

01674



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA 21  
DE MÉXICO

---

---

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO E INVESTIGACIÓN,  
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

DETERMINACIÓN DE LA EXISTENCIA  
DEL GEN HOMÓLOGO A Q9 DEL RATÓN  
EN EL CERDO.

**TESIS**

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE MAESTRO EN:  
**CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN  
Y DE LA SALUD ANIMAL**

PRESENTA:

**Rubén Ramírez Aquino**

DIRECTOR DE TESIS:  
DRA. EDDA L. SCIUTTO CONDE.  
DRA. GLADIS FRAGOSO GONZÁLEZ.

México. D. F.

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

2002



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

El autor da consentimiento a la División de Estudios de Posgrado e Investigación de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Nacional Autónoma de México para que la tesis esté disponible para cualquier tipo de reproducción e intercambio bibliotecario



Rubén Ramírez Aquino

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

**Dedicatorias:**

A

Don Pedrito y Doña Lupita por el solo hecho de ser quienes son.

A

Fos, Toño, Pedro, Alfredo y Naye

Por que juntos hemos hecho mucho y haremos mucho más

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

El presente trabajo se realizó en el Instituto de Investigaciones Biomédicas  
de la  
Universidad Nacional Autónoma de México ,  
bajo la dirección de la  
Dra. Edda Sciutto Conde y Dra. Gladis Fragoso González

El sustentante fue becario del CONACyT con número de registro 138151

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

COMITE TUTORAL:

DRA EDDA SCIUTTO CONDE

DRA GLADIS FRAGOSO GONZÁLEZ

DRA ALINE SCHUNEMAN DE ALUJA

DR ROGELIO ALONSO MORALES

DR ANTONIO VERDUGO RODRÍGUEZ

México D F 2002

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## SIMBOLOGÍA PARA AMINOÁCIDOS.

A	alanina	P	prolina
B	aspartato o asparagina	Q	glutamina
C	cistina	R	arginina
D	aspartato	S	serina
E	glutamato	T	treonina
F	fenilalanina	U	selenocisteina
G	glicina	V	valina
H	histidina	W	triptofano
I	isoleucina	Y	tirosina
K	lisina	Z	glutamato o glutamina
L	leucina	X	Cualquiera
M	metionina	*	termino de traducción
N	asparagina	-	gap de indeterminado

## **ABREVIACIONES.**

**A.** Adenina.

**aa** aminoácidos

**ATP.** Adenosin trifosfato.

**b.** base (s).

**C** citosina.

**cDNA.** Ácido Desoxiribonucleico complementario

**DNA.** Acido Desoxiribonucleico

**dNTP's.** Desoxiribonucleotidos.

**D.O.** densidad óptica.

**DTT** Dithiotreitol.

**EDTA** Etilen diamino tetra acetato de sodio.

**F** forward

**g** gravedades.

**G.** Guanina.

**H<sub>2</sub>O<sub>dd</sub>** Agua bidestilada

**kb** Kilobases.

**KCl.** Cloruro de Potasio

**l.** litros.

**M.** Molar

**mM.** milimolar

**MgCl<sub>2</sub>** Cloruro de Magnesio

**mg** miligramos.

**min.** minutos.

**ml.** mililitros.

**NaCl.** cloruro de sodio

**NaOH.** Hidróxido de Sodio.

**ng.** nanogramos

**nm.** nanometros.

**pb.** pares de bases

**PCR** Polimerasa Chain Reaction



**R.** Reverse.

**RACE-PCR.** Rapid Amplification of cDNA Ends Polimerasa Chain Reaction

**RNA** Acido Ribonucleico.

**rpm** revoluciones por minuto.

**RI-PCR.** PCR reverso.

**SDS.** Sodio duodecil sulfato

**seg.** Segundos

**T.** Timina

**IAE** Tris-acetato EDTA

**TBE.** Tris-borato-EDTA

**TE.** Tris EDTA

**UV.** Luz Ultravioleta.

**V.** Volts.

**µg.** microgramos.

**µl.** microlitros

## INDICE

	Página
1 - INTRODUCCIÓN	1
• 1.1 - Antecedentes	1
• 1.2 - Ciclo de vida de la <i>Taenia solium</i>	2
• 1.3 - El Complejo Principal de Histocompatibilidad (MHC)	4
• 1.4 - Evolución del MHC	4
• 1.5 - Moléculas clase Ib	5
• 1.6 - Molécula Qa-2	8
• 1.7 - Justificación	8
2 - OBJETIVOS	11
3 - MATERIAL Y MÉTODOS	12
• 3.1 - Obtención de DNA	12
• 3.2 - Obtención de RNA	13
• 3.3 - Plasmido <i>Q9</i>	14
• 3.4 - Diseño de Oligonucleótidos	14
• 3.5 - Ensayos de PCR	16
• 3.6 - Ensayos de RT-PCR	17
• 3.7 - Ensayos de RACE-PCR	20
• 3.8 - Clonación de Productos de PCR, RT-PCR y RACE-PCR	22
• 3.9 - Secuenciación de Productos Amplificados	22
• 3.10 - Ensayos de Southern Blot	22
4 - RESULTADOS	25
• 4.1 - Ensayos de PCR	25
• 4.2 - Ensayos de RT – PCR	25
• 4.3 - Secuencia	30
• 4.4 - Ensayo de RACE – PCR	31
• 4.5 - Ensayo de Southern Blot	32
5 - DISCUSION	36

6 - Conclusiones y Perspectivas	42
7 - APÉNDICE	43
8 -ANEXO I	45
• Comparación de la Secuencia Obtenida con el Vector	45
• Alineamiento general de la secuencia de nucléotidos obtenida	46
• Alineamiento de la secuencia de nucléotidos amplificada vs <i>Mus musculus</i>	62
• Alineamiento de la secuencia de nucléotidos amplificada vs <i>Sus scrofa</i>	66
• Traducción de la Secuencia de Nucléotidos a tres diferentes marcos de lectura	83
• Alineamiento de la secuencia de aminoácidos vs moléculas de <i>Mus musculus</i>	84
• Alineamiento de la secuencia de aminoácidos vs moléculas de <i>Sus scrofa</i>	94
• Alineamiento de la secuencia de aminoácidos amplificada vs molécula Qa-2	102
• Dominios Conservados	104
9 - REFERENCIAS	105



## INDICE DE FIGURAS

	Página
Figura 1 Ciclo de vida de la <i>Taenia solium</i>	3
Figura 2 Representación esquemática de la estructura general de las moléculas clásicas del MHC clase I	7
Figura 3 Ensayo de RT-PCR	25
Figura 4 Reamplificación por PCR del producto amplificado por RACE	28
Figura 5 Producto de PCR cortado y purificado para clonar en el vector pGEM-T EASY vector	29
Figura 6 Productos amplificados por el ensayo RACE-PCR	31
Figura 7 Productos reamplificados por el ensayo RACE-PCR	32
Figura 8 Ensayo de Southern blot	33
Figura 9 Ensayo de Southern blot	34
Figura 10 Ensayo de Southern blot	35
Figura 11 Traducción de la secuencia obtenida a sus tres marcos de lectura	83
Figura 12 Alineamientos de secuencias de aminoácidos clona1, Q9 y PD1	103

## INDICE DE TABLAS

	Página
Tabla 1 Estructura general de genes clásicos y no clásicos del MHC.	6
Tabla 2. Oligonucleótidos diseñados a partir del gen <i>Q9</i>	15
Tabla 3 Componentes de la reacción de PCR	17
Tabla 4 Componentes de la reacción de RT-PCR	19
Tabla 5 Componentes de la reacción de RACE-PCR	21
Tabla 6 Reactivos para PCR y amplificar sonda radioactiva	24

## Resumen.

El antígeno no clásico de histocompatibilidad denominado “Qa2” es codificado por una serie de cuatro genes en el ratón: *Q6*, *Q7*, *Q8* y *Q9*, localizados en el extremo telomérico del Complejo Principal de histocompatibilidad (MHC por sus siglas en inglés Major Histocompatibility Complex). A diferencia de los genes clásicos son pocas las funciones en los que se los ha propuesto involucrados. Figuran entre ellas su asociación con la resistencia a la cisticercosis experimental murina causada por *Taenia crassiceps*, parásito que comparte una gran cantidad de antígenos con *Taenia solium* (causante este último de la cisticercosis porcina en cerdos y de la neurocisticercosis humana). En la cisticercosis por *T. solium* se han encontrado claras diferencias de susceptibilidad en cerdos genéticamente heterogéneos. Con el propósito de explorar la posibilidad de que genes equivalentes a los *Q6-9* murinos existan en el cerdo y que se asocien con las diferencias de susceptibilidad a esta parasitosis, en este trabajo se reportan los primeros intentos de identificar genes homólogos a *Q6-9*.

En la búsqueda de gene(s) homólogos a los *Q6-9* murinos se empleó la técnica de RT-PCR. Se diseñaron un par de oligonucleótidos a partir de la secuencia de nucleótidos del exón 2 del gen *Q9* murino (región consenso para genes de clase I clásicos) y de la secuencia degenerada de aminoácidos del exón 3 (región específica para el gen *Q9*). A través de este procedimiento se amplificó un segmento de 148pb. Dicho segmento fue clonado, secuenciado y comparado con todas las secuencias reportadas en el Banco de Genes (NCBI). Se observó que la secuencia amplificada tiene una similitud del 80-90% con genes pertenecientes al MHC, del 85-95% con secuencias correspondientes a moléculas clase I del SLA y un 85% con la secuencias correspondiente al gen *Q9* murino.

En este trabajo se reportan las primeras evidencias que señalan la posible existencia en el cerdo de gene(s) homólogos a los *Q6-9* murinos y se discute la relevancia de completar los hallazgos realizados.

## Summary.

The non-classical molecule Qa-2 is encoded by four genes in the mouse *Q6*, *Q7*, *Q8* and *Q9* located at the telomeric end of the MHC. Contrary to the classic class I genes, few are the functions in which these genes have been proposed to be involved. Among the functions is the association with the resistance to the experimental murine cisticercosis caused by *Taenia crassiceps* which shares a great quantity of antigens with *Taenia solium*, responsible of pig cisticercosis and human neurocisticercosis. In *T. solium* cisticercosis it have been found clear differences of susceptibility in genetically heterogeneous pigs. With the purpose of exploring the possibility that equivalent genes to the *Q6-9* murine exist in the pig and could be associated with the differences of susceptibility, the first attempts of this search are reported. By RT-PCR and using a pair of the oligonucleotides designed from the sequence of nucleotides of exon 2 and of the degenerate sequence of amino acids of exon 3, one segment of 148pb was amplified, cloned, sequenced and the sequence was compared with all the sequences reported in the genebank (NCBI) where it was observed that it has a similarity of 80-90% with genes that belong to the MHC, of 85-95% with sequences corresponding to molecules class I of the SLA and of 85% with sequences corresponding to the gene *Q9* murine.

In this thesis work the first evidences are reported that point out the possibilities of the existence of the homologous gene(s) to *Q6-9* murine genes in the pig and it is discussed the relevance of completing the carried out discoveries.

## 1.- Introducción.

### 1.1.- Antecedentes.

La cisticercosis causada por el metacestodo de *Taenia solium* representa un grave problema de salud pública e implica importantes pérdidas económicas en la porcicultura (Aluja, 1982) en México y en los países en desarrollo donde, el crecimiento socioeducativo y zoonosanitario es deficiente y se presentan las condiciones favorables que promueven el ciclo de vida de este parásito. Entre estas condiciones figuran la extensa práctica de la porcicultura rústica, el fecalismo a ras de suelo, aunada al pobre abastecimiento de agua, falta de drenaje e inspección sanitaria entre otras (Larralde *et al.*, 1992). En países desarrollados se ha logrado erradicar esta parasitosis a través del avance en la ingeniería sanitaria, higiene personal, inspección en rastros, tecnificación de la porcicultura y quizás lo más importante el aumento en el nivel socioeconómico con sus implicaciones en la educación y concientización de la población en general. En México, se han reportado estudios de seroprevalencia que indican que este parásito se encuentra distribuido ampliamente por todo el territorio nacional (Larralde *et al.*, 1992).

Utilizando un modelo murino de cisticercosis inducido por un céstodo semejante a *T. solium*, llamado *Taenia crassiceps* se encontró que existen diferencias de susceptibilidad en distintas cepas de ratones al mismo parásito. La cepa BALB/cAnN es altamente susceptible a la parasitosis, mientras que la cepa BALB/cJ es altamente resistente (Fragoso *et al.*, 1996). Entre estas dos sublíneas existen algunas diferencias fenotípicas (Potter, 1985) como son un incremento de enzimas adrenales involucradas en la síntesis de catecolaminas, más altos niveles de testosterona en los machos BALB/cJ (Roderick *et al.*, 1985); altos niveles de alfafetoproteína sérica en los adultos como una consecuencia de la mutación del Gen *Afi 1* (Blankenhorn *et al.*, 1985) y la expresión de la proteína Qa-2 debido a la presencia de genes intactos *Q6*, *Q7*, *Q8* y *Q9* (Mellor *et al.*, 1985). La posibilidad de que la proteína Qa-2 esté involucrada en la diferencia de la susceptibilidad a la cisticercosis murina, ha sido evaluada (Fragosos *et al.*, 1998). En principio se hicieron retrocruzamientos hacia BALB/cJ de una F1 (BALB/cAnNxBALB/cJ). La cantidad de cisticercos recuperados después de un mes de infección se relacionó con la expresión de Qa2. Los resultados indicaron que aquellos ratones expresores de Qa-2 exhibían menor cantidad de cisticercos. Con el propósito de establecer más claramente la relevancia de la expresión de esta proteína en la resistencia se generaron dos líneas de ratones transgénicos a través de la introducción del gen *Q9* en embriones de ratones híbridos F1 (BALB/cAnNxB6). Se logró en una primera generación identificar dos ratones que sobreexpresaban



la proteína Qa-2. A partir de estos ratones se generó una primer generación retrocruzándolos hacia BALB/cAnN. La alta expresión de esta proteína en esta progenie se asoció con la disminución de la susceptibilidad a la cisticercosis murina (Fragoso *et al.*: 1998)

Considerando que la fase de la cisticercosis porcina resulta indispensable para completar el ciclo de la transmisión de esta parasitosis a los humanos se han considerado diferentes estrategias tendientes a reducir la cisticercosis porcina. El reducir la incidencia de esta enfermedad en el cerdo implicaría, además de la disminución en las pérdidas económicas en la porcicultura, prevenir la enfermedad humana con los costos que en esta se generan. Determinar la existencia de un gen homólogo de *Q9* en el cerdo permitiría explorar si las diferencias de susceptibilidad observadas en la cisticercosis porcina están relacionadas con el antígeno Qa-2. Esta información nos permitirá identificar cerdos naturalmente más resistentes a la cisticercosis y recomendar su introducción en poblaciones de cerdos rústicos.

## 1.2 Ciclo de vida de la *Taenia solium*.

El ciclo de vida de la *Taenia solium* implica un estadio larvario (cisticerco) y un estadio adulto (taenia). La cisticercosis, afecta tanto al ser humano (hospedero definitivo) como al cerdo (hospedero intermedio). El ser humano se infecta cuando consume carne de cerdo mal cocida desarrollándose en su intestino la tenia o solitaria. Esta a su vez produce millones de huevos que son arrojados al medio ambiente a través de las heces, mismos que son capaces de infectar al cerdo o al propio ser humano. En el ciclo de esta parasitosis (Figura 1) participa el hombre que puede alojar al parásito en estado adulto a partir de la cual se producen huevos de *T. solium* que se liberan al ambiente. Cuando los huevos son ingeridos por el cerdo, lo que se propicia por sus hábitos coprófagos, se desarrollan a la forma larvaria o cisticerco en las masas musculares, lengua, así como en encefalo (Acha *et al.*, 1988). Esta transformación puede ocurrir también cuando el hombre ingiere huevos de *T. solium*, hospedero en donde esta transformación suele ocurrir en el sistema nervioso central ocasionando la enfermedad grave que genera este parásito, la neurocisticercosis (Flisser, 1988). Aunque el cerdo es el hospedero intermediario principal, existen otras especies que pueden llegar a actuar también como hospederos intermediarios tal como perro, jabalí y mono, aunque estas no representan un aspecto relevante en la transmisión (Okolo 1986; Fan *et al.*, 1994) ya que en México no son consumidas por el hombre estas especies animales.



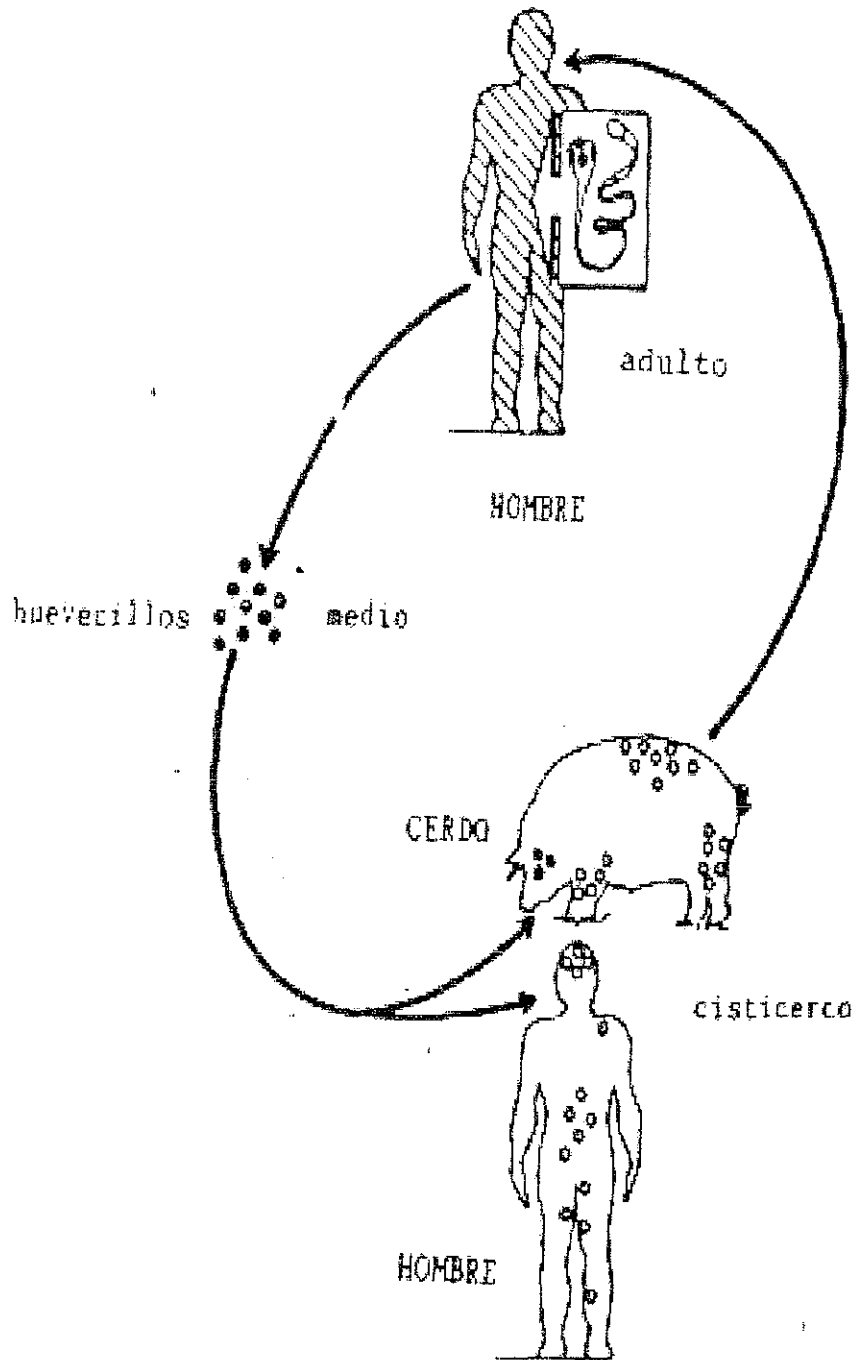


Figura 1 Ciclo de vida de la *Taenia solium*

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

### 1.3.- El Complejo Principal de Histocompatibilidad.

La respuesta inmune controla una gran variedad de infecciones bacterianas, virales, parasitarias, etc. Entre sus principales componentes figuran los productos codificados por un grupo de genes altamente polimórficos localizados en el Complejo Principal de Histocompatibilidad (MHC por sus siglas en inglés Major Histocompatibility Complex). Estos productos se expresan sobre la superficie de una gran variedad de células y participan activamente en la respuesta inmune a antígenos proteicos. En efecto, el reconocimiento de antígenos por los linfocitos T se realiza con la participación de moléculas del MHC. Los linfocitos T reconocen segmentos de antígenos proteicos como son péptidos unidos a moléculas codificadas por los genes del MHC. Las proteínas del MHC no solo son de gran importancia en fenómenos inmunes (Gorer, 1937) si no también en fenómenos biológicos no inmunes (Edidin, 1983; 1986). Entre los fenómenos inmunes más importantes se encuentran los de reconocimiento de antígeno para el desencadenamiento de una respuesta inmune, así como en eventos fundamentales de la selección tímica de células linfoides (Rammensee *et al.* 1993). Los genes del MHC se dividen en tres clases: clase I, clase II, y clase III de acuerdo a su estructura, lo que se asocia a sus funciones, para los antígenos I y II condiciona el tipo de péptidos procesados que presentan en la superficie de las células.

