCCGACGAGGTAATCCCGACGAGATCCGCTACGAG
 AAGGGACTGACGGTTCCCTACACCGTGCTCGACTGCTCGCTGGATGGCGACGAGGTCGATGCCAAGGCGG
 AGGACTATCATTACCCCAACACGTGGGCGCTGTACGACCGCCTTGTGGCGGAGGCCGTGCGCGCGGCTA
 CCAGAAGAGCTTCGAGGGCGAGCACTGGGAGACGGTGCTGCACGCGGCGCGGCCAGAGGTGTGAGAAGCA
 TTTTGCACAGACACGGCGAACGCCGTCAAGTCCGAGCCCGGCGACGTCGACCCCTTGCTCGGTGACACTG
 ACCAGAACCCTGCTCGTCTCCTACAACGTGGCGACTCGCAGCAGCGTGCCGATGAGGTGCGTGCGGA
 CACCCAGGAGTACCCCTACCCAGAAGTGTGGGCGTTGTACCAGCTCGTCATCGCGGAGGAGGCCGAAGGC
 ACGCGGAAGCTGTCCAGACGTTTCGACGGAGAGGCGTGGGACGCGATCAACGCGGAGATGCCGAGCAGG
 TGCGCGAGGCCCTTCAGGAGGATGTGTCTGTGCGCCACTCGCGTCAATCCGGCATGCGTGACGATACGCGA
 CATCAAGACGAGCAAGAAGGGCATGACCGTTGAGTATGGTATTGTTCTGTAAGAGGGTCAGTCCGCGTAC
 GCGACGCGCAAGGCAGCGAAGAACTTCGACTACCCGGTTACGTGGAGCCTGTACGAGGCGAACAAGAAGA
 GCGCGCCGGGGCAGCCCTCAGCGGGGTGGCGAGGGCGAGTCTGCCATCTTCGAGCGCCGCTTCGAGGG
 CGATGACTGGGACATCGTTGTGAGGGCTGTGCTGAGGAGCTCAGTGACGCCTTCCGCGCGGATACGGCG
 CGTGCTGCTGGGTGTGCCAAGCAGAGCGTGCGCATCATCAGCATAGAGATAGGCAGCCCGAACGTCAAGT
 ACCAGCTCGTAGACCCGCGCTGCGAGGACAGAGAGATCGAGCGGCGCATGGAGGAGGACGAGTTACCTGA
 GGTGATGGATCTGTACCGTCTGCTGCACACGCGCTGAGGCCGAGGGTGCACGCGGCGCTGCGAGGACCTT
 GAGGCGATGCCGCCGAAGGTGTTTCGACGGAGACGAGTGGGGCTTGTAAATGGCGAACCGCTGCGGAGC
 TGGAGAAGGCGTTCGTGAAGGACACGGCCGACGCCCTTGGTGTGAGCGATGACCAGGTGAGGGTGAAGGA
 GATGAAGGTGGGTCCGTACGCGCTGCGGGTGAGTACAGCGTGCGCGACTGCCATCCGACGAAGCGGCG
 GCGCAGGCGACCGTGGAGGACTACGCTTACCCATCCATGTGGGAGATCTACCCGACGAGGAGGATCTGG
 GCAACTGCCAGAAGACGTTTCGACGGCACAGGCTGGGAGGCAATCGTTGCCCTCCCGCAGGATGACGTGAG
 GGCGGCCCTTCGCGAAGGACGTGGCTGAAGCCCTCAAAGCGGGCGAGCAGAGTGTGTGGTCAAGTCCGTC
 CACGCCAACGCTGAGGGCCTCGAGGTGCGCTACAACGTGACGAGCGAGGCGTGCGATAGCGAGCAGATTA
 TGGAGATGCAGCAGGAGTACGGCTACCCGAACACGTGGGCGCTCTATGAGGAAGACGAAGGCAACTGGGT
 GACAACGTGCGACACGCTTGGCTTCGAGGGCGAGGACTGGGTGTACGTCGTGAGGACAAGATGCCAGAG
 CTGCAAGAGGCGTTTGTGAGTTGACCCGCGAAGTATTTTCATCTGCGTCCGGAGCACATTACGAATACCA
 AGTACACATTGGGCAGCCTCATCGTGGACTTTGAGTTACACACCCGCGGAGGATGAGCGAGGAGGAGAT
 CAGGAGGCGAGCTCGTCACGTGCCCCGTACGAGCCGGTCTGGGAAGTCTACGTTACCACCCCTGGGTCCCG
 ACGGAGGTCACGAGACGACGACACAATATCTGCTTCGAGGGGCCGGGCTGGGCGACCGTGCTGGAGTCAC
 AGCGCGAGGAGCTAGAGGAGTGCTTCAAGCAGGGCACGGCGGCGGCGCTCGAGGTCGAGCCGTCTGACGT
 GCGCATCGACTCGGCCGACTGCGCCGAGGAGTGCTGTTTCATCCGCACAACCGTCACCCACCACATCTTC
 CAGGACAACGAGCTCCTGCAGGAGCAGCTTACCCGCTACCCATACGAGGAGGTCGGAAGTCTACGCCG
 AGGACCCGAACAGAGCTGGACTGTACCTCGCACCAGGTGCGGTTTGACGGCGATGACTGGATGTACAT
 TGTGTCTGCCAAGAAAGAGGCGCTGGAAAAGGCCTTCCGCACGTGCACTGGTGAATCCCTAGACCTGACG
 GACGAGCACATTACGAACATCGTCTTTGAGGCCAACGAGGCGGCGCTGCTGACCACCTTCGAGGTGAAGC
 ACCCGAAGGAGCAGTCGAGAAAGGAGGTGAACCGCGGACTCGCCGAGTGCGACTATATGCGGGTGTGGGA
 GCTGTACATTGATCACCCGTACAACCGGAGGAGAAGGAGGTGACATCGCATGAGATCGGCTTCGAGGGC
 GATGAGTGAACAAGGTAAATTGCGACACAGCTGAAGCAGCTCGAGGAGGCCATCATGCTCGACACGTCCG
 AGGCGCTCGAGGTGACGCCGAACGACATCAGTCGATCAGACTAGCTTCGAGAACGGAAACCTACTAAT
 CGTGCGCCTCAACATCCAGCACCCGGTGCTACAGGACGAGGAGCTGATCAAAGAGCAGCTGAGCCGCTAC
 CCGTACGAGCGTGCTGTGGGCACCTTACGAGGATGCGCCTATCACTCCTCTAGCGAGGAAGACGCGGTCA
 GATTTAACGGTACCGGCGAGGGCGAGTCTGCCATCTTCGAGCGCCGCTTCGAGGGCGATGACTGGGACAT
 CGTTGTGCAAGGCTGCCCTGAGGAGCTCAGTGACGCCTTCCGCGCGGAGGCGGCGGTGTGCTGGGTGTG

CCGAAGCAGAGCGTGCGCATCATCAGCACAGAGATAGGCAGCCTGATCGTCAAGTACCAGATCGTAGACC
 CGCCGTGTGAGGACAGTGAGATCGAGCGGCGCATGGAGGAGGACGAGTTACCTGAGGTGTTGAATCTGTA
 CCGTTCGTCGCATACGCGCTGAGGACGAGGGTTCGACCACGACGAGCCGCGTAAAGCCCCGAGGGGAAGAAG
 ATAACGACCCTGGAGGACTGCGGGTTTGAGGGTGAGGACTGGGACTACGTGTGGTTCGATCAAGCAGGAGG
 CGATGCGCAAGGCCTTTGCAAAGGGTGTGCGGGACGCGCTGGGAATCAAGCCGACGGACATCCAGAACAT
 CAACATGGAGAAGTGGGCGGACGGCATCGTGCTCGGTGCGAACGTGACGCACCCGCTGACGCAAGACTAC
 CAGATGATCCGGCAGACGCTGAAGAACCACCCGTTTCGAGGAGTTGTGGGCGCTGTACGAGACGCGGCCAT
 ACAACCCAGCTGAGTCCGTGACCACGGAGCACCTCATCTACTTCGAGGGCGAGGAATGGGACGCTGTGAT
 GGCGGGCAAACGCGAGGAGGTGGTGGAGGCGATCCGTAAGGATACAGCGAGTGCCTGGAGCTGCCGGCG
 GACGACGTAGTGAGCGTGTGTACGAAGGTGGAGCCGACTGGACTGGCCGCTACGGTCGTCTGTGAGTCACT
 CGCCGCTGCAGGACGATGAAGTGAATCAGGAGGCTGACCAAGTACGACTACGAGCGCGTGTGGGCGCT
 GTACTGCCCTGAGAGTGGGCCACTGCATGGAACGAAGCACTTCGACGGCTTGAAGTGGGCGGACGTAATC
 GGGAGCGACAAGGATGGTGTGATGCAGGCGTTTCGCGACGATACGGCCGCTGCCGTTAGCATGCGTCCGG
 ACGATGTGGATGTGGACGACATCCGTACGACAGGCTTGGGCATGGATGTGGACTACACGGTGAACCTCGC
 CAACACGAGCGGGGAGGACATTGAGCATACGCTGCGGACGTACCCGTACCCGAACGTTTGGGGCCACTAC
 CGTGTCTGAAGATGAGATAACGACGCAGCAGAATGCGGGTTCAAGGGTGAGGACTGGGACTACGTGTGGT
 TGATCAAGCAGGAGGCGATGCGCAAGGCCTTTGCAAAGGGTGTGCGGACGCGCTGGGAATCAAGCCGAC
 GGACATCCAGAACATCAACATGGAGAAGTGGGCGGACGGCATCGTGCTCGGTGCGAACGTGACGACCCCG
 CTGACGCAAGACTACCAGATGATCCGGCAGACGCTGAAGAACCACCCGTTTCGAGGAGTTGTGGGCGCTGT
 ACGAGACGCGGCCATCGGGCCAGGGCGATCTGAAGAGCGCCCTTGGCGGAACAGGCGACCGCGAGTCTGG
 CCGGCTGCAGCGTCTCTTGAAGGCGATGACTGGGACCTCGTACTGGAGGGCTGCCAGAGGACGCTACG
 GACGCCTTCCGAAAGGGTGTGGGCGGACTCCGTGCACGTGTCTGAAGTGGGACGTCGTTGTAATGGCGTGGC
 ACCTGGGCAGCCTTATCATGAGTTACAAGGTGCGCAACTGCGACATGGAGGATGCCGAGATCAACGATAG
 GGTCCGTGCACACGAATTCCCGGAGCTGATGGCGTTGTACCGTGCAGCGCTGCGTCACGGCCAAAAGGGC
 GAGGGCGGTGCCACAGAGGGCAGCCCAATGCGTAAGGAGAAAGTGATTACTGTGACATAGTTGACGAGG
 CTGAGGTGCCGAGGGGTACACGCGTGTGCGCTGAGTGTGAGCTTCGAAGGGGAGCTCTGGGAGAAGAT
 TGTAAGACGCGGACGCAGGAGTTGGCGGATGCTTTCGCGCTGACACTGCCAAGTCCATTGGCGCTGCT
 CTGGGGGATATCCACATTGCGGAGTGCTTTGTGAGCAAGGTGCTTCTGTTGGTGCACCTCAGCGCCCGCT
 ATGAGGCGACGATATCCGAGGCTGAGCTGCGCAAGAAAGATTGATGAACACTCCTACGACAATGTCTGGGC
 CCTCTACGACGAGATGGAGGATGCTCTCGCAGCCGACATGTGCGAGGTCATGGTCAAGCACTTCGTCCGC
 GTTCACTGGGACTTTGCGATGGAGGCGTGCCCGACGCTTGTGAGGAGGCTTCAAGGAAGACACCGCCA
 ATGTGCTGCGCACTCATGCCTCGAAGGTGCTCGTTGAGGACATCGCTCTGGGCAGCCTCATCGTGCGCTT
 CCGCGTGCAAGGGCTGACGATCTCGGAGGCGGAAGCGATGCAGATGACGGGCAACTACGCCTACCCGAAG
 GTGTGGGCTCTGTACATGTCTGTGAGGAGGCGAACGGCCGTGCTTCATTGAAAAGCCACAAAATGGAA
 GCGGAGGTGGCTTGTGCGCGCCGACGGGCTGAGCAGCTTGTAGCGGAGGAGGGCGTGGAGTCTCAGGACAC
 CGTGACATATCTGCGCAAGGCCCTCGCCGATGCTCGCCGCGAGCGTGACATGTACATGGAGCAGGTGGAA
 CAAGCCGAGGAGGCGCAGCGCGCTAGTCAGAATAGTTAA

26) Informação para a SEQ ID NO: 26

Lci6 Sequência de aminoácidos completa.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 2532

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

MTAVSVNENELVHLSVGDFVAILTHHMKDGKLHWILGVSVEPTPYLRDVEIRLWAKQRFEEYDEGDAPADP
 ETAALMDRIAQVKDELKRSIDQAEDLTEQLRDRRAAIQKIAEADRYVAESKAVRDAARDDVESISDRNW
 QELKSYRIPPKMVSIIIRAVMLLLSEDEARTWPHMQRVLRDFYFKRIRITSYDPVTQLSPERRDYILQECV
 SKKSFYDRAMQGSVAVGPIYYWVLAQLDSGEAQSQKEDVEQEKIARQKELRGVLKQISEQQERISEYQE
 LMDLDDQLRLCNQRNSDGSSVASHRRRISISDRYAESFAAREGKEYLRPAFYAWKPTDRVIVLRKNI
 VCNFGAVTSQEQUEEGYNMSEPQIRMLDEALIRSQQALETICGDNEGEDDALEEDMLKQNDNETDHTVRKD
 EDILEERQRNAAEGKPTPIPTPQASDTNKVGIGAAEATSKLQRTFEGKNWHRILDRKREAEAAFTEDSS
 ECLKVPPYSIMIESLMVGSILVDFSAQHGDQRSDAELQERVKTFFFPKVMSTLYDEEDEDDEDDGPEHQMKF
 GGDRWADMTPEHHDEIEAAFLADTSAATGALQDEIAVQDIRADADEGLTVDYSLLDKDRDPPEVQEQVDA
 YAYPAVWALYQRLAGLDAAPIHQVRFRGERWADIMPAAEAIQAFADTADALGIAPQQVIPDEIRYE
 KGLTVPYTVLDCSLDGDVDAKAEDYHYPNTWALYDRLVAEAVGAAYQKSFEGEHWETVLHAARPEVSEA
 FCTDTANAVKSEPGDVPDPCSVDTDQNRLLVSYNVGDSQQRADDEVRAQTQEYPYPEVWALYQLVIAEEAEG
 TRKLSQTFDGEAWDAINAEMPEQVREAFTEDEVSVATRVNPACVTIRDIKTSKKGMTVEYGIVREEGQSAY
 ATRKAAKNFDYPVTWSLYEANKKSAPGHALSGVGEGESAIERRFEGDDWDIVVEGCREELSDAFRADTA
 RVLGVPKQSVRIISIEIGSPNVKYQLVDPPCEDREIERMEEDELPEVMDLYRRCTRAEAEAGATPALQDL
 EAMPPKVFVDGDEWGFVMANQRAELEKAFVKDTADALGVSDDQVRVKEMKVGYPYALRVQYSVRDCPSDEAA

AQATVEDYAYPSMWEIYPDEEDLGNCQKTFDGTGWEAIVASREDDVRAAFKDVAEALKAGEQSVVVKSV
 HANAEGLEVRYNVTSEACDSEQIMEMQOEYGYPTWALYEEDEGNWVTTSHQLGFEGEDWVYVVDKMP
 LQEA FVSCTAELFHLRPEHITNTKYTLGSLIVDFEFTHPARMSEEEIRQLVTCPIEPVWELYGYHPWVP
 TEVTETTHNICFEGPGWATVLESQREELEECFKQGTAAALEVEPSDVIRIDSADCAEECLFIRTTVTHHIF
 QDNELLQEQLTRYPYEEVWKLYAEDPNQSWTVTSHQVGFDDWVYIVSAKKEALEKAFRTCTGESLDT
 DEHITNIVFEANEALLTTFEVKHPKEQSEKEVNRRLAECDYMRVWELYIDHPYNPEENEVTSTHEIGFEG
 DEWNKVIATQLKQLEEAIMLDTSEALEVTPNDITSITTSFENGNNLIVRLNIQHPVLQDEELIKEQLSRY
 PYERVWALYEDAPITPLSEEDAVRFNGTGEGESAI FERRFEGDDWDIVVEGCPEELSDAFRAEAARVLGV
 PKQSVRIISTEIGSLIVKYQIVDPPCEDSEIERRMEDELPEVLNLYRRRIRAEDEGATTTSRVKPEGKK
 ITTLED CGFEGEDWDYVWSIKQEAMRKAFKGVADALGIKPTDIQNINMEKSADGIVLGANVTHPLTQDY
 QMIRQTLKNHPFEELWALYETRPYNPAESVTTEHLIYFEGEEWDAMAGKREEVVEAIRKDTASALELPA
 DDVVSVC TKVEPTGLAATVVVSHSPLODELHEELTKYDYERVWALYCPESGPLHGTHKFDGLNWADVI
 GSDKDGVMAFRDDTAAAVSMRPDDVDVDDIRTTLGLMDVDYTVNLANTSGEDIEHTLRTPYPNVWGHY
 RVEDEITTQONCGFKGEDWDYVWLIKQEAMRKAFKGVADALGIKPTDIQNINMEKSADGIVLGANVTHP
 LTQDYQMIRQTLKNHPFEELWALYETRPCGQDLKSALGGTGDRSGRLQRLFEGDDWDLVLEGCPEDAT
 DAFRKGVADSVHVS KSDVVVMAWHLGSLIMS YKVRNCDMEDAEINDRVRAHEFPELMALYRARVRHKGK
 EGGATEGSPMRKEKVITVDIVDEAEVPEGYTRVALSVSFEGELWEKIVKTRTQELADAFRADTAKSIGAA
 LGDIHIRECFVSKVLLLVHFSARYEATISEAELRKKIDEHSYDNVWALYDEMEDALAADMSEVMVKHFGV
 VHWDFAMEACPTLVEEAFKEDTANVLRTHASKVLVEDIALGSLIVRFRVQGLTISEAEAMQMTGNYAYPK
 VWALYMSCEEANGRASL KSHKNGSGGGLSRRRAEQLVAEEGVESQDVTYLRKALADARRERDMYMEQVE
 QAEEAQRASQNS

27) Informação para a SEQ ID NO: 27

Lci6A Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 3840

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ATTAGCGAGCAACAGGAGCGGATATCGGAATACCAGGAGCTCATGGATGACCTGGACGATCAGCTGCGCC
 TGTGCAACCAGCGCAACAGCGACGGCAGCTCCGTCGCTCGCACTCGCGCCGCCGCATCTCGATCAGCGA
 CCGCTATGCGGAGAGCTTCGAGCTCGAGAGGGGAAGGAGTACCTTCGTCCAGCCTTCTACGCATGGAAG
 CCGACGGACCGCGTCATCATTGTGCTTCGCAAGAATATCGTCTGCAACTTCGGCGCCGTCACCTCGCAGG
 AGCAGGAGGAGGGCTACAACATGAGCGAGCCGAGATCCGCATGCTGGATGAAGCCCTCATACGCTCTCA
 GCAGGCCCTGGAGACGATTTGCGGCGACAACGAGGGCGAGGACGATGCCCTCGAGGAGGACATGCTCAAG
 CAGAACGACAACGAGACCGACACACGGTGCGCAAAGATGAGGACATTCTGGAAGAGCGCCAGCGCAACG
 CTGCTGAGGGCAAGCCCACGCCGATTCCGACGCCGAGGCGAGCGACACGAACAAGGTCGGCATAGGCGC
 CGCCGAGGCGACGTCGAAGCTTCAGCGCACGTTTGAGGGAAAGAACTGGCACCGCATTCTCGACCGCAAG
 CGTGAGGCCATCGAGGCTGCTTTACAGAGGACTCCTCAGAGTGCTGAAAGTGCCGCGTACTCGATCA
 TGATCGAAAGCCTCATGGTCGGGAGCCTTATCGTCGACTTCTCGGCCAGCAGCAGCGCGCTCCGA
 CGCGGAGCTGCGAGGCGCGTGAAGACTTTTCGAGTTCGCGAAGGTCATGTCACTCTACGATGAGGAGGAC
 GAGGAGGACGACGATGGCCCGGAGCATCAGATGAAGTTTCGGCGCGACCGCTGGGCGGACATGACCCCGG
 AGCACCATGACGAGATCGAGGCCGCTTTCTGCGGACACAAGCGCCGCGACTGGTGCGCTGCAGGACGA
 GATTGCCGTCCAAGACATTCGCGCTGACGCGGACGAAGGCCCTCACGGTGGACTACTCGCTGCTGGACAAG
 GACCGTGACCCCGAGGAAGTGCAGGAGCAAGTGACGCTTACGCATACCCTGCTGTGTGGGCTCTGTACC
 AGCGGCTCGCTGGGCTGGACGCGCGGCGCCGATCCACCAGGTGCGCTTCCGCGGCGAGCGGTGGGCGGA
 CATCATGCCCGGGGCTGAAGAAGCGATCAGGAGGCGTTTGCTGAGGACACCGCCGACGCGCTCGGCATT
 GCGCCGACGAGGTAATCCCCGACGAGATCCGCTACGAGAAGGGACTGACGGTTCCCTACACCGTCTCG
 ACTGCTCGCTGGATGGCGACGAGGTCGATGCCAAGGCGGAGGACTATCATTACCCCAACACGTGGGCGCT
 GTACGACCGCCTTGTTGGCGGAGGCCGTCGGCGCGGCTACCAGAAGAGCTTCGAGGGCGAGCACTGGGAG
 ACGGTGCTGCACGCGGCGCGGCCAGAGGTGTGAGAAGCATTTTGACACAGACACGGCGAACGCCGTCAAGT
 CCGAGCCCCGGCGACGTCGACCTTGCTCGGTGACACTGACCAGAACCCTGCTCGTCTCCTACAACGT
 TGGCGACTCGCAGCAGCGTGCCGATGAGGTGCGTGCGGACACCCAGGAGTACCCCTACCCAGAAGTGTGG
 GCGTTGTACCAGCTCGTCATCGCGGAGGAGGCCGAAGGCACGCGGAAGCTGTCCAGACGTTTCGACGGAG
 AGGCGTGGGACGCGATCAACGCGGAGATGCCGAGCAGGTGCGCGAGGCTTCACGGAGGATGTGTCTGT
 CGCCACTCGCGTCAATCCGGCATGCGTGACGATACGCGACATCAAGACGAGCAAGAAGGGCATGACCGTT
 GAGTATGGTATTGTTCTGTAAGAGGGTCAGTCCGCGTACGCGACGCGCAAGGCAGCGAAGAAGTTCGACT
 ACCCGGTTACGTGGAGCCTGTACGAGGCGAACAAGAAGAGCGCGCCGGGGCACGCCCTCAGCGGGGTTGG
 CGAGGGCGAGTCTGCCATCTTCGAGCGCGCTTCGAGGGCGATGACTGGGACATCGTTGTGCGAGGGCTGT