### 1.4.- Evolución del MHC.

Por medio de la clonación y secuenciación de segmentos de DNA de diferentes especies se ha logrado revelar que existen múltiples genes relacionados a los genes clásicos pero no necesariamente relacionados al MHC en especies filogenéticamente distantes (Klein y Figueroa 1986). Las especies que han sido analizadas van desde los vertebrados más primitivos hasta los más complejos en la escala evolutiva como son algunos organismos de la familia de los elasmobranquios (Hashimoto *et al.* 1992, 1999), de los ciprinidos (Okamura *et al.* 1993, 1997), de los anfibios (Flajnik *et al.* 1993; Shum *et al.* 1993, 1999; Courtet *et al.*, 2001), de las aves (Briles *et al.* 1993), y de los mamíferos tanto los pequeños roedores, cerdos y monos como también de los humanos (Stroynowski 1990; Flaherty *et al.*, 1990; Lawlor *et al.* 1990; Geraghty *et al.*, 1992; Geraghty 1993).

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

### 1.5 - Moléculas clase Ib del ratón.

Las moléculas de clase I del ratón se subdividen a su vez en moléculas clásicas o clase Ia y no clásicas o clase Ib. Las moléculas clase Ia son codificadas en las subregiones K y D, se caracterizan por ser altamente polimórficas, y se expresan en la mayoría de los tejidos, su función es presentar péptidos de 8-10 aminoácidos producto de la degradación intracelular de antígenos extraños a los linfocitos T CD8+, los cuales entonces son capaces de destruir a las células infectadas. Por otra parte las moléculas clase Ib muestran un polimorfismo limitado y un patrón de expresión restringido a solo algunos tipos celulares. Este tipo de genes tiene la estructura que caracteriza a los genes del MHC clase I, constituidos por ocho exones y siete intrones (cuadro 1). El exón 1 codifica para el péptido señal, el exón 2 para el dominio alfa 1, el exón 3 para el dominio alfa 2, el exón 4 para el dominio alfa 3, el exón 5 para el dominio transmembranal y los exones 6, 7 y 8 codifican para el dominio citoplasmático (figura 2). La homología en la secuencia entre las moléculas clase Ib y las moléculas clase Ia predice que los dominios extracelulares  $\alpha 1$ - $\alpha 2$  de las moléculas clase Ib forman el sitio de unión al péptido procesado (binding groove) esta predicción fue confirmada por análisis de alta resolución estructural de las moléculas clase Ib H2-M3 (Wang *et al.* 1995) y HLA-E (O'Callaghan *et al.* 1998) que son moléculas no clásicas reportadas en el humano en dichos estudios se ha previsto que estas moléculas podrían ser presentadoras de antígenos y tener funciones inmunológicas.

En el ratón, los antígenos clase Ib son codificados por un grupo de genes del MHC localizados en el cromosoma 17, los cuales están distribuidos en varias regiones denominadas H2 Qa y Tla. Las funciones exactas de algunas de estas moléculas permanecen aún desconocidas (Flaherty *et al.*, 1990), no obstante se ha sugerido que este tipo de moléculas podrían participar en fenómenos inmunes, (Stroynowski y Lindahl, 1994; Niederkorn *et al.*, 1999; Zappacosta *et al.*, 2000). Existen reportes en los que se sugiere su participación en fenómenos no inmunes, figuran entre ellos la participación de la molécula no clásica HFE en el metabolismo del Hierro (Zhou *et al.*, 1998; Parkkila *et al.*, 1997; Feder *et al.*, 1998; Gross *et al.* 1998), la molécula MICA como indicador del estrés celular en el epitelio gastrointestinal que podría ser reconocido por un subtipo de células T (Groh *et al.*, 1996). Entre los antígenos clase Ib la molécula Qa-2 ha sido de los más estudiados, existen reportes de que el gen *Q9* o también llamado gen Ped (Qa-2, antígeno perteneciente al MHC clase Ib) está relacionado con la reproducción del ratón (Warner *et al.*, 1993).

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

Tabla 1. Estructura general de genes clásicos y no clásicos del MHC.

Segmento	Tamaño pb	Secuencia	Codifican	Observaciones
exón 1	64	1-64	péptido líder	conservado en los genes del mhc
intrón 1	162	65-227		No conservado
exón 2	271	228-498	dominio alfa 1	conservado en los genes del mhc
intrón 2	186	499-684		No conservado
exón 3	216	685-1000	dominio alfa 2	conservado en los genes del mhc
intrón 3	1999	1001-3100		No conservado
exón 4	285	3101-3385	dominio alfa 3	conservado en mayor proporción entre Q9, HL A-G y PD6.
intrón 4	130	3386-3515		No conservado
exón 5	117	3516-3632	dominio intramembranal	No conservado
intrón 5	172	3633-3804		No conservado
exón 6	33	3805-3834	dominio citoplasmático	No conservado
intrón 6	167	3835-4001		No conservado
exón 7	48	4002-4049	dominio citoplasmático	No conservado
intrón 7	111	4050-4160		No conservado
exón 8	32	4161-4192	dominio citoplasmático	No conservado

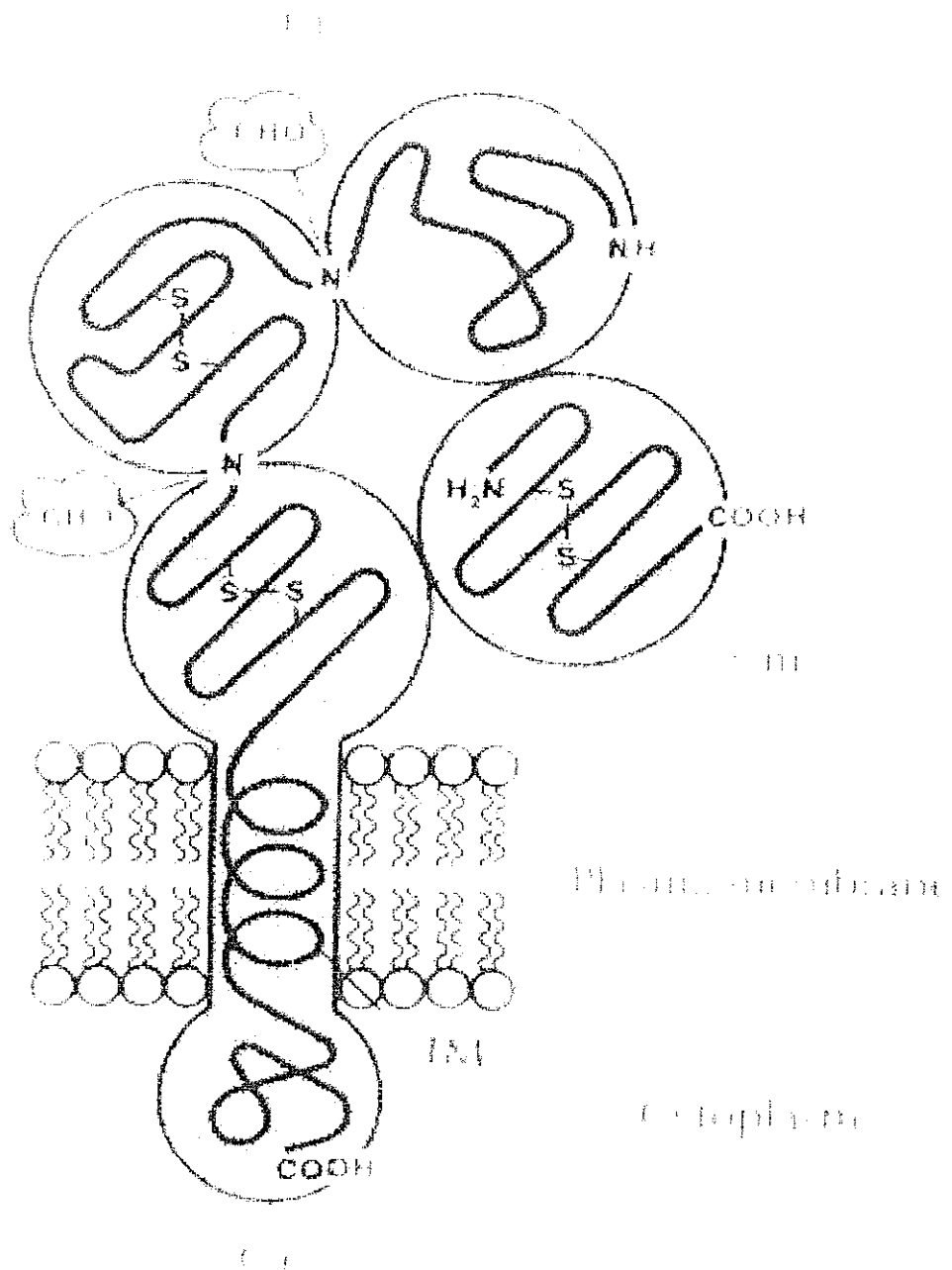


Figura 2. Representación esquemática de la estructura general de las moléculas clásicas del MHC clase I. Compuesta por los dominios  $\alpha 1$ ,  $\alpha 2$ ,  $\alpha 3$ , un dominio transmembranal, un dominio citoplasmático y la  $\beta 2$  microglobulina que es codificada por un gen independiente del MHC (Klein, 1991)

## 1.6 - Molécula Qa-2

A diferencia de los antígenos Ia que se anclan a la membrana a través de un dominio transmembranal, la molécula Qa-2 puede ser sintetizada como una molécula anclada a la membrana celular a través de un dominio transmembranal (40 kDa) y en forma soluble (39 kDa). La forma soluble de Qa-2 es liberada de la membrana por la enzima fosfolipasa C (Tian *et al.*, 1992) misma que se incrementa al estimular los linfocitos T con sustancias mitogénicas como la concanavalina A. Aunque cada uno de los genes *Q6*, *Q7*, *Q8* y *Q9* pueden codificar ambas formas, la gran mayoría de las células que expresan Qa-2 sobre su membrana son codificadas por los genes *Q7* y *Q9* (Mellor *et al.*, 1985; Stroynowski *et al.*, 1987).

Si bien se ha identificado que la molécula Qa-2 puede aumentar la resistencia a la cisticercosis, aún se desconocen los mecanismos a través de los cuales está mediada esta diferencia de susceptibilidad. La probabilidad de que Qa-2 medie resistencia a través de mecanismos inmunológicos se ha evaluado en experimentos de transferencia de médula ósea entre ratones BALB/c(Qa2+) y BALB/c(Qa2-). Los resultados indican que las células Qa2+ son capaces de transferir resistencia (Briones, comunicación personal). Estas observaciones aunadas a otros estudios en los que se ha observado que en ratones (Qa2+ (relativamente más resistentes) y Qa2- (relativamente más susceptibles) las subpoblaciones de linfocitos T CD4+ y CD8+ disminuyen en aquellos susceptibles y al incremento en la forma soluble de Qa-2 en el peritoneo de ratones resistentes infectados con cisticercosis por *Taenia crassiceps* (compatible con un estado de activación de linfocitos T inducido con la infección), nos permiten suponer que estas diferencias de susceptibilidad podrán estar mediadas inmunológicamente. Esta posibilidad se consolida si consideramos que se ha reportado a Qa2 como capaz de unir péptidos a las células T (Mann y Forman, 1988; Mellor *et al.*, 1991) y que se expresa tempranamente durante el desarrollo (Warner *et al.*, 1993).

## 1.7.- Justificación.

En el cerdo al igual que en otras especies animales vertebrados, el MHC es un complejo multigénico denominado SLA (Swine Leucocyte Antigen) y se encuentra localizado en el cromosoma 7 (Geffrotin *et al.*, 1984). Es muy similar en su organización a otras especies y la región correspondiente a las moléculas clase I ha sido ya localizada (Velten *et al.*, 1998). En los últimos

años se ha incrementado la búsqueda de genes homólogos en diversas especies animales (Warner, 1986). La presencia de moléculas clase Ib en el cerdo (Chardon *et al.*, 2001) representa un aspecto interesante a estudiar considerando que algunos de los genes que la codifican podrían ser genes candidatos a resistencia en contra de la cisticercosis por *T. solium*. La presencia de una molécula equivalente a Qa-2 y lo de los genes *Q6*, *Q7*, *Q8*, y *Q9* responsable de su codificación no se ha reportado en el cerdo. La identificación de genes de resistencia en el cerdo adquiere especial importancia considerando los esfuerzos realizados para aumentar la resistencia natural del cerdo a la cisticercosis como herramienta para su control. Estos esfuerzos se justifican si recordamos que la fase de cisticercosis porcina resulta indispensable para que se mantenga el ciclo del parásito, ofreciendo así un blanco posible en el que interferir en la transmisión. Con el propósito de aumentar la resistencia del cerdo a la cisticercosis porcina se han diseñado diferentes estrategias, tendientes a reducir la prevalencia en esta enfermedad. Figuran entre ellas la irradiación de la carne de cerdo infectada destinada para el consumo humano (Flores *et al.*, 1996). Si bien esta estrategia ha demostrado alta eficiencia en la capacidad de dañar los metacéstodos, impidiendo que estos se desarrollen al estado de madurez sexual, los altos costos de la infraestructura y equipo que se requiere para el tratamiento de los productos derivados de poblaciones porcinas endémicas a la cisticercosis, lo convierte en un método poco accesible para aplicarse extensamente en países en desarrollo. La posibilidad de proteger al cerdo contra la cisticercosis porcina a través de vacunación, también se ha propuesto como una medida efectiva para el control. Diferentes vacunas se han evaluado constituidas unas con antígenos totales (Molinari *et al.*, 1993; 1996; Huerta *et al.*, 2000) y otras con antígenos purificados (Nascimento *et al.*, 2000), recombinantes (Plancarte *et al.*, 1999) y sintéticos (Toledo *et al.*, 1999; 2001, Huerta *et al.*, 2001) con resultados prometedores. Esta última vacuna ha sido exitosamente evaluada en su capacidad protectora en cerdos criados rústicamente y se planea comenzar su aplicación masiva en un futuro próximo. La investigación en el área de vacunas continúa con el fin de aumentar las posibilidades de aplicación extensiva disminuyendo los costos de la producción de este tipo de biológicos. En el problema de la cisticercosis también se han explorado las posibilidades de vacunación con DNA ó vacunación génica (Rosas *et al.*, 1999; Cruz-Revilla *et al.*, 2001; Manoutcharian *et al.*, 1998). Si bien los resultados son muy promisorios y los datos en la literatura sustentan las posibilidades de inducir a través de este procedimiento periodos prolongados de protección, su aplicación resulta aun muy costosa para uso veterinario (Wolff *et al.*, 1992). La manipulación genética de los cerdos para la incorporación de genes de resistencia (Fragoso *et al.*



1998) representa otra alternativa viable. El desarrollo de estas estrategias dependen del conocimiento de diferentes aspectos de la historia natural de la enfermedad y de su inmunología en especial en el hospedero intermediario (el cerdo)

Considerando que Qa2 se ha encontrado asociado a resistencia en un modelo de cisticercosis por *I. crassiceps* en el ratón y que pertenece a un conjunto de proteínas muy conservadas entre especies se justifica su búsqueda en el cerdo, y en su caso evaluar su relevancia en las diferencias de susceptibilidad a la cisticercosis porcina.

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## 2.- OBJETIVOS:

### Objetivo General.

- Determinar la existencia del(os) gen(es) homólogo(s) al *Q9* murino en el cerdo

### Objetivos Especificos.

- Emplear la técnica de PCR para amplificar regiones homólogas al gen *Q9* murino en DNA de cerdo
- Emplear la técnica de Southern blot para hibridizar regiones específicas del gene *Q9* murino con regiones homólogas en DNA genómico de cerdo

### 3.- MATERIALES Y MÉTODOS.

#### 3.1 - Obtención de DNA.

El DNA total fue obtenido de acuerdo al protocolo convencional (Sambrook *et al.*, 1989) de sangre periférica de cerdos de haplotipo *cc* y *dd*, de cerdos genéticamente heterogéneos y de un cerdo de raza Meishan (donado por la Dra. Susan Anderson del Instituto Roslin, UK). Se colectó una muestra de 10-15 ml de sangre periférica de vena yugular en tubos Vacutainer (Becton Dickinson Vacutainer System, Franklin Lakes NJ) con K<sub>3</sub> EDTA. Posteriormente se centrifugaron las muestras a 3,000 rpm durante 10 min, de donde se observan tres fases: la fase inferior compuesta por eritrocitos, la fase intermedia compuesta por leucocitos y una fase superior compuesta por el plasma sanguíneo. La fase intermedia compuesta por leucocitos se colectó con una pipeta Pasteur y se mezcló con 6.0 ml de amortiguador para la lisis de eritrocitos (BLCR, apéndice 1) en un tubo de ensayo de 15 ml limpio. La mezcla se agitó suavemente y se centrifugó a 3,000 rpm durante 10 minutos. El sobrenadante se eliminó y en el fondo del tubo permaneció el botón de leucocitos. Se agregó nuevamente un volumen similar al anterior de BLCR para eliminar los eritrocitos restantes; los tubos se agitaron hasta resuspender el botón, y posteriormente se centrifugaron nuevamente a 3,000 rpm durante 10 minutos. Este paso se repitió tres veces, necesario para eliminar por completo los restos de hemoglobina de las muestras. El botón de leucocitos se resuspendió en 660 µl de BLCR y posteriormente se le agregó 3 ml de un amortiguador para lisar las células blancas (BLCB, Apéndice 1). Se dejó incubar toda la noche a 42°C para completar la lisis de las células.

#### Purificación de DNA.

El proceso de purificación consistió en:

1) - Se agregó un volumen de fenol igual al volumen de las células lisadas obtenidas en el paso anterior, las muestras se agitaron brevemente hasta formar una mezcla homogeneizada y se procedió entonces a centrifugar a 3,000 rpm durante 10 minutos. Posterior al centrifugado se observan tres fases de la cual se seleccionó la fase superior que contenía en suspensión al DNA genómico, en la fase intermedia se encuentran proteínas y lípidos en suspensión y en la fase inferior se encuentra el fenol. La fase superior se colocó en un tubo limpio y se mezcló nuevamente con un volumen de fenol y el procedimiento fue repetido una vez más.

2) - Se agregó un volumen de una mezcla de fenol-cloroformo, repitiendo el procedimiento de centrifugado dos veces. El cloroformo fue utilizado para arrastrar los restos del fenol de la muestra.

3) Se agregó un volumen de cloroformo-isoamil 24:1 (Apéndice 1) para arrastrar los restos de fenol

#### **Precipitación.**

La fase acuosa del paso 3 se transfirió a un tubo limpio y se le agregaron 60µl NaCl 1M y 2 volúmenes de etanol absoluto a -20°C, se centrifugó a 13,000 rpm durante 30 minutos se tiró el sobrenadante y se procedió a lavar el botón con etanol al 70% a -20°C se centrifugó nuevamente a 13,000 rpm durante 10 minutos se tiró el sobrenadante y se dejó secar a temperatura ambiente para posteriormente ser resuspendido en Tris - EDTA 1X (Apéndice 1)

#### **Cuantificación de DNA.**

Se determinó la concentración de DNA utilizando para ello un espectrofotómetro a una longitud de onda ( $\lambda$ ) de 260 nm, utilizando la siguiente fórmula:

$$\text{DNA ng/}\mu\text{l} = (\text{D O a } 260 \text{ nm})(50)$$

En donde:

D O densidad óptica

Dilución utilizada: 1:1000

Factor 50

Posteriormente, se analizó la muestra a una D O. de 260 y 280 nm, para determinar la presencia de contaminantes como proteínas. La relación de contaminantes presentes en las muestras se calculó con la siguiente fórmula:

$$\text{Proteínas} = \text{D O } 280 / \text{D O } 260$$

Una lectura mayor a 1.6 indica libre de contaminación. Para evaluar la integridad del DNA se corrieron 2 µl del DNA en un gel de Agarosa al 9% y se tiñó con bromuro de etidio

### **3.2.- Obtención de RNA.**

Para la obtención del RNA se empleó Trizol y la técnica de extracción de acuerdo al fabricante (GIBCO). Se obtuvo 10 ml de sangre periférica en condiciones de esterilidad de la vena yugular de un cerdo mestizo genéticamente heterogéneo y afectado por cisticercosis porcina. Se agregó un volumen de medio RPMI y se mezcló volteando suavemente para homogeneizar. Se centrifugó a 2,400 rpm por 17 minutos a 4°C. Se tiró el sobrenadante y posteriormente se lavó el botón con 10-15 ml de PBS 1X. Se cuantificó, se agregó 1ml de trizol por cada  $5-10 \times 10^6$  células linfocitarias

#### **Fase de separación.**

Se incubó la muestra del homogeneizado por 5 minutos a 15-30°C para permitir la completa disociación de los complejos de nucleoproteínas. Se adicionaron 200 µl de cloroformo por cada ml de trizol, se agitó vigorosamente por 15 segundos se incubaron 2-3 minutos a temperatura de 15-30°C se centrifugaron las muestras a 12.000 x g por 15 minutos a 2-8°C y se recuperó la fase acuosa.

#### **Precipitación de RNA.**

La fase acuosa se transfirió a un tubo limpio y se mezcló con alcohol isopropílico 500 µl por ml de trizol se incubaron las muestras a 15-30°C por 10 minutos y se centrifugaron a 12,000 x g por 10 minutos a 2-8°C.

#### **Lavado de RNA.**

Se removió el sobrenadante y se lavó una vez con etanol 75% (1ml de etanol por cada ml de trizol), la muestra se mezcló y se centrifugó a 7,500 x g por 5 minutos a 2-8°C, una vez seco el botón se disolvió en agua libre de RNAasas.

### **3.3.- Plasmido *Q9*.**

La secuencia completa del gen *Q9* murino que fue clonada de la cepa C57BL/10 en el plasmido pBR327 (Weiss *et al* 1984) se utilizó como control de amplificación para los ensayos de PCR.

### **3.4.- Diseño de oligonucleótidos.**

Se utilizó el programa CLUSTAL BCM Search Launcher: Multiple Sequence Alignments (<http://dot.imgen.bcm.tmc.edu:9331/multi-align/multi-align.html>) para realizar los alineamientos de la secuencia de nucleótidos necesarios entre las diferentes secuencias de genes clásicos y no clásicos con el propósito de localizar las regiones consenso de dichos genes. Una vez localizadas las regiones consenso entre los genes clásicos y los no clásicos se utilizó el programa GCG para el diseño de los oligonucleótidos generales, es decir, aquel oligonucleótido que debido a su diseño era capaz de hibridar y por lo tanto amplificar una región específica y consenso para cualquier gen clase I entre las diferentes especies (humano, ratón y cerdo). Para el diseño de los oligonucleótidos

específicos para el gen Q9 murino se utilizó la secuencia de aminoácidos reportada en el Genebank NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) con número de acceso CAA27172 que codifica para el dominio alfa 1 y alfa 2, y la secuencia con número de acceso AAB41836.1 que codifica para el dominio alfa 3; esta secuencia fue alineada con la secuencia de aminoácidos del gen *HIA-G* que es un gen clase I no clásico (*Homo sapiens*), y *PD1 PD6 PA14* que son genes clase I reportados en el cerdo (*Sus scrofa*) de donde se escogieron las secuencias consenso y las secuencias específicas para posteriormente ser degenerada con el programa GCG (Cuadro 2)

Los oligonucleótidos fueron diseñados a partir de diferentes estrategias utilizando el programa GCG

**Tabla 2. Oligonucleótidos diseñados a partir del gen Q9.**

Oligo	Tamaño (pb)	Dirección	*Tipo	Situación	Secuencia
Ex1	28	forward	ND	Exón 1	5'atggctcaacaatgctgctcttgetgg 3'
Ex2q9sr	21	reverse	D esp	Exón 2	5't(N)cg(N)cg(R)aa(R)ct(Y)tg(Y)tc(R)t3'
Ex2q9g2	20	forward	ND gen	Exón 2	5'tacgtggacgacacgcagtt3'
Ex2q9s	21	forward	D esp	Exón 2	5'a(Y)ga(R)ca(R)ag(Y)tt(Y)cg(N)gg(N)a3'
Ex2c11cf	20	forward	D gen	Exón 2	5'tatttc(B)acaccgccgtgtc3'
Ex21	21	reverse	D gen	Exón 2	5'ctgtgtctccc(M)tccaata3'
Ex22	21	reverse	ND gen	Exón 2	5'ctgtgtctcccgtccaata3'
Ex23	21	reverse	ND gen	Exón 2	5'ctgtgtctcccgtccaata3'
Ex3q9gr2	21	reverse	ND gen	Exón 3	5'tcgttcaggccgatgtaatcg3'
Ex3q9f	21	forward	ND gen	Exón 3	5'acacactccagtgatgtag3'
Ex3q9r	20	reverse	ND gen	Exón 3	5'ttcccagctccaggtatct3'
Ex3q9s	21	reverse	D esp	Exón 3	5'tg(R)tc(Y)tt(Y)tg(N)gc(D)at(N)cc(N)3'
Ex3q9g	21	forward	ND gen	Exón 3	5'cgattacatgcacctgaacga3'
Ex4q9s1	21	reverse	D esp	Exón 4	5'(N)gt(Y)aa(Y)tc(Y)tc(N)cc(R)tt(Y)aa3'
Ex4q9s2	21	reverse	D esp	Exón 4	5'(N)gt(N)ag(Y)tc(N)cc(R)tt(Y)aa3'
Ex4q9g	21	reverse	ND gen	Exón 4	5'gattgtcagcagggtagaagc3'

\*claves: **D**=Degenerado **ND**= No Degenerado **esp** = específico para el gen Q9 **gen** =general para los genes clásicos **forward** = orientación 5' - 3' **reverse** = orientación 3' - 5'

### 3.5.- Ensayos de PCR.

La reacción en cadena de la DNA polimerasa o PCR (Polymerase Chain Reaction) es un concepto que ha revolucionado la biología molecular desde que fue reportado (Mullis *et al.*, 1986). Esta técnica permite amplificar exponencialmente y de forma dirigida fragmentos específicos de DNA dentro de un genoma o conjunto de secuencias heterogéneas de DNA, y se efectúa en termocicladores. La esencia del ensayo PCR está en el uso de una enzima DNA polimerasa termorresistente (proveniente principalmente de *Thermus aquaticus*) y de secuencias iniciadoras (también conocidos como "primers", secuencias de DNA de cadena sencilla de 10-20 nucleótidos de extensión, los cuales mediante complementariedad de bases (A-T, C-G) reconocen sitios a partir de los cuales se inicia la síntesis de DNA). Luego de 30-35 ciclos el factor de amplificación de la secuencia objetivo alcanza a  $10^5$  aproximadamente. Las reacciones de PCR se efectúan mediante 3 etapas básicas, las cuales constituyen un ciclo.

Los ensayos de PCR se realizaron empleando como templado DNA genómico total de cerdos singénicos de haplotipo *cc* y *dd*; adicionalmente estos ensayos se realizaron también utilizando como templado DNA genómico de cerdo raza Meishan y de cerdos genéticamente heterogéneos. Para tales fines se sometieron a un proceso de amplificación utilizando un termociclador (The PTC-100 programmable Thermal Controller MJ Research, Inc.) con el siguiente programa: desnaturalización inicial a 94°C por 2 minutos, seguido de 30 ciclos de desnaturalización a 94°C por 15 segundos, alineamiento a 55°C por 2 minutos y un siguiente paso de extensión a 72°C por 3 minutos, finalmente se aplicó un paso de extensión a 72°C por 5 minutos. Se utilizaron los marcadores de peso molecular VIII y XIV (ROCHE) y posteriormente se visualizaron los productos amplificados en un transiluminador de luz ultravioleta. Al terminar la reacción de amplificación las muestras fueron almacenadas a 4°C. A la par de estos ensayos se realizaron reacciones de control positivo consistente en los mismos reactivos y oligonucleótidos pero utilizando como templado el plasmido del gen *Q9* murino y un ensayo de control negativo que contenía los mismos componentes a excepción de templado, este control nos permitió determinar que los productos amplificados por PCR, fueron resultado de una amplificación debida al templado utilizado y no a contaminantes. Los componentes de la reacción de PCR se muestran en la tabla 3.

Tabla 3. Componentes de la reacción de PCR.

Reactivo	Volumen	Concentración final
H <sub>2</sub> O estéril	72µl	cbp 100ml-
Buffer PCR	10µl	1x
Mezcla Dinucleótidos	2µl	0 2mM
Oligo forward	5µl	0 1-1µM
Oligo reverse	5µl	0 1-1µM
Taq DNA Polimerasa	1µl	1-5 unidades/100µl
DNA	5µl	<1µg/100ml
Volumen final	100µl	

### 3.5.- Ensayos de RT-PCR.

La reacción reversa en cadena de la DNA polimerasa o RT-PCR (Retro-transcriptase Polymerase Chain Reaction) consiste de dos etapas básicas primero la síntesis de un DNA complementario a partir de RNA y segundo la PCR

**Síntesis de cDNA.** El cDNA (DNA complementario al mRNA) se sintetizó a partir del mRNA (ácido ribonucleico mensajero) aislado y purificado de linfocitos de un cerdo infectado con el metacestodo de *T. solium*. El mRNA eucariótico tiene una cola de poli-Adeninas en el extremo 3', lo que se aprovecha para purificarlo del resto de los RNAs celulares a través de un adaptador que es un oligo dT, al cual se une selectivamente por la cola de poliA. Esta misma característica se utiliza para iniciar la síntesis de una cadena complementaria de DNA. Se requiere la unión de un iniciador (oligo<sub>15-25</sub> dT) al mRNA se agrega dNTPs y la transcriptasa inversa que sintetiza la hebra de DNA a partir del iniciador, usando el mRNA como molde. Luego se destruye el mRNA con RNAsa y el DNA se autocopia a partir del extremo 3' con ayuda de una DNA polimerasa. El "loop" estructural formado en un extremo del DNA doble hebra se rompe con nucleasa S1. Así se obtiene el DNA de doble cadena. Para dicho ensayo se agregó en un tubo de 1.5ml estéril y libre de RNAsas 10µl de RNA de linfocito de cerdo, 1µl de oligo dT y 4.5µl de agua libre de RNAsas (Gibco) se incubó por



10 minutos a 70°C y posteriormente se enfrió por un minuto en hielo, se centrifugo brevemente y se adicionó 2.5 µl de buffer 10x PCR, 2.5 µl de 25mM de MgCl<sub>2</sub>, 2.0 µl de 10mM de dNTPs y 2.5 µl de 0.1M de DTT se mezcló suavemente y se incubó por 1 min a 42°C. Se adicionó 0.5 µl de Superscript (Gibco) Se incubó a 42°C por 50 min. Se inactivó la enzima incubando la reacción a 72°C por 15 minutos, se incubó por 3 min a 37°C y se le agregó 1 µl de RNasa H, se incubó por 50 min a 37°C. Se aforó la mezcla a un volumen final de 100 µl, se le agregó 100 µl de una solución de 50% fenol y 50% cloroformo, se agitó vigorosamente en un vortex. Se removio la fase acuosa en un tubo nuevo de 1.5 ml. Se adicionó 1/10 de volumen de acetato de sodio 3M. Se agregaron 2.5 volúmenes de etanol puro previamente enfriado a -20°C, la mezcla se mantuvo a -70°C por 1 hr. Posteriormente la muestra se centrifugó por 15 minutos a 13,000 rpm en una microcentrifuga (Eppendorf 5415D). Se desechó el sobrenadante cuidadosamente y el botón fue lavado con 1ml de etanol al 70%. Se centrifugó por 10 minutos a 13,000 rpm y se desechó el sobrenadante. El botón fue resuspendido en un volumen adecuado de agua libre de RNasa la cual fue usada en todas las resuspensiones de los experimentos (Gibco).

Las reacciones se realizaron utilizando un termociclador (The PTC-100 programmable Thermal Controller MJ Research, Inc.) con el siguiente programa: desnaturalización inicial a 94°C por 5 min, seguido de 35 ciclos de desnaturalización a 95°C por 1 min, alineamiento a 55°C por 1 min y un siguiente paso de extensión a 72°C por 1 min, finalmente se aplicó un paso de extensión a 72°C por 5 min, las muestras fueron almacenadas a 4°C hasta su corrimiento. El producto fue reamplificado nuevamente por PCR utilizando las mismas condiciones de amplificación que se aplicaron a la reacción de RT-PCR y que se muestran en la tabla 4. Este producto fue corrido en un gel al 1.5% de agarosa y las bandas visualizadas en el gel fueron cortadas y purificadas por un kit comercial y siguiendo las instrucciones del fabricante (QIAquick Gel Extraction QIAGEN).

Tabla 4. Componentes de la reacción de RT-PCR.

Reactivo	Volumen	Concentración final
H <sub>2</sub> O estéril	72µl	cbp 100ml-
Buffer PCR	10µl	1x
Mezcla Dinucleótidos	2µl	0 2mM
Oligo forward	5µl	0 1-1µM
Oligo reverse	5µl	0 1-1µM
Taq DNA Polimerasa	1µl	1-5 unidades/100µl
DNA	5µl	<1µg/100ml
Volumen final	100µl	

### 3.7.- Ensayos de RACE-PCR.

La técnica de RACE-PCR (Rapid amplification of cDNA ends by Polimerasa Chain Reaction) es utilizada para la rápida amplificación de los extremos terminales del cDNA. La técnica es recomendada para clonar los extremos 5' y 3' del RNAm, para la amplificación de mensajeros desconocidos, y para conseguir secuenciar y conocer los extremos 5' y 3' con muy poca información de la secuencia.

El cDNA se sintetizó a partir del mRNA aislado y purificado de linfocitos de un cerdo infectado con el metacestodo de *Taenia solium*. Para dicho ensayo se agregó en un tubo de 1.5 ml esteril y libre de RNAsas 8 µl de RNA, 1 µl del oligo ex3q9s y 6 µl de agua (Gibco) se mezcló suavemente agítandolo con el dedo entonces se incubó por 10 minutos a 70°C y posteriormente se enfrió por un minuto en hielo. Se adicionó 2.5 µl de 10x de Buffer PCR, 1.25 µl de MgCl<sub>2</sub>, 2.5 µl de dTT 1M, 2.0 µl de dNTPs 10mM se mezcló suavemente con el dedo y se incubó por 1 min a 42°C. Se adicionó 0.5 µl de Superscript (Gibco). Se mezcló e incubó a 42°C por 1 hr. Se incubó a 70°C por 15 minutos para terminar la reacción. Entonces la mezcla se centrifugó a 13,000rpm por 10-15 seg. Se incubó la reacción a 37°C por 5 min y posteriormente se le agregó 1 µl de RNAsa H para desintegrar las cadenas sencillas de RNA y trabajar solo con cDNA, se mezcló e incubó por 50 min a 37°C. Se aforó la mezcla a un volumen final de 100 µl, agregándole 73 µl de agua, se le agregó 100 µl de una solución de 50% fenol y 50% cloroformo, se agitó vigorosamente en un vortex. Se removió la fase acuosa en un tubo nuevo de 1.5 ml y se adicionó 1/10 de volumen de acetato de sodio 3M y se adicionaron 2.5 volúmenes de etanol puro previamente enfriado a -20°C, la mezcla se mantuvo a -70°C por 1 hr. Posteriormente la muestra se centrifugó por 15 minutos a 13,000 rpm en una microcentrifuga (Eppendorf 5415D). Se desechó el sobrenadante cuidadosamente y el botón fue lavado con 1 ml de etanol al 70%. Se centrifugó por 10 minutos a 13,000 rpm y se desechó el sobrenadante. El botón fue resuspendido en 5.5 µl de agua. Se adicionó 2 µl de IdT buffer, 1 µl dATP 1mM y 1.5 µl de terminal transferasa, se incubó por 37°C por 30 min. Se incubó por 2 min a 65°C. Se adicionó 1 µl de Acetato de Sodio 3M, 10 µl de Isopropanol se mezcló en el vortex y se centrifugó por 15 min a 13,000 rpm. El botón se resuspendió en 5 µl de agua y se tomaron 2.5 µl para usarse como templado en una reacción de PCR que se muestra en la tabla 5. Para amplificar los productos obtenidos se utilizó un termociclador (The PTC-100 programmable Thermal Controller MJ Research, Inc.) con el siguiente programa: desnaturalización inicial a 94°C por 1 min, seguido de 37 ciclos de desnaturalización a 95°C por 1 min, alineamiento a 55°C por 1 min y un siguiente paso

de extensión a 72°C por 1 min, finalmente se aplicó un paso de extensión a 72°C por 15 min, entonces las muestras fueron almacenadas a 4°C hasta su corrimiento. Una vez concluido el proceso de amplificación, el 10% de los productos fue analizado en un gel de agarosa al 1.5%, teñido con bromuro de etidio y corrido a 45 voltios durante 120 min, se visualizaron los productos amplificados en un transiluminador de luz ultravioleta estas bandas visualizadas fueron cortadas y purificadas y nuevamente reamplificadas por PCR.

**Tabla 5. Componentes de la reacción de RACE-PCR.**

Reactivo	Volumen	Concentración final
H <sub>2</sub> O esteril	39.5 µl	cbp 50 µl-
Buffer PCR	5 µl	1x
Mezcla Dinucleótidos	1 µl	0.2 mM
Oligo dT	0.5 µl	0.1-1 µM
Oligo reverse*	1 µl	0.1-1 µM
Taq DNA Polimerasa	0.5 µl	1-5 unidades/100 µl
Templado DNA	2.5 µl	<1 µg/100 ml
Volumen Final	50 µl	

\*Los oligonucleótidos utilizados en las reacciones identificadas como:

    pig 1-1 fué el oligonucleótido identificado como ex3q9s;

    pig 1-2 fué el oligonucleótido identificado como ex3q9gr2;

    pig2-1 fué el oligonucleótido identificado como ex22;

    pig2-2 fué el oligonucleótido identificado como ex2q9sr

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

### 3.8.- Clonación de Productos de PCR, RT-PCR y RACE-PCR.

Los productos se corrieron en un gel de agarosa al 1.5% a 65 volts durante 80 minutos, los fragmentos observados se cortaron del gel y fueron purificados por medio de Qiaquick Gel Extraction Kit (QIAGEN) siguiendo las instrucciones del fabricante, estos productos se cuantificaron y fueron clonados en el vector pGEM-T EASY Vector Systems (Promega)

### 3.9.- Secuenciación de Productos Amplificados

Los productos amplificados fueron secuenciados por la Universidad de California Northridge utilizando un secuenciador automático y el programa ABI Prism 377. Las reacciones de secuenciación se realizaron utilizando el oligo diseñado a partir del promotor de la región de la RNA T7 y el oligo diseñado a partir de la región SP6 del vector de clonación pGEM-T Easy (Promega). Las secuencias fueron remitidas en el formato FASTA y se analizaron en el programa BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>)

### 3.10.- Ensayos de Southern Blot.

Este método se fundamenta en la propiedad de complementariedad del DNA. El ensayo consiste en usar fragmentos de DNA marcados que se utilizan para detectar a los fragmentos complementarios. La sensibilidad de esta técnica es inferior a la de la PCR y depende del tamaño del genoma de la especie analizada. El ensayo Southern blot permite la identificación de un fragmento específico de el gen de interés, en base al tamaño seleccionado en un gel de agarosa cuyo contenido de DNA se transfiere a un filtro de nylon o nitrocelulosa mediante capilaridad y el filtro se hibrida usando una sonda apropiada para la detección del gen. Esto facilita la ubicación de un gen dentro de un fragmento grande que ha sido digerido en varios segmentos más pequeños mediante el uso de enzimas de restricción.