CGTGAGGAGCTCAGTGACGCCTTCCGCGCGGATACGGCGCGTGTGCTGGGTGTGCCGAAGCAGAGCGTGC
GCATCATCAGCATAGAGATAGGCAGCCCGAACGTCAAGTACCAGCTCGTAGACCCGCCGTGCGAGGACAG
AGAGATCGAGCGGCGCATGGAGGAGGACGAGTTACCTGAGGTGATGGATCTGTACCGTCGCTGCACACGC
GCTGAGGCCGAGGGTGCAGCGCCGCGCTGCAGGACCTTGAGGCGATGCCGCCGAAGGTGTTTCGACGGAG
ACGAGTGGGGCTTTGTAATGGCGAACCAGCGCGCGGAGCTGGAGAAGGCGTTCGTGAAGGACACGGCCGA
CGCCCTTGGTGTGAGCGATGACCAGGTGAGGGTGAAGGAGATGAAGGTGGGTCCGTACGCGCTGCGGGTG
CAGTACAGCGTGCAGCGACTGCCCATCCGACGAAGCGCGCGCAGGCGACCGTGGAGGACTACGCTTACC
CATCCATGTGGGAGATCTACCCGGACGAGGAGGATCTGGGCAACTGCCAGAAGACGTTTCGACGGCACAGG
CTGGGAGGCAATCGTTGCCTCCCGCGAGGATGACGTGAGGGCGGCCTTCGCGAAGGACGTGGCTGAAGCC
CTCAAAGCGGGCGAGCAGAGTGTGTGGTCAAGTCCGTCCACGCCAACGCTGAGGGCCTCGAGGTGCGCT
ACAACGTGACGAGCGAGGCGTGCATAGCGAGCAGATTATGGAGATGCAGCAGGAGTACGGCTACCCGAA
CACGTGGGGCGCTCTATGAGGAAGACGAAGGCAACTGGGTGACAACGTTCGCACCGAGCTTGGCTTCGAGGGC
GAGGACTGGGTGTACGTCGTGCAGGACAAGATGCCAGAGCTGCAAGAGGCGTTTGTCTAGTTGCACCGCCG
AACTATTTTCATCTGCGTCCGGAGCACATTACGAATACCAAGTACACATTGGGCAGCCTCATCGTGGACTT
TGAGTTCACACACCCGGCGAGGATGAGCGAGGAGGAGATCAGGAGGCAGCTCGTCACGTGCCCCGTACGAG
CCGGTCTGGGAACCTACGGTTACACCCCTGGGTCCCGACGGAGGTACGGAGACGACGCACAATATCT
GCTTCGAGGGGCGGGCTGGGCGACCGTGTGAGTACAGCGCGAGGAGCTAGAGGAGTGTCTCAAGCA
GGGCACGGCGGGCGGCTCGAGGTTCGAGCGCTGTGACGTGCGCATCGACTCGGCCGAGTGCGCCGAGGAG
TGCCTGTTTCATCCGCACAACCGTCAACCACCATCTTCCAGGACAACGAGCTCCTGCAGGACGAGCTTA
CCCGCTATCCCATCAGGAGGTCTGGAAACTTACGCTCAGGAGGACCCGAACCAGAGCTGGACTGTCACTTC
GCACAGGTTCGGGTTTGACGCGCATGACTGGATGTACATTGTGTCTGCCAAGAAAGAGGCGCTGGAAAAG
GCCTTCCGCACGTGCACTGGTGAATCCCTAGACCTGACGGACGAGCACATTACGAACATCGTCTTTGAGG
CCAACGAGGCGGCGCTGCTGACCACCTTCGAGGTGAAGCACCCGAAGGAGCAGTCGGAGAAGGAGGTGAA
CCGGCGACTCGCCGAGTGCAGCTATATGCGGGTGTGGGAGCTGTACATTGATCACCCGTACAACCCGGAG
GAGAACGAGGTGACATCGCATGAGATCGGCTTCGAGGGCGATGAGTGAACAAGGTAATT

28) Informação para a SEQ ID NO: 28

Lci6A Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 1280
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ISEQQERISEYQELMDDLDDQLRLCNQRNSDGSSVASHSRRRISISDRYAESFAAREGKEYLRPAFYAWK
PTDRVIVLRLKNIVCNFGAVTSQEQEEGYNMSEPQIRMLDEALIRSQQALETICGDNEGEDDALEEDMLK
QNDNETDHTVRKDEDILEERQRNAAEGKPTPIPTQASDTNKVGIGAAEATSKLQRTFEGKNWHRILDRK
REAIEAAFTEDSSECLKVPPYSIMIESLMVGLIVDFSAQHDGQSRDAELQERVKTFFFPKVMPLYDEED
EEDDDGPEHQMKFGGDRWADMTPEHHDEIEAAFLADTSAATGALQDEIAVQDIRADADEGLTVDYSLLDK
DRDPEEVQEVDAYAYPAVWALYQRLAGLDAAAPIHQVRFRGERWADIMPGAEEAIRQAFADETADALGI
APQVPIPEIRYEKGLTVPYTVLDCSLDGDEVDKAEDYHYPNWALYDRLVAEAVGAAYQKSFEGEHWE
TVLHAARPEVSEAFCTDTANAVKSEPGVDVPCSVDTQNRLLVSYNVGDSQQRADDEVADTQEYPYPEVW
ALYQLVIAEEAEGTRKLSQTFDGEAWDAINAEMPEQVREAFTEDEVSVATRVNPACVTIRDIKTSKKGMTV
EYGIVREEGQSAYATRKAANKFDYPVTWSLYEANKKSAPGHALSGVGESESIFERRFEGDDWDIVVEGC
REELSDAFRADTARVLGVPKQSVRIISIEIGSPNVKYQLVDPPCEDREIERRMEDELPEVMDLYRRCTR
AEAEGATPALQDLEAMPKVFVDGDEWGFVMANQRAELEKAFVKDTADALGVSDDQVRVKEMKVGYPYALRV
QYSVRDCPSDEAAAQATVEDYAYPSMWEIYPDEEDLGNCQKTFDGTGWEAIVASREDDVRAAFKDVAAEA
LKAGEQSVVVKSVHANAEGLEVRYNVTSEACDSEQIMEMQQEYGYPNWALYEEDEGNWVTTSHQLGFEG
EDWVYVVDKMPQLQEAQVSCAELFHLRPEHITNTKYTLGSLIVDFEFTHPARMSEEEIRRLVTCPYE
PVWELYGYPWPVTEVTETTHNICFEGPGWATVLESQREELEECFKQGTAAALEVEPSDVRIDSDCAEE
CLFIRTTVTHHIFQDNELLQELTRYPYEEVWVKLYAEDPNQSWTVTSHQVGFDDWMIYVSAKKEALEK
AFRTCTGESLDLTDEHITNIVFEANEALLTTFEVKHPKEQSEKEVNRRLEACDYMRVWELYIDHPYNPE
ENEVTSHEIGFEGDEWKNKI

29) Informação para a SEQ ID NO: 29

Lci7 Sequência de nucleotídeos do gene completo.

I) Características da sequência:

- a) Comprimento: 1641
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

d) Localização: **Lci7A** (303)...(1736)

ATGGACGCAACTGAGCTGAAGAACAAGGGGAACGAAGAGTTCTCCGCCGGCCGCTATGTGGAGGCAGTGA
 ACTACTTCTCAAAGGCGATCCAGTTGGATGAGCAGAACAGTGTCTCTACAGCAACCGCTCCGCCTGCTT
 TGCAGCCATGCAAAAGTACAAGGACGCGCTGGACGACGCCGACAAGTGCATCTCGATCAAGCCGAATTGG
 GCCAAGGGCTACGTGCGCCGAGGCGCAGCTCTCCATGGCATGCGCCGCTACGACGATGCCATTGCCGCGT
 ATGAAAAGGGGCTCAAGGTGGACCCCTTCCAACAGCAGCTGCGCGCAGGGCGTGAAGGACGTGCAGGTAGC
 CAAGGCCCCGGAAGCACGTGACCCCATCGCTCGCGTCTTACCCCGGAGGCGTTCCGAAAGATCCAAGAG
 AATCCCAAGCTGTCCCTACTTATGCTGCAGCCTGACTACGTGAAGATGGTGGACACCGTCATCCGCGACC
 CTTGCGAGGCCCCGACTGTACATGGAAGACCAGCGCTTTGCCCTGACGCTCATGTACCTGAGCGGGATGAA
 GATTCCCAACGATGGTGATGACGAGGAGGAGGAACGTCCGTCTGCGAAGGCGGCGGAGACAGCGAAGCCA
 AAAGAGGAGAAGCTTCTCACCAGACAACGAGAAGGAGGCCCTGGCGCTCAAGGAGGAGGGCAACAAGCTCT
 ACCTCTCGAAAAAGTTTGGAGGAGGCGCTGACCAAGTACCAAGAGGCGCAGGTGAAAGACCCCAAGAACAC
 TTTGTACATTCTGAACGTGTGCGCCGTGTAATTCGAGCAGGGTGACTACGACAAGTGCATCGCCGAGTGC
 GAGCACGGTATCGAGCACGCTCGCGAGAACCCTGCGACTACACAATCATTGCGAAGCTCATGACCCGGA
 ACGCCTTGTGCCTCCAAAAGCAGAGGAAGTACGAGGCCGCCATTGACCTTTACAAGCGCGCCCTTGTGCGA
 GTGGCGTAACCCTGACACCCTCAAGAAGCTCACGGAGTGCGAGAAGGAGCACCAAAAGGCGGTGGAGGAA
 GCCTACATCGATCCTGAGATCGCGAAGCAGAAGAAAGACGAAGGTAACCAAGTACTTCAAGGAGGATAAGT
 TCCCGGAGGCCGTGACAGCGTACACGGAGGCCATCAAACGCAACCCTGCCGAGCACACTTCTACAGCAA
 TCGCGCGGCCGCTTACATCAAGCTTGGAGCCTTCAACGACGCCCTCAAGGACGCGGAGAAGTGCATTGAG
 CTGAAGCCCGACTTTGTTAAGGGCTACGCGCGCAAGGTCATGCTTACTTTTGGACCAAGCAGTACAACC
 GCGCGTGCAGGCGTACGATGAGGGCCTCAAGGTGGACCCGAGCAACGCGGACTGCAAGGATGGGCGGTA
 TCGCACAAATCATGAAGATTGAGGAGATGGCATCTGGCCAGTCCGCGGATGGCGACGAGGCGGCGCGCCGC
 GCCATGGACGATCCTGAAATCGCGGCAATCATGCAAGATAGCTATATGCAACTAGTGCTGAAGGAGATGC
 AGAACGATCCACGCGCATTCAGGAGTACATGAAGGACTCCGGCATCTCAGCGAAGATCAACAAGCTGAT
 TTCAGCTGGCATCATTCGTTTTGGTCAGTAG

30) Informação para a SEQ ID NO: 30

Lci7 Sequência de aminoácidos completa.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 546

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

MDATELKNKGNEEFSAGRYVEAVNYFSKAIQLDEQNSVLYSNRSACFAAMQKYKDALDDADKCISIKPNW
 AKGYVRRGAALHGMRRYDDAIAAYEKGLKVDPSNSSCAQGVKDVQVAKAREARDPIARVFTPEAFRKIQE
 NPKLSLLMLQPDYVKMVDTVIRDPSQARLYMEDQRFALTLMYLSGMKIPNDGDDEEEERPSAKAAETAKP
 KEEKLLTDNEKEALALKEEGNKLYLSKKFEEALTKYQEAQVKDPKNTLYILNVS AVYFEQGDYDKCIAEC
 EHGIEHARENHCYTI IAKLMTRNALCLQKQRYEAAIDLYKRALVEWRNPDTLKKLTECEKEHQKAVEE
 AYIDPEIAKQKKDEGNQYFKEDKFPEAVTAYTEAIKRNPAEHTSYSNRAAAYIKLGA FNDAKDAEKIE
 LKPDFVKGYARKGHAYFWTKQYNRALQAYDEGLKVDPSNADCKDGRYRTIMKIQEMASGQSADGDEAARR
 AMDDPEIAAIMQDSYMLVLKEMQNDPTRIQEYMKDSGISAKINKLISAGIIRFGQ

31) Informação para a SEQ ID NO: 31

Lci7A Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 1434

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

AATTGGGCCAAGGGCTACGTGCGCCGAGGCGCAGCTCTCCATGGCATGCGCCGCTACGACGATGCCATTG
 CCGCGTATGAAAAGGGGCTCAAGGTGGACCCCTTCCAACAGCAGCTGCGCGCAGGGCGTGAAGGACGTGCA
 GGTAGCCAAGGCCCCGGAAGCACGTGACCCCATCGCTCGCGTCTTACCCCGGAGGCGTTCCGAAAGATC
 CAAGAGAATCCCAAGCTGTCCCTACTTATGCTGCAGCCTGACTACGTGAAGATGGTGGACACCGTCATCC
 GCGACCCTTCGACGCCCCGACTGTACATGGAAGACCAGCGCTTTGCCCTGACGCTCATGTACCTGAGCGG
 GATGAAGATTCCCAACGATGGTGATGACGAGGAGGAGGAACGTCCGTCTGCGAAGGCGGCGGAGACAGCG
 AAGCCAAAAGAGGAGAAGCTTCTCACCAGACAACGAGAAGGAGGCCCTGGCGCTCAAGGAGGAGGGCAACA
 AGCTCTACCTCTCGAAAAAGTTTGGAGGAGGCGCTGACCAAGTACCAAGAGGCGCAGGTGAAAGACCCCAA

GAACACTTTGTACATTCTGAACGTGTCGGCCGTGTACTTCGAGCAGGGTGACTACGACAAGTGCATCGCC
 GAGTGCAGACACGGTATCGAGCACGCTCGCGAGAACCCTGCGACTACACAATCATTGCGAAGCTCATGA
 CCCGGAACGCCTTGTGCCTCCAAAAGCAGAGGAAGTACGAGGCCGCCATTGACCTTTACAAGCGCGCCCT
 TGTGAGTGGCGTAACCTTGACACCTCAAGAAGCTCACGGAGTGCAGAGAAGGAGCACAAAAGGCGGTG
 GAGGAAGCCTACATCGATCCTGAGATCGCGAAGCAGAAGAAAGACGAAGGTAACCAGTACTTCAAGGAGG
 ATAAGTTCCCCGAGGCCGTGACAGCGTACACGGAGGCCATCAAACGCAACCCTGCCGAGCACACTTCCTA
 CAGCAATCGCGCGGCCGCTTACATCAAGCTTGGAGCCTTCAACGACGCCCTCAAGGACGCGGAGAAGTGC
 ATTGAGCTGAAGCCCGACTTTGTTAAGGGCTACGCGCGCAAGGGTCATGCTTACTTTTGGACCAAGCAGT
 ACAACCGCGCGCTGCAGGCGTACGATGAGGGCCTCAAGGTGGACCCGAGCAACGCGGACTGCAAGGATGG
 GCGGTATCGCACAATCATGAAGATTGAGGAGATGGCATCTGGCCAGTCCGCGGATGGCGACGAGGCGGCG
 CGCCGCGCCATGGACGATCCTGAAATCGCGGCAATCATGCAAGATAGCTATATGCAACTAGTGCTGAAGG
 AGATGCAGAACGATCCCACGCGCATTCAGGAGTACATGAAGGACTCCGGCATCTCAGCGAAGATCAACAA
 GCTGATTTAGCTGGCATCATTCGTTTTGGTCAG

32) Informação para a SEQ ID NO: 32

Lci7A Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

I) Características da sequência:

a) Comprimento: 478

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

NWAKGYVRRGAALHGMRRYDDAIAAYEKGLKVDPSNSSCAQGVKDVQVAKAREARDPIARVFTPEAFRKI
 QENPKLSLLMLQPDYVKMVDTVIRDPSQARLYMEDQRFALTLMYLSGMKIPNDGDDEEEERPSAKAAETA
 KPKEEKLLTDNEKEALALKEEGNKLYLSKKFEEALTKYQEAQVKDPKNTLYILNVSAVYFEQGDYDKCIA
 ECEHGIHARENHCDYTIIAKLMTRNALCLQKQRYEAAIDLYKRALVEWRNPDTLKKLTECEKEHQKAV
 EEAYIDPEIAKQKKDEGNQYFKEDKFPEAVTAYTEAIKRNPAEHTSYSNRAAAYIKLGAFNDALKDAEKC
 IELKPDFVKGYARKGHAYFWTKQYNRALQAYDEGLKVDPSNADCKDGRYRTIMKIQEMASGQSADGDEAA
 RRAMDDPEIAAIMQDSYMLVLKEMQNDPTRIQEYMKDSGISAKINKLISAGIIRFGQ

33) Informação para a SEQ ID NO: 33

Lci8 Sequência de nucleotídeos do gene completo.

a) Comprimento: 3552

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

d) Localização: **Lci8A-I** (580)...(3723)

ATGTGGAGCTTTCTGAACGATGTACGGGAGTCCGGTGCAGGAGTGTGCGCCTCCTCCCCGCATGAGCA
 GCGCAGCTAGCTCCACCACCACCGCCATGCCTATGACGGCGAATGCGAGGGAGATGGGCTTCGAGGAGGC
 AGTGGATCAACTGACAACCTGGGCTGCTTAGCTTATGGCGCAAGGTTGACCAGACGCCACTAAGGTCCTT
 CGCCAAGCCTTCGACGGAGCCGTCTCACTACGGGAGGAGGCCGTTCCACAGCTTTTACCTTGACAGCAG
 AGGCGCGCGCGTCCCTCTCAGAGGACGAGCTCCTGGAGCTCCTCATAGATGCCGTCTCGCAGGCGACCGA
 TCGCACGCATCAGGCGCTCGATGAGGCGAATTTCTCTTGAGCCTCGGCATTGAAGAACAATCGCGCAC
 ACGAAAGACTACGCCGGGTGCTATGAGTGGTGGGATCGAACAGTGAACCGCCGCTCATCGTCTGCCAAG
 AGGTGTTGCAGGCCGCTTCGCCGACACCTCTTCTACACCACAGCACATGGCAACGGTGATGGCGCTGCG
 CGCCCAAATGGATGTGATTTCGACGCGCCTCGACCCAGCCACTGGCCGCTGTGCGCGCTCGCGGACGCCTT
 CTCGAAGACGAGCGCTACGACTTGCTCAAATCTCTCCCCGAGTGTTTCCCCTCGAAGGAGGCGTGCAGC
 CCGCACACGTCAGCTTCACGGCACCCGCTGATGCGGCCTCCACCCCCCACCAGCCACTACCGCACCCCC
 TAGTGAAGCTTCTTATACGCCCACCGTGGAGAGCGTGGTTGCTGCCGTGCCTCGTACTCCTACATACCT
 CAGTTTAGGCCCTTTAAAGCCTCTTCAGCAAGCGCTGCCGCCGTTCCGCTAACCTGTTCTCTACCGCTA
 CTCTTCAAGCCTTTGACTCCACTCACTGCGAAGCGCAGCCTGCCGCTGCACACGCATCTCCATCACAGAC
 GCAACCATCCTCTGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAG
 GCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGC
 AGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCT
 TGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAG
 GCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGC
 AGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCT
 TGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAG
 GCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTCGCCCGTGAGGCGGAGGAGC
 AGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCT
 TGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAG
 GCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGC
 AGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCT

34) Informação para a SEQ ID NO: 34
Lci8 Sequência de aminoácidos completa.
a) Comprimento: 1183
b) Tipo: PRT
c) Organismo: Leishmania chagasi

35) Informação para a SEQ ID NO: 35
Lci8A-I Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que
codifica a proteína recombinante.
a) Comprimento: 3144
b) Tipo: DNA
c) Organismo: *Leishmania chagasi*

AATTTTCTCTTGAGCCTTCGGCATTGAAGAACAAATCGCGCACACGAAAGACTACGCGGGGTGCTATGAGT
 GGTGGGATCGAACAGTGAACCGCCGCTCATCGTCTGCCAAGAGGTGTTGCAGGCCCGCTTCGCCGACAC
 CTCTTCTACACCACAGCACATGGCAACGGTGATGGCGCTGCGCGCCCAAATGGATGTGATTTCGACGCGCC
 TCGACCCAGCCACTGGCCGCTGTGCGCGCTGCGGGACGCCCTTCTCGAAGACGAGCGCTACGACTTGCTCA
 AATCTCTCCCCGAGTGTTCCTTCCCTCGAAGGAGGCGTGACGCCGACACGTACGCTTCACGGCACCCGC
 TGATGCGGCCTCCACCCCCACCAGCCCACTACCGCACCCCTAGTGAAGCTTCTTATACGCCCAACCGTG
 GAGAGCGTGGTTGCTGCCGTGCCTCGTGACTCCTACATACCTCAGTTTAGGCCCTTTAAAGCCTCTTCAG
 CAAGCGCTGCCGCCGTTCCGCTAACCTGTTCTCTACCGCTACTCTTCAAGCCTTTGACTCCACTCACTC
 CGAAGCGCAGCCTGCCGCTGCACACGCATCTCCATCACAGACGCAACCATCCTCTGAGGAGCAGGCACGG
 CTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGCGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGG
 CTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGCGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGG
 CTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGG
 CTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGG
 CTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACACCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGC
 CTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGG
 CTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGCCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGC
 CTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGCCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGC
 CTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGCCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGA
 GCAGGCACGCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGC
 CTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGCCTTGCCCGTG
 AGGCGGAGGAGCAGGCACGCCCTTGCCCGTGAGGCGGAGGAGCAGGCACGGCTCGCTCGTGAGGGGGTTCGG
 TGTGGTGGAGGGAGAGGAGAGTGCGGGCGGGCGAAAGTATCGAGGGAGGGCCAGGAGGTCTCTGCAGCA
 CTGTACGGCGAGGTGATCATGGGCTCCCAGGTGATGCAAAAGGGGATGCACACGCGGTCTGTAGTCATA
 ATGCGATGCTGACCCCTGCGGGGACTGTAATCGACGATGACGGGTGGGCCGAAGATGACGGCTTTGAGGA
 GGTAAACATGGCTCAGTTCACAAAATATCTCGGCTGCCACAAAGACGCACTAGTTGGGGCGGTGCCGAC
 CCGTCGTTTCTCGTCATCACCGCTTCTGCGCTACCCGCAAGCATACACACCAGCGTCTGTCCAGCGGGATG
 CACCGCTTTTCGCGCAAGAAGCTCTCGCCCGGATAACGCCAGTGTCTGGTGCGCAACAGGCGGGAGTGAC
 AGAGGTGGTCACTCCCAGTGTGGGCCGTGGCAGAGTGGAAATGAGTTTGCCTAAGAAATCCCCGACTGTG
 CGGTGGCGACGAGCAAGCAACTCCCGTTTCTGCGATTCCAACCTCGCGGCTCTATCGGCAGTAGTAGCA
 GTATGAGCAGCCCTTACGGCGCGCGCGGAATGCTGCGTCCGGCGCAGCTGGATTGAGACCTGCACCTCGG
 GCAGAGTGTCTTCTGTAGCCCTTCGGCAGTGAGCAAGCAATCGAAACGCCAGGTGCAACTCGAG