Para este análisis se realizaron dobles digestiones con las enzimas HindIII y BamHI y con Sall y EcoRI (Roche) sobre 20µg de DNA genómico de cerdo haplotipo cc y dd, de 2 cerdos genéticamente heterogéneos (79 y 80), y con una muestra de un cerdo raza Meishan. Adicionalmente se digirieron 20ng del plasmido Q9 con ambas enzimas y 20ng de plasmido se usaron como control de corte. Se corrieron las muestras en un gel al 1.2% de agarosa a 20 voltios por 14 hr. El gel fue teñido con Bromuro de Etidio y se visualizó en un transiluminador de luz UV. Se desnaturalizó el DNA agitando el gel en una charola durante 45 min con una solución desnaturalizante 1.5M NaCl,

0.5N NaOH. Se lavó el gel con H<sub>2</sub>Odd y se agitó por 30 min en una solución neutralizante 1M Tris (pH 7.4). 1.5M NaCl se desechó la solución y se agregó una nueva y se agitó por 15 minutos mas. Posteriormente se procedió realizar la transferencia siguiendo el procedimiento previamente descrito (Sambrook y Maniatis 1989)

Las condiciones del ensayo fueron:

Prehibridización - la membrana se colocó en 0.2ml de solución de prehibridización (ver apéndice) por cada cm<sup>2</sup> de filtro de nylon o nitrocelulosa. Se incubó por 24 hr a 42°C

Hibridización - la sonda se agregó a la solución de prehibridización previamente desnaturalizada a 100°C por 5 minutos y enfriada en agua fría. Se incubó a 45°C por 12 hr

Lavado - la membrana se lavó en una solución 2x SSC y 0.5% SDS a temperatura ambiente después de 5 min se desechó la solución y se colocó en una solución 2x SSC y 0.1% SDS se incubó 15 min a temperatura ambiente y con ligera agitación. Se desechó la solución y se colocó en una solución 1x SSC y 0.1% SDS se incubó 15 min con agitación a 50°C se desechó la solución y se repitió el proceso tres veces. Brevemente se lavó la membrana con 0.1x de SSC a temperatura ambiente y se procedió a exponer la membrana en una película de rayos X (kodak XAR-2) por 24 hr a -70°C. Se reveló la película. Se lavó la membrana con las mismas condiciones detalladas anteriormente con la variante de aumentar la temperatura de lavado a 60°C. Se procedió a exponer y revelar la película. Finalmente la membrana fue lavada por tercera vez siguiendo el protocolo mencionado pero aumentando la temperatura de lavado a 65°C. Se expuso y reveló

Como sonda se utilizó el producto amplificado por RT-PCR (148 pb) que fue marcado con dATP  $\alpha$ -<sup>32</sup>P (AMERSHAN) por medio de PCR y utilizando las mismas condiciones usadas en el ensayo de RT-PCR, este producto fue amplificado utilizando un termociclador (The PTC-100 programmable Thermal Controller MJ Research, Inc) con el siguiente programa: desnaturalización inicial a 94°C por 5 min, seguido de 35 ciclos de desnaturalización a 95°C por 1 min, alineamiento a 55°C por 1 min y un siguiente paso de extensión a 72°C por 1 min, finalmente se aplicó un paso de extensión a 72°C por 5 min, entonces las muestras fueron almacenadas a 4°C hasta su corrimiento y los reactivos enumerados en la Tabla 6

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

Tabla 6. Reactivos para PCR y amplificar sonda radioactiva.

Reactivo	Volumen	Concentración final
H <sub>2</sub> O esteril	39 5µl	cbp 50ml-
Buffer PCR	5µl	1x
dATP $\alpha$ - <sup>32</sup> P	1µl	0 2mM
dCTP	0 5µl	0 2mM
dGTP	0 5µl	0 2mM
dTTP	0 5µl	0 2mM
Oligo forward	0 5µl	0 1-1µM
Oligo reverse	0 5µl	0 1-1µM
Taq DNA Polimerasa	1µl	1-5 unidades/100µl
DNA	1µl	<1µg/100ml
Volumen final	50µl	

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## 4.- Resultados.

### 4.1 Ensayos de PCR.

Concluido el proceso de amplificación por PCR, el 10% de los productos fue analizado en un gel de agarosa al 2%, teñido con bromuro de etidio y corrido a 85 voltios durante 45 minutos. En todas las reacciones de PCR utilizando DNA genómico se observaron amplificaciones pero estas resultaron ser irrelevantes para los objetivos planteados en este trabajo de tesis motivo por el cual no se muestran.

### 4.2 Ensayos de RT-PCR.

Utilizando un conjunto de oligonucleótidos diseñados a partir del gen *Q9* murino, se logró amplificar un producto de 148pb aproximadamente, para lograr dicha amplificación se utilizaron un par de oligonucleotidos diseñados a partir del exón 2 y del exón 3, el oligonucleótido diseñado a partir del exón 2 (exón2q9g2) corresponde a una región consenso dentro de las moléculas del MHC clase I de cerdo y clase Ib de ratón es decir este oligonucleótido no degenerado nos garantizaría la amplificación de un producto específico de moléculas del MHC clase I, mientras tanto el oligonucleótido diseñado a partir del exón 3 (exón3q9s) es un oligonucleótido degenerado pero específico y exclusivo del gene *Q9* murino, de esta manera y utilizando este par de oligonucleótidos se garantizaría que se lograría amplificar un producto correspondiente a los genes clase I pero también con la especificidad de que pudiera ser un homólogo al gene de interés.

En el ensayo de RT-PCR se realizó una reacción como control positivo consistente en los mismos reactivos y oligonucleótidos pero utilizando como templado el cDNA de linfocitos de la cepa de ratón C57BL/6J cepa Qa-2+ y dos controles negativos, uno que contenía los mismos componentes a excepción del templado que correspondió al cDNA de un ratón BALB/cAnN cepa Qa-2- y otro que contenía todos los reactivos a excepción del templado. Este último nos permitió determinar que los productos amplificados por la reacción de RT-PCR, fueron resultado de una amplificación debida al templado utilizado y no a contaminantes. Una vez concluido el proceso de amplificación por RT-PCR, el 10% de los productos fue analizado en un gel de agarosa al 2%, teñido con bromuro de etidio y corrido a 85 voltios durante 45 minutos, se visualizaron los productos amplificados en un transiluminador de luz ultravioleta (Figura 3). El producto fue reamplificado nuevamente por PCR.

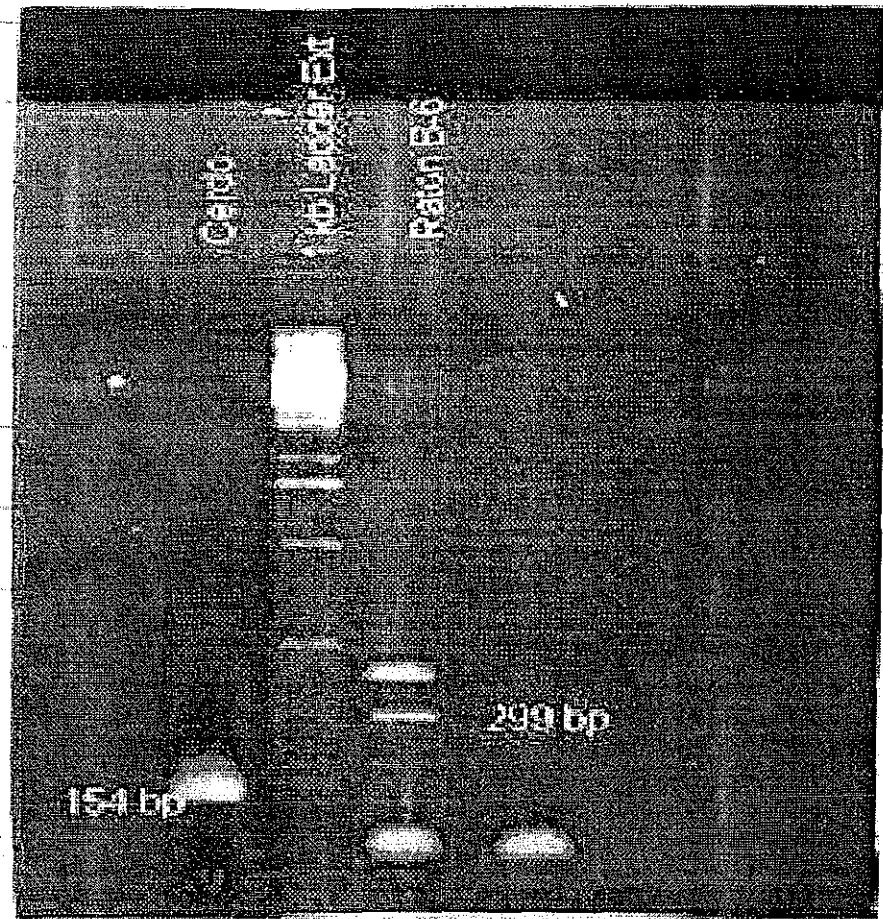


(Figura 4). Este producto fue corrido en un gel al 1.5% de agarosa y purificado (QIAquick Gel Extraction QIAGEN) (Figura 5)

La secuencia amplificada en el ensayo de RT-PCR usando RNA de linfocitos de cerdo se alineó en el programa BLAST y siguiendo las recomendaciones del proveedor del servicio ([http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/index\\_compat.html](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/index_compat.html)) se observó que dicha secuencia tiene una gran similitud con los genes clásicos reportados en la base de datos reportadas en el National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). No se encontró una similitud al 100% con las secuencias de genes y proteínas alineadas dentro de estas bases de datos por lo tanto la secuencia amplificada corresponde a alguna secuencia aun no reportada.

Los alineamientos realizados con la secuencia de nucleótidos del amplificado con la secuencia de nucleótidos del exón 1-3 del gen *Q9* reveló que de las 148 b alineadas existe una región que tiene su correspondiente similar en dicho segmento, habiendo 110 b similares en una región de 129 b, lo que representa una similitud en esta zona del 85% con el gen *Q9* murino. Con respecto a la similitud que guarda esta secuencia con genes pertenecientes al SLA existe una región en la cual 126 b de 137 b alineadas tienen su correspondiente, lo que representa hasta un 91% de similitud. Esta misma secuencia de nucleótidos fue alineada en el programa BLAST BASIC y en el alineamiento general se observó una similitud entre el 89% y 91% con secuencias de genes del MHC en diferentes especies.

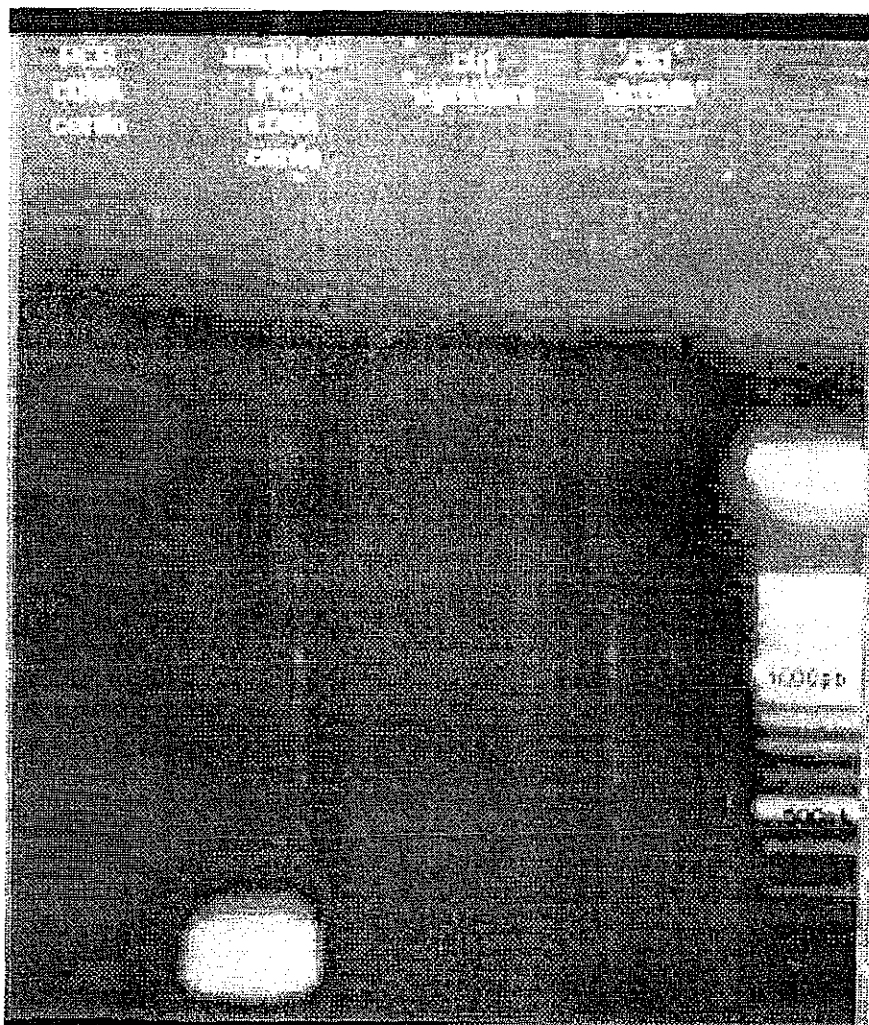
Los alineamientos realizados con la secuencia amplificada en el programa CLUSTAL (<http://dot.imgen.bcm.tmc.edu:9331/multi-align/multi-align.html>) se realizó entre la secuencia de aminoácidos de la clona 1 y la secuencia de aminoácidos correspondiente al exón 1-3 del gene *Q9* murino reportada en el Genebank (NCBI). La secuencia obtenida fue traducida utilizando los tres diferentes marcos de lectura utilizando para esto el programa DNAMAN. Estas secuencias se alinearon a la secuencia de aminoácidos correspondiente al producto codificante del gene *Q9* murino (molécula Qa-2). En el alineamiento con la secuencia de aminoácidos existen 32 aminoácidos que tienen su correspondiente en la secuencia de *Q9* de 50 aa lo que representa un 80% de similitud en esta región. Todos los alineamientos realizados con las secuencias amplificadas por el ensayo de RT-PCR se encuentran en el anexo 1.



**Figura 3. Ensayo de RT-PCR**

Gel de agarosa al 2%, teñido con bromuro de etidio y corrido a 85 voltios durante 45 minutos, en el carril identificado como cerdo (primero de izquierda a derecha) se observa un amplificado de aproximadamente 154 pb, en el segundo carril se muestra el marcador de peso molecular, en el tercer carril el control positivo de la reacción usando como templado RNAm de ratón C57BL/6J cepa Qa-2 positivo. Se observa el amplificado esperado alrededor de 299 pb y un amplificado de 400 pb inespecífico, en el cuarto carril el control negativo de la reacción donde se observan solo los oligonucleótidos empleados.

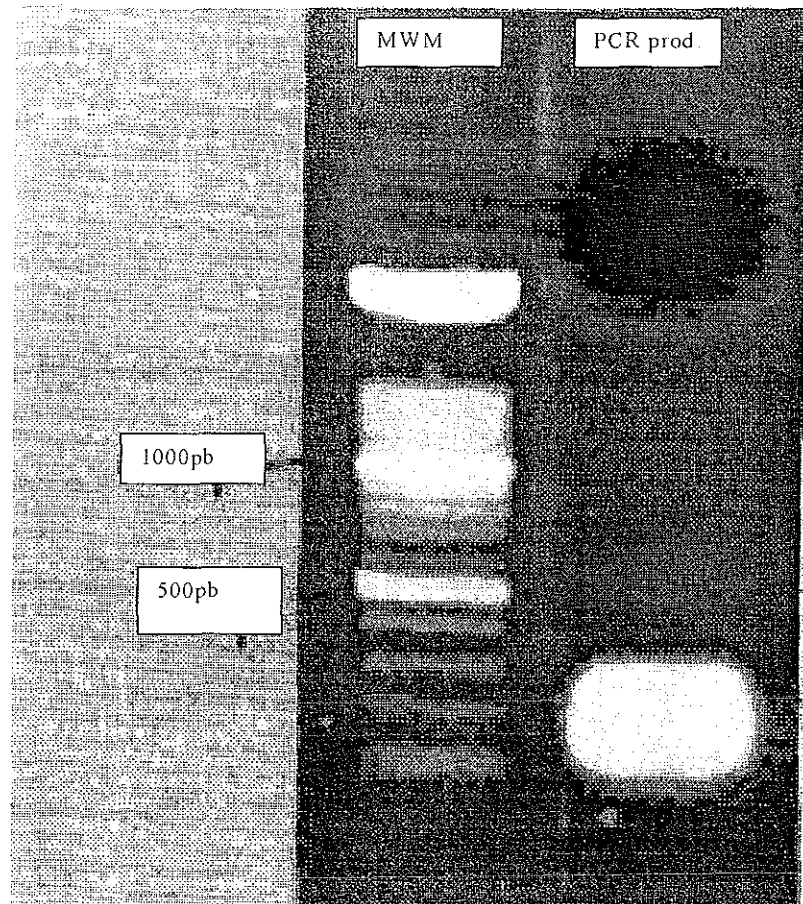
TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN



**Figura 4. Reamplificación por PCR del producto amplificado por RT-PCR.**

Gel de agarosa al 2%, teñido con bromuro de etidio y corrido a 85 voltios durante 45 minutos, en el carril identificado como Templado PCR cDNA cerdo (segundo de izquierda a derecha) Se observa un amplificado de aproximadamente 154 pb, en el tercer y cuarto carril el control negativo de la reacción y en el quinto carril el marcador de peso molecular

**TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN**



**Figura 5.** Producto de PCR cortado y purificado para clonar en el vector pGEM-I-Easy Vector. En el primer carril (MWM) se muestra el marcador de peso molecular XIV (ROCHE), en el segundo carril se muestra el producto de la reamplificación de la reacción de RT – PCR (PCR prod.) mismo que fue corrido en un gel al 1.5% de agarosa y purificado con el kit comercial Qiaquick gel extraction (QIAGEN) para ser clonado y secuenciado.

EL SIS CON  
FALLA DE ORIGEN

#### 4.3 - Secuencia.

La secuencia mostrada en letras negritas corresponde al amplificado obtenido por RT-PCR usando como templado RNA de un cerdo infectado con cisticercos. La secuencia mostrada en letra normal corresponde a las regiones del vector pGEM-I Easy utilizado para clonar la secuencia, por lo tanto dicha secuencia no fue tomada en cuenta para realizar los alineamientos posteriores reportados en este trabajo de tesis.

#### 7406.ruben.iib CLON1.T7

**GNNAGNNNGNNTTCNCNNNTTAATGGCCTTCGTNGCATGCTCCCGGCCGT  
NTGGCGGCCCGCGGGAATTCGATTTACGTGGACGACACGCAGTTCGTGCGG  
TTCGACAGCGACGCCCAAATGCAAAGACGGAGCCGCGGGCGCAGTGGAT  
AGAGAAGGAGGGGCAGGAGTATTGGGATCGGGAGACCGGGAACGTCATGG  
GCATCGCACAAAAGACCAAATCACTAGTGAATTTCGCGGCCGCCTGCAGG  
TCGACCATATGGGAGAGCTCCCAACGCGTTGGATGCATAGCTTGAGTATT  
CTATAGTGTACCTAAATAGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGTTTCC  
TGTGTGAAATTGTTATCCGCTCACAAATCCACACAACATACGAGCCGGAA  
GCATAAAGTGTAAGCCTGGGGTGCCTAATGAGTGAGCTAACTCACATTA  
ATTGCGTTGCGCTCACTGCCCGCTTTCAGTCGGGAAACCTGTCGTGCCA  
GCTGCATTAATGAATCGGCCAACGCGCGGGGAGAGGCGGTTTGCGTATTG  
GGCGCTCTCCGCTTNCTCGCTCACTGACTCGCTGCGCTCGGTTCGTTCGG  
CTGCGGCGAGCGGTATCAAGCTCACTCAAAGGCGGTAATACNGTTATCCA  
CAGNATCAGGGGATAACGCAGGANAGANCATGTTGAGCAAAGGCCAGCA  
ANAAGGCCANGANCCCGTAAAAAGGCCGCGTTGCTTGGCGTTTTTCCAT**

La secuencia para los posteriores alineamientos en el programa BLAST fue seleccionada (148 pb) después de ser alineada en el programa BLAST con la secuencia correspondiente al vector pGEM-I Easy. Dicha secuencia está compuesta por:

A 42

C 34

G 54

T 18

Se identificó como la clona 7406.ruben.iib CLON1.T7 y se muestra a continuación:

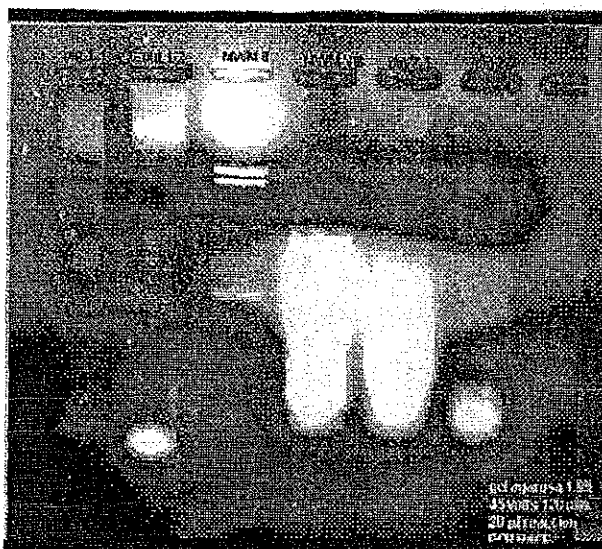
**TTACGTGGACGACACGCAGTTCGTGCGGTTTCGACAGCGACGCCCAAATGCAAAGAC  
GGAGCCGCGGGCGCAGTGGATAGAGAAGGAGGGGCAGGAGTATTGGGATCGGGAGAC  
CGGGAACGTCATGGGCATCGCACAAAAGACCAA**



#### 4.4 Ensayos de RACE-PCR.

Una vez concluido el proceso de amplificación, el 10% de los productos fue analizado en un gel de agarosa al 1.5%, teñido con bromuro de etidio y corrido a 45 voltios durante 120 min, se visualizaron los productos amplificados en un transiluminador de luz ultravioleta (Figura 6) estas bandas visualizadas fueron cortadas y purificadas y nuevamente reamplificadas por PCR (Figura 7).

Las secuencias de los ensayos de RACE-PCR y su correspondiente análisis y alineamiento no se incluyen en este reporte por permanecer aun inconcluso



**Figura 6. Productos amplificados por el ensayo RACE-PCR.**

Con el 10% de los productos del ensayo de RACE-PCR. Se corrió un gel de agarosa al 1.5%. El gel se tiñó con bromuro de etidio y se corrió a 45 voltios durante 120 min, en el carril 1 de izquierda a derecha la muestra identificada como pig 1-1, en el carril 2 la muestra pig 1-2, en el carril 3 y 4 el marcador de peso molecular en el carril 5 la muestra pig 2-1, en el carril 6 la muestra pig2-2 estas bandas visualizadas fueron cortadas y purificadas y nuevamente reamplificadas por PCR.

**TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN**

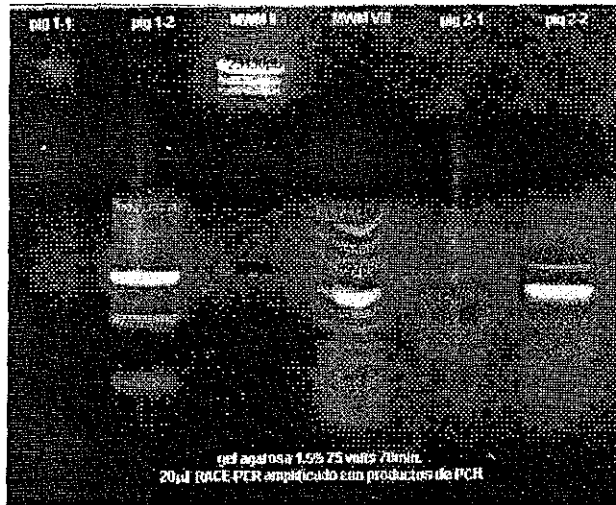


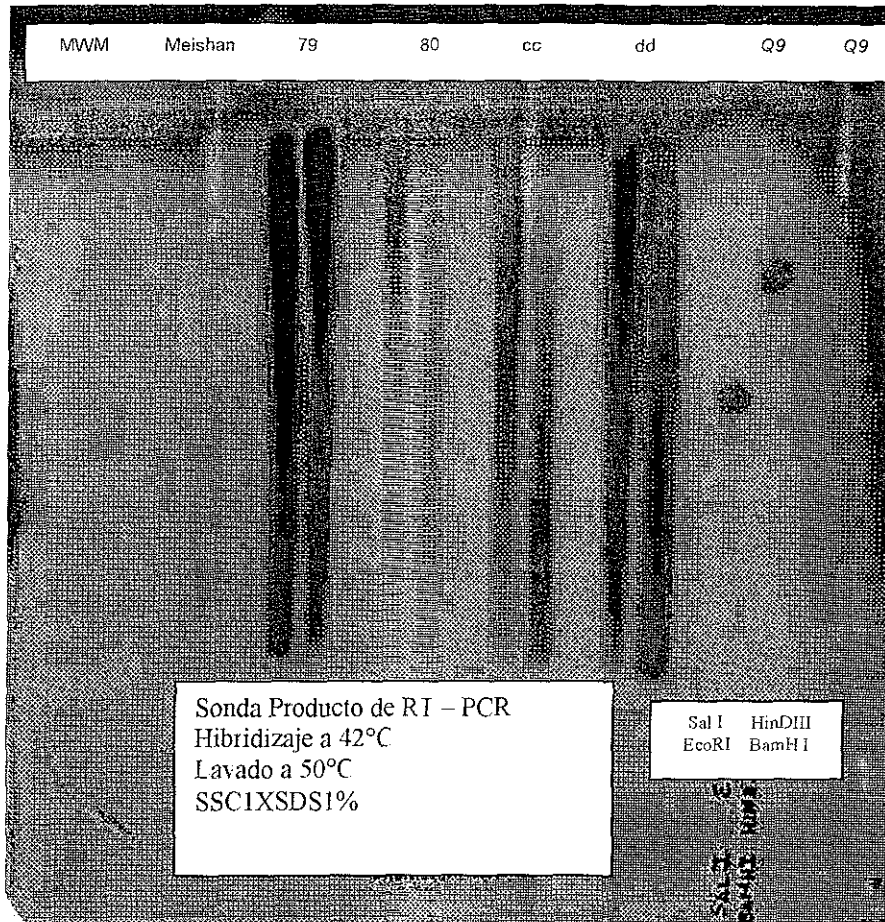
Figura 7. Productos reamplificados por el ensayo RACE-PCR.

De izquierda a derecha carril 1 muestra pig 1-1, carril 2 muestra pig 1-2, carril 3 y 4 marcador de peso molecular II y VIII , carril 5 muestra pig 2-1, carril 6 muestra pig2-2

#### 4.5.- Ensayos de Southern Blot.

En estos ensayos se observa que la hibridización a 42°C con la sonda marcada no se pierde tanto en el control positivo (plasmido del gen *Q9*) y en las correspondientes muestras de DNA genómico de cerdo (a excepción de la muestra correspondiente al DNA de cerdo de Raza Meishan en cuyos carriles 2 y 3 comenzando de izquierda a derecha no se observa absolutamente ningun rastro de hibridización) a pesar de las condiciones de astringencia utilizados para lavar la membrana a 50°C (Figura 8) Al lavarse la membrana con las mismas condiciones detalladas anteriormente con la variante de aumentar la temperatura de lavado a 60°C (Figura 9) la señal de hibridización se sigue conservando Finalmente la membrana fue lavada por tercera vez siguiendo el protocolo mencionado pero aumentando la temperatura de lavado a 65°C (Figura 10) y aún en estas condiciones de astringencia la señal de hibridización se conservan

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

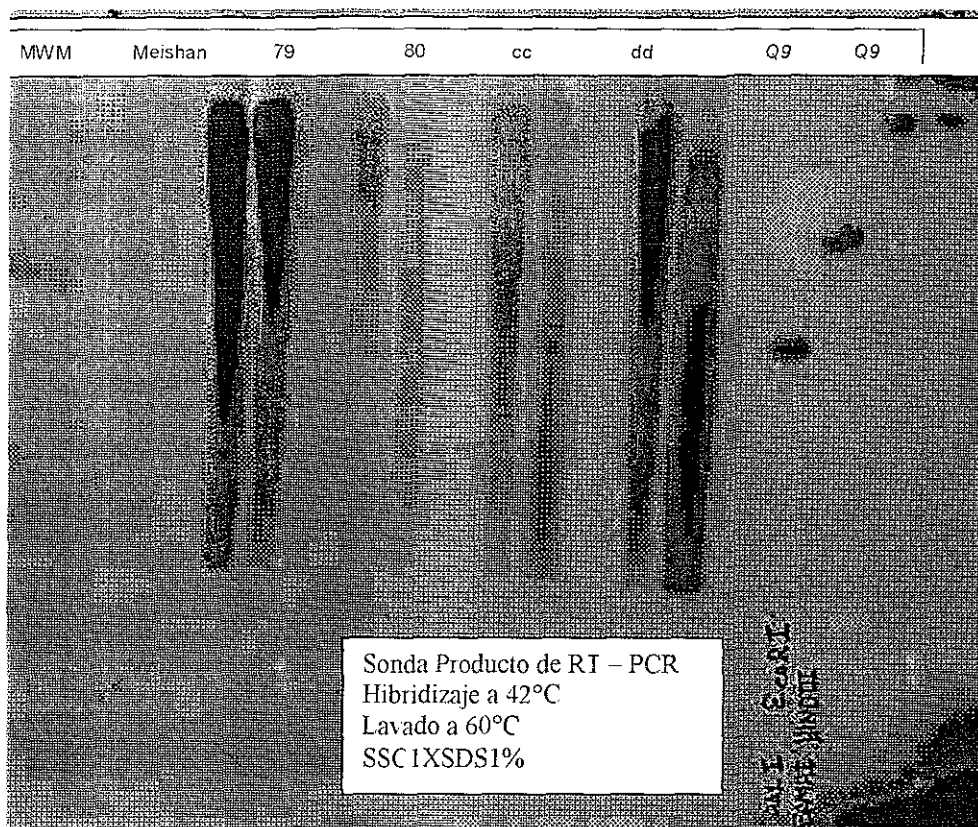


**Figura 8. Ensayo de Southern blot**

El DNA genómico fue digerido con dos pares de enzimas Sal I / EcoRI y con HinDIII / BamHI. De izquierda a derecha, en el carril 1 marcador de peso molecular en el carril 2 y 3 muestra cerdo Meishan, en el carril 4 y 5 muestra 79, en el carril 6 y 7 muestra 80, en el carril 8 y 9 muestra cc, en el carril 10 y 11 muestra dd en el carril 12 y 13 plasmido Q9 y en el carril 14 y 15 plasmido Q9 sin digerir. La membrana se hibridó por 24 horas a 42°C y se lavó a 50°C

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

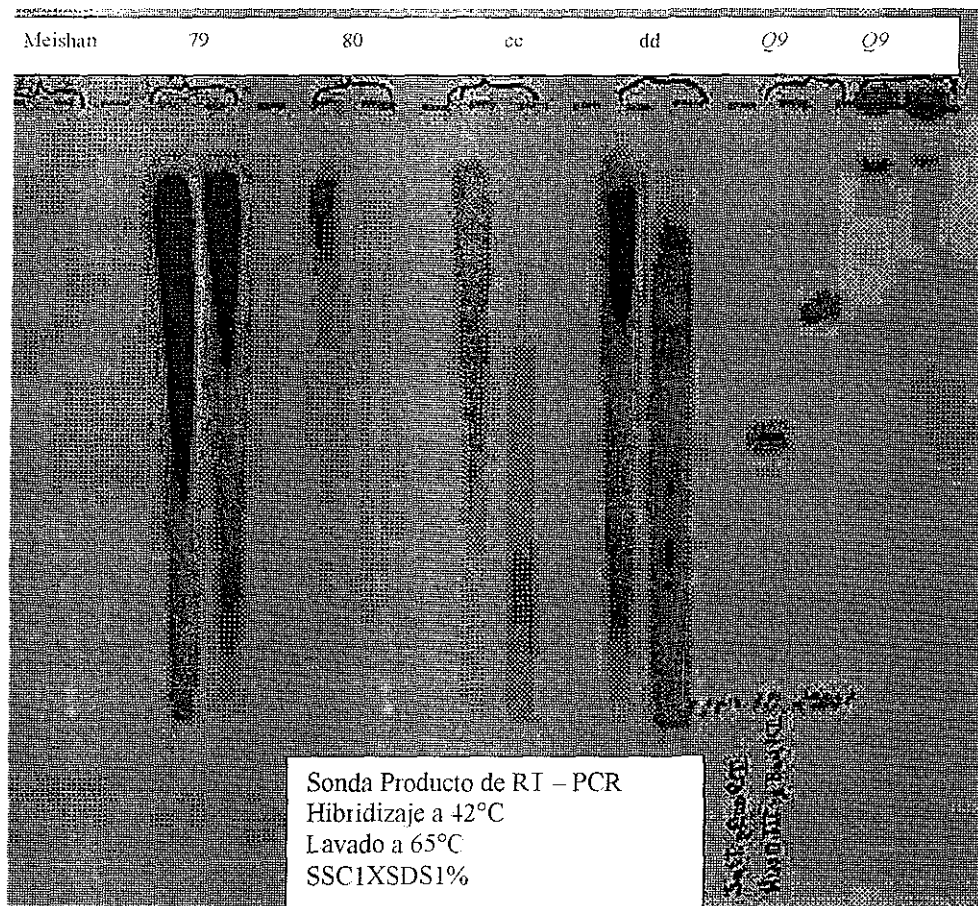




**Figura 9. Ensayo de Southern blot**

La misma membrana utilizada en el ensayo anterior se lavó a 60°C. De izquierda a derecha, en el carril 1 marcador de peso molecular en el carril 2 y 3 muestra cerdo Meishan, en el carril 4 y 5 muestra 79, en el carril 6 y 7 muestra 80, en el carril 8 y 9 muestra *cc*, en el carril 10 y 11 muestra *dd* en el carril 12 y 13 plasmido *Q9* y en el carril 14 y 15 plasmido *Q9* sin digerir

TESIS CON  
 FALLA DE ORIGEN



**Figura 10. Ensayo de Southern blot**

Por tercera vez la misma membrana utilizada en los ensayos anteriores se lavó 65°C De izquierda a derecha, en el carril 1 marcador de peso molecular en el carril 2 y 3 muestra cerdo Meishan, en el carril 4 y 5 muestra 79, en el carril 6 y 7 muestra 80, en el carril 8 y 9 muestra cc, en el carril 10 y 11 muestra dd en el carril 12 y 13 plasmido Q9 y en el carril 14 y 15 plasmido Q9 sin digerir

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## 5.- Discusión

La posibilidad de seleccionar o producir cerdos genéticamente más resistentes a la cisticercosis sería una de las alternativas para controlar esta enfermedad tanto en el ser humano como en el cerdo. La determinación genética de la susceptibilidad o resistencia se ha explorado extensamente tanto en enfermedades no infecciosas como diabetes (Mori *et al.*, 2001), cáncer (Susi *et al.*, 2001; Chappuis *et al.*, 2001) como en aquellas de clara etiología infecciosa (Skamene *et al.*, 1998) o parasitaria (Mackinnon *et al.*, 2000). Esta área ha cobrado nuevas posibilidades en el contexto de los avances de la genética y la biología molecular. Así, existe actualmente la tecnología necesaria para la identificación de genes ligados a la resistencia y susceptibilidad en una amplia gama de enfermedades en las poblaciones humanas y animales. En un modelo de cisticercosis, se reportó la existencia de diferentes grados de resistencia a la infección por metacéstodos de *Taenia crassisepe* en distintas cepas de ratones. Estudios ulteriores permitieron demostrar que la proteína Qa-2 (producto del gen clase I no clásico del MHC denominado Q9) participa en la capacidad de controlar el número de parásitos presentes en la cavidad peritoneal de ratones experimentalmente infectados. Esta observación surgió de un primer estudio de asociación “linkage” y un estudio posterior en el cual la transferencia del gen Q9 transfería mayor resistencia a la cisticercosis murina (Fragoso *et al.*, 1991; 1996; 1998).

En poblaciones porcinas que se crían en áreas endémicas a esta parasitosis, se ha observado la presencia de cerdos altamente infectados y otros que solo presentan algunos parásitos. Estos hallazgos son compatibles con diferencias innatas de resistencia y susceptibilidad a la cisticercosis porcina causada por el metacéstodo de *T. solium* (Huerta *et al.*, 2000). Sin embargo, resulta complejo distinguir en estas poblaciones entre diferencias innatas y las resultantes de un diferente tamaño de desafío. Los primeros experimentos que demostraron diferencias innatas en la susceptibilidad a la cisticercosis porcina, se realizaron desafiando en condiciones equivalentes un conjunto de 20 cerdos producidos en una granja semitecnificada libre de cisticercosis a partir de cerdas genéticamente heterogéneas (criollas). Se observó que el 20% de los cerdos presentaban entre 800 y 1000 cisticercos mientras el resto de los cerdos presentó menos de 600 parásitos (Huerta *et al.*, 2000). Estas observaciones aunadas al gen de resistencia identificado en el modelo murino de cisticercosis, alentaron la búsqueda de genes homólogos a Q7 ó Q9 ó proteínas ortólogos a Qa-2

producto de la codificación de dichos genes en otras especies (Cao *et al.*, 1999) para en un estudio ulterior evaluar su posible asociación con la resistencia a la cisticercosis por *T. solium*

Entre las metodologías implementadas para la búsqueda de genes homólogos se han reportado el uso de ensayos de hibridización "Southern" utilizando librerías tanto de DNA genómico como de cDNA, estudios de "Northern Blot" (Urasaki *et al.* 2000; Yamada *et al.*, 2001) así como el uso de la PCR y RT-PCR para amplificar regiones homólogas de los genes buscados a partir de DNA genómico y RNAm (Janatipour *et al.*, 1992; Ogasawara *et al.*, 2001) También se han utilizado ensayos dirigidos a la identificación y caracterización de los propios fenotipos como ensayos de FACS para identificar proteínas homólogas (Muris *et al.*, 1996; Tatebayashi *et al.*, 2001).

La búsqueda de proteínas homólogas a partir de proteínas conocidas ha sido una de las áreas más intensamente estudiadas por la biología computacional en la última década y actualmente existen muchos programas disponibles para tales fines. La identificación de secuencias homólogas de una secuencia simple conocida involucra varios ciclos de análisis específicos seguido de la revisión de bases de datos para identificar miembros adicionales de la familia de proteínas homólogas. El primer paso siempre ha sido usar la secuencia de la proteína conocida para compararla con las bases de datos existentes para buscar una o más secuencias homólogas. La estrategia a usar consiste en escoger una región que pudiera ser conservada que de como resultados alineamientos locales lo cual permite identificar las regiones o subsecciones que muestren un alto grado de similitud y que provean la evidencia más fuerte a favor de la hipótesis de que pudiera ser un homólogo, es decir que las dos secuencias estén relacionadas una con otra a través de la evolución de una secuencia ancestral común.

Durante el desarrollo del presente trabajo se desarrollaron varias de las mencionadas estrategias para la identificación del posible gen homólogo a *Q9* en el cerdo, entre ellas el uso de la técnica de PCR, Southern Blot, FACS y RT-PCR. En un primer intento de búsqueda de genes homólogos, en este trabajo de tesis se realizaron los alineamientos generales en las secuencias reportadas en el programa BLAST. En este análisis fue notorio que los dominios alfa 1, 2 y 3 (codificados por los exones 2, 3 y 4) tienen un alto grado de conservación entre los genes no clásicos clase I del ratón y los genes clase I del cerdo y demás genes clásicos y no clásicos en las diferentes especies. Estudios previos han demostrado que de los genes clásicos reportados hasta ahora en el cerdo, ninguno de ellos ha resultado a ser el homólogo a los genes *Q7* ó *Q9*.