36) Informação para a SEQ ID NO: 36

Lci8A-I Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

a) Comprimento: 1048

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

[illegible]

LAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQAR
 LAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQAR
 LAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQARLAREAEQAR
 LYGEVIMGSQVMQKGMHTRSCSHNMLTPAGTVIDDDGWAEDDGFEVNMAQFTKYLGCPCQRRTSWGGAD
 PSFSSSPLSAYPQAYTPASVQRDAPLSRKKLSPPITPVSGAQQAGVTEVVTPTVGRRTGGMSLRKKSPTV
 RVATDGATPVSAFQPRGSIGSSSSMSSPYGGAANAASGAAGLRPAPRQSVFCSPSAVSKQSKRQVQLE

37) Informação para a SEQ ID NO: 37

Lci9A Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico completo.

a) Comprimento: 2400

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

d) Localização: **Lci9A-I** (2)...(2398)

Lci9A-II (2)...(1099)

GGATCCAAAGAATTGCCGACCTCCTGAGAGAGAACGTGTGACGCGCTTGACTGGTACTGCTGCTGCCGAG
 AAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTG
 CCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGG
 TGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGT
 GCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCG
 CGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTT
 TGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTC
 GGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGT
 GGTTGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTC
 TGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCT
 GCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCA
 AGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGA
 GAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCG
 CCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCCTGCCG
 GTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTGCTGCCGAGAAGCC
 TGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTCAGCCCCGTCGACCGCCTTCGGTAAGGCCCTT
 CCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGAC
 AGGCCCGTCGACCGCCTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGG
 AGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGACCGCCTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGC
 CCAAGTGCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGACAGGCC
 CGTCGACCGCCTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGC
 GCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGACCGCCTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGT
 GCCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGA
 CCGCCTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCC
 GGTGCTGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGACCGCCTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTC
 GGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGACCGCCT
 TCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGC
 TGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGACCGCCTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAG
 ACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGACCGCCTTTCGGTA
 AGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAGACACCGCCGGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGG
 GTTGGACAGGCCCGTCGACCGCCTTTCGGTAAGGCCCTTCCAGGCCCAAGTGCTTCGGCCAGACACCG
 CCGCGGGAGCTGCGCAGCCGGTCGCTGGAGGGTTTGGACAGGCCCGTCGACAGCCTTCGGTAAGGCAG
 TGTGTGGGTTCGGAGCGGCAGCGCGTGGCGCATCAGCGCGGGTTCGGATCGGGTTCCACCACCGCGAG
 CTTTGTCTGTCAGCGACGCCAGTGTTCGGTCTACAAGCGCATTTACGAGTGCCTTGGTGGCGCTCCG
 CAAGGCGGCGGCTTCTCGAG

38) Informação para a SEQ ID NO: 38

Lci9A Sequência de aminoácidos da proteína codificada pelo fragmento gênico.

a) Comprimento: 799

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

[illegible]

39) Informação para a SEQ ID NO: 39

Lci9A-II Sequência de nucleotídeos do fragmento que codifica a proteína recombinante.

a) Comprimento: 1098

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

GATCCAAAGAATTGCCGACCTCCTGAGAGAGAACGTGTGACGCGCTTGACTGGTACTGCTGCTGCCGAGA
AGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGC
CGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGT
GCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTG
CTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGC
GGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTT
GGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCG
GCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGG
GTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCT
GGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTG
CCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAGAGCAA
GCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGCCGGAG
AGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGGTGCGC
CGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCTGCCGG
TGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGTTCGGCTTTGGCGCGGGTGCTGGTGTCTGCCGAGAAGCCT
GCCGGTGCGCCGGAGAGCAAGCCTGCCTCTGGTGGGCAGGCCCCGTCG

40) Informação para a SEQ ID NO: 40

Lci9A-II Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

a) Comprimento: 366

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

DPKNCRPPPERERVTRLTGTAAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAG
AAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGF
GAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PAS
GGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPE
SK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA GAPESK PASGGFGFGAGAGAAEKPA
AGAPESK PASGGGOAPS

41) Informação para a SEQ ID NO: 41

Lci10 Sequência de nucleotídeos de CDS incompleta.

a) Comprimeto: 5469

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

d) Localização: **Lci10A-I** (1210)...(3816)

Lci10A-II(1210) ... (2148)

ATGGCCCATTTACCTTTGGAGGGGTCTGTTGTCTGCTATGAGTTTCTGGACGCTAAAAGAAAGTGGCTAT
 GGGGTGTTGGGGCTGTTACTCACTCTGATGACCGTGTGTGCGTAATCAGCCAGTGGATGGGAGCACCAGT
 GGATAAAGCCATGACTGCGAAGCTAGAGAGTGAGGCCGCATCTTCGAAGGCTGAGGCAAAGACCCACCAA
 GATCGTCTCCTTGCCATTTCGAGAAGCTATTGAGTCACAGAGCTGTGGAACCTCAAAGGAGGAGAAGGAGC
 GAACATCAGAGGAGTTGTGAGAGTGCCTTGTCTTGATTGGCAAGCATCGAAATCGCTCTCGTTCTGTTGTT
 GGCTGACCTGGAGATAATTAAAGGGCCGTCGACAGTTCAGGTGAAATGCCAACAGTTTACCCCTGCGTCT
 TCTTCCATAGCAATCCTCCGCAGTTCTATTCTGCGAGTCATCTCGCATGTGACAACCCCGTCTCTCGTGC
 TTTCTTCAGAGGAAGTAGAGTCTATTGAGAAGGCGGTGACGCATACCCACAGCCAGCTCAACAGCGAGCT
 TCACAAACTCCGCGCCACCCTTGAGGCAACGGAAATAGAAAGCAACGAGTTGCGCGATCAGATTTCGCAAC
 CTCGAGGAGCAGCTGAAACGTGTGAAGACTACATTTCGAACCTGTACGAATCTCTGATGGTGGAGAGAGCG
 GATCTGCATTCCCTGAAAACTGAGAGAGCACGACCTTTTGAGCTTGCGGGGTGCATGGGACAGCAGCAC
 AGCGTTGGTAATGACCGAGCATACTATCAAATTTCTTGAGATGATGGGGATACCCCTGTTGCATCACAAG
 CCAGAGGAAACGAAATCCGTCTTTGCCGCGGAGGCTGCCTTCGCATGTTGTGTGCCGATCCAGTGCCTGA
 CGAATCCGAAAATGACAACACATGGAAGACACCTTTCTGCTGAATTCTCTGTGATCACCCCGAAACCGT
 GACAACAAAGGAAATTGATCAGAGGCTCGCAAGCTACGCGTTTCCATCCATGCACCTCCTTCATGAGGAG
 CCTCTGGGTGTGAAAACCTGGCCTCGACAGGGCTATCGAAGGCCCTTGAGCACGCGCTCGGGATTCCAGAAG
 GTAAGCATGAAGGTCTCTACTTCGACGAATTCATGAAAAACATGCCGGACACCACTTCAGCAACGACAA
 AGATGCGTACGAAAGTGAAATTGGTGACTTGCTCATGCTTCTCGACAAGCTCAATAACGAGAACCGCTCA
 CTACAGTACACTCTAGACAAATCTGCTGCCGAGTTGAAGAGGCAGGTGTGAGAGGCTCAGAAAGATCACG
 ACGCACTGAATACCGAGATTGCTCGGCTACGAAATATTGTCTCAAAGCTTAAGGATCTTGAGAACAGCA
 GGAGACAGAACTCGTGAGAAGCCGCGTCCAGACGCAACGGGCTGAAGAAGCGCGCTTCCACTACAACCTT
 GCCCCACCGGCAACGACTCACAAGACGCAGAGTACGCAGTTACAATGCAAGAGTACAAGGATCAAAAAG
 AGGCCACCGATAACGCTCAAAGGGCACTCGTGGAAGAGAAAAGCCAAGGCGGAACAAATGCATCACCTCCT
 GAAAATGCATGAGCAGCAGTCTGCCCCAAACGCGAAACGGCTACGCTCCCTACAAGACGCTTTTGCAGCC
 GAAACCAACAAACCGCTGAGAACTTTTGTGCACTCGAATGTGAACCTATTGACGTCTCTCCAGTTCA
 AAGCATCACAAGCACTCACCAAGCTCTACATCACATCAACTCCCAACAGCAGGCAGAGCTTTTCTCATT
 CCGTGCGAGGCGGAACGCGGCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCCGTGCCGGCAAGGCCT
 GTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCGCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTG
 TGACGCTGGAGGAGCTGGAGCAGGCTCGCGAGGATGCTGCGCGCGGTGTAGCGGCGATTGAGGACAATGC
 TGCTGCTCTGGAGTCTGAGCTGCTGGATGTGTTGGCTGAGTTGAAGGCAGTGAAAGGTGAGAACGCTGCA
 CTGAGGGCTGTGTGTGAGATGAAGGATGCCGCGGTTGCTGACCTCGAGAAGCAGCAGTGCAGCTGCA
 ACAGCGATAAGGCGAAGCCGCGAGCTACTTCGCGTCACACGAAGGTGTTTGAGGGCGAGGAGTGGGGCGC
 TGTGTGGAGACGAAGCCGCGAGCTTACGACGCATTTGTGACGGATGTGTGCGCTGCATGCCGCGTC
 TGTGCGATGACCTCTCTGAGATCGCGTTTTCGCTGGGGAGTCTGCAAGCGAGCGTGAGTGTGACGCACA
 ACAGTGACATCAGCTGCGACGATATTGCGAAGCTTGTGGAGGAATACCACTATCCCAACGTGTGGGCCCT
 GTATGCGAAGCGGTTAGCGCCAAAGGATGGGCTTGATGAGGCCAAGGACGCGATCAGCGACCTTCAGCTC
 GCACTCGCCGCTAAGGAGGAGGATGCCGCCAGGGTTGCTGAGAACTGCACGAGGAGCGGGCGGAGGCGG
 AGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGA
 CGGCACGCTGCCCCGTGCCGGCAAGGCCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCTGGAGCCGCGAG
 CAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGTACCTGGGCAAGGACGCGGCGCTGGAGC
 AGCTGGCGGCGGAGCTGGAGGAGCAGAGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCTTCCG
 CGGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCGGCAAGGCCTGTG
 CCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCTGGAGCCGCGAGCAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGA
 CGCTGGAGGAGCTGGAGCAGGCTCGCGAGGATGCTGCGCGCGGTGTAGCGGCGATTGAGGACAATGCTGC
 TGCTCTGGAGTCTGAGCTGCTGGATGTGTTGGCTGAGTTGAAGGCAGTGAAAGGTGAGAACGCTGCACTG
 AGGGCTGTGTGTGAGATGAAGGATGCCGCGGTTGCTGACCTCGAGAAGCACGACGTGCGCGCTAACAA
 GCGATAAGGCGAAGCCGCGAGCTACTTCGCGTCACACGAAGGTGTTTGAGGGCGAGGAGTGGGGCGCTGT
 TGTGGAGACGAAGCCGCGACGCGCTTACGACGCATTTGTGACGGATGTGTGCGCTGCATGCCGCGCTGTG
 CGCGATGACCTCTCTGAGATCGCGTTTTCGCTGGGGAGTCTGCAAGCGAGCGTGAGTGTGACGCACA
 GTGACATCAGCTGCGACGATATTGCGAAGCTTGTGGAGGAATACCACTATCCCAACGTGTGGGCCCTGTA
 TGCGAAGCGGTTGGCGCCAAAGGATGGGCTTGATGAGGCCAAGGACGCGATCAGCGACCTTCAGCTCGCA
 CTCGCCGCTAAGGAGGAGGATGCCGCCAGGGTTGCTGAGAAAACCTGCACGAGGAGCGGGCGGAGGCGGAG
 GGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGACGG
 CACGCTGCCCCGTGCCGGCAAGGCCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCTGGAGCCGCGAGCAG
 ATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGTACCTGGGCAAGGACGCGGCGCTGGAGCAGC
 TGGCGGCGGAGCTGGAGGAGCAGAGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCTTCCGCGC
 GAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCGGCAAGGCCTGTGCC
 GCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCTGGAGCCGCGAGCAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGC
 TGGAGGAGTACCTGGGCAAGGAGGCGGCGCTGGAGCAGCTGGTGGCGGAGCTGGAGGAGCAGAGGGCGGA
 GGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCCGCGAC
 GCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCGGCAAGGCCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCTGGAGC
 CGCAGCAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGTACCTGGGCAAGGACGCGGCGCT

GGAGCAGCTGGCGGCGGAGCTGGAGGAGCAGAGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCC
 TTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCGCGACGCGGACGGCAGCTGCCCCGTGCCGGCAAGGC
 CGGTGCCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCGCTGGAGCCGACAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGC
 TGTGACGCTGGAGGAGTACCTGGGCAAGGACGCGGCCGTGGAGCAGCTGGCGGCGGAGCTGGAGGAGCAG
 AGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGG
 CCCGCGACGCGGACGGCAGCTGCCCCGTGCCGGCAAGGCCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGC
 GCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGTACCTGGGCAAGGAC
 GCGGCCGTGGAGCAGCTGGCGGCGGAGCTGGAGGAGCAGAGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGG
 TGGCCGCCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCGCGACGCGGACGGCAGCTGCCCCATGCC
 GGCAAGGCCGCTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCGCTGGAGCCGACAGATCGCCGACGAGCCG
 CTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGTACCTGGGCAAGGACGCGGCCGTGGAGCAGCTGGTGGCGGAGCTGG
 AGGAGCAGAGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGC
 GCTGGAGGCCGCGACGCGGACGGCAGCTGCCCCGTGCCGGCAAGGCCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCG
 GAGCGCGCGCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGTACCTGG
 GCAAGGACGCGGCCGTGGAGCAGCTGGTGGCGGAGCTGGAGGAGCAGAGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGC
 GAAGGAGGTGGCCGCCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCAACGGTGGAGGCCGCGACGCGGACGGCAGCTG
 CCCGTGCCG

42) Informação para a SEQ ID NO: 42

Lc10 Sequência de aminoácidos de CDS incompleta.

a) Comprimento: 1823

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

MAHLPLEGSVVCYEFLDAKRKWLWGVGAVTHSDDRVCVISQWMGAPVDKAMTAKLESEAASSKAEAKTHQ
 DRLLAIRERIESQSCGTSKEEKERTSEELSECLVLIGKHRNRSRLADLEIIKGPSTVQVKCQOFTPAS
 SSIAILRSSILRVISHVTTPSLVLSSEEVESIEKAVTHTHSQLNSELHKLRLATVEATEIESNELRDQIRN
 LEEQLKRVKTTTFEPVRISDGGESGSAFPEKLREHDLLSLRGAWDSSSTALVMTEHTIKFPWDDGDTLLHHK
 PEETKSVFAAAAFACCVPIQCVTNPKMTTHGKHLSEFVSHPETVTTKEIDQRLASYAFPSMHLLEE
 PLGVKTGLDRAIEGLEHALGIPEGKHEGLYDFEFMENMPDPTFSNDKDAYESEIGDLLMLLDKLNENRS
 LQYTLDKSAAELKRQVSEAQKDHDALNTEIARLRNIVSKLDLAEQQETELVRSRVQTORAEARFHYNL
 APPANDSQDAEYAVTMQEYKDQKEATDNAQRALVEEKAKAEQMHHLLKMHEQQSAQNAKRLRSLQDAFAA
 ETQQTAEENFCALECELIDVLLQFKASQALTQALHHINSQQQAELEFSFRARRNALEARDADGTLVPARP
 VPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEELEQAREDAARGVAAIEDNAAALESELDDVLAELKAVKGENAA
 LRAVCEMKDAAVADLEKHDVRANNSDKAKPQTTSRHTKVFEGEEWGAVVETKPHALHDAFVTDVCAACRV
 CRDDLSEIAFALGSLQASVSVTHNSDISCDDIAKLVEEYHYPNVWALYAKRLAPKDGLDEAKDAISDLQL
 ALAAKEEDAARVAEKLHEERAERLAKEVAAFRARRNALEARDADGTLVPARPVPAGEAAERALEPQ
 QIADEPLYAVTLEEYLGKDAAVEQLAAELEEQRAREERLAKEVAAFRARRNALEARDADGTLVPARPV
 PAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEELEQAREDAARGVAAIEDNAAALESELDDVLAELKAVKGENAAL
 RAVCEMKDAAVADLEKHDVRANNSDKAKPQTTSRHTKVFEGEEWGAVVETKPHALHDAFVTDVCAACRV
 RDDDLSEIAFALGSLQASVSVTHNSDISCDDIAKLVEEYHYPNVWALYAKRLAPKDGLDEAKDAISDLQLA
 LAAKEEDAARVAEKLHEERAERLAKEVAAFRARRNALEARDADGTLVPARPVPAGEAAERALEPQQ
 IADEPLYAVTLEEYLGKDAAVEQLAAELEEQRAREERLAKEVAAFRARRNALEARDADGTLVPARPVP
 AGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEEYLGKEAAVEQLVAELEEQRAREERLAKEVAAFRARRNALEARD
 ADGTLVPARPVPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEEYLGKDAAVEQLAAELEEQRAREERLAKEVAA
 FRARRNALEARDADGTLVPARPVPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEEYLGKDAAVEQLAAELEE
 RAREERLAKEVAAFRARRNALEARDADGTLVPARPVPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEEYLGKDA
 AAVEQLAAELEEQRAREERLAKEVAAFRARRNALEARDADGTLMPARPVPAGEAAERALEPQQIADEP
 LYAVTLEEYLGKDAAVEQLVAELEEQRAREERLAKEVAAFRARRNALEARDADGTLVPARPVPAGEAA
 ERALEPQQIADEPLYAVTLEEYLGKDAAVEQLVAELEEQRAREERLAKEVAAFRARRNATVEARDADGTL
 PVP

43) Informação para a SEQ ID NO: 43

Lc10A-I Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que
 codifica para a proteína recombinante.

a) Comprimento: 2607

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ATTGGTGACTTGCTCATGCTTCTCGACAAGCTCAATAACGAGAACCGCTCACTACAGTACACTCTAGACA
AATCTGCTGCCGAGTTGAAGAGGCAGGTGTCAGAGGCTCAGAAAGATCACGACGCACTGAATACCGAGAT
TGCTCGGCTACGAAATATTGTCTCAAAGCTTAAGGATCTTGAGAACAGCAGGAGACAGAAGCTCGTGAGA
AGCCGCGTCCAGACGCAACGGGCTGAAGAAGCGCGCTTCCACTACAACCTTGCCCCACCGGCCAACGACT
CACAAGACGCAGAGTACGCAGTTACAATGCAAGAGTACAAGGATCAAAAAGAGGCCACCGATAACGCTCA
AAGGGCACTCGTGGAAGAGAAAGCCAAGGCGGAACAAATGCATCACCTCCTGAAAATGCATGAGCAGCAG
TCTGCCCAAAACGCGAAACGGCTACGCTCCCTACAAGACGCTTTTGAGCCGAAACCAACAAACCGCTG
AGAACTTTTGTGCACTCGAATGTGAATCATTGACGTCCTCCTCCAGTTCAAAGCATCACAAGCACTCAC
CCAAGCTCTACATCACATCAACTCCCAACAGCAGGCAGAGCTTTTCTCATTCCTGCGAGGCGGAACGCG
GCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCGGAAGGCCGTGTGCCCGCGGGCGAGGCGG
CGGAGCGCGCGCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGCTGGA
GCAGGCTCGCGAGGATGCTGCGCGCGGTGTAGCGGCGATTGAGGACAATGCTGCTGCTCTGGAGTCTGAG
CTGCTGGATGTGTTGGCTGAGTTGAAGGCAGTGAAAGGTGAGAACGCTGCACTGAGGGCTGTGTGTGAGA
TGAAGGATGCCGCGGTTGCTGACCTCGAGAAGCACGACGTGCGCGCTAACAAACAGCGATAAGGCGAAGCC
GCAGACTACTTCGCGTCACACGAAGGTGTTTGAGGGCGAGGAGTGGGGCGCTGTTGTGGAGACGAAGCCG
CACGCGCTTCACGACGCATTTGTGACGGATGTGTGCGCTGCATGCCGCGTCTGTGCGATGACCTCTCTG
AGATCGCGTTGAGCTGGGGAGTCTGCAAGCGAGCGTGAGTGTGACGCACAACAGTGACATCAGCTGCGA
CGATATTGCCAAGCTTGTGGAGGAATACCACTATCCCAACGTGTGGGCCCTGTATGCGAAGCGGTTAGCG
CCAAAGGATGGGCTTGATGAGGCCAAGGACGCGATCAGCGACCTTCAGCTCGCACTCGCCGCTAAGGAGG
AGGATGCCGCCAGGGTTGCTGAGAACTGCACGAGGAGCGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGT
GGCCGCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCG
GCAAGGCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCGCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGC
TGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGTACCTGGGCAAGGACGCGGCCGCTGGAGCAGCTGGCGGCGGAGCTGGA
GGAGCAGAGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGCCGCTTCCGCGCGAGGCGCAACGCGGCG
CTGGAGGCCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCGGCAAGGCCGTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGG
AGCGCGCGCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGCTGGAGCA
GGCTCGCGAGGATGCTGCGCGCGGTGTAGCGGCGATTGAGGACAATGCTGCTGCTCTGGAGTCTGAGCTG
CTGGATGTGTTGGCTGAGTTGAAGGCAGTGAAAGGTGAGAACGCTGCACTGAGGGCTGTGTGTGAGATGA
AGGATGCCGCGGTTGCTGACCTCGAGAAGCACGACGTGCGCGCTAACAAACAGCGATAAGGCGAAGCCGCA
GACTACTTCGCGTCACACGAAGGTGTTTGAGGGCGAGGAGTGGGGCGCTGTTGTGGAGACGAAGCCGCAC
GCGCTTCACGACGCATTTGTGACGGATGTGTGCGCTGCATGCCGCGTCTGTGCGATGACCTCTCTGAGA
TCGCGTTTGCGCTGGGGAGTCTGCAAGCGAGCGTGAGTGTGACGCACAACAGTGACATCAGCTGCGACGA
TATTGCGAAGCTTGTGGAGGAATACCACTATCCCAACGTGTGGGCCCTGTATGCCAAGCGGTTGGCGCCA
AAGGATGGGCTTGATGAGGCCAAGGACGCGATCAGCGACCTTCAGCTCGCACTCGCCGCTAAGGAGGAGG
ATGCCGCCAGGGTTGCTGAGAACTGCACGAGGAGCGGGCGGAGGCGGAGAGGCTTGCGAAGGAGGTGGC
CGCTTCCGCGAGGGCGCAACGCGGCGCTGGAGGCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCGGCA
AGCCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGGCGGAGCGCGCGCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGCTGT
ACGCTGTGACGCTGGAG

44) Informação para a SEQ ID NO: 44

Lc110A-I Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

a) Comprimento: 869

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

IGDLLMLLDKLNENRSLQYTLDKSAAELKRQVSEAQKDHDALENTEIARLRNIVSKLKDIAEQQETELVR
SRVQTQRAEEARFHYNLAPPANDSQDAEYAVTMQYKQKEATDNAQRALVEEKAKAEQMHLLKMHEQQ
SAQNAKRLRLSLQDAFAAETQQTAEENFCALECELDVLLQFKASQALTQALHHINSQQQAELEFSFRARRNA
ALEARDADGTLVPVPPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEELEQAREDAARGVAAIEDNAAALESE
LLDVLAELKAVKGENAALRAVCEMKDAAVADLEKHDVRANNSDKAKPQTTSRHTKVFEGEEWGAUVETKP
HALHDAFVTDVCAACRVCRRDDLSEIAFALGSLQASVSVTHNSDISCDDIAKLVEEYHYPNVWALYAKRLA
PKDGLDEAKDAISDLQLALAAKEEDAARVAEKLHEERAEERLAKEVAAFRARRNAALEARDADGTLVPV
ARVPVAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEEYLGKDAAVEQLAAELEEQRAEAEERLAKEVAAFRARRNAA
LEARDADGTLVPVPPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEELEQAREDAARGVAAIEDNAAALESEL
LDVLAELKAVKGENAALRAVCEMKDAAVADLEKHDVRANNSDKAKPQTTSRHTKVFEGEEWGAUVETKPH
ALHDAFVTDVCAACRVCRRDDLSEIAFALGSLQASVSVTHNSDISCDDIAKLVEEYHYPNVWALYAKRLAP
KDGLDEAKDAISDLQLALAAKEEDAARVAEKLHEERAEERLAKEVAAFRARRNAALEARDADGTLVPVPA
RPVPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLE

45) Informação para a SEQ ID NO: 45

Lci10A-II Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.