Posteriormente, se procedió a realizar ensayos de PCR con el fin de que por medio de esta técnica se lograra amplificar regiones compartidas partiendo de que entre las diferentes especies existen regiones consenso entre los genes clase I. Por lo tanto la hipótesis de la existencia de regiones conservadas del SLA en el cerdo y de los genes codificantes de la proteína Qa-2 se contempló. Para ello se diseñaron oligonucleótidos a partir de alineamientos de diferentes genes relacionados al MHC y que compartían regiones conservadas entre sí a través de la evolución. Estos genes pertenecieron a las especies de *Xenopus laevis* especie evolutivamente muy alejada de los mamíferos pero que conserva un rudimentario MHC, *Homo sapiens* que representa un organismo cuyo MHC ha sido estudiado extensamente y cuyos dominios son conservados entre sí *Mus musculus* quien representa el organismo portador del gen de interés y cuyo gen pertenece al MHC y *Sus scrofa* cuyo SLA ha evolucionado al igual que en todos los mamíferos, cabe mencionar que en estos experimentos no se obtuvieron amplificadas al utilizar como templado el DNA genómico. Al analizar la información obtenida parece factible que la ausencia de amplificación resultara a consecuencia de que los oligonucleótidos empleados fueron diseñados dentro de regiones pertenecientes a los intrones (regiones no codificables del gen y para las que no existe una presión evolutiva que favorezca su conservación tanto en tamaño como en secuencia). Es posible, que por esta misma razón la secuencias del conjunto de oligonucleótidos diseñados en estas regiones no haya encontrado su contraparte o un lugar específico para hibridizar utilizando como templado el DNA genómico del cerdo. Una causa alternativa es que la polimerasa utilizada no haya sido capaz de sintetizar cadenas grandes de DNA. Así es factible que la ausencia de amplificadas en estos ensayos sea como consecuencia de la imposibilidad de amplificación de segmentos extenso de DNA aunque hubiera existido una región homóloga en la secuencia del templado.

Considerando estas observaciones se planteó como estrategia de búsqueda el uso de un conjunto de oligonucleótidos diseñados a partir de las regiones codificadoras es decir de los exones que son regiones en donde existe la presión evolutiva de ser conservadas tanto en secuencia como en tamaño. Al utilizar estos oligonucleótidos tampoco se lograron productos de amplificación. Es posible que en estos ensayos la falta de amplificadas se debiera a la utilización como templado del DNA genómico, interrumpido quizá por intrones extensos, y que por la utilización de oligonucleótidos diseñados en diferentes exones pudieran impedir la amplificación de las regiones específicas.

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

En una siguiente etapa se realizaron nuevos alineamientos con el fin de diseñar nuevos conjuntos de oligonucleótidos, con genes pertenecientes al MHC tanto de *Homo sapiens*, *Mus musculus* y *Sus scrofa* considerando que esta estrategia nos ayudaría a superar el obstáculo presentado en las reacciones anteriores, además, el trabajar con un consenso en las regiones correspondiente a los exones codificantes para los dominios alfa 1, alfa 2, y alfa 3 de la molécula Qa2 garantizaría que el diseño de los oligonucleótidos resultaran en una mayor especificidad para amplificar un posible homólogo al gen de interés. Esta estrategia permitió también diseñar a partir de la degeneración de la molécula Qa2, oligonucleótidos degenerados para el exón 2 y para el exón 3 en ambas direcciones. El término oligonucleótido degenerado se refiere a la diferente combinación de nucleótidos que codifican para un aminoácido determinado de acuerdo al código genético. Los resultados mostraron que la amplificación de productos era posible. Sin embargo, aún persistió la identificación de regiones que no mantuvieron la similitud esperada con moléculas del MHC. Analizando esta información consideramos que el uso de DNA genómico como templado abría la posibilidad de que existiera una posible inespecificidad de los oligonucleótidos exhibida ante el gran tamaño del genoma del cerdo. Con el propósito de reducir posibilidades de amplificaciones inespecíficas, estos oligonucleótidos se utilizaron para el tamizaje de una librería de cDNA generada a partir de linfocitos de cerdo haplotipo *cc* y *dd*. Se seleccionaron tres amplificados que fueron clonados y secuenciados y que revelaron la inexistencia de relación con la familia del MHC. considerando estos resultados, es factible que el uso de oligonucleótidos degenerados por si mismos hayan implicado asociaciones no específicas.

Después de la utilización de las diferentes estrategias mencionadas, los primeros resultados promisorios comenzaron a obtenerse con la utilización de la técnica de RT-PCR, resultados que se detallan en esta tesis. La estrategia utilizada se modificó considerando que la utilización de oligonucleótidos degenerados en regiones específicas del gen de interés, podía aumentar la especificidad de estos oligonucleótidos, si se utilizaba como templado RNAm de linfocitos de cerdo, tipo celular en donde en el ratón se expresa más importantemente dicho gen y que por lo tanto se esperaba que el patrón de expresión también se conservara en el cerdo. Así, se utilizó como templado el RNAm de linfocitos provenientes de sangre periférica de un cerdo cisticercoso genéticamente heterogéneo de una comunidad endémica. Como control positivo se utilizó RNAm de linfocitos de bazo de ratón de la cepa C57BL/6J (expresa el gen de interés, *Q7* y *Q9*). Como control negativo se incluyó una reacción semejante pero sin templado. En estos ensayos se obtuvo un amplificado

correspondiente a 148 pb aproximadamente. El producto fue clonado y secuenciado. El análisis de la secuencia reveló un alto grado de similitud con los genes del SLA, en especial con el gen *Q9* murino y en general con genes del MHC clase I de diferentes especies animales. Es de interés que la homología obtenida si bien es muy alta comparada con la secuencia de *Q9*, no es idéntica ni lo es con ninguno de los genes de MHC porcinos reportados a la fecha. El alineamiento de la secuencia amplificada y su comparación con la región correspondiente al exón 2 y 3 del gen *Q9* murino indicó que en la secuencia obtenida existía un correspondiente en similitud únicamente en la región del exón 2 y no incluía ninguna similitud en la región del exón 3. Asimismo el alineamiento realizado con la secuencia de aminoácidos correspondió exclusivamente a la región codificante del exón 2 del gen *Q9* murino y no se observó relación de similitud entre los aminoácidos predecidos con la secuencia de aminoácidos codificados por el exón 3 a pesar de que para obtener este amplificado se utilizó un oligonucleótido diseñado a partir de la secuencia degenerada de una región específica del gen *Q9* murino. Este resultado implica que exista una inespecificidad en el amplificado con el uso de oligonucleótidos degenerados, sin embargo la secuencia amplificada tal como lo revelan los alineamientos y comparaciones mantiene un alto grado de conservación con las moléculas del MHC en diferentes especies incluyendo el SLA. El producto amplificado tiene una elevada similitud a las moléculas clásicas y la secuencia deducida presenta similitud a los dominios conservados de las moléculas del MHC. La revelación de si estamos ante un gene homólogo a *Q9* requiere completar la secuencia identificada para su posterior análisis. La secuencia amplificada en el ensayo de RT-PCR usando RNA de linfocitos de cerdo se alineó en el programa BLAST y se observó que dicha secuencia tiene una gran similitud con los genes clásicos reportados en la base de datos reportadas en el National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)

Los alineamientos realizados con la secuencia de nucleótidos del amplificado con la secuencia de nucleótidos del exón 1-3 del gen *Q9* reveló que de las 148b alineadas existe una región que tiene su correspondiente similar en dicho segmento, habiendo 110b similares en una región de 129b, lo que representa una similitud en esta zona del 85% con el gen *Q9* murino. Con respecto a la similitud que guarda esta secuencia con genes pertenecientes al SLA existe una región en la cual 126b de 137b alineadas tienen su correspondiente, lo que representa hasta un 91% de similitud. Esta misma secuencia de nucleótidos fue alineada en el programa BLAST BASIC y en el alineamiento general se observó una similitud entre el 89% y 91% con secuencias de genes del MHC en diferentes especies.

Los alineamientos realizados con la secuencia amplificada en el programa CLUSTAL (<http://dot.imgen.bcm.tmc.edu:9331/multi-align/multi-align.html>) se realizó entre la secuencia de aminoácidos del producto amplificado por el ensayo de RT – PCR y la secuencia de aminoácidos correspondiente al exón 1-3 del gene *Q9* murino reportada en el Genbank (NCBI). La secuencia obtenida fue traducida utilizando los tres diferentes marcos de lectura y el programa DNAMAN. Estas secuencias se alinearon a la secuencia de aminoácidos correspondiente al producto codificante del gen *Q9* murino (molécula Qa-2). En el alineamiento con la secuencia de aminoácidos existen 32 aminoácidos que tienen su correspondiente en la secuencia de *Q9* de 50 aa lo que representa un 80% de similitud en esta región. Esto resulta de especial interés para diferenciar entre genes ortólogos y homólogos.

En este sentido, debemos considerar que la región que codifica para las moléculas del MHC en las diferentes especies animales han evolucionado a partir de un ancestro común. Esto no implica que los genes que codifican para moléculas del MHC, así como para los genes que codifican para las moléculas de clase I no clásicas, hayan pasado en general por este mismo proceso evolutivo, como se ha reportado en el pasado (Wei *et al.*, 1999). Así, aunque existen evidencias reportadas de posibles genes homólogos a este tipo de moléculas entre las especies, en la mayoría de los casos se trata de moléculas ortólogas es decir aquellas moléculas que no teniendo un origen evolutivo en común, conservan una estructura o función semejante entre las diferentes especies. En el caso de las moléculas clase I no clásicas, es factible que éstas al igual que gran parte de los genes y moléculas del MHC, hayan evolucionado por la duplicación de genes dentro de los organismos pertenecientes a las mismas especies es decir que estos genes sean parálogos y no homólogos (Klein *et al.*, 1998).

Aunque afirmar que el producto obtenido se trata de un segmento correspondiente a una molécula del MHC o SLA clase I es aventurado, los resultados obtenidos sugieren que esta secuencia corresponde a un fragmento de secuencia perteneciente a los genes del SLA, independientemente de si este es un gen funcional o no. Por lo tanto, es necesario conocer la secuencia total del gen respectivo lo cual se pretende lograr a través de ensayos de RACE-PCR utilizando la secuencia obtenida para diseñar oligonucleótidos específicos para este segmento y así amplificar una región específica y de consenso con los genes clásicos ya reportados en esta especie.

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN



## 6.- Conclusiones y Perspectivas.

Los alineamientos que se efectuaron de la secuencia de nucleótidos del amplificado obtenido por la técnica de RT – PCR con la secuencia de nucleótidos del exón 1-3 del gen *Q9* mostró que de las 148b alineadas existe una región que tiene su correspondiente similar en dicho segmento, habiendo 110b similares en una región de 129b, lo que representa una similitud en esta zona del 85% con el gen *Q9* murino. La relación que guarda esta secuencia de hasta un 91% de similitud con genes pertenecientes al SLA y la existencia de una similitud entre el 89% y 91% con secuencias de genes del MHC en diferentes especies la señala como una secuencia de interés. Por otra parte las comparaciones realizadas de la secuencia amplificada que se llevó a cabo entre la secuencia de aminoácidos correspondiente a los exones 1,2 y 3 del gen *Q9* murino reportada en el Genbank (NCBI) demostró que existen 32 aminoácidos que tienen su correspondiente en la secuencia codificadora del gen *Q9* de 50 aa lo que representa un 80% de similitud en esta región. Por lo tanto estos resultados abren la posibilidad de contemplar la existencia de un correspondiente gen o genes homólogos a los genes *Q6* – *Q9* responsables de la codificación de la molécula Qa-2 o al menos de una secuencia relacionada al MHC que pudiera ser de un gen o genes aun no reportados. Esto es de relevancia ya que permitiría identificar genes involucrados en esta homología, continuar con su correspondiente caracterización, así como realizar estudios ulteriores de expresión y de la relación que guarda en especial con el SLA porcino.

El conocimiento de los extremos del gen hacia la región 5' y 3' nos darán la pauta para descartar o corroborar si la secuencia obtenida se trata de una secuencia similar al gen *Q9* murino y si esta corresponde a un posible homólogo en el cerdo, o si esta secuencia también corresponde a otro gen no reportado. Esta información permitiría ampliar el conocimiento al respecto de la composición del SLA y establecer las bases para el análisis de sus funciones en esta especie.

## 7.- Apéndice.

### Reactivos y soluciones utilizadas.

Agarosa 1.7%-1.5%

Se aforó con TAE 1X

### Bromuro de Etidio

5mg/100ml

### Buffer de carga.

Azul de bromofenol 0.25%

Xilencianol 0.25%

Ficoll 15% en agua

### Buffer de lisis de células rojas (BLCR)

Tris (pH 7.6) 10 mM

MgCl<sub>2</sub> 5mM

NaCl 10mM

### Buffer de lisis de células blancas (BLCB).

Tris (pH 7.6) 10 mM

EDTA (pH 8.0) 10mM

NaCl 10mM

SDS 0.2%

Proteasa (Proteinasa K) 200µg/ml

### Solución de Prehibridización.

SSC 6x

0.5% SDS

100µg/ml DNA de Esperma de Salmón (SIGMA)

50% de Formamida

### Solución de Hibridización.

Solución de prehibridización mas sonda con marca radioactiva.

**SSC 20x**

Disolver: 175.3 g de NaCl, 88.2 g de Citrato de Sodio en 800 ml de H<sub>2</sub>O Ajustar el pH a 7.0 con unas gotas de una solución 10N de NaOH Ajustar el volumen a 1000 ml con H<sub>2</sub>O Colocar en alícuotas y esterilizar por autoclave

**TAE 50x**

242g Tris base

57.1 ml ácido acético glacial

100 ml 0.5 M de EDTA (pH 8.0)

Aforar a 1000 ml con H<sub>2</sub>O

**TE**

Tris (pH 8) 1 mM

EDTA (pH 8.0) 1 mM

## 8.- Anexo 1

Comparación de la secuencia obtenida con el vector.

# VecScreen

BLASTN 2.1.2 [Nov-13-2000]

### Reference:

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.

RID: 985726466-6966-4918

Query=

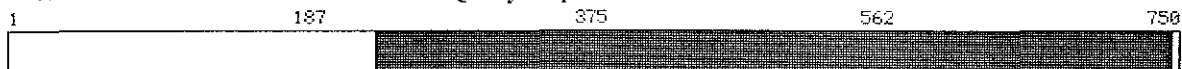
(750 letters)

Database: UniVec (build 3.2)

2113 sequences; 539,198 total letters

If you have any problems or questions with the results of this search please refer to the [BLAST FAQs](#)

### Distribution of Vector Matches on the Query Sequence



Match to Vector:

Strong

Moderate

Weak



Segment of suspect origin:



Segments matching vector: Strong match: 236-745 Suspect origin: 746-750

Taxonomy reports

### Alignments

>gnl|uv|X65308.2:1-135 Cloning vector pGEM-5Zf(+)

Length = 135

Score = 150 bits (75), Expect = 1e-33

Identities = 75/75 (100%)

Strand = Plus / Plus

Query: 236 gggccgcctgcaggtcgaccatattgggagagctcccaacgcgttgatgcatagcttga 295

|||||

Sbjct: 61 gggccgcctgcaggtcgaccatattgggagagctcccaacgcgttgatgcatagcttga 120

Query: 296 gtattctatagtgtc 310

|||||

Sbjct: 121 gtattctatagtgtc 135

Database: UniVec (build 3.2)

Posted date: Nov 10, 1999 4:09 PM

Number of letters in database: 539,198

Number of sequences in database: 2113

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

Alineamiento general de la secuencia de nucléotidos obtenida.

BLASTN 2.1.2 [Nov-13-2000]

Reference: Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.

RID: 985728105-22639-5550

Query= (148 letters)

Database: nt 823,865 sequences; 2,981,440,623 total letters

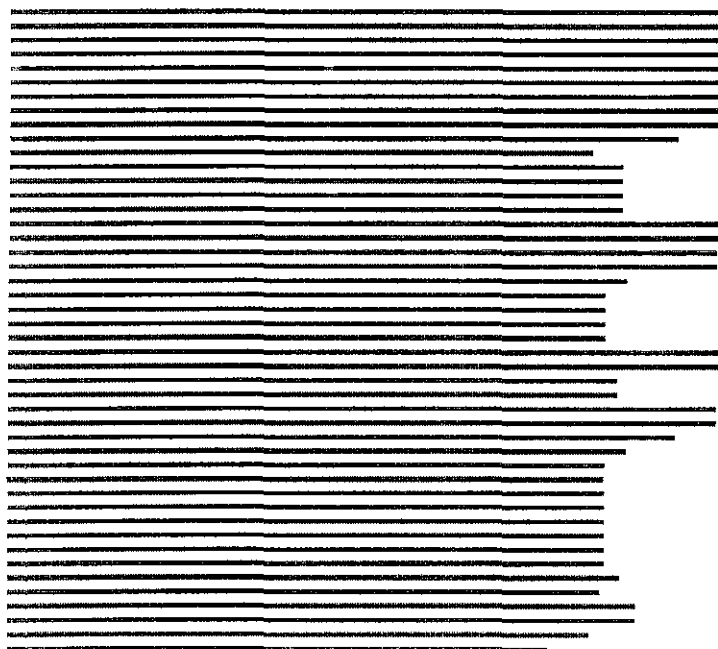
If you have any problems or questions with the results of this search

please refer to the BLAST FAQs

Taxonomy reports

Distribution of 111 Blast Hits on the Query Sequence

Color Key for Alignment Scores



TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## Sequences producing significant alignments:

(bits) Value

<a href="#">gb AF074434.1 AF074434</a>	Sus scrofa H34 MHC class I antigen 2...	184	1e-44
<a href="#">gb AF074431.1 AF074431</a>	Sus scrofa H12 MHC class I antigen 2...	184	1e-44
<a href="#">gb AF074428.1 AF074428</a>	Sus scrofa H03 MHC class I antigen 2...	184	1e-44
<a href="#">gb AF074425.1 AF074425</a>	Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen...	184	1e-44
<a href="#">emb AJ131112.1 SSC131112</a>	Sus scrofa MHC class I SLA genes, ...	184	1e-44
<a href="#">emb Z97381.1 SSZ97381</a>	Sus scrofa SLA-2 gene, exon 2 (partial)	184	1e-44
<a href="#">gb AF074432.1 AF074432</a>	Sus scrofa H12 MHC class I antigen 3...	176	3e-42
<a href="#">gb AF074429.1 AF074429</a>	Sus scrofa H03 MHC class I antigen 3...	176	3e-42
<a href="#">emb Z97384.1 SSZ97384</a>	Sus scrofa SLA-3 gene, exon 2 (partial)	176	3e-42
<a href="#">gb AF074426.1 AF074426</a>	Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen...	168	6e-40
<a href="#">gb AF014004.1 AF014004</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PC14...	168	6e-40
<a href="#">gb AF074433.1 AF074433</a>	Sus scrofa H34 MHC class I antigen 1...	157	2e-36
<a href="#">gb AF074430.1 AF074430</a>	Sus scrofa H12 MHC class I antigen 1...	157	2e-36
<a href="#">gb AF074424.1 AF074424</a>	Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen...	157	2e-36
<a href="#">emb AJ251829.1 SSC251829</a>	Sus scrofa MHC class I SLA genomic...	157	2e-36
<a href="#">gb AF014006.1 AF014006</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PD14...	153	4e-35
<a href="#">gb AF014003.1 AF014003</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PC1)...	153	4e-35
<a href="#">gb AF000073.1 SSPG2I01</a>	Sus scrofa MHC class I SLA-PG2I (all...	153	4e-35
<a href="#">gb M59750.1 PIGMHCAA</a>	Pig MHC class I gene (d haplotype)	153	4e-35
<a href="#">dbj AB008608.1 AB008608</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	151	1e-34
<a href="#">gb U07669.1 FCU07669</a>	Felis catus clone FLAA23 major histoco...	151	1e-34
<a href="#">dbj AB013099.1 AB013099</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	151	1e-34
<a href="#">dbj AB008647.1 AB008647</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	151	1e-34
<a href="#">dbj AB008593.1 AB008593</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	151	1e-34
<a href="#">gb AF055348.1 AF055348</a>	Diceros bicornis minor clone DibiUB*...	147	2e-33
<a href="#">gb AF055347.1 AF055347</a>	Diceros bicornis minor clone DibiUB*...	147	2e-33
<a href="#">emb X92870.1 BTJSP1</a>	B.taurus mRNA for JSP 1 protein	147	2e-33
<a href="#">dbj AB008610.1 AB008610</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	147	2e-33
<a href="#">gb M95410.1 EQMHCI2</a>	Equus caballus thoroughbred pcDNA1-1/29...	145	9e-33
<a href="#">dbj AB008620.1 AB008620</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	145	9e-33
<a href="#">dbj AB008591.1 AB008591</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	145	9e-33
<a href="#">dbj AB009359.1 AB009359</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	143	4e-32
<a href="#">dbj AB008621.1 AB008621</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	143	4e-32
<a href="#">dbj AB008609.1 AB008609</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	143	4e-32
<a href="#">emb Y09208.1 BTMHCD184</a>	B.taurus MHC class I protein molecu...	143	4e-32
<a href="#">gb U07667.1 FCU07667</a>	Felis catus clone FLAA1 major histoco...	143	4e-32
<a href="#">dbj AB008644.1 AB008644</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	143	4e-32
<a href="#">dbj AB008622.1 AB008622</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	143	4e-32
<a href="#">dbj AB008594.1 AB008594</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	143	4e-32
<a href="#">dbj AB008578.1 AB008578</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	143	4e-32
<a href="#">gb M69206.1 BOVMHAWA</a>	Bovine MHC class I AW10 mRNA (haplotyp...	141	1e-31
<a href="#">gb U07673.1 FCU07673</a>	Felis catus clone FLAX10 major histoco...	141	1e-31
<a href="#">gb U07676.1 LPU07676</a>	Leopardus pardalis clone LPAI69J major...	139	6e-31
<a href="#">gb U07675.1 LPU07675</a>	Leopardus pardalis clone LPAI69I major...	139	6e-31
<a href="#">gb AF074427.1 AF074427</a>	Sus scrofa H03 MHC class I antigen 1...	137	2e-30
<a href="#">gb AF014001.1 AF014001</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PA14...	137	2e-30
<a href="#">gb AF000075.1 SSPG5I01</a>	Sus scrofa MHC class I SLA-PG5I (all...	137	2e-30
<a href="#">dbj AB008619.1 AB008619</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	137	2e-30
<a href="#">emb X79892.1 ECMHCB4</a>	E.caballus EQMHCB4 mRNA	137	2e-30
<a href="#">gb M24090.1 BOVMHLA</a>	Bovine MHC class I lymphocyte antigen m...	137	2e-30
<a href="#">gb L02832.1 BOVMHCIA</a>	Bovine MHC class I related mRNA sequence	137	2e-30
<a href="#">gb M21044.1 BOVMHBOLA</a>	Bovine MHC class I BoLA gene, complet...	137	2e-30
<a href="#">dbj AB008639.1 AB008639</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	137	2e-30
<a href="#">dbj AB008592.1 AB008592</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	137	2e-30
<a href="#">gb U03094.1 OAU03094</a>	Ovis aries MHC class I allele ShO mRNA...	137	2e-30
<a href="#">gb AF014005.1 AF014005</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PD1)...	135	9e-30
<a href="#">dbj AB008583.1 AB008583</a>	Bos taurus gene for MHC class I hea...	135	9e-30
<a href="#">gb M21057.1 PIGMHCTA</a>	Pig MHC class I PD1 major transplantat...	135	9e-30
<a href="#">dbj AB008584.1 AB008584</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I hea...	135	9e-30
<a href="#">gb U52117.1 SFU52117</a>	Saguinus fuscicollis MHC class I proce...	131	1e-28
<a href="#">gb U03093.1 OAU03093</a>	Ovis aries MHC class I allele ShN mRNA...	131	1e-28



<a href="#">gb AF205430.1 AF205430</a>	Equus asinus clone pCR2.1-1989A MHC class I antigen	129	5e-28
<a href="#">gb AF118892.1 AF118892</a>	Pongo pygmaeus MHC class I antigen P.1	129	5e-28
<a href="#">gb AF004918.1 AF004918</a>	Saguinus oedipus MHC class I antigen	129	5e-28
<a href="#">emb AJ278489.1 HSA278489</a>	Homo sapiens partial HLA-B gene for MHC class I antigen	129	5e-28
<a href="#">gb AF288703.1 AF288703</a>	Papio cynocephalus MHC class I antigen	127	2e-27
<a href="#">gb AF058916.1 AF058916</a>	Saguinus oedipus MHC class I protein	127	2e-27
<a href="#">gb U35627.1 PHU35627</a>	Papio hamadryas anubis MHC class I B antigen	127	2e-27
<a href="#">emb Z97397.1 SSZ97397</a>	Sus scrofa SIA-9 gene, exon 2 (partial)	127	2e-27
<a href="#">dbj AB008604.1 AB008604</a>	Bos taurus gene for MHC class I heavy chain	127	2e-27
<a href="#">gb M63947.1 SOEMHIS08</a>	S.oedipus MHC class I SO-8 mRNA	127	2e-27
<a href="#">gb M63953.1 SOEMHIS05</a>	S.oedipus MHC class I SO-5 mRNA	127	2e-27
<a href="#">gb M63948.1 SOEMHIS017</a>	S.oedipus MHC class I SO-17 mRNA	127	2e-27
<a href="#">gb M33476.1 SOEMHCIB</a>	S.oedipus MHC class IB protein mRNA, class I B	127	2e-27
<a href="#">gb M33475.1 SOEMHCIA</a>	S.oedipus MHC class IA protein mRNA, class I A	127	2e-27
<a href="#">emb Y09206.1 BTMHC182</a>	B.taurus MHC class I protein molecule	125	9e-27
<a href="#">dbj AB008641.1 AB008641</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I heavy chain	125	9e-27
<a href="#">gb AF074435.1 AF074435</a>	Sus scrofa H34 MHC class I antigen 2 mRNA	123	3e-26
<a href="#">gb M26318.1 CATMHCIGLA</a>	Felis catus MHC class I cell surface antigen	123	3e-26
<a href="#">emb X71809.1 ECMHCHC</a>	E.caballus mRNA for MHC class I heavy chain	123	3e-26
<a href="#">emb X79890.1 ECMHCB1</a>	E.caballus EQMHCBI mRNA	123	3e-26
<a href="#">gb U07670.1 FCU07670</a>	Felis catus clone FLAA24 major histocompatibility complex	123	3e-26
<a href="#">dbj AB008626.1 AB008626</a>	Bos taurus mRNA for MHC class I heavy chain	123	3e-26
<a href="#">gb AF323851.1 AF323851S1</a>	Homo sapiens MHC class I antigen (M.1)	121	1e-25
<a href="#">gb AF303101.1 AF303101S1</a>	Homo sapiens MHC class I antigen (M.1)	121	1e-25
<a href="#">gb AF146094.1 AF146094</a>	Marmota monax MHC class I antigen (M.1)	121	1e-25
<a href="#">gb AF226838.1 AF226838S1</a>	Homo sapiens MHC class I antigen (M.1)	121	1e-25
<a href="#">gb AF106628.1 HSHLAGGB1</a>	Homo sapiens MHC class I antigen HLA-B*08:01	121	1e-25
<a href="#">gb AF111102.1 MMHC214016</a>	Mus musculus major histocompatibility complex	121	1e-25
<a href="#">emb AJ309573.1 HSA309573</a>	Homo sapiens HLA-B gene for MHC class I antigen	121	1e-25
<a href="#">gb U58643.1 HSB40MD1</a>	Human MHC class I antigen HLA-B (HLA-B*40:01)	121	1e-25
<a href="#">gb U93915.1 HS40011V1</a>	Homo sapiens MHC class I antigen HLA-B*40:01	121	1e-25
<a href="#">emb Y16636.1 HSA16636</a>	Homo sapiens MHC class I HLA B exon 2	121	1e-25
<a href="#">emb AJ277845.1 HSA277845</a>	Homo sapiens partial HLA-B gene for MHC class I antigen	121	1e-25
<a href="#">gb U57392.1 MMU57392</a>	Mus musculus class Ib MHC antigen Qa-2	121	1e-25
<a href="#">emb Y15840.1 HOS15840</a>	Homo sapiens HLA-B gene B40 allele, exon 2	121	1e-25
<a href="#">gb U31971.1 HSU31971</a>	Human MHC class I antigen HLA-B precursor	121	1e-25
<a href="#">emb X03211.1 MMMHQ8G1</a>	Mouse MHC Qa2 region Q8 gene for class I antigen	121	1e-25
<a href="#">dbj AK013097.1 AK013097</a>	Mus musculus 10, 11 days embryo cDNA	121	1e-25
<a href="#">gb M32320.1 HUMMHCAG</a>	Human MHC HLA protein, allele B37, complete	121	1e-25

En los siguientes alineamientos es notable que aparecen secuencias relacionadas al MHC en diferentes especies incluyendo las secuencias del SLA

#### Alignments

>[gb|AF074434.1|AF074434](#) Sus scrofa H34 MHC class I antigen 2 mRNA, partial cds  
Length = 659

Score = 184 bits (93), Expect = 1e-44

Identities = 126/137 (91%)

Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89

|||||

Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgcagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgaggagacgcggaac 149

|||||

Sbjct: 63 ccgcgggcgcagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166

| |||||

Sbjct: 123 gccatgggcatcgca 139

>[gb|AF074431.1|AF074431](#) Sus scrofa H12 MHC class I antigen 2 mRNA, partial cds

Length = 190

Score = 184 bits (93), Expect = 1e-44



Identities = 126/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggatattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 63 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggactattgggatcgggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166  
|||||  
Sbjct: 123 gtcatgggcatcgca 139  
>gb|AF074428.1|AF074428 Sus scrofa H03 MHC class I antigen 2 mRNA, partial cds  
Length = 659  
Score = 184 bits (93), Expect = 1e-44  
Identities = 126/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggatattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 63 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggatattgggatcgggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166  
|||||  
Sbjct: 123 gtcatgggcatcgca 139  
>gb|AF074425.1|AF074425 Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen 2 mRNA, partial cds  
Length = 659  
Score = 184 bits (93), Expect = 1e-44  
Identities = 126/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggatattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 63 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggactattgggatcgggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166  
|||||  
Sbjct: 123 gtcatgggcatcgca 139  
>emb|AJ131112.1|SSC131112 Sus scrofa MHC class I SLA genes, haplotype H01, clone BAC 490B10  
Length = 154867  
Score = 184 bits (93), Expect = 1e-44  
Identities = 126/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 75894 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 75953

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggatattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 75954 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggactattgggatcgggagacgcggaac 76013





```

Query: 150   gtcattgggcatcgca 166
            |||||
Sbjct: 76014 gtcattgggcatcgca 76030
Score = 176 bits (89), Expect = 3e-42
Identities = 125/137 (91%)
Strand = Plus / Plus

Query: 30    tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
            |||||
Sbjct: 58166 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgaggatggag 58225

Query: 90    ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggagtattgggatcgggagacgcgggaac 149
            |||||
Sbjct: 58226 ccgcgggcgagcagtgatagagcaggaggggagcaggagtattgggatcgggagacgcgggaac 58285

Query: 150   gtcattgggcatcgca 166
            | |||||
Sbjct: 58286 gccatgggcatcgca 58302
Score = 127 bits (64), Expect = 2e-27
Identities = 109/124 (87%)
Strand = Plus / Plus

Query: 30    tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
            |||||
Sbjct: 36563 tacgtgaaacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgaggatggag 36622

Query: 90    ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggagtattgggatcgggagacgcgggaac 149
            |||||
Sbjct: 36623 ccgcgggcgagcagtgatagagcaggaggggagcaggagttttgggatcagcagacgcgggaac 36682

Query: 150   gtca 153
            ||||
Sbjct: 36683 gtca 36686
Score = 95.6 bits (48), Expect = 8e-18
Identities = 99/116 (85%)
Strand = Plus / Plus

Query: 32    cgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggagcc 91
            |||||
Sbjct: 20290 cgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaagcccaggaaggagcc 20349

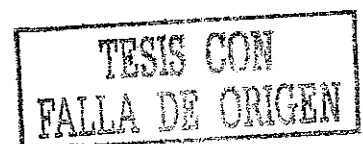
Query: 92    gcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggagtattgggatcgggagacgcggga 147
            |||||
Sbjct: 20350 gcgggcatggtgatagagcaggaggggagcaggagtattgggacgaggagacgcggga 20405
Score = 61.9 bits (31), Expect = 1e-07
Identities = 112/139 (80%)
Strand = Plus / Plus

Query: 30    tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
            |||||
Sbjct: 94282 tacgtggacgacacgcaactcatgaggttcgacagcgacgccccgaatccgagggtggag 94341

Query: 90    ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggagtattgggatcgggagacgcgggaac 149
            |||||
Sbjct: 94342 ctgcgcccgctcgtgatgagcagcaggggccagagtattgggatctgaacacgcggggc 94401

Query: 150   gtcattgggcatcgcaaaa 169
            ||||
Sbjct: 94402 gtcaaggacaccgcaaaa 94420
>emb|Z97381.1|SS297381 Sus scrofa SIA-2 gene, exon 2 (partial)
Length = 271
Score = 184 bits (93), Expect = 1e-44
Identities = 126/137 (91%)
Strand = Plus / Plus

```



```

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 68  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 127

Query: 90  ccgcgggcgcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 128 ccgcgggcgccttgatagacagcaggaggggcaggactattgggatcgggagacgcggaac 187

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166
          |||
Sbjct: 188 gtcatgggcatcgca 204
>gb|AF074432.1|AF074432 Sus scrofa H12 MHC class I antigen 3 mRNA, partial cds
   Length = 659
   Score = 176 bits (89), Expect = 3e-42
   Identities = 125/137 (91%)
   Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 3   tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtatggag 62

Query: 90  ccgcgggcgcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 63  ccgcgggcgccttgatagagcaggaggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166
          |||
Sbjct: 123 gccatgggcatcgca 139
>gb|AF074429.1|AF074429 Sus scrofa H03 MHC class I antigen 3 mRNA, partial cds
   Length = 659
   Score = 176 bits (89), Expect = 3e-42
   Identities = 125/137 (91%)
   Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 3   tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtatggag 62

Query: 90  ccgcgggcgcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 63  ccgcgggcgccttgatagagcaggaggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166
          |||
Sbjct: 123 gccatgggcatcgca 139
>emb|Z97384.1|SSZ97384 Sus scrofa SIA-3 gene, exon 2 (partial)
   Length = 271
   Score = 176 bits (89), Expect = 3e-42
   Identities = 125/137 (91%)
   Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 68  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtatggag 127

Query: 90  ccgcgggcgcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 128 ccgcgggcgccttgatagagcaggaggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 187

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166
          |||
Sbjct: 188 gccatgggcatcgca 204

```

>gb|AF074426.1|AF074426 Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen 3 mRNA, partial cds

Length = 659  
Score = 168 bits (85), Expect = 6e-40  
Identities = 118/129 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 63 ccgcgggcgagcagtgatagagcaggaggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcattgggc 158  
| |||||

Sbjct: 123 gccattgggc 131

>gb|AF014004.1|AF014004 Sus scrofa MHC class I antigen (PC14) mRNA, complete cds

Length = 1095  
Score = 168 bits (85), Expect = 6e-40  
Identities = 106/113 (93%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 151 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtatggag 210

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 142  
|||||

Sbjct: 211 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 263

>gb|AF074433.1|AF074433 Sus scrofa H34 MHC class I antigen 1 mRNA, partial cds

Length = 659  
Score = 157 bits (79), Expect = 2e-36  
Identities = 109/119 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcgga 148  
|||||

Sbjct: 63 ccgcgggcgagcagtgatagacagcaggaggggcaggactattgggatcgggagacgcgga 121

>gb|AF074430.1|AF074430 Sus scrofa H12 MHC class I antigen 1 mRNA, partial cds

Length = 659  
Score = 157 bits (79), Expect = 2e-36  
Identities = 109/119 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcgga 148  
|||||

Sbjct: 63 ccgcgggcgagcagtgatagacagcaggaggggcaggactattgggatcgggagacgcgga 121

>gb|AF074424.1|AF074424 Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen 1 mRNA, partial cds

Length = 659  
Score = 157 bits (79), Expect = 2e-36  
Identities = 109/119 (91%)  
Strand = Plus / Plus



```

Sbjct: 79  |||
tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgcccccaatccgaggatggag 138

Query: 90  ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
|||||

Sbjct: 139  ccgcgggcgccgtggatagagaaggcggagcagaagtattgggatgaggagacgcagaac 198

Query: 150  gtcatgggcatcgca 166
| |||

Sbjct: 199  gccatgggcagcgca 215
>gb|M59750.1|PIGMHCAAA Pig MHC class I gene (d haplotype)
Length = 4961
Score = 153 bits (77), Expect = 4e-35
Identities = 122/137 (89%)
Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
|||||

Sbjct: 1476  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgcccccaatccgaggatggag 1535

Query: 90  ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
|| |||

Sbjct: 1536  cctcgggtgccgtggatagagaaggagggcaggagtattgggataaggagacggagaac 1595

Query: 150  gtcatgggcatcgca 166
| |||

Sbjct: 1596  gccatgggcagcgca 1612
>dbj|AB008608.1|AB008608 Bos taurus gene for MHC class I heavy chain, partial
cds, clone
P5655.4g
Length = 696
Score = 151 bits (76), Expect = 1e-34
Identities = 106/116 (91%)
Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
|||||

Sbjct: 64  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccggatccgaggatggag 123

Query: 90  ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcg 145
|||||

Sbjct: 124  ccgcgggcgccgtggatagagaaggaaaggccggagtattgggatcgggagacgcg 179
>gb|U07669.1|FCU07669 Felis catus clone FIAA23 major histocompatibility complex
class I
antigen (FIA-I) mRNA, complete cds
Length = 1462
Score = 151 bits (76), Expect = 1e-34
Identities = 109/120 (90%)
Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
|||||

Sbjct: 151  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgaggatggag 210

Query: 90  ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
|||||

Sbjct: 211  ccgcgggcgccgtgggtggagcaggagggcggagtattgggaccgggagacgcggaac 270
>dbj|AB013099.1|AB013099 Bos taurus mRNA for MHC class I heavy chain, partial
cds
Length = 1295
Score = 151 bits (76), Expect = 1e-34
Identities = 106/116 (91%)
Strand = Plus / Plus

```

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || | | || ||||  
 Sbjct: 97 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccggatccgaggatggag 156

Query: 90 ccgCGGGCGcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggatCGggagacgcg 145  
 ||||||||||| ||||||||||||||| |||| ||||||||||| |||||||||  
 Sbjct: 157 ccgCGGGCGcCGtgGatagagaaggaagggCGGgagtattgggatCGcgagacgcg 212  
 >dbj|AB008647.1|AB008647 Bos taurus mRNA for MHC class I heavy chain, partial  
 cds, clone  
     312D.4f  
     Length = 1295  
     Score = 151 bits (76), Expect = 1e-34  
     Identities = 106/116 (91%)  
     Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || | | || ||||  
 Sbjct: 97 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccggatccgaggatggag 156

Query: 90 ccgCGGGCGcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggatCGggagacgcg 145  
 ||||||||||| ||||||||||||||| |||| ||||||||||| |||||||||  
 Sbjct: 157 ccgCGGGCGcCGtgGatagagaaggaagggCGGgagtattgggatCGcgagacgcg 212  
 >dbj|AB008593.1|AB008593 Bos taurus mRNA for MHC class I heavy chain, partial  
 cds, clone  
     312D.6m  
     Length = 501  
     Score = 151 bits (76), Expect = 1e-34  
     Identities = 106/116 (91%)  
     Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || | | || ||||  
 Sbjct: 64 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccggatccgaggatggag 123

Query: 90 ccgCGGGCGcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggatCGggagacgcg 145  
 ||||||||||| ||||||||||||||| |||| ||||||||||| |||||||||  
 Sbjct: 124 ccgCGGGCGcCGtgGatagagaaggaagggCGGgagtattgggatCGcgagacgcg 179  
 >gb|AF055348.1|AF055348 Diceros bicornis minor clone DibiUB\*02 MHC class I mRNA,  
 partial  
     cds  
     Length = 1543  
     Score = 147 bits (74), Expect = 2e-33  
     Identities = 107/118 (90%)  
     Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || | | || ||||  
 Sbjct: 146 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccgaatccgaggaaggag 205

Query: 90 ccgCGGGCGcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggatCGggagacgcgga 147  
 ||||||||||| |||| | ||| ||||||||| ||||||||| |||||||||  
 Sbjct: 206 ccgCGGGCGcCGtgGatagagaaggaagggCGGgagtattgggatCGggagacgcgga 263  
 >gb|AF055347.1|AF055347 Diceros bicornis minor clone DibiUB\*01 MHC class I mRNA,  
 complete  
     cds  
     Length = 1581  
     Score = 147 bits (74), Expect = 2e-33  
     Identities = 107/118 (90%)  
     Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || | | || ||||  
 Sbjct: 198 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgcacgccccgaatccgaggaaggag 257



Score = 145 bits (73), Expect = 9e-33  
Identities = 121/137 (88%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 64 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgaggatggag 123

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgaggac 149  
|||||  
Sbjct: 124 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgaggac 183