- a) Comprimento: 939
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ATTGGTGACTTGCTCATGCTTCTCGACAAGCTCAATAACGAGAACCGCTCACTACAGTACACTCTAGACA
AATCTGCTGCCGAGTTGAAGAGGCAGGTGTCAGAGGCTCAGAAAGATCACGACGCACTGAATACCGAGAT
TGCTCGGCTACGAAATATTGTCTCAAAGCTTAAGGATCTTGCAGAACAGCAGGAGACAGAACTCGTGAGA
AGCCGCGTCCAGACGCAACGGGCTGAAGAAGCGCGCTTCCACTACAACCTTGCCCCACCGGCCAACGACT
CACAAGACGCAGAGTACGCAGTTACAATGCAAGAGTACAAGGATCAAAAAGAGGCCACCGATAACGCTCA
AAGGGCACTCGTGGAAGAGAAAGCCAAGGCGGAACAAATGCATCACCTCCTGAAAATGCATGAGCAGCAG
TCTGCCCCAAAACGCGAAACGGCTACGCTCCCTACAAGACGCTTTTGCAGCCGAAACCCAACAAACCGCTG
AGAACTTTTGTGCACTCGAATGTGAATCATTTGACGTCCTCCTCCAGTTCAAAGCATCACAAGCACTCAC
CCAAGCTCTACATCACATCAACTCCCAACAGCAGGCAGAGCTTTTCTCATTCCTGCGAGGCGGAACGCG
GCGCTGGAGGCCCGCGACGCGGACGGCACGCTGCCCGTGCCGGAAGGCTGTGCCCGCGGGCGAGGCGG
CGGAGCGCGCGCTGGAGCCGACGAGATCGCCGACGAGCCGCTGTACGCTGTGACGCTGGAGGAGCTGGA
GCAGGCTCGCGAGGATGCTGCGCGCGGTGTAGCGGCGATTGAGGACAATGCTGCTGCTCTGGAGTCTGAG
CTGCTGGATGTGTTGGCTGAGTTGAAGGCAGTGAAAGGTGAGAACGCTGCACTGAGGGCTGTGTGTGAGA
TGAAGGATGCCGCGGTTGCTGACCTCGAG

46) Informação para a SEQ ID NO: 46

Lci10A-II Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

- a) Comprimento: 313
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

IGDLLMLLDKLNENRSLQYTLDKSAAELKRQVSEAQKDHDLNTEIARLRNIVSKLKDIAEQQETELVR
SRVQTQRAEEARFHYNLAPPANDSQDAEYAVTMQKEYKDQKEATDNAQRALVEEKAKAEQMHLLKMHEQQ
SAQNAKRLRLSLQDAFAAETQQTAENFCALECELIQVLLQFKASQALTQALHHINSQQQAELEFSFRARRNA
ALEARDADGTLVPVPARVPAGEAAERALEPQQIADEPLYAVTLEELEQAREDAARGVAAIEDNAAALESE
LLDVLAEKAVKGENAALRAVCEMKDAVAADLE

47) Informação para a SEQ ID NO: 47

Lci11 Sequência de nucleotídeos da CDS.

- a) Comprimento: 2358
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*
- d) Localização: **Lci11A-I** (357)...(2220)
Lci11A-II (420)...(1568)
Lci11A-III (1548)...(2220)

ATGTACACCCGTGAGGAGCTACTGCGGATTGCAACACTCGCCAGCGCAATGGACCTGGGCCCAGAGGTGC
TGCGCAAGTTCGACGTCATCGAAGTCGCCGAACAGTCCCCGCCCGAAGCGCCGCGAGGCAGAACCGAA
TTTCAAGGGCAGCGTGCTGACGGACAACCTCAGCACTAGCACCACGATCACTAACTCGGGTCCCAACGGT
GGTGGCAACAGCGGCGGGAAGGGCGGCCATAACAGCGGCATGAACGGCGGCGGCAGCAGCAGCAACC
ACACTGGCAGCTCCAGCACTCCGGCGTACGGTGCCGGCGGCGGCCGTGGCGGTGACAACCGCCGCGGCGG
TGGCGGCAATGGTGGACGCGATGACAACAGCAACAGTAACAGTGTGAAGCAGTCCGGGTACGACCGCTTT
GCGCCACCCGAGGGACGATTTAACCGCGGAAATCGCAATCAGGAGACCTTTGAGGAGGGCATCGAGTATG
AGTTGCGGCAGAGCGCACTGCAGAAGAAACGCGTTGCCGAAACGATGGAGCGCGAGGATCGCAAGGGAGA
GAACCTGAGGCAGGCCCTGGAGAAGTTCAAGCAGGAGGGCACCGACGCCGAGGCCGAGAAGCGGAGAGG
GAGACGGACGAGATTGAGCGGCTGCTGGCGGGCATACAATGGTTCGATGACGCGCCAAAGGCCGTGGTTC
GCTCTCGCTTCTTCTCGGCCCAGGGCCCAACGGCTACCAGCGCCGAGCCTCCGGCGACCATGCAGCCATC
GCCGCCGCCGCCACAAGCATCGACGACGCTGTCTTTTGGAGCCCCCGGAGCAGCATTCATCTTCCACG
ACAGGCGCGCCACAGGCGAGCGTGCTCCCGACGCCCCGCCAACAGTGGAACGCAGGGCTACGCGAGAGGGC
CGTGGTCATCTATGAAGAGCGACTCTAACCTCTGGAGCACCGCGCCGTCCATGGCAAGCGCGCTCAAGCA
GTCTCTTCAGCACTCCTTGCTCCGGCGGACGCGTCGCCGTGAGTCAGATCAAGCCTCCGCAGCCTGCG

3

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

AATTTCAAGGGCAGCGTGCTGACGGACAACCTTCAGCACTAGCACCACGATCACTAACTCGGGTCCCAACG
GTGGTGGCAACAGCGGCGGGAAGGGCGGCCATAACAGCGGCATGAACGGCGGCGGCAGCAGCAGCAGCAA
CCACACTGGCAGCTCCAGCACTCCGGCGTACGGTGCCGGCGGCGGCCGTGGCGGTGACAACCGCCGCGGC
GGTGGCGGCAATGGTGGACGCGATGACAACAGCAACAGTAACAGTGTGAAGCAGTCCGGGTACGACCGCT
TTGCGCCACCCGAGGGACGATTTAACCGCGGAAATCGCAATCAGGAGACCTTTGAGGAGGGCATCGAGTA
TGAGTTGCGGCAGAGCGCACTGCAGAAGAAACCGCTTGCCGAAACGATGGAGCGCGAGGATCGCAAGGGA
GAGAACCTGAGGCAGGCCCTGGAGAAGTTCAAGCAGGAGGGGCACCGACGCCGAGGCCGAGAAGCGGAGA
GGGAGACGGACGAGATTGAGCGGCTGCTGGCGGGCATCACAAATGGTTCGATGACGCGCCAAAGGCCGTGGT
TCGCTCTCGCTTCTTCTCGGCCCAGGGCCCAACGGCTACCAGCGCCGAGCCTCCGCGACCATTGCAGCCA
TCGCCGCCCGCCGCCACAAGCATCGACGACGCTGTCTTTTGGAGCCCCCGCAGCAGCATTCGATCTTCCA
CGACAGGCGCGCCACAGGCGAGCGTGTCTCCGACGCCGCCCAACAGTGAACGCAGGGCTACGCGAGAGG
GCCGTGGTCATCTATGAAGAGCGACTCTAACCTCTGGAGCAACCGCGCCGTCCATGGCAAGCGCGCTCAAG
CAGTCTCTTCAGCACTCCTTGCCCTCCGGCGGACGCGTTCGCCGTGAGTTCAGATCAAGCCTCCGCGACCTG

CGTCGCAGCAGTCACAGCCATCCAGTTGTCCTGCGAGCACTTCTCACCAGGCAAAGAGCATGGACGCTGC
 GACTGCGAACGCCTCGGCCAACTCGACCGGTGCGCCGCCGCCAGCGGGCCAGCCAGCTTTGGCGTTCCC
 GCGCCTGCACCAGCGAGCCCGCCGCTCCCACGCAGAGCTCCGTACTCGGCCCTGCGAACGGACATAGCA
 GCACCAATATCGCCACTGCAATGGGCGCCAAGACTGGCGCATCGAGCAGTGCTGGACAGACGCAGGCGCC
 TCCTCACACGCCGCCCAAACCTCCGCTCACAGTCAGCCGCAGCCATCTCGCCCCGGCCCCAGCGACCGCC
 ATCAAGGCAGCGCCGCGCAGTAGCGGGTCTAGCGCGCTTCCCACAGGCGCCTGGTCGGCGGGGACCTGG
 AGCTTCTTCTGAAGAAAGGCGCCACCATGATCTCAAGCGCTCCGGCACCCCGCCAAAGCACTGCTACACC
 TGCCACGACGGCGCCGAAGACGCAGCCCATCACGGCGGGCGGAGCTGGAGAGCATGCTCATGCAGCGGGCG
 CGCCAGGGCAGAGGAGCGACCGGCACTGGTATGAGCACTTTACCTCCCTCGCCTCCTCAGTTTCAGCAGC
 CACCTCCGCCGCGAGCAGGCGCCGCTTCTTTTTCGGAACCCGTGGAAGACGCCGCCGATGCCGGCGAGCAG
 CAACCTTACCAGTGCGCCACTCTCTCGCCACAGCAGCTCCCGGCCAGCATGAAGATGGCGCCAAACGGA
 GCGATGCTGCAGCCTAAGCAGCCGCATCAGCAGCAGCAACCGCTGCCTCCGCCGCCGCCGCCGATGCCGC
 CACAGATGCCCGCGCATTCTCAGCCGCAATCGCAGCCACAGCCACAGCCGCAGATGCAGCCTCAGATGCA
 ACCGCAGCAGCACCAACCACCGTGGATGGCGATGCCGCGGCCGC

50) Informação para a SEQ ID NO: 50

Lc11A-I Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

a) Comprimento: 621

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

NFKGSVLTDNFSTSTTITNSGPNGGNSGGKGGHNSGMNGGSSSSNHTGSSSTPAYGAGGGRGGDNRRG
 GGGNGGRDDNSNSNSVKQSGYDRFAPPEGRFNRRNRNQTFFEEGIEYELRQSALQKKRVAETMEREDRKG
 ENLRQALEKFKQEGTDAEAAEAERETDEIERLLAGITMVDAPKAVVRSRFFSAQGPTATSAEPPATMQP
 SPPPPQASTTSLFGAPASSIASSTTGAPQASVLPFPANSQTQGYARGPWSSMKSDSNLWSTAPSMASALK
 QSLQHSLPPADASPSGQIKPPQPASQSQSPSSCPASTSHQAKSMDAATANASANSTGAPPASGPASFGVP
 APAPASPPAPTQSSVLGPANGHSSTNIATAMGAKTGASSSAGQTQAPPHTPPQTPPHSQPQPSRPAPATA
 IKAAPRSSGSSGVPTGAWSAADLELLKKGATMISSAPAPPSTATPATTAPKTQPIITAAELESMLMQRA
 RQGRGATGTGMSTLPPSPPPQFQQPPPPQQAPLLFPANPSKTPPMPASSNPTSAPLSSPQQLPASMKMAPNG
 AMLQPKQPHQQQPLPPPPPPMPFPMPAHSQPSQSPQPPQMPQMPQMPQHQPPWMAMPRP

51) Informação para a SEQ ID NO: 51

Lc11A-II Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.

a) Comprimento: 1149

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

CCCAACGGTGGTGGCAACAGCGGCGGGAAGGGCGGCCATAACAGCGGCATGAACGGCGGCGGCAGCAGCA
 GCAGCAACCACACTGGCAGCTCCAGCACTCCGGCGTACGGTGCCGGCGGCGGCCGTGGCGGTGACAACCG
 CCGCGGCGGTGGCGGCAATGGTGGACGCGATGACAACAGCAACAGTAACAGTGTGAAGCAGTCCGGGTAC
 GACCGCTTTGCGCCACCCGAGGGACGATTTAACCGCGGAAATCGCAATCAGGAGACCTTTGAGGAGGGCA
 TCGAGTATGAGTTGCGGCAGAGCGCACTGCAGAAGAAACGCGTTGCCGAAACGATGGAGCGCGAGGATCG
 CAAGGGAGAGAACCTGAGGCAGGCCCTGGAGAAGTTCAAGCAGGAGGGCACCGACGCCGAGGCCGAGAA
 GCGGAGAGGGAGACGGACGAGATTGAGCGGCTGCTGGCGGGCATCACAATGGTCGATGACGCGCCAAAGG
 CCGTGGTTCGCTCTCGCTTCTTCTCGGCCCAGGGCCCCAACGGCTACCAGCGCCGAGCCTCCGGCGACCAT
 GCAGCCATCGCCGCCGCCGCCACAAGCATCGACGACGCTGTCTTTTGGAGCCCCCGCGAGCAGCATTGCA
 TCTTCCACGACAGGCGCGCCACAGGCGAGCGTGCTCCCGACGCCGCCAACAGTGGAACGCAGGGCTACG
 CGAGAGGGCGGTGGTCATCTATGAAGAGCGACTCTAACCTCTGGAGCACCGCGCCGTCCATGGCAAGCGC
 GCTCAAGCAGTCTCTTACGACTCCTTGCTCCGGCGGACGCGTCGCCGTGAGTCAGATCAAGCCTCCG
 CAGCCTGCGTTCGACAGTACAGCCATCCAGTTGTCCTGCGAGCACTTCTCACCAGGCAAAGAGCATGG
 ACGCTGCGACTGCGAACGCCTCGGCCAACTCGACCGGTGCGCCGCCGCCAGCGGGCCAGCCAGCTTTGG
 CGTCCCGCGCTGCACCAGCGAGCCCGCCCGCTCCCACGCAGAGCTCCGTACTCGGCCCTGCGAACGGA
 CATAGCAGCACCAATATCGCCACTGCAATGGGCGCCAAGACTGGCGCATCGAGCAGTGCTGGACAGACGC
 AGGCGCCTCTCACACGCCGCCCCCAAAC

52) Informação para a SEQ ID NO: 52

Lc11A-II Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

- a) Comprimento: 383
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

PNGGGNSGGKGGHNSGMNGGSSSSNHTGSSSTPAYGAGGGRGGDNRRGGGGNGGRDDNSNSNSVKQSGY
DRFAPPEGRFNRGNRNQETFEEGIEYELRQSALQKKRVAETMEREDRKGENLRQALEKFKQEGTDAEAAE
AERETDEIERLLAGITMVDDAPKAVVRSRFFSAQGPATSAEPPATMQSPPPPQASTTLSFGAPASSIA
SSTTGAPQASVLPPTANSQTQGYARGPWSSMKSDSNLWSTAPSMASALKQSLQHSLPPADASPSGQIKPP
QPASQQSQPSSCPASTSHQAKSMDAATANASANSTGAPPASGPFVGPAPAPASPPAPTQSSSVLGPANG
HSSTNIATAMGAKTGASSSAGQTQAPPHTPPQT

- 53) Informação para a SEQ ID NO: 53
- Lc11A-III Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.
- a) Comprimento: 673
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

CCTCACACGCCGCCCAAACTCCGCCTCACAGTCAGCCGAGCCATCTCGCCCGGCCCCAGCGACCGCCA
TCAAGGCAGCGCCGCGCAGTAGCGGGTCTAGCGGCGTTCCACAGGCGCCTGGTCGGCGGCGGACCTGGA
GCTTCTTCTGAAGAAAGGCGCCACCATGATCTCAAGCGCTCCGGCACCCCGCCAAGCACTGCTACACCT
GCCACGACGGCGCCGAAGACGCAGCCCATCACGGCGGCGGAGCTGGAGAGCATGCTCATGCAGCGGGCGC
GCCAGGGCAGAGGAGCGACCGGCACTGGTATGAGCACTTTACCTCCCTCGCCTCCTCAGTTTCAGCAGCC
ACCTCCGCGCAGCAGGCGCGCTTCTTTTTCGAACCCGTCGAAGACGCGCCGATGCCGGCGAGCAGC
AACCCTACAGTGCGCCACTCTCCTCGCCACAGCAGTCCCGGCCAGCATGAAGATGGCGCCAAACGGAG
CGATGCTGCAGCCTAAGCAGCCGATCAGCAGCAGCAACCGCTGCCTCCGCGCCGCGCCGATGCCGCC
ACAGATGCCCGCGCATTCTCAGCCGCAATCGCAGCCACAGCCACAGCCGCAGATGCAGCCTCAGATGCAA
CCGCAGCAGCACCAACCGTGGATGGCGATGCCGCGGCCG

- 54) Informação para a SEQ ID NO: 54
- Lc11A-III Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.
- a) Comprimento: 224
- b) Tipo: PRT
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*

PHTPPQTPPHSQPQPSRPAPATAIKAAPRSSGSSGVPTGAWSAADLELLLKKGATMISSAPAPPPSTATP
ATTAPKTQPIITAAELESMLMQRARQGRGATGTGMSTLPPSPFPQFQPPPPQAPLLFANPSKTPPMPASS
NPTSAPLSSPQQLPASMKMAPNGAMLQPKQPHQQQQLPPPPPPMPMPQMPAHSQPQSQPQPQPQMPQ
PQQHQPPWMAMPRP

- 55) Informação para a SEQ ID NO: 55
- Lc12 Sequência de nucleotídeos da CDS.
- a) Comprimento: 7359
- b) Tipo: DNA
- c) Organismo: *Leishmania chagasi*
- d) Localização: **Lc12A-I** (457)...(3240)

Lc12A-II (457)...(2058)

ATGAGCACCGACAATGACATTGAGCGCCAGATCATGATGGAGATGGAGGCAGAGATCAGTCGATCGCAGG
GGAATCGTCGCGATCCTTACACCAACCCGCCGCCCTTTGAACTCAGCTTTATCGAGGACGATCCCATGGA
GGCGGCCCCGAAGGCAGAGGTGGACCGGATTCAGCGTGAAATCGAAGAGCGCCTCCGCCGAAAGCAGCAG
CAGAAGCAGCGTGACTCTCTGGAGCTATCACCGAACTGCCCCGCCAATGAAGGTGAAATGAGTGCTGTCT
ACGACTCTTTACAGCAGCCCCAGAACGCTTCTGGCCCCGTTGGAGCCCATGATCGTCACGTGGTTTCGCGC
GTCGCTTAGCAGTGAGTCGGAGAACCGCGAGAAGGCGGAAGAAGCATCACGTCTTCGCGATGACGAGGCA
GCAATGACGAGGAGAGACAGACGAGGAAGCCGAATTGATATGGAGGTGCAGGTGAGAAGAAGTGCCG
AGATTCAAGCGCTACGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGCC

TGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGTG
 GCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCG
 TGGCTGAGGAGCAGGCGCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCG
 CGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCTCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGC
 CGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCGC
 GTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCGCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGC
 CCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAG
 GCGCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGC
 AGGCGCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCGCGTCGCGAAGCTGAGGA
 GCAGGCTGGTGGTCTGGAGGAGGTTCTTCGTGAGGCGCGCGCCGTGGTTCATGGGAGAGTTCTCAGAGAAA
 CTGAAGCAGCACAGCGCTGTTGCCGCTTTCGTGAGTGATACTGATGAGAAGCCGGTGAACCTCCGCGAGCG
 CGACGCACAGAGGCGACGCCCGCTGGCAGAATGAATACACGGAGCAGGGGGGCACCGGTGCAGATGCTGA
 GGAGGAGCACGGGGTGCAGCAGCATGACTCGCGGTGTTGCCGTTACCGAACGAGCAGTCCGTCCGTGAGC
 GACCGCGACATGCGAAGCGAGAGAAGCACAACTCTAAAGACTCTGCCTCCGAGACGGTTAGCCGGTACT
 CTTTGTCTACCTTGAAGCCATCCGGAATGACAACGGCATCCTCTCTCGGACGGAGGAAGAAGTCTACTA
 CGTGGCGCGCTAACGAAAGAGGCGCCGTTTGAGAGTTTTGAGGAGGCTCTGTCCGCGGAGCTGAAAGCA
 CACGGGCTCACAGAGGATGCGATCCGGCGCAGCTGCATTGAAGTGCACCGATACGGGACCATCCGCGAGT
 CCGGCAAGTGCTTGTTTCTCCGAGAGAGGTACGGGGGAGGTGCCGGCGCACGGGAAGGTGCAGCTGGG
 TTTCTTCTCAGCCAAGCAGACGATCATCGCCCTCCAGCGTCCACTTCGGAAGCCGAACGCAGACCGCGAG
 CGACCATGTGAACCGGGCGAGCGCTCGCTGAGCACCCTCAAGTGCTACTTCGAGTCTGAGGTGCTGAGTG
 ATCACACCCTGACGGTGGACGACGAGGATTACCCGCACAACGCTCCACGGAGCGCCTGCTGACAAAGGC
 GCAACTGATGAGAGGCGACAATGCCATGGTACGGAAGGCTGTCTCGCAGATTTTCGTACGGCGACCCGATC
 CAGGTGTGGGAGCGCGCGCAGCAGAACAGCACGGCGCGGATGAAGCGGCGACCGAGTCGACGGCAGCGA
 ACTTGTGGGTAAAGCAGATATCGACACCCGCAAACCCGTTCCCGCAATGCGCACCTTTACCGGAGGCTTTGT
 GTACTGCATCAAGGCGACGAAGATCAGCAACCGAGTGATAGAGCTGCATGGAGCAAGCACCGATCCTCTC
 GTCATCGCAGCCGCGCTGTACAGCTGGACAGAGCGGCAGAAGGTAAAGGTCTCCGAAACGTTCTACTTCG
 ATTCCGAGCTGGACATCTTCTACCTCAAAAGGAGCGCAGCGAGCTCGCCAAGAAGAATCAGGTTGTGCG
 CTTTGTGCCGAACGAGTTCAAGGGAACGCTGCACCTCGTGATGCGTGTGTACCGACCCTGCTGCGAGGAG
 TACGACACCTACGTTGATTTGTACAGTCGCGCAGACCGCTACAAGCAGATCCACGTTGCACCTATGAAGC
 AGGAGACGTTGCTGCTGACTCAAGTGTCCGACGTGCTGGAGGAGCTAGGCTGGAACCTCGGTTCCGCTCCA
 GGACGAGGCAAACACCTGCTTCCGAGGGTGGCGTCGATCGCCTTTACCGCAAGGCCTTCTCTAACGAA
 GACGTGTTCAAGGTAATGAAGGACGAGCGCTGGCGCGGAGCTCAGAAGGCGCTGCCGGTGACATGGTCT
 TCTCCATCTCAGATCTGAGCAGGCACGAAGTGGCGTTTCCCTCCGACCACCCAGAGCGCCGCGGAGGA
 GAACGAGTCGAAGGTAAGTCTGCTAGACCCCTGACTTGCCGGGCGCTCGCCCGGTCTACTACCGTTACTCG
 CCGTGCTGCATCCCTCACTCCGCTTACTTTCAGCATATAACAACGTGTACTATTTCTCCGTGT
 CTAGGTGAAGGTGATGTACGCCGGCTTCGTCCGCGAGCATCCCTGCTTCGCATCACACTTACGTCTTTCA
 GCTTTGTGTGAAGGACAAGGACGACGACTCTCGGAGGAGGGCGCGATCAGGTGCATCTACGGGCGCGGG
 CTGTGCAACCTGTGATGGAGACGACGGCGTGGTTCGTCCCTCGGTACACAACCTCGAATGACATGGTGCTTA
 GCGACGAGTTCAAGCTGCAGCTGCCGCTAAACCTCTCCGACCGCCACCACATCTTCATGACCCTCTACGC
 CACATGCCAGAGGAAAATGCCACCGACGCCTGGGCAGCCACGTATGTTTAAAATCGGCTACGCCGCTGTG
 CCACTGATGATGAACGGCGTTGTGCAGGTGCGCGACAGCATCGACATCAAGTTTGTTCGTATGACCAGG
 CAGCCGTGCGGGCGCGGGCGGGTATCTGACGAGCTTTGCTGAGGCCCGCGTGAACCTCCTGCTCAATAA
 CGGCGAGGGCGTTGTCAAGGCTTCGAGTCAGACCAAGACAACGGTTCACGCATCCAACCGCGTCATTGCA
 TCTGTCTTCCAGCAGTGCCCGTCTCGATTGCAGAGATGAGGAAGAACGACAAGGTGCTCGATGAGTGCG
 GCGCGCTGCAGAAGCTGCCTGCGATGGAGGTGACCCGATCGTAACGTGATCAGTCTCATTGCGCAGCT
 TCCGTTGGCAGAGATTCTGGCCTTCTACCTTTCTCACCAGCGTACGCCTTCTCCCTCATCGGCTCCGGC
 TCGGCGACGGTGTGCTGGCTAACCGCATTACATGCTCGACGTCCTTTTAGGGATTACTTCCAAGGCGC
 AGCAGTACGACACATCAGCGCACACGATTTCGTGACGCCACAACAGCGAAGGTCTGACACCGCAAGTGTT
 CGCCAAGACGAGCGTTGGAAGTATACTGTACCACTTCTGTCCAATGACACCTCTACGAAGGCGCCAAG
 TGTGAGTACAAGCGTCGCTCTACAGTGGCATGGTTCGAGGCATGGCTGAACCTACTTAAGATGGTAGCGC
 AGCAGCCAAACGGTATCGGAGCCGACTCAGCGAAGGAAAAGAGCGGCACTTCCGCGCCTTCTTCTCACC
 TGCTAGCCCTGCTAGTCTTGGCCGTGGCAGCAAGGCCCCGCGCGGCTCGCAGTATCCTCGGTGAGATG
 AGCAATCTGTGCTGGTTTCTCTTTGACACAATTCTGCGGTCCATGTACCTCTGGGGAGCCGAGAACCCGA
 CAGTCCCCCGCCAGGAGCTTTCACCTCGTCTTTTACACCGCGTGGCGGAGCTCTGCATTGTGGCGCT
 GTCTCAGCTGTCAACATTGATGAGAGTCAGCTTGTGCGCCACGTCGCCATCTTTGTGCGCAGCCTGATG
 CACTACGCCGACCGTGGCCGCGTGTGATGATCTACGAGCGCATCGCTGCTTACTTCGAGGAGGACGGCA
 ACTTTGAGAGCCTCACCAACTTCTCAAGTACGTGCTGGAGGACCCGGATGCGATTTACCTGCTGCTGCC
 CTCCGCGGAGCGGGCCCCGCGCTTCTCTACGCGCATTTGTTGTTCACTCGTTCACCATTTCTCATGATC
 AACCCGAACCGTGTGACGCGATCGATCGCCACCGACGTGCTGTACTCATTTCTGCGTCGCCCTCGCCAACG
 ACTCAAGCACTCCCAGCGAGAATCTCACCTGCATCGCGGCACAGCTGTTCCGCCCTGGTGGCGAACCTAGG
 CCCGCACTGGAAGGCCATTACGCAGCCTAACGACAAGATAACCGATTGAGGTGTTTCAGCGTGACAAGCAG
 CAGCTGTCCATGACATGCTTGTGGATTCTCTACTACACGCCCCGACGACGTTCCGGCAATGGCTGCAGG

AAGAGGTGGACGGAAAGGTGATCGCTGGCATGATGCAGATTGTGGCCGAGTCGCAGTCGACCTTCCGCTA
 CACCGCCGCCCCCGCTTCTCGAGTGCCGCGGCCCCGTCGCGGGCGTTGCAAAGGACGCGGCAAACGAG
 GAGGTGGAGGAGAGGCGGGCGTGGGAGGCGCGCAGCACAACTTTGTGACTGCAATCGGAACGCAAATGT
 GCAGCCTCTTCTTGAACGAGATTCCGAGTATATTGCGCACTGTGCGCGACAACAACCTAACGCCGCCGT
 GTTCCCGTCTCTTGTGATGCTGGAGTCCGTTCTCAACCTGGGAAACTCCACCATATCCCTGCAAATGAGC
 TCCGCTGTGATGCACGAGGTGGTGTGCAAGCTGTTCCCGGAGATCATCAGCCGCAAGGCGAGGATGGGGA
 ACGGCATGGTCTGCTCACCTTCCGTCTCATGAGCAGCTGCTGCCAGTATGTTTCGCTCCTCGGCCAGCTG
 CACGTTCTGCTGATGAGCCAGGCCTTCTTCTCCTGGAAAGACTCTCTGTCCAAGATCAGGTCGCTGACT
 GCCAACGCGCTCGTCTCTGTGGCCGAGTCGCGCGTGAGGGACCTGCGCCTTGCTGGGCGCTTCATCGAGT
 TTCAGTTTGACGAGCTGATTGAGAGGGCCAAGGTGGAGGAGGCAAACCTACACGGCGCGCTCGTGCGACTT
 CGCCTCTCGCTACGAGGACGACTCGAACGCGCCTGGCGGTGATGCGCAGATGAAGTACAGGCAAAGGTC
 GAGGGCCAGGTTATGAGCGTGCAGCGCAATCTCCCATCTCGCGCTACTTGCTGGAGAAGTCAAGCTGTC
 CAGACCAACAGCCACCACGCTTCTCTAGCGACTTTACCGCCATGACGGCGACGGTGCTCAGCCTCTTCGA
 CGATGTCTTGGCTCTGCAGATGGACGACTCAATGAAGTCAAGGAAGCGAGGGCGACGGCGTATTTTGAG
 GTCTTTGAAACTTCTTACGGCAGAACGCGCTAAAGGAAGCCCTAAAGTGGCTCTACCGCCTGCACGACG
 CACACAGGCAAACAGCGACTACCTGGAGGCTGGCATGGTGTGTTGTTTATTGCTGCCCTGTGCTTCCG
 CGTCACGGAGGTGTTCTACTTTGTCAAAGGGAAAGACTCGAAGGGGGCCCGCATGCCGTTTGAGGTTCTC
 TCGCACGTGTTCTGGCACGACTACGTGCGCATCCTACCCGAGGTGGATGCGCTGCTTCCCGCAGACACGG
 TGTACGCAATTGTGTCGAGCTGTACACATGCCCCGACGACATGTGCTTCTCCATGGAGGGCCAGGTGAA
 GGCGCTGAAGGAGGCGGCGGAGTTTCAGGACAAAGGCCAGTACTACGAGTACTCGCTGCAGACAATAGAC
 ATTGCGAACAAGTACCTGATGGCGGTGACGCACTTCAAAGGATCGTCGGTGGTGCACATGGCCATGTCCA
 CCTGGTGTACCGCCATTGCAGAGCCCAAGTGAAGCGGCACAACAGTCGCTACTTCTTCTGTGGGCACG
 CATGGAACGCCACACTTTGCCAAGTCGCGCAAGGAGCTGCATGAGGACGCGAACGACAGTAAGGTAGGC
 GAGAAGCCGCGCGGGCTGCCAACGGCAACCCGATCCGCCGATCTACAAGATGTCCACCGCCACCACGC
 TGAAGAGTTCAAGAACTACGCGAGGTGCTACGTGGAGTCGCTCTTCTTTGACACATCGCTGGTGTGCT
 GACAGACGACTTGACAGAGACCTTGCCGGCCCTGCCGGAGCCGGACTCGAAGCGCAAGCGCTTGTGCTG
 GTGCACCGTCAACCAAATCATTGCCTTGTGACAGTGAGCGAGGCGCAGCCGTACTTCGCCAAGGGCACTC
 GCGTGCCCCCTGACGGCTTCGACCGGTCTATGCACATCAGCTACTTTGAGAATACCGTGAACGTCGGCAG
 CCGCGACGAGGTTTCGGACGGTCGCAAGCTGGACCTTATGACGCGCGCATGAGCGTGAACACTTACGAA
 CTGGAGCGCTCCTTTCCCTCCACGACGTGCGCCATCGACATTGCGAAGACGCATCAGGTAGTTCTCAACC
 CGTTCGAGACTGCAGAGGAGATGCTGAACAGCCGTGCGGAGGCCATGAACCAAGCCCCGTCAACGATGC
 CTTGATCACAGTAATCCGCAAAGCCCTCTCACCAAGGAGCTGCGCGCCGCTGCGGCGCTCAGCACTCTCGCTCGTCAA
 ATCGCGGTGATGGGAGACCACCCTGAGGTGATTGATGCTGTGCGGGCGCTCAGCACTCTCGCTCGTCAA
 AGCTGGAGGCTGCGAGAAGATGGAGGCCATGTCCAAGAACCCTGAAGACTACGCGCTAGTGTGTAAGGC
 GGTGACCGATCGAGTGCTGTTTGGTGGCTATGCAGCATCCCGACGAGAATGACCACGCTAGCAGCAGC
 GGCATGTAG

56) Informação para a SEQ ID NO: 56

Lcil2 Sequência de aminoácidos da proteína completa.

a) Comprimento: 2452

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

MSTDNDIERQIMMEMEAEISRSQGNRRDPYTNPPPFELSFIEDDPMEARKAEVDRIQREIEERLRRKQQ
 QKQRDSLELSPNCPANEGEMSAVYDSLQOPQNASWPVGAHVRHVRASLSSESENREKAEASRLRDDEA
 AMTRRETDEEARIDMEVQVRRSAEIQALREAEQARREAEQARRVAEEQARREAEQARREAEQARRV
 AEEQARREAEQARRVAEEQARRVAEEQARREAEQARRVAEEQARRVAEEQARLVAEEQARREAEQAR
 REAEQARRVAEEQARRVAEEQARRVAEEQARREAEQARRVAEEQARREAEQARRVAEEQARRVAEEQ
 ARREAEQARRVAEEQARRVAEEQARREAEQARREAEQARREAEQAGGLEEVLEAREAVVMGEFSEK
 LKQHSAAVAFVSDTDEKPVNSASATHRGDARWQNEYTEQGGTGADAEHGVQQHDSRCCRYRTSSPSVS
 DRDMRSESTNSKDSASETVSRYSLSLTLAIRNDNGILSRTEEEVYVPRVTKEAPFESFEEALSALKA
 HGLTEDAIRRSCIEVHRYGTIRESGKCLFPPREVTGVEPAHGKVQLGFFSAKQTIIALQRLRPNADRE
 RPCEPERSLSTLKCYPESEVLSDHTLTVDDDEDYPHNAPTERLLTKAQLMRGDNAMVRKAVSQISYGDPI
 QVWERAQQNSTAADEAATESTANLWVSDIDTRKVPAMRTFTGGFVYCIKATKISNRVIELHGASTDPL
 VIAAALYSWTERQKVKQIHFVAPMKQETLLLTQVSDVLEELGWNSVPLQDEANHLLPRVAVDRLYRKAFSNE
 DVFKVMKDERWRGAQKALPDMVFSISDLRHEVAFPSDHPETPPEENESKVSLLDPDLPGARPIYRYS
 PCCIPILNSGYFTTYNNVYFVSRLKVMYAGFVRSIPASHHTYVFQLCVKDKDDGLSEGAIRCIYGRG
 LSNLSMETTAWSSSVHNSNDMVLSDFLQLPLNLSDRHHIFMTLYATCQRKMPPTPGQPRMFKIGYAAV
 PLMMNGVVQVRSDIDIKFVSVDQAATAAGGYLTSFAEAPVNFLLNNGEGVVKASSQTKTTVHASNRVIA
 SVFQQCPSSIAEMRKNDKVLDECGALQKLPAVEVDPHRNVISLIAQLPLAEILAFYFPLTAYAFSLIGSG

SATVSLANRIHMLDVLLGITSKAQQYDTSHTIRRRHNSEGLTPQVFAKTSVGSILYHFLSNDTLYEGAK
 CEYKRRLYSGMVEAWLNLLKMVAQQPNGIGADSAKEKSGTSAPSSSPASPASLARGSKAPPPARSILREM
 SNLSWFLFDITILRSMYLWGAENPTVPRQELFHSSFYTAVALCIVALSQSTFDESQVLRHVAIFVRSIM
 HYADRGRVLMYERIAAYFEEDGNFESLTNFKYVLEDPDAIYLLPSAGAARPVFLTRIVVHSFTILMI
 NPNRVTRSIATDVLYSFLRRLANDSSTPSENLTICIAQLFALVRNLGPHWKAITQPNDKIPIEVFQORDKQ
 QLSMTCLWILYYPTRSTFRQWLQEEVDGKVIAGMMQIVAESQSTFRYTAAPASSSAAGPVAGVAKDAANE
 EVEERRAWEARSTTFVTAIGTQMCSLFLNEIPSILRTVRDNNPNAAVFPFFVMLESVLNLGNSTISLQMS
 SAVMHEVVCKLFPEIISRKARMGNGMVLTLFRLMSSCCQYVRSSASCTFLLMSQAFFSWKNSLSKIRSLT
 ANALVSVAESRVRDLRLAGRFIEFQFDELIERAKVEEANYTAPSCDFASRYEDDSNAPGGDAQMKYRQKV
 EGQVMSVQRNLPISRYLLEKSNVPDQPPRFSSDFTAMTATVLSLFDVLRQLQDDSMKFKEARATAYFE
 VFRNFLRQNALKEALKWLYRLHDAHRANS DYLEAGMVLVFI AALCFRVTEVFYFVKGKDSKGARMPFEVL
 SHVFWHDYVRILPEVDALLPADTVYAI VSELYTCDDMCFMSEGVKALKEAAEFQDKGQYYEYSLQID
 IANKYLMASVDFKSSVVHMASTWCTAIAEPKSKRHNSRYFFLWARMERHTLPKSRKELHEDANDSKVG
 EKPRGLPNGNPIRRIYKMSATTLEEFKNYARSYVESLFFDTSVLVLLTDDLTLTLPALPEPDSKRKRVA
 VHRQPNHCLVTVSEAQPYFAKGRVPPDGFDRSMHISYFENTVNVGSRDEVSDGRKLDLMTQRMVSNTYE
 LERSFPSTTSIDIAKTHQVVLNPFETAEEMLNSRREAMNQAPVNDALITVIRKALSPKELPPGAYMKEV
 IAVMGDHPVEIHAVRALSTLARAKLEACEKMEAMSKNPEDYALVLKAVTDIECCLVAMQHPDENDHASS
 GM

57) Informação para a SEQ ID NO: 57

Lc1l2A-I Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.

a) Comprimento: 2784

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ATTGATATGGAGGTGCAGGTGAGAAGAAGTGCCGAGATTCAAGCGCTACGCGAAGCTGAGGAGCAGGCC
 GTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGC
 GCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAG
 GCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGCCGCGAAGCTGAGGAGC
 AGGCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCTCGTGGCTGAGGA
 GCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCGTCGCGTGGCTGAG
 GAGCAGGCCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGCCGCGAAGCTG
 AGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCGTCGCGTGGC
 TGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCGTCGCGTG
 GCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCG
 AAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCGTCGCGAAGCTGAGGAGGTTCTTCGTGAGGC
 GCGCGCGTGGTTCATGGGAGAGTTCTCAGAGAACTGAAAGCAGCACAGCGCTGTTGCCGCTTTTCGTGAGT
 GATACTGATGAGAAGCCGTTGAACTCCGCGAGCGCGACGACAGAGGCGACGCCCGTGGCAGAATGAAT
 ACACGGAGCAGGGGGGACCGGTGCAGATGCTGAGGAGGAGCAGGGGTGCAGCAGCATGACTCGCGGTG
 TTGCCGTTACCGAACGAGCAGTCCGTCCGTGAGCGACCGCGACATGCGAAGCGAGAGAAGCACAACTCT
 AAAGACTCTGCCTCCGAGACGGTTAGCCGGTACTCTTTGTCTACCCTGGAAGCCATCCGGAATGACAACG
 GCATCCTCTCTCGGACGGAGGAAGAAGTCTACTACGTGCCGCGGTAACGAAAGAGGCGCCGTTTGAGAG
 TTTTGAGGAGGCTCTGTCCGCGGAGCTGAAAGCACACGGGCTCACAGAGGATGCGATCCGGCGCAGCTGC
 ATTGAAGTGCACCGATACGGGACCATCCGCGAGTCCGGCAAGTGCTTGTTCCTCCGAGAGAGGTCACGG
 GGGAGGTGCCGCGCACGGGAAGGTGCAGCTGGGTTTCTTCTCAGCCAAGCAGACGATCATCGCCCTCCA
 GCGTCCACTTCGGAAGCCGAACGCAGACCGCGAGCGACCATGTGAACCGGGCGAGCGCTCGCTGAGCACC
 CTCAAGTGCTACTTCGAGTCTGAGGTGCTGAGTGATCACACCCTGACGGTGGACGACGAGGATTACCCGC
 ACAACGCTCCACGGAGCGCCTGCTGACAAAGGCGCAACTGATGAGAGGCGACAATGCCATGGTACGGAA
 GGCTGTCTCGCAGATTTTCGTACGGCGACCCGATCCAGGTGTGGGAGCGCGCGCAGCAGAACAGCACGGCG
 GCGGATGAAGCGGCGACCGAGTCGACGGCAGCGAACTTGTGGGTAAAGCGATATCGACACCCGCAAACCCG
 TTCCCGCAATGCGCACCTTTACCGGAGGCTTTGTGTACTGCATCAAGGCGACGAAGATCAGCAACCGAGT
 GATAGAGCTGCATGGAGCAAGCACCGATCCTCTCGTCATCGCAGCCGCGCTGTACAGCTGGACAGAGCGG
 CAGAAGGTAAAGGTCTCCGAAACGTTCTACTTCGATTCCGAGCTGGACATCTTCTACCCTCAAAGGAGC
 GCAGCGAGCTCGCCAAGAAGAATCAGGTTGTGCGCTTTGTGCCGAACGAGTTCAAGGGAACGCTGCACCT
 CGTGATGCGTGTGTACCGACCTGCTGCGAGGAGTACGACACCTACGTTGATTTGTACAGTCCGCGCAGAC
 CGGTACAAGCAGATCCAGTTGACCTATGAAGCAGGACAGCTTGCTGCTGACTCAAGTGTCCGACGTGC
 TGGAGGAGCTAGGCTGGAACTCGGTTCCGTTCCAGGACGAGGCAAAACACCTGCTTCCGAGGGTTGCCGT
 CGATCGCCTTTTACCGCAAGGCCTTCTCTAACGAAGACGTGTTCAAGGTAATGAAGGACGAGCGCTGGCGC
 GGAGCTCAGAAGGCGCTGCCGGTGGACATGGTCTTCTCCATCTCAGATCTGAGCAGGCACGAAGTGGCGT
 TTCCCTCCGACCACCCAGAGACGCCGCCGAGGAGAACGAGTCGAAGGTAAGTCTGCTAGACCCTGACTT

GCCGGGCGCTCGCCCGGTCATCTACCGTTACTCGCCGTGCTGCATCCCCATCCTCAACTCCGGTTACTTC
ACGACATATAACAACGTGTACTATTTCTCCGTGTCTAGGCTGAAGGTGATGTACGCCGGCTTCGTCCGCA
GCATCCCTGCTTCGCATCACACTTACGTCTTTTCTGTTGTAAGGACAAGGACGACGGACTCTCGGA
GGAGGGCGCGATCAGGTGCATCTACGGGCGCGGGCTGTGCAACCTGTGATGGAGACGACGGCGTGGTTCG
TCCTCGGTACACAACCTCGAATGACATGGTGTCTAGCGACGAGTTCAAGCTGCAG

58) Informação para a SEQ ID NO: 58

Lc1l2A-I Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

a) Comprimento: 928

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

IDMEVQVRRSAEIQALREAEQARREAEQARRVAEEQARREAEQARREAEQARRVAEEQARREAEQ
ARRVAEEQARRVAEEQARREAEQARRVAEEQARRVAEEQARLVAAEQARREAEQARREAEQARRVAE
EQARRVAEEQARRVAEEQARREAEQARRVAEEQARREAEQARRVAEEQARRVAEEQARREAEQARRV
AEQARRVAEEQARREAEQARREAEQARREAEQAGGLEEVLRARAVVMGEFSEKLRQHSVAFAFVS
DTDEKPVNSASATHRGDARWQNEYTEQGGTGADAEHGVQHDSSRCCRYRTSSPSVSDRDMRSESTNS
KDSASETVSRYSLSTLEAIRNDNGILSRTEEEVYVPRVTKEAPFESFEEALSAELKAHGLTEDAIRRSC
IEVHRYGTIRESGKCLFPPREVTGEVPAHGKVLGFFSAKQTIIALQRPLRKPNDREPCPEPERSLST
LKCYFESEVLSDHTLTVDDEDYPHNAPTERLLTKAQLMRGDNAMVRKAVSQISYGDPIQVWERAQONSTA
ADEAATESTANLWVSDIDTRKVPVPMRTFTGGFVYCIKATKISNRVIELHGASTDPLVIAAALYSWTER
QKVKVSETFYFDSELDIFYPQKERSELAQKNQVAFVFNFEKGTLLHLMRVYRCPCEEYDITYVDLYSRAD
RYKQIHVAPMKQETLLLTQVSDVLEELGWNSVPLQDEANHLPRVAVDRLYRKAFSNEVDVKVMKDERWR
GAQKALPVDVMSISDLRHEVAFPSDHPETPPEENESKVSLLDPDLPGARFVIYRSPCCIPILNSGYF
TTYNNVYFVSRLKVMYAGFVRSIPASHHTYVFQLCVKDKDDGLSEGAIRCIYGRGLSNLSMETTAW
SSVHNSNDMVLSDFLQ

59) Informação para a SEQ ID NO: 59

Lc1l2A-II Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que
codifica para a proteína recombinante.

a) Comprimento: 1602

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

ATTGATATGGAGGTGCAGGTGAGAAGAAGTGCCGAGATTCAAGCGCTACGCGAAGCTGAGGAGCAGGCC
GTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGC
GCGCCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAG
GCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGCGCGAAGCTGAGGAGCAG
AGGCCGCTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCTCGTGGCTGAGGA
GCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCGCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCTCGCGTGGCTGAG
GAGCAGGCCGCTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGCGCGAAGCTG
AGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCTCGCGTGGC
TGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCGCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCGCTCGCGTG
GCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCGTGGCTGAGGAGCAGGCCGCTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCCCGTCGCG
AAGCTGAGGAGCAGGCCGCTCGCGAAGCTGAGGAGCAGGCTGGTGGTCTGGAGGAGGTTCTTCGTGAGGC
GCGCGCCGTGGTTCATGGGAGAGTTCTCAGAGAACTGAAGCAGCACAGCGCTGTTGCCGCTTTTCGTGAGT
GATACTGATGAGAAGCCGGTGAATCCGCGAGCGCGACGCACAGAGGCGACGCCCGTGGCAGAATGAAT
ACACGGAGCAGGGGGGACCGGTGCAGATGCTGAGGAGGAGCACGGGGTGCAGCAGCATGACTCGCGGTG
TTGCCGTTACCGAACGAGCAGTCCGTCCGTGAGCGACCGCGACATGCCAAGCGAGAGAAGCACAACTCT
AAAGACTCTGCCTCCGAGACGGTTAGCCGGTACTCTTTGTCTACCCTGGAAGCCATCCGGAATGACAACG
GCATCCTCTCTCGGACGGAGGAAGAAGTCTACTACGTGCCGCGCGTAACGAAAGAGGCGCGCTTTGAGAG
TTTTGAGGAGGCTCTGTCCGCGGAGCTGAAAGCACACGGGCTCACAGAGGATCGGATCCGGCGCAGTGC
ATTGAAGTGCACCGATACGGGACCATCCGCGAGTCCGGCAAGTGTCTGTTTCTCAGCCAAGCAGACGATCATCGCCCTCCA
GCGTCCACTTCGCGAAGCGAACGCAGACCGCGAGCGACCATGTGAACCGGGCGAGCGCTCGCTGAGCACC
CTCAAGTGTCTACTTCAGTCTGAGGTGCTGAGTGATCACACCTGACGGTGGACGACGAGGATTACCCGC
ACAACGCTCCACGGAGCGCTGCTGACAAAGGCGCAACTGATGAGAGGCGACAATGCCATG

60) Informação para a SEQ ID NO: 60

Lci12A-II Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

a) Comprimeto: 534

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

[illegible]

61) Informação para a SEQ ID NO: 61

Lci13 Sequência de nucleotídeos da CDS completa.

a) Comprimeto: 1986

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

d) Localização: **Lci13A** (835)...(1839)

ATGTTTCGCTCGTCTGTTGTGCGGAAGCGCTGCGCGCTCGGCTGCGCGCCTGGCGGCCAACGAGTTCGCAGA
AGGTGACAGGGCGACGTGATTGGCGTGACCTGGGCACGACGTACAGCTGCGTGCGCAGCATGGACGGCGA
CAAGGCGCGCTGCTGGAGAACTCTGAGGGCTTCCGGACGACGCCGTCTGTTGTGGCGTTCAAGGGCAGC
GAGAAGCTTGTGGGGCTTGGCGGAAGCGGCAGGCGATCACGAACCCGCAGTCGACGTTCTATGCTGTGA
AGCGGCTGATCGGGCGCCGGTTCGAGGACGAGCACATCCAGAAGGACATCAAGAACGTGCCGTACAAGAT
CGTGCGCGCCGGGAACGGTGACGCGTGGGTGACGAGACGGGAACGGGAAGCAGTACTCGCCGTGCGCAGATC
GGCGCGTTTCGTGCTGGAGAAGATGAAGGAGACGGCGGAGAACTTCCTGGGGCACAAGGTGAGCAACGCCG
TCGTGACGTGCCCCGGCGTACTTCAACGACGCGCAGCGCCAGGCGACGAAGGACGCGGGGACGATTGCGGG
CCTGAACGTGATCCGCGTGGTGAACGAGCCGACTGCTGCGGCGCTTGCGTACGGCATGGACAAGACGAAG
GACAGCCTGATCGCGGTGTACGACCTCGGTGGCGGCACGTTCGATATCTCCGTGCTGGAGATCGCTGGCG
GCGTGTTTCGAGGTGAAGGCGACGAACGGCGACACGCAACCTTGCGCGCGAGGACTTCGACCTGGCGCTGTC
GGACTACATCCTGGAGGAGTTCCGCAAGACGAGCGGGATCGACCTGAGCAAGGAGCGGATGGCGCTGCGAG
CGCTGCGCGAGGCCCGCGAGTAAGGCGAAGTGCGAGCTGTGCTGTCGATGGAGACGGAGGTGAACCTGCG
CGTTCATCACTGCAAACGCGGACGGCGCGCAGCACATCCAGATGCGCATCAGCCGTAGCAAGTTCGAGGG
CATCACGCAGAGGCTGATCGATCGGTGATTGCGCCGTGCAAGCAGTGCATGAAGGACGCTGGTGTGGAG
CTGAAGGAGATCAACGACGTTGTGCTTGTGGCGGCATGACGCGCATGCCGAAGGTGGTGGAGGAGGTGA
AGAAGTTCCTCCAGAAGGACCCGTTCCGCGGCGTGAACCCGACGAGGCTGTGGCGCTTGCGCGCTGCGAC
GCTGGGCGGCGTGCTGCGCGGCGACGTGAAGGGGCTTGTGCTGCTGGACGTGACGCCGCTGTGCTGGGC
ATTGAGACGCTCGGCGGCGTGTTACGCGCATGATCCCGAAGAACACGACGATCCCGACGAAGAAGAGCC
AGACGTTCTCGACTGCGGCGGACAACCAGACGCAGGTGGGGATCAAGGTGTTCCAGGGCGAGCGCGAGAT
GGCTGCGGACAACCAGATGATGGGCCAGTTCGACCTGGTGGGCATCCCGCCCGCGCCGCGCGGCGTGCCG
CAGATTGAGGTGACGTTGACATCGACGCGAACGGCATCTGCCACGTGACGGCGAAGGACAAGGGCAGCG
GCAAGACGCAGAACATCACGATCACGGCGAACGGCGGGCTGTGGAAGGAGCAGATCGAGCAGATGATCCG
AGACTCGGAGCAGCACGCGGAGGCCGACCGCGTGAAGCGCGAGCTTGTGGAGGTGCGCAACAACGCGGAG
ACGCAGCTGACAACGGCGGAGAGGCAGCTCGGCGAGTGGAAGTACGTGAGCGATGCGGAGAAGGAGAAGC
TGAAGACGCTGGTGGCGGAGCTGCGCAAGGCGATGGAGAACCCGAACGTGCGCAAGGATGACCTTGC
TGCAGCGGACAAGCTGCAGAAGGCTGTGATGGAGTGCGGCCGCACAGAGTACCAGCAGGCTGCCGCGGCC
AACTCCGGCAGCACCAGCAACTCCGGTGAGCAGCAGCAGCAGGCGCAAGGTGAGCAGCAGCAGCAGC
AGAGCCAAGGAGAGGAGACGAAGTAA

62) Informação para a SEQ ID NO: 62

Lci13 Sequência de aminóácidos de CDS.

a) Comprimento: 661

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

MFARRVCGSAAASAARLARHESQKVQGDVIGVDLGTITYSCVATMDGDKARVLENSEGFRTTPSVVAFKGS
 EKLVLGLAAKRQAITNPQSTFYAVKRLIGRRFEDEHIQKDIKNVPYKIVRAGNGDAWVQDNGKQYSPSQI
 GAFVLEKMKETAENFLGHKVSNAVVTCPAYFNDAQRQATKDAGTIAGLNVIRVVNEPTAAALAYGMDKTK
 DSLIAVYDLGGGTFDISVLEIAGGVFEVKATNGDTHLGGEDFDLALSDYILEEFRKTSIGIDLSKERMALQ
 RVREAAEKAKCELSSAMETEVNLPFITANADGAQHIQMRISRSKFEGITQRLIDRSIAPCKQCMKDAGVE
 LKEINDVVLVGGMTRMPKVVEEVKKFFQKDPFRGVNPDEAVALGAATLGGVLRGDVKGLVLLDVTPLSLG
 IETLGGVFTRMIPKNTTIPTKKSQTFSTAADNQTQVGIKVFQGEREMAADNQMMQGFQDLVGIPAPRGVP
 QIEVTFDIDANGICHVTAKDKATGKTQNTITITANGGLSKEQIEQMIRDSEQHAEDRVKRELVEVRNNAE
 TQLTTAERQLGEWKYVSDAEKENVKTLVAELRKAMENPNVAKDDLAAATDKLQKAVMECGRTEYQQAAAA
 NSGSTSNSGEQQQQQGGQGEQQQQQSQGEETK

63) Informação para a SEQ ID NO: 63

Lc13A Sequência de nucleotídeos do fragmento gênico que codifica para a proteína recombinante.

a) Comprimento: 1005

b) Tipo: DNA

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

CTGCAGCGCGTGCAGGAGGCCGCGGAGAAGGCGAAGTGCAGAGCTGTCGTCTGCGATGGAGACGGAGGTGA
 ACCTGCCGTTTCATCACTGCAAACGCCGACGGCGCGCAGCACATCCAGATGCGCATCAGCCGTAGCAAGTT
 CGAGGGCATCACGCAGAGGCTGATCGATCGGTGCGATTGCGCCGTGCAAGCAGTGCATGAAGGACGCTGGT
 GTGGAGCTGAAGGAGATCAACGACGTTGTGCTTGTGGCGGCATGACGCGCATGCCGAAGGTGGTGGAGG
 AGGTGAAGAAGTTCTTCCAGAAGGACCCGTTCCGCGGCGTGAACCCGACGAGGCTGTGGCGCTTGGCGC
 TGCGACGCTGGGCGGCGTGCTGCGCGGCGACGTGAAGGGGCTTGTGCTGCTGGACGTGACGCCGCTGTGCG
 CTGGGCATTGAGACGCTCGGCGGCGTGTTACGCGCATGATCCCGAAGAACACGACGATCCCGACGAAGA
 AGAGCCAGACGTTCTCGACTGCGGCGGACAACCAGACGCAGGTGGGGATCAAGGTGTTCCAGGGCGAGCG
 CGAGATGGCTGCGGACAACCAGATGATGGGCCAGTTCGACCTGGTGGGCATCCCGCCCGCGCCGCGCGGC
 GTGCCGCAGATTGAGGTGACGTTGACATCGACGCGAACGGCATCTGCCACGTGACGGCGAAGGACAAGG
 CGACGGGCAAGACGCAGAACATCACGATCACGGCGAACGGCGGGCTGTGGAAGGAGCAGATCGAGCAGAT
 GATCCGAGACTCGGAGCAGCACGCGGAGGCCGACCGCGTGAAGCGCGAGCTTGTGGAGGTGCGCAACAAC
 GCGGAGACGCAGCTGACAACGGCGGAGAGGCAGCTCGGCGAGTGGAAGTACGTGAGCGATGCGGAGAAGG
 AGAAGCTGAAGACGCTGGTGGCGGAGCTGCGCAAGGCGATGGAGAACCCGAACGTGCGGAAGGATGACCT
 TGCGGCTGCGACGGACAAGCTGCAG

64) Informação para a SEQ ID NO: 64

Lc13A Sequência de aminoácidos da proteína recombinante.

a) Comprimento: 335

b) Tipo: PRT

c) Organismo: *Leishmania chagasi*

LQRVREAAEKAKCELSSAMETEVNLPFITANADGAQHIQMRISRSKFEGITQRLIDRSIAPCKQCMKDAG
 VELKEINDVVLVGGMTRMPKVVEEVKKFFQKDPFRGVNPDEAVALGAATLGGVLRGDVKGLVLLDVTPLS
 LGIETLGGVFTRMIPKNTTIPTKKSQTFSTAADNQTQVGIKVFQGEREMAADNQMMQGFQDLVGIPAPRG
 VPQIEVTFDIDANGICHVTAKDKATGKTQNTITITANGGLSKEQIEQMIRDSEQHAEDRVKRELVEVRNN
 AETQLTTAERQLGEWKYVSDAEKENVKTLVAELRKAMENPNVAKDDLAAATDKLQ

REIVINDICAÇÕES

1. Polipeptídeo substancialmente purificado
caracterizado por possuir uma porção imunogênica de um
antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma
5 seqüência de aminoácidos da SEQ ID NO:4 ou SEQ ID NO: 6.
2. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar
para o polipeptídeo da SEQ ID NO:4, com a seqüência de
nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:3.
3. Polipeptídeo substancialmente purificado
10 **caracterizado** por possuir uma porção imunogênica de um
antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma
seqüência de aminoácidos da SEQ ID NO:8 ou SEQ ID NO: 10 ou
SEQ ID NO: 12.
4. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar
15 para o polipeptídeo da SEQ ID NO:8, com a seqüência de
nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:7.
5. Polipeptídeo substancialmente purificado
caracterizado por possuir uma porção imunogênica de um
antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma
20 seqüência de aminoácidos da SEQ ID NO:14 ou SEQ ID NO:16.
6. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar
para o polipeptídeo da SEQ ID NO:14, com a seqüência de
nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:13.
7. Fragmento de cDNA **caracterizado** por possuir a SEQ
25 ID NO:15.
8. Polipeptídeo substancialmente purificado
caracterizado por possuir uma porção imunogênica de um
antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma

seqüência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:18 ou SEQ ID NO:20 ou SEQ ID NO:22 ou SEQ ID NO:24.

9. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:18, com a seqüência de
5 nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:17.

10. Fragmento de cDNA **caracterizado** por possuir a SEQ ID NO:19 ou SEQ ID NO:21 ou SEQ ID NO:23.

11. Polipeptídeo substancialmente purificado **caracterizado** por possuir uma porção imunogênica de um
10 antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma seqüência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:26 ou SEQ ID NO:28.

12. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:26, com a
15 seqüência de nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:25.

13. Fragmento gênico **caracterizado** por possuir a SEQ ID NO:27.

14. Polipeptídeo substancialmente purificado **caracterizado** por possuir uma porção imunogênica de um
20 antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma seqüência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:34 ou SEQ ID NO:36.

15. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:34, com a
25 seqüência de nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:33.

16. Fragmento gênico **caracterizado** por possuir a SEQ ID NO:35.

17. Polipeptídeo substancialmente purificado **caracterizado** por possuir uma porção imunogênica de um

antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma sequência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:38 ou SEQ ID NO:40.

18. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por
5 codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:38, com a
sequência de nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:37.

19. Polipeptídeo substancialmente purificado
caracterizado por possuir uma porção imunogênica de um
antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma
10 sequência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:42 ou
SEQ ID NO:44 ou SEQ ID NO:46.

20. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por
codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:42, com a
sequência de nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:41.

15 21. Fragmento gênico **caracterizado** por possuir a SEQ
ID NO:43 ou SEQ ID NO:45.

22. Polipeptídeo substancialmente purificado
caracterizado por possuir uma porção imunogênica de um
antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma
20 sequência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:48 ou
SEQ ID NO:50 ou SEQ ID NO:52 ou SEQ ID NO:54.

23. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por
codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:48, com a
sequência de nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:47.

25 24. Fragmento gênico **caracterizado** por possuir a SEQ
ID NO:49 ou SEQ ID NO:51 ou SEQ ID NO:53.

25. Polipeptídeo substancialmente purificado
caracterizado por possuir uma porção imunogênica de um
antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma

seqüência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:56 ou SEQ ID NO:58 ou SEQ ID NO:60.

26. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:56, com a
5 seqüência de nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:55.

27. Fragmento gênico **caracterizado** por possuir a SEQ ID NO:57 ou SEQ ID NO:59.

28. Polipeptídeo substancialmente purificado **caracterizado** por possuir uma porção imunogênica de um
10 antígeno de *Leishmania*, onde o dito antígeno compreende uma seqüência de aminoácidos representada pela SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64.

29. Polinucleotídeo isolado **caracterizado** por codificar para o polipeptídeo da SEQ ID NO:62, com a
15 seqüência de nucleotídeos representada pela SEQ ID NO:61.

30. Fragmento de cDNA **caracterizado** por possuir a SEQ ID NO:63.

31. Anticorpos **caracterizado** por se ligarem aos polipeptídeos das SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8,
20 SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID
25 NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64.

32. Composições farmacêuticas **caracterizadas** por serem usadas para induzir uma resposta immune contra *Leishmania* em mamíferos, ditas composições consistindo de uma

quantidade imunogenicamente efetiva de um ou mais dos polipeptídeos representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64 e um veículo e/ou adjuvante farmacêuticamente aceitável, capaz de favorecer uma resposta imune predominantemente celular e poder promover (i) proteção contra a infecção e/ou desenvolvimento de doença, (ii) regressão da doença plenamente desenvolvida, e (iii) redução do parasitismo, incluindo cutâneo, e/ou da transmissão do parasito para inseto vetor, proporcionando conseqüentemente o controle da doença.

33. Método para induzir uma resposta imune contra infecção por *Leishmania* em mamíferos **caracterizado** por envolver a administração das composições farmacêuticas descritas na reivindicação 34.

34. Método para detectar *Leishmania* em uma amostra **caracterizado** por consistir nas etapas de:

(a) colocar uma amostra suspeita de conter *Leishmania* em contato com um reagente, reagente este com capacidade de identificar um ou mais dos polipeptídeos representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID

NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:34, SEQ ID
 NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID
 NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:50, SEQ ID
 NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID
 5 NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64, e que irá se ligar a
 um componente de um patógeno; e,

(b) revelar, direta ou indiretamente, a ligação do
 reagente ao componente do patógeno.

35. Método de acordo com a reivindicação 34
 10 **caracterizado** por o reagente capaz de ligar-se ao
 componente do patógeno ser um oligonucleotídeo para a
 identificação de um ou mais dos polinucleotídeos
 representados pelas SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:13,
 SEQ ID NO:17, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:33, SEQ
 15 ID NO:37, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:55, SEQ ID
 NO:61.

36. Método de acordo com a reivindicação 34
caracterizado por o reagente capaz de ligar-se ao
 componente do patógeno ser um oligonucleotídeo ou
 20 polinucleotídeo que codifica qualquer dos polipeptídeos
 representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8,
 SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ
 ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID
 NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID
 25 NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID
 NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID
 NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID
 NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64.

37. Método para detectar anticorpos **caracterizado** por detectar anticorpos contra os polipeptídeos, representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64, através das seguintes etapas:

(a) colocar uma amostra de material biológico de um mamífero com suspeita de conter *Leishmania* em contato com um ou mais dos polipeptídeos representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64, sob condições que permitem ao anticorpos ligarem-se esses polipeptídeos; e,

(b) detectar a ligação do reagente aos oligopeptídeos ou peptídeos.

38. Método para detectar polipeptídeos em uma amostra com suspeita de conter *Leishmania* **caracterizado** por o método detectar um ou mais dos polipeptídeos representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10,

SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64, através das seguintes etapas:

(a) colocar a amostra em contato com um reagente capaz de identificar os polipeptídeos, sob condições que permitem ao reagente ligar-se aos polipeptídeos; e,

(b) detectar a ligação aos oligopeptídeos ou peptídeos.

39. Método para detectar ácidos nucleicos em uma amostra suspeita de conter *Leishmania* **caracterizado** por o método detectar os ácidos nucleicos que codificam para um ou mais dos polipeptídeos representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID NO:64, que utilize oligonucleotídeos codificando os ditos polipeptídeos ou peptídeos.

40. "Kit" diagnóstico para *Leishmania* **caracterizado** por detectar anticorpos que se ligam a um ou mais dos polipeptídeos representados pelas SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:6,

SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:14, SEQ
ID NO:16, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:22, SEQ ID
NO:24, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:30, SEQ ID
NO:32, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:38, SEQ ID
5 NO:40, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:46, SEQ ID
NO:48, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:54, SEQ ID
NO:56, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:62 ou SEQ ID
NO:64, isoladamente, ou associados entre si ou com outros
antígenos.

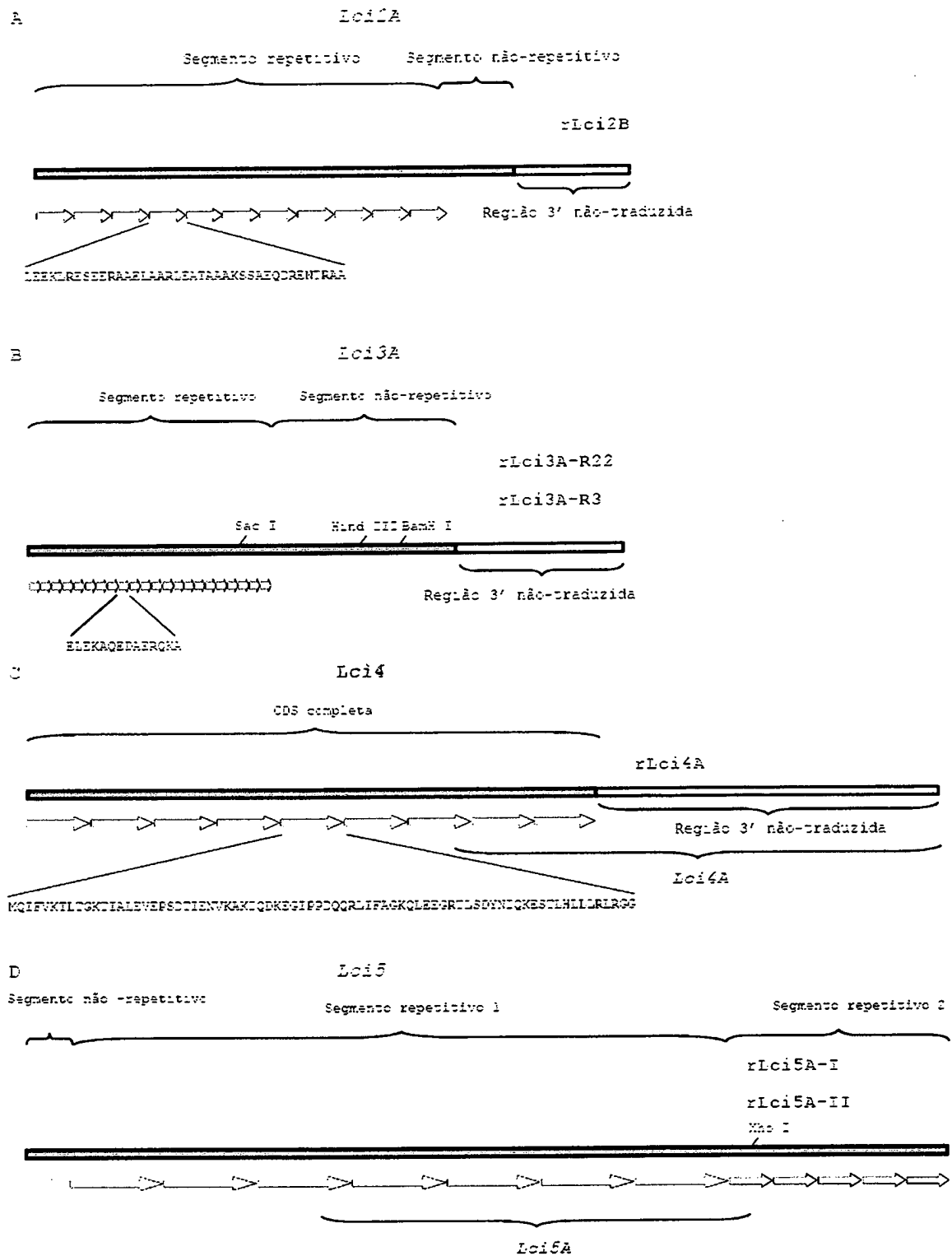


FIGURA 1

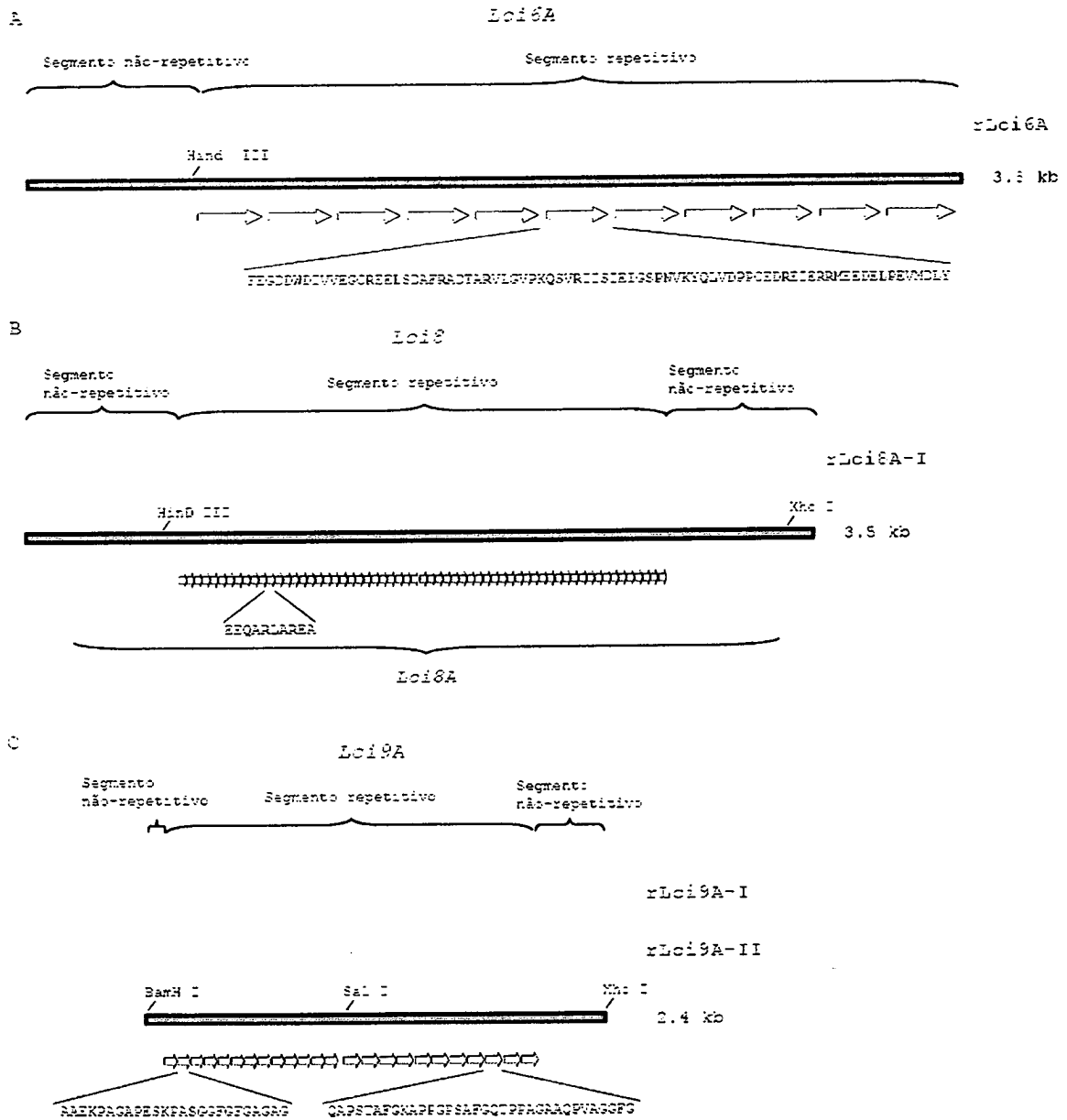
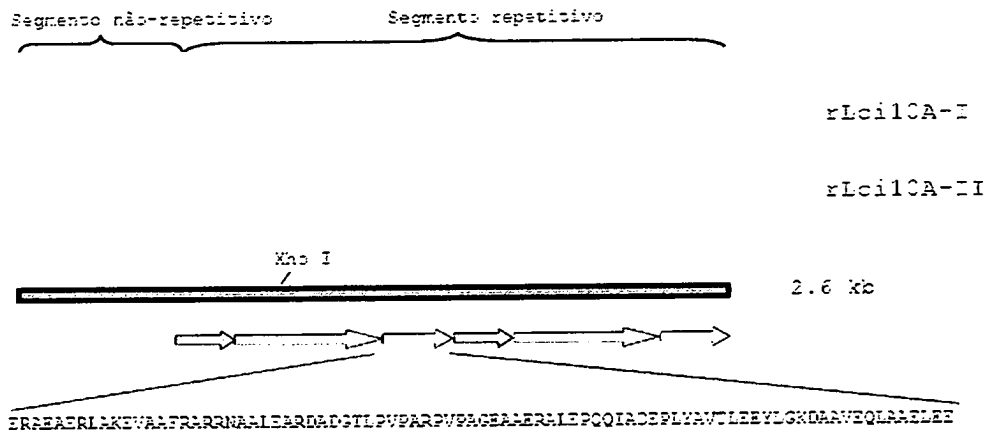


FIGURA 2

D

Lci10A

E

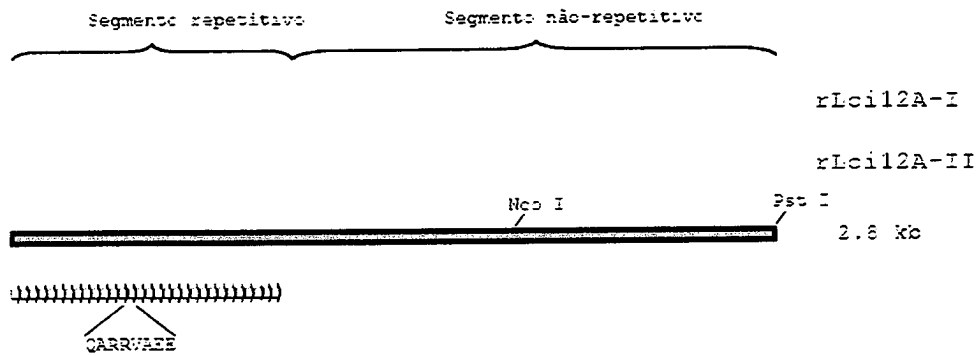
Lci12A

FIGURA 2 (CONTINUAÇÃO)

A

Consenso rK39

LEQQLR^DSE^ERAAE^LASQLE^AAAK^MSAEQDR^NTRA^T

B

Domínios repetidos de Lci2A

LEERLRVAELRAAE^LAGVLEATAAAKTSAEQDRERT^T
 LQEQ^LRESEARA^EELKAE^LEATAAAKSSAEKDRENT^RAA
 LEEKLRGTEARA^EELKAE^LKATAAAKASIQERESSMA^S
 LEERLRGSEARA^EELKAE^LKAAVAAKSSAEQERENT^RVT
 LEQQLRESEARA^EELASQLE^AESTAAAKTSAEQDRENT^RAT
 LEQQLRESEARA^EELKAE^LEATAAAKTSAEKDRENT^RAA
 LEEKLRGTEARA^EELKAE^LKATAAAKASIQERESSAR^DA
 LEEKLRGSEARA^EELKAE^LKAAVAAKSSAEQDRENT^RAT
 LEQQLRESEARA^EELASQLE^AEATAAAKSSAEQDRENT^RAA
 LEEKLRGSEARA^EELGTRVKA^SSAAKALAEQERENT^RIAA
 LEEKLRGSEARA^EELIKLEATVAAKSSAEQERENT^RIVA

C

Consenso Lci2B

LEEK^GSE^EARA^EELG^SQVKA^SSAAKALAEQERENT^RIAA
 LEQQLRESEARA^EELKAE^LEATAAAKTSAEKDRENT^RAA
 LEEKLRGTEARA^EELKAE^LKATAAAKASIQERESSAR^DA
 LEEKLRGSEARA^EELKAE^LKAAVAAKSSAEQDRENT^RAT
 LEQQLRESEARA^EELASQLE^AEATAAAKSSAEQDRENT^RAA
 LEEKLRGSEARA^EELGTRVKA^SSAAKALAEQERENT^RIAA
 LEEKLRGSEARA^EELIKLEATVAAKSSAEQERENT^RIVA

Domínios repetidos de Lci2B

LEEKLRGTEARA^EELKAE^LKATAAAKASIQERESSAR^DA
 LEEKLRGSEARA^EELKAE^LKAAVAAKSSAEQDRENT^RAT
 LEQQLRESEARA^EELASQLE^AEATAAAKSSAEQDRENT^RAA
 LEEKLRGSEARA^EELGTRVKA^SSAAKALAEQERENT^RIAA
 LEEKLRGSEARA^EELIKLEATVAAKSSAEQERENT^RIVA

FIGURA 3

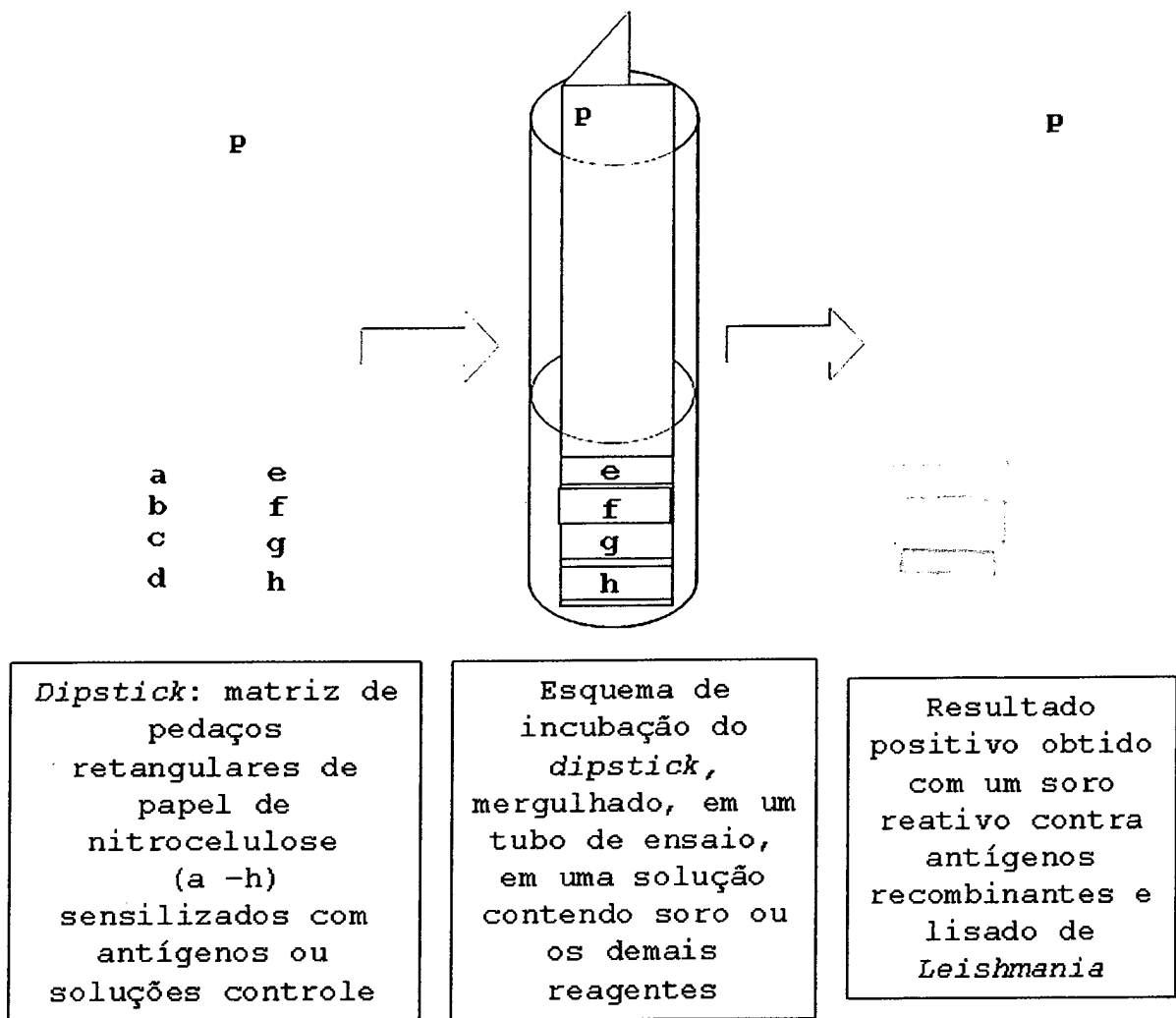
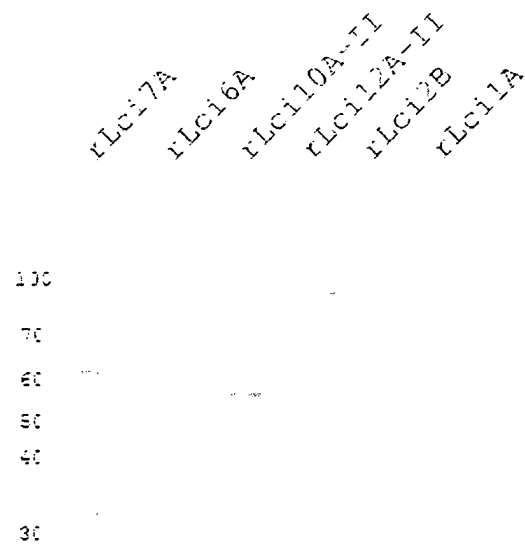
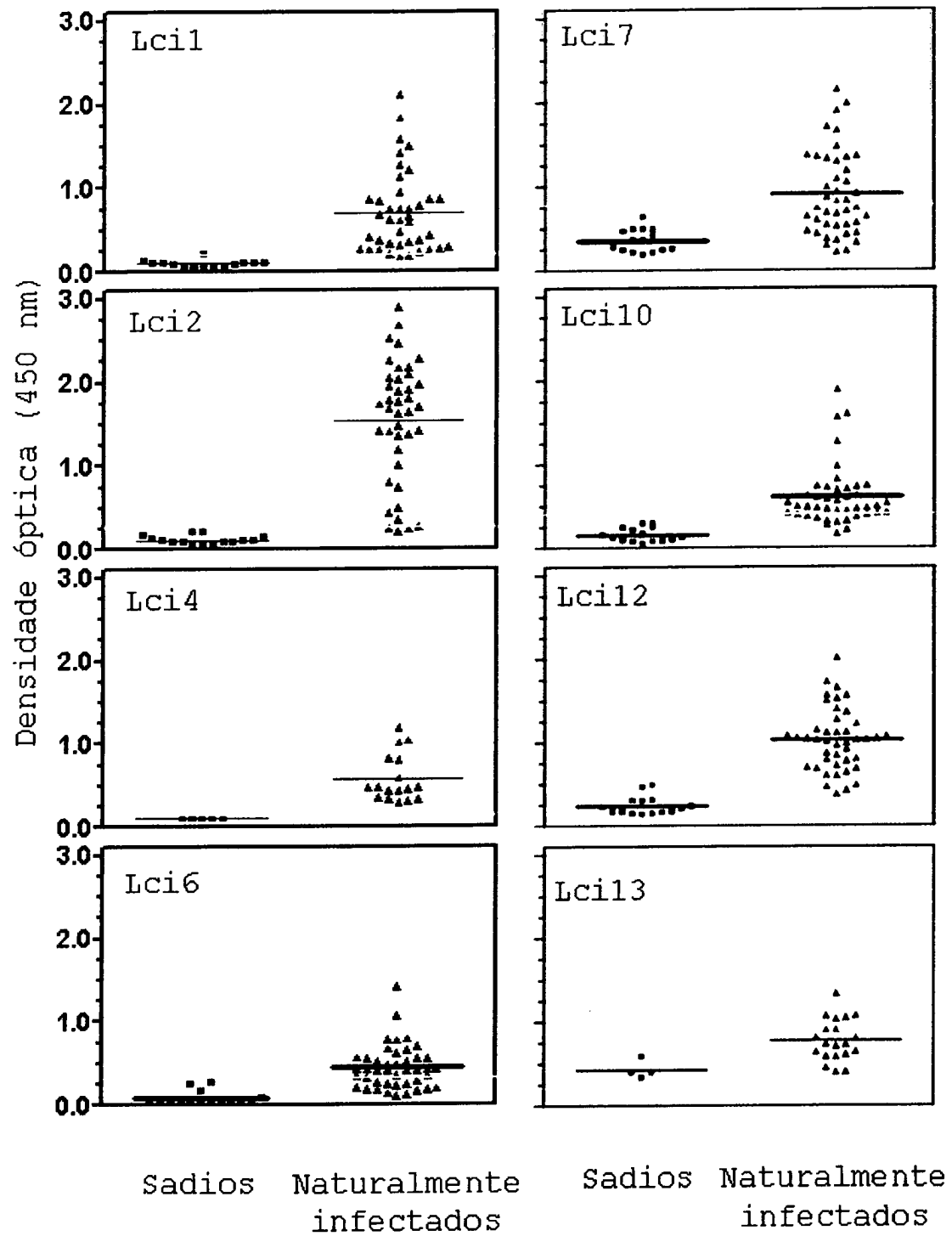


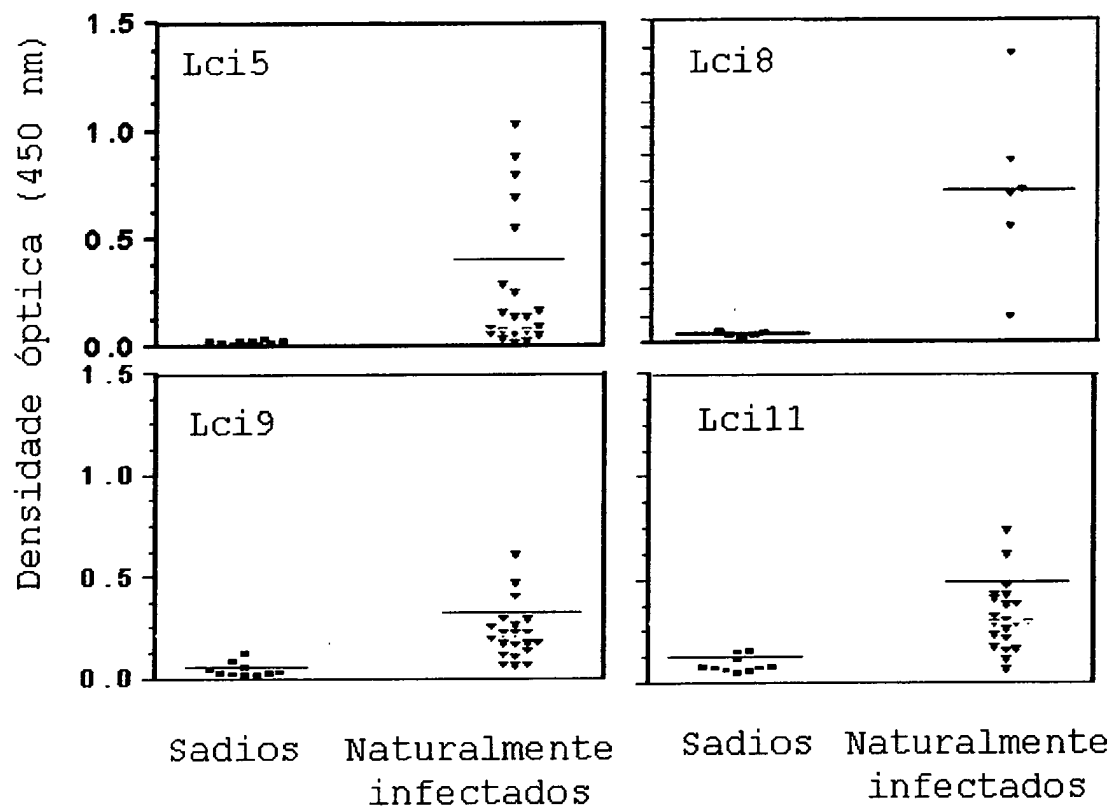
FIGURA 4

**FIGURA 5**



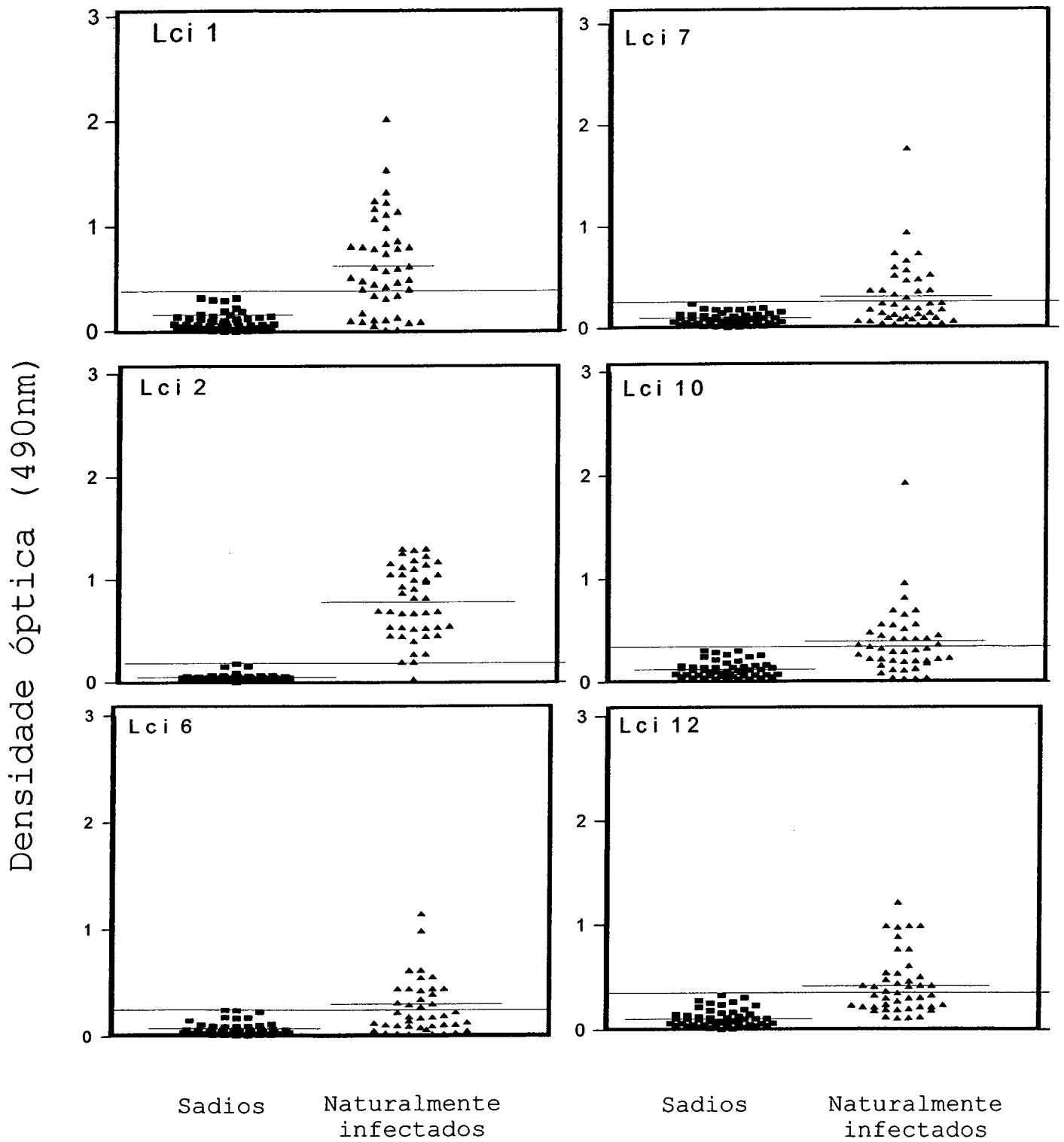
SOROS DE CÃES

FIGURA 6



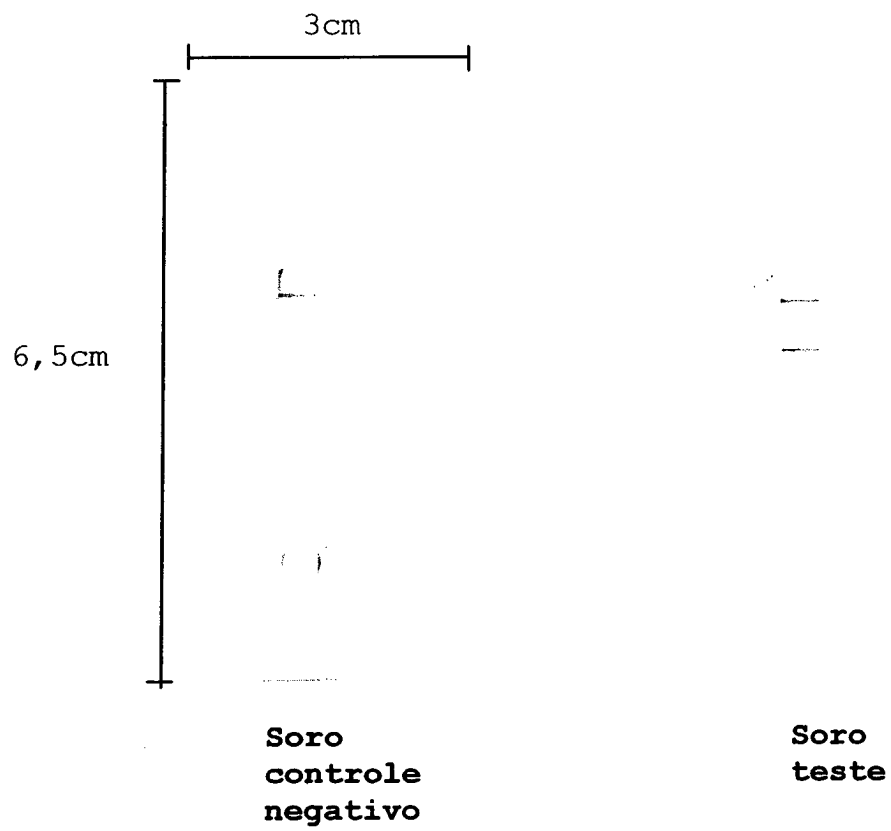
SOROS DE CÃES

FIGURA 6 (CONTINUAÇÃO)



SOROS HUMANOS

Figura 7

**FIGURA 8**

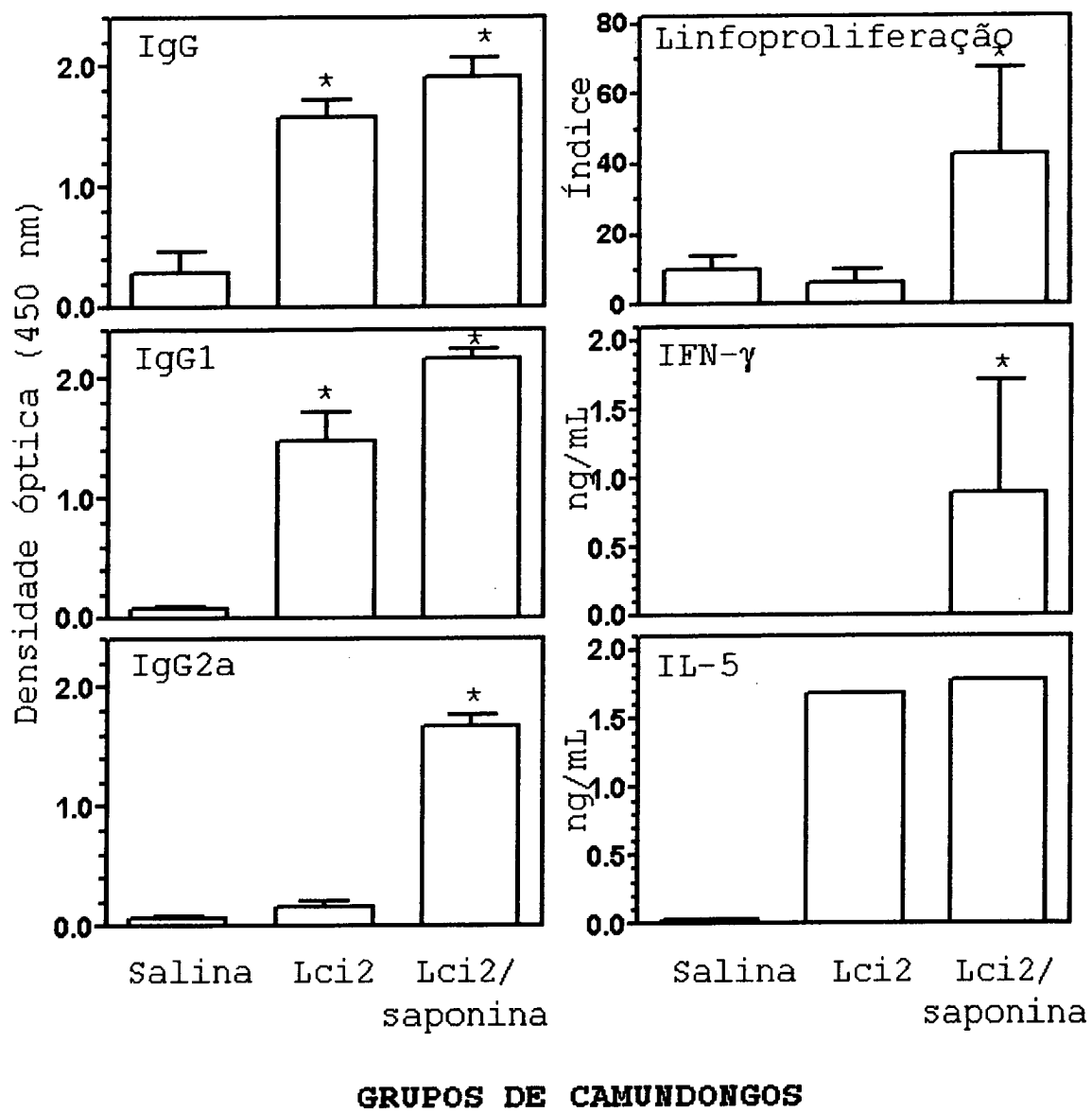


FIGURA 9

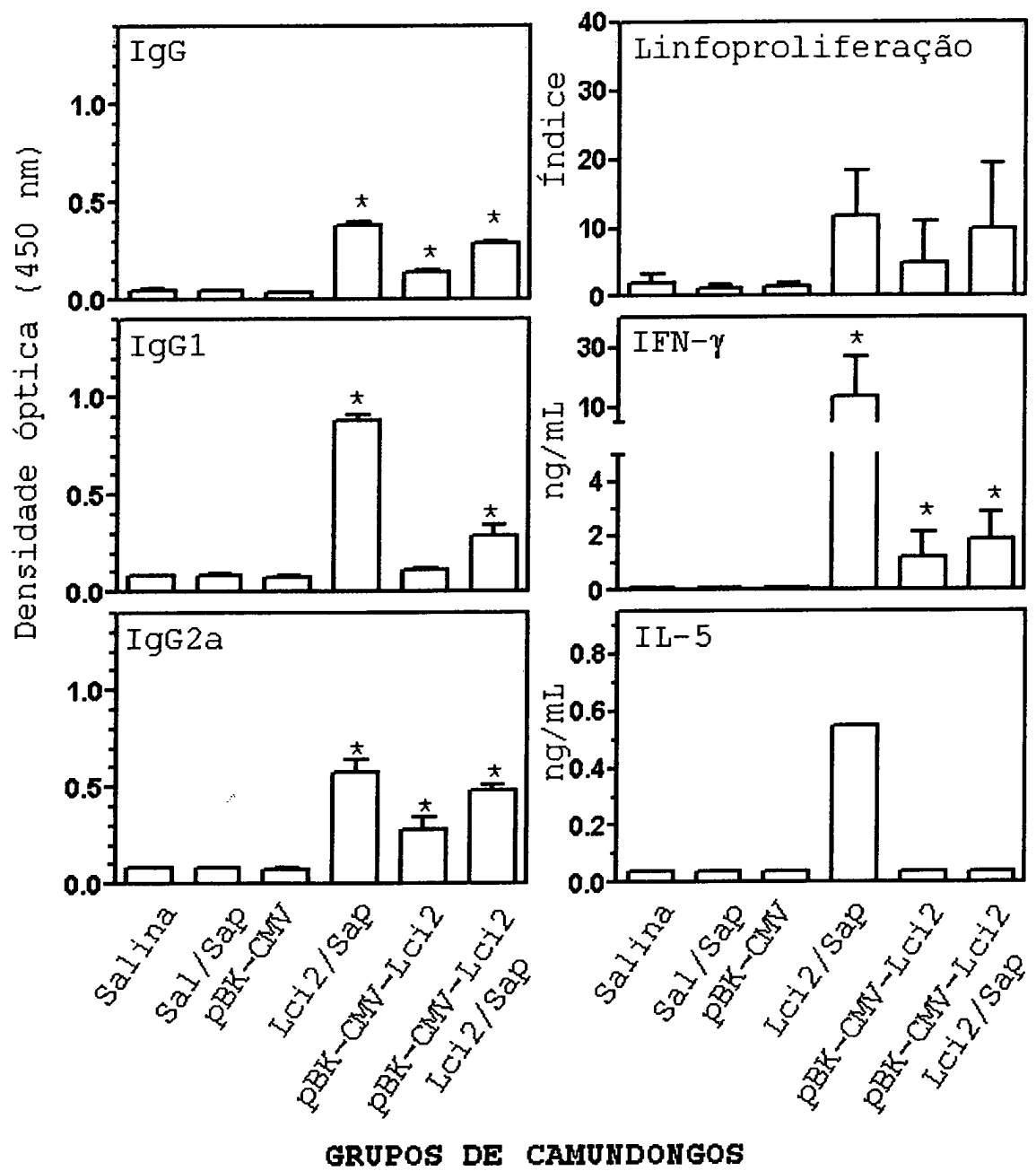
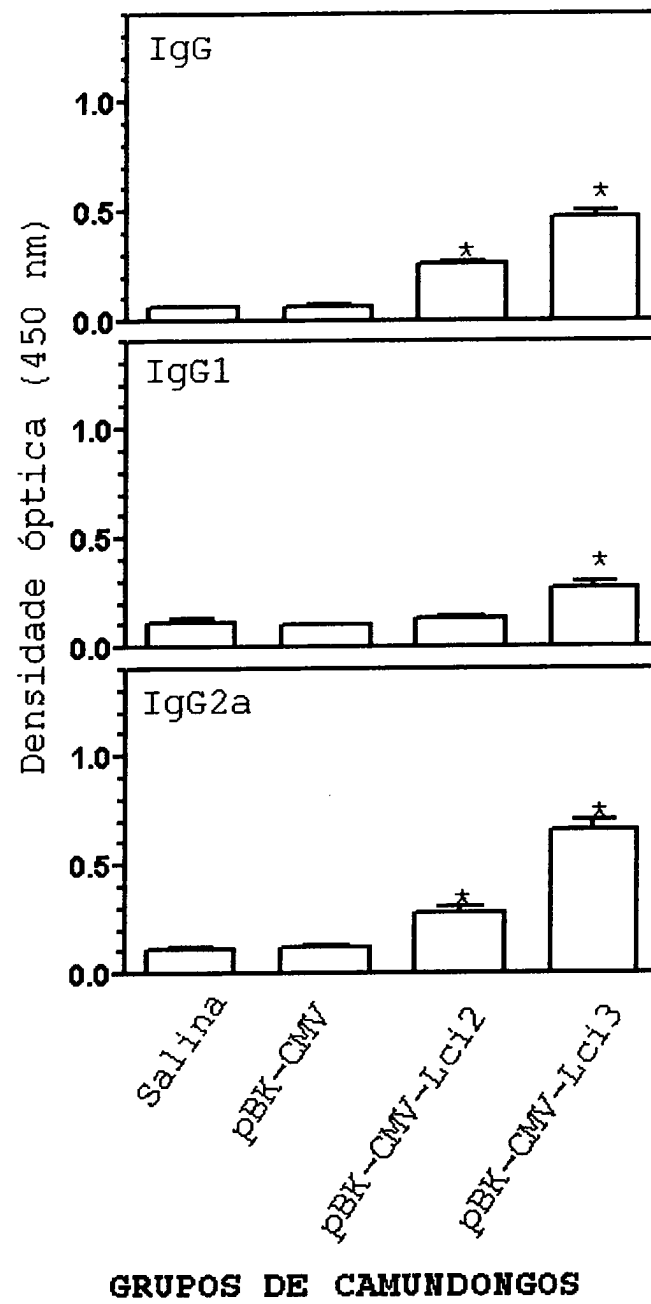


FIGURA 10

**FIGURA 11**

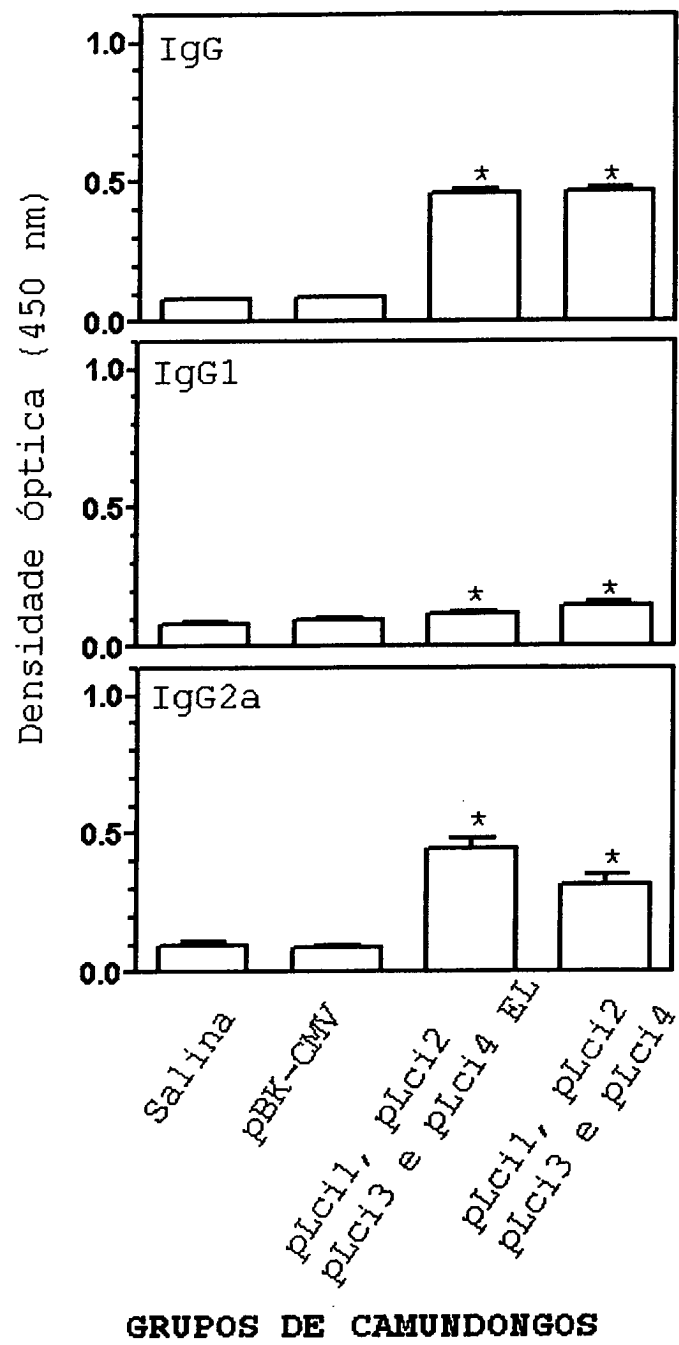


FIGURA 12

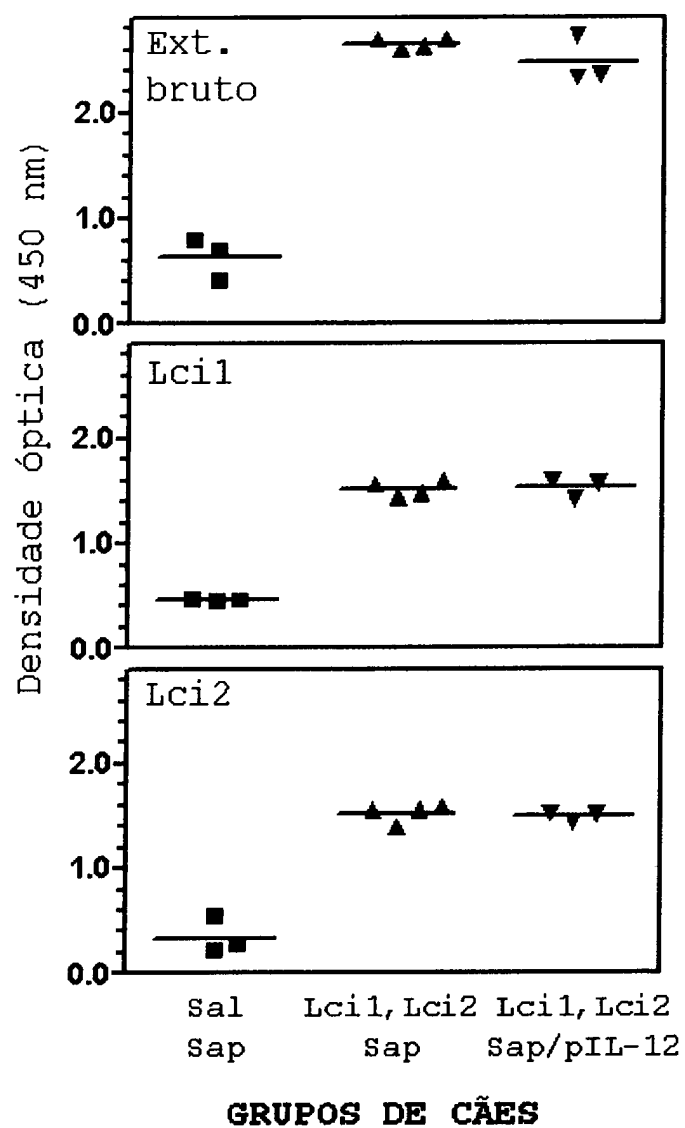


FIGURA 13

RESUMO**USO DE ANTÍGENOS DE LEISHMANIA EM MÉTODO DIAGNÓSTICO, VACINA E TERAPIA PARA LEISHMANIOSE**

A presente invenção se refere ao uso de antígenos recombina-
5 tes diferentes entre si obtidos a partir de genes de *Leishmania chagasi*/*Leishmania infantum*, em ensaios visando identificar, detectar e quantificar anticorpos específicos em material biológico, incluindo soro, plasma, saliva e urina, obtido de seres humanos, de cães e de
10 outros hospedeiros vertebrados da *Leishmania*. Estes antígenos recombina-tes ou seus genes ou parte dos genes que os codificam podem ser utilizados para o diagnóstico das leishmanioses, quer seja a infecção e/ou a doença. A presente invenção se refere ainda ao uso desses antígenos
15 recombina-tes, ou genes ou parte dos genes que os codificam ou ainda formulações contendo esses antígenos, para o tratamento e/ou vacinas para seres humanos, cães e outros hospedeiros vertebrados, contra leishmanioses.