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166  
| || ||||| |||||  
Sbjct: 184 gccaaagggaacgca 200  
>dbj|AB009359.1|AB009359 Bos taurus gene for MHC class I heavy chain, partial  
cds  
Length = 696  
Score = 143 bits (72), Expect = 4e-32  
Identities = 105/116 (90%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 64 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccaaggggaagaa 123

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgagg 145  
|||||  
Sbjct: 124 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgagg 179  
>dbj|AB008621.1|AB008621 Bos taurus gene for MHC class I heavy chain, partial  
cds, clone  
304F..4g  
Length = 697  
Score = 143 bits (72), Expect = 4e-32  
Identities = 105/116 (90%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 64 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgagatccgaggactgag 123

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgagg 145  
|||||  
Sbjct: 124 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgagg 179  
>dbj|AB008609.1|AB008609 Bos taurus gene for MHC class I heavy chain, partial  
cds, clone  
no.23-10g  
Length = 697  
Score = 143 bits (72), Expect = 4e-32  
Identities = 105/116 (90%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 64 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgagatccgaggactgag 123

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgagg 145  
|||||  
Sbjct: 124 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggaggagtagttgggatcgggagacgagg 179  
>emb|Y09208.1|BIMHCD184 B taurus MHC class I protein molecule D18.4  
Length = 1390  
Score = 143 bits (72), Expect = 4e-32  
Identities = 105/116 (90%)  
Strand = Plus / Plus







```

      ||
Sbjct: 194 gt 195
>gb|U07675.1|LPU07675 Leopardus pardalis clone IPAI69I major histocompatibility
complex
      class I antigen (FLA-I) mRNA, partial cds
      Length = 1038
      Score = 139 bits (70), Expect = 6e-31
      Identities = 109/122 (89%)
      Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 80  tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgacgccccgaatccgaggatggag 139

Query: 90  ccgCGGGcgCagtggatagagaaggaggggCaggagtattgggatCGggagacCGggaac 149
          |||
Sbjct: 140 ccgCGGGccctgtGGTggagcaggaggggCGgagtattgggaccaggagacCGggaac 199

Query: 150 gt 151
      ||
Sbjct: 200 gt 201
>gb|AF074427.1|AF074427 Sus scrofa H03 MHC class I antigen 1 mRNA, partial cds
      Length = 659
      Score = 137 bits (69), Expect = 2e-30
      Identities = 96/105 (91%)
      Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 3   tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgacgccccgaatccgaggaggag 62

Query: 90  ccgCGGGcgCagtggatagagaaggaggggCaggagtattgggat 134
          |||
Sbjct: 63  ccgCGGGcgCcgTggatacagcaggaggggCaggagtattgggat 107
>gb|AF014001.1|AF014001 Sus scrofa MHC class I antigen (PA14) mRNA, complete cds
      Length = 1095
      Score = 137 bits (69), Expect = 2e-30
      Identities = 102/113 (90%)
      Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 151 tacgtggacgacacgcagttcgtgAGgttcgacagcgacgccccgaatccgaggaggag 210

Query: 90  ccgCGGGcgCagtggatagagaaggaggggCaggagtattgggatCGggagac 142
          |||
Sbjct: 211 ccgCGGGcgCcgTggatacagcaggaggggCaggactattgggatCGggagac 263
>gb|AF000075.1|SSPG5I01 Sus scrofa MHC class I SLA-PG5I (allele 12) gene, exon 2
      Length = 273
      Score = 137 bits (69), Expect = 2e-30
      Identities = 96/105 (91%)
      Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 79  tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcgacgccccgaatccgaggaggag 138

Query: 90  ccgCGGGcgCagtggatagagaaggaggggCaggagtattgggat 134
          |||
Sbjct: 139 ccgCGGGcgCcgTggatacagcaggaggggCaggagtattgggat 183
>dbj|AB008619.1|AB008619 Bos taurus gene for MHC class I heavy chain, partial
cds, clone
      no.22.lg
      Length = 699

```

Score = 137 bits (69), Expect = 2e-30  
Identities = 120/137 (87%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 64 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccggatccgaggactgag 123

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 124 ccgcggtgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 183

Query: 150 gtcatgggcatcgaca 166  
|||  
Sbjct: 184 ttcaaggacaccgcaca 200  
>emb|X79892.1|ECMHC B4 E caballus EQMHC B4 mRNA  
Length = 1074  
Score = 137 bits (69), Expect = 2e-30  
Identities = 120/137 (87%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 142 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgagtcggaggatggag 201

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 202 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggaaaggagacgcggatc 261

Query: 150 gtcatgggcatcgaca 166  
||||  
Sbjct: 262 gtcaaggcaaccgcaca 278  
>gb|M24090.1|BOVMHLA Bovine MHC class I lymphocyte antigen mRNA, 3' end  
Length = 1263  
Score = 137 bits (69), Expect = 2e-30  
Identities = 120/137 (87%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 149 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaaatccgaggatggag 208

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 209 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggcaggagtattgggatcaggagacgcggaag 268

Query: 150 gtcatgggcatcgaca 166  
|||  
Sbjct: 269 gccaaggacaccgcaca 285  
Database: nt  
Posted date: Mar 26, 2001 2:02 AM  
Number of letters in database: 2,981,440,623  
Number of sequences in database: 823,865

Alineamiento de la secuencia de nucléotidos amplificada vs *Mus musculus*.

BLASTN 2.1.2 [Nov-13-2000]

Reference:

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.

RID: 985739535-24437-18570

Query=

(148 letters)

Database: nt

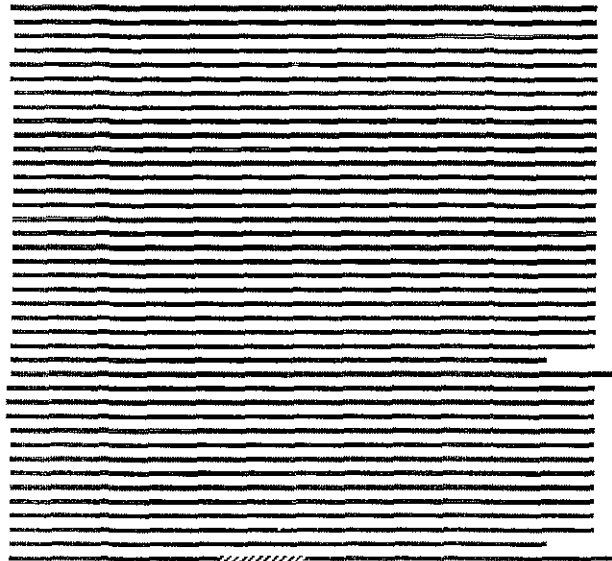
823,865 sequences; 2,981,440,623 total letters

If you have any problems or questions with the results of this search please refer to the [BLAST FAQs](#)

[Taxonomy reports](#)

Distribution of 168 Blast Hits on the Query Sequence

Color Key for Alignment Scores



TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

Sequences producing significant alignments:

(bits) Value

<a href="#">gb AF111102.1 MMHC214O16</a>	Mus musculus major histocompatibility class I antigen Qa1	121	6e-27
<a href="#">gb U57392.1 MMU57392</a>	Mus musculus class Ib MHC antigen Qa-2	121	6e-27
<a href="#">emb X03211.1 MMMHQ8G1</a>	Mouse MHC Qa2 region Q8 gene for class I antigen Qa2	121	6e-27
<a href="#">dbj AK013097.1 AK013097</a>	Mus musculus 10, 11 days embryo cDNA	121	6e-27
<a href="#">gb AC087216.1 AC087216</a>	Mus musculus chromosome 17 clone GS1	113	1e-24
<a href="#">ref NM_010398.1 </a>	Mus musculus histocompatibility 2, I region	113	1e-24
<a href="#">ref NM_010394.1 </a>	Mus musculus histocompatibility 2, Q region	113	1e-24
<a href="#">gb AF057279.1 AF057279</a>	Mus musculus MHC class Ib antigen Qa1	113	1e-24
<a href="#">gb AF082510.1 AF082510</a>	Mus musculus MHC class Ib antigen Qa1	113	1e-24
<a href="#">gb AF100702.1 AF100702</a>	Mus musculus MHC class I antigen Qa1	113	1e-24
<a href="#">gb AF100701.1 AF100701</a>	Mus musculus bactrianus MHC class I antigen Qa1	113	1e-24
<a href="#">gb AF100700.1 AF100700</a>	Mus musculus castaneus MHC class I antigen Qa1	113	1e-24
<a href="#">gb AF111103.1 MMHC322F16</a>	Mouse major histocompatibility class I antigen Qa1	113	1e-24
<a href="#">emb X03210.1 MMMHQ7G1</a>	Mouse MHC Qa2 region Q7 gene for class I antigen Qa2	113	1e-24
<a href="#">emb Y00629.1 MMG37</a>	Murine gene 37 for potential membrane bound protein	113	1e-24
<a href="#">emb X03443.1 MMMHQ9G1</a>	Mouse MHC Qa2 region Q9 gene for class I antigen Qa2	113	1e-24
<a href="#">emb X05389.1 MMQ7BANR</a>	Mouse mRNA for Q7(b) cell surface antigen	113	1e-24
<a href="#">emb V00748.1 MMH2KB</a>	Mouse pseudogene for the transplantation antigen	113	1e-24
<a href="#">dbj D90146.1 MUSQ89D</a>	Mouse Q8/9d gene	113	1e-24
<a href="#">gb M11284.1 MUSMHTLB</a>	Mouse MHC class I Qa-Tla mRNA, (H2-d homolog)	113	1e-24
<a href="#">gb M73272.1 MUSMHQ89DB</a>	Mouse MHC Qa-2,3 class I antigen (Q8/9d)	113	1e-24
<a href="#">gb M29881.1 MUSMHQ89D</a>	Mouse MHC class I Q8/9d cell surface antigen	113	1e-24
<a href="#">gb M27134.1 MUSMHHK2</a>	Mouse MHC class I H-2K1-k pseudogene, (H2-d homolog)	113	1e-24
<a href="#">gb M63790.1 MUSHO2K1K</a>	Mus musculus HO2K1-k gene fragment	113	1e-24
<a href="#">gb U57393.1 MMU57393</a>	Mus musculus class Ib MHC antigen Qa-2	105	3e-22
<a href="#">emb X70385.1 MMQ2BEX2</a>	M. musculus Q2b gene, exon 2	103	1e-21
<a href="#">gb M34073.1 MUSMHT10C</a>	Mus musculus (clone I10-c) MHC class I antigen Qa1	101	5e-21
<a href="#">ref NM_010391.1 </a>	Mus musculus histocompatibility 2, Q region	100	2e-20
<a href="#">emb X16426.1 MMQ10K</a>	Mouse MHC (Qa) Q10-k gene for class I antigen Qa1	100	2e-20
<a href="#">gb K01205.1 MUSMHCQ1</a>	Mouse major histocompatibility class I antigen Qa1	100	2e-20
<a href="#">gb AF041855.1 AF041855</a>	Mus musculus MHC class Ib antigen Qa1	98	8e-20
<a href="#">gb AF100699.1 AF100699</a>	Mus musculus MHC class I antigen Qa1	98	8e-20
<a href="#">gb AF100696.1 AF100696</a>	Mus musculus castaneus MHC class I antigen Qa1	98	8e-20
<a href="#">gb AF100695.1 AF100695</a>	Mus musculus castaneus MHC class I antigen Qa1	98	8e-20
<a href="#">gb L00606.1 MUSMHCQA1A</a>	Mus musculus MHC class I Qa-1a antigen	98	8e-20
<a href="#">gb AF100703.1 AF100703</a>	Mus musculus MHC class I antigen Qa1	90	2e-17
<a href="#">gb AF100956.1 AF100956</a>	Mus musculus major histocompatibility class I antigen Qa1	90	2e-17
<a href="#">gb AF088905.1 AF088905</a>	Mus musculus H-2K2b pseudogene, complete	90	2e-17
<a href="#">gb L23495.1 MUSMHC2AA</a>	Mus musculus MHC class I H-2K mRNA, complete	88	8e-17
<a href="#">gb U47326.1 MMU47326</a>	Mus musculus MHC class I heavy chain protein	82	5e-15
<a href="#">emb X00246.1 MMMH06</a>	Mouse mRNA with a Set 1 repetitive element	82	5e-15
<a href="#">gb L29190.1 L29190</a>	Mouse MHC class I H2-D transplantation antigen	82	5e-15
<a href="#">ref NM_008200.1 </a>	Mus musculus histocompatibility 2, D region	74	1e-12
<a href="#">gb S70184.1 S70184</a>	MHC I=H-2Kd homolog (alternatively spliced)	74	1e-12
<a href="#">gb U47330.1 MMU47330</a>	Mus musculus MHC class I heavy chain protein	74	1e-12
<a href="#">gb U47329.1 MMU47329</a>	Mus musculus MHC class I heavy chain protein	74	1e-12
<a href="#">gb L36065.1 MUSMHCH2KA</a>	Mus musculus MHC class I H2G7 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">gb L36312.1 MUSMHCH2KH</a>	Mus Musculus MHC class I H2Kdv1 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">gb L36311.1 MUSMHCH2KG</a>	Mus Musculus MHC class I H2Kdv1 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">gb L36310.1 MUSMHCH2KF</a>	Mus Musculus MHC class I H2Kdv1 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">gb L36309.1 MUSMHCH2KE</a>	Mus Musculus MHC class I H2Kdv1 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">gb L36308.1 MUSMHCH2KD</a>	Mus Musculus MHC class I H2Kdv1 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">gb L36307.1 MUSMHCH2KC</a>	Mus Musculus MHC class I H2Kdv1 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">gb L36306.1 MUSMHCH2KB</a>	Mus Musculus MHC class I H2Kdv1 K mRNA	74	1e-12
<a href="#">emb X01652.1 MMH2KK</a>	Mouse H-2K(k) gene of the major histocompatibility class I	74	1e-12
<a href="#">emb X52914.1 MMH2D4Q5</a>	M. musculus mutant H-2D4(q) gene, 5' end	74	1e-12
<a href="#">emb X01815.1 MMANT12</a>	Mouse gene for H-2K(d) antigen	74	1e-12
<a href="#">gb M18525.1 MUSMHH2KK</a>	Mouse MHC class I H-2K-k gene (H-2K), complete	74	1e-12
<a href="#">gb J00402.1 MUSMHKD</a>	Mouse MHC class I H2-K gene (haplotype)	74	1e-12
<a href="#">gb M34932.1 MUSMHH2A</a>	Mouse MHC class I H-2K-kml mRNA (H-2K-k)	74	1e-12
<a href="#">gb M18964.1 MUSMHCH2K</a>	Mouse MHC class I H-2Kk-alpha-chain gene	74	1e-12
<a href="#">gb M37682.1 MUSMHH2DBC</a>	Mouse MHC class I H-2D-b antigen gene	72	5e-12



<u>gb M69072.1 MUSMRNAE</u>	Mus musculus mRNA, complete cds	70	2e-11
<u>gb M60169.1 MUSH2KSM1</u>	Mouse H-2K-sm1 mRNA, complete cds	70	2e-11
<u>gb M60168.1 MUSH2KS</u>	Mouse H-2K-s mRNA, complete cds	70	2e-11
<u>gb AC087217.1 AC087217</u>	Mus musculus chromosome 17 clone GS-...	66	3e-10
<u>ref NM_010392.1 </u>	Mus musculus histocompatibility 2, Q regio...	66	3e-10
<u>ref NM_010390.1 </u>	Mus musculus histocompatibility 2, Q regio...	66	3e-10
<u>gb AC007080.2 AC007080</u>	Mus musculus chromosome 17 clone BAC...	66	3e-10
<u>gb AC005807.1 AC005807</u>	Mus musculus chromosome 17 BAC clone...	66	3e-10
<u>gb U96752.1 MMU96752</u>	Mus musculus major histocompatibility comp...	66	3e-10
<u>emb X58609.1 MMQ2K1</u>	Mouse MHC (Qa) Q2-k gene for class I an...	66	3e-10
<u>emb V00746.1 MMH2K1</u>	Mus musculus H-2K gene for MHC class I ...	66	3e-10
<u>gb U47328.1 MMU47328</u>	Mus musculus MHC class I heavy chain p...	66	3e-10
<u>gb U47325.1 MMU47325</u>	Mus musculus MHC class I heavy chain p...	66	3e-10
<u>dbj AK017289.1 AK017289</u>	Mus musculus 6 days neonate head cD...	66	3e-10
<u>gb L36068.1 MUSMHCH2DA</u>	Mus musculus MHC class I H2G7 D mRNA...	66	3e-10
<u>emb X16424.1 MMQ1K1</u>	Mouse MHC (Qa) Q1-k gene for class I an...	66	3e-10
<u>emb X70382.1 MMQ1BEX2</u>	M musculus Q1b gene, exon 2	66	3e-10
<u>emb Y00806.1 MMH2DBLOC</u>	M.musculus RNA for exons 2-8 of H-2D...	66	3e-10
<u>emb X52490.1 MMDDBR</u>	Synthetic D(b) mRNA for D(b) glycoprotein...	66	3e-10
<u>gb M34072.1 MUSMH37T01</u>	Mus musculus MHC class I cell surfac...	66	3e-10
<u>gb M18523.1 MUSMHH2DB</u>	Mouse MHC class I H-2D-b gene (H-2D),...	66	3e-10
<u>gb M69073.1 MUSMRNAG</u>	Mus musculus mRNA, complete cds	66	3e-10
<u>gb M69071.1 MUSMRNAE</u>	Mus musculus mRNA, complete cds	66	3e-10
<u>gb M14825.1 MUSMHKTA</u>	Mouse MHC class I P5 gene (H-2K-w28; h...	66	3e-10
<u>gb M11975.1 MUSMHKKA</u>	Mouse MHC class I H-2K mRNA (haplotype...	66	3e-10
<u>gb M34961.1 MUSMHH2DR</u>	Mouse MHC class I H-2Dr protein mRNA,...	66	3e-10
<u>gb M37681.1 MUSMHH2DBB</u>	Mouse MHC class I H-2D-b antigen gen...	66	3e-10
<u>gb M37680.1 MUSMHH2DBA</u>	Mouse MHC class I H-2D-b antigen gen...	66	3e-10
<u>gb M23444.1 MUSMHCH2D</u>	Mus musculus MHC class I H-2D gene, 5...	66	3e-10
<u>ref NM_019909.1 </u>	Mus musculus MHC (A.CA/J(H-2K-f) class I a...	64	1e-09
<u>ref NM_010380.1 </u>	Mus musculus histocompatibility 2, D regio...	64	1e-09
<u>gb U47327.1 MMU47327</u>	Mus musculus MHC class I heavy chain p...	64	1e-09
<u>gb M18524.1 MUSMHH2DK</u>	Mouse MHC class I H-2D-k gene (H-2D),...	64	1e-09
<u>gb M69070.1 MUSMRNAD</u>	Mus musculus mRNA, complete cds	64	1e-09
<u>gb M58156.1 MUSMHH2KE</u>	Mouse MHC (A.CA/J(H-2K-f) class I ant...	64	1e-09
<u>gb M58595.1 MUSMHH2DKE</u>	Mouse MHC class I H-2D-k mRNA (H-2-b...	64	1e-09
<u>gb M86502.1 MUSMHCIH2D</u>	Mus musculus MHC class I protein (H-...	64	1e-09
<u>gb L23494.1 MUSMHC2A</u>	Mus musculus MHC class I H-2K mRNA, co...	64	1e-09

>gb|U57392.1|MMU57392 Mus musculus class Ib MHC antigen Qa-2 precursor (Q8) gene, complete  
 cds  
 Length = 6189  
 Score = 121 bits (61), Expect = 6e-27  
 Identities = 100/113 (88%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 |||  
 Sbjct: 1133 tacgtggacgacacgcagttcgtgcgcttcgacagcgacgcggaatccgaggatggag 1192

Query: 90 ccgcgggcgcgagtgatagagaaggagggcaggagattgggatcgggagac 142  
 |||  
 Sbjct: 1193 ccgcgggcgcggtggatggagcaggagggccggagattgggagcgggagac 1245

>emb|X03211.1|MMMHQ8G1 Mouse MHC Qa2 region Q8 gene for class I antigen exon 1-3  
 Length = 1249  
 Score = 121 bits (61), Expect = 6e-27  
 Identities = 100/113 (88%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 |||  
 Sbjct: 304 tacgtggacgacacgcagttcgtgcgcttcgacagcgacgcggaatccgaggatggag 363



```

Query: 90  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 142
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 364  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 416
>emb|X03210.1|MMHQ7G1 Mouse MHC Qa2 region Q7 gene for class I antigen exon 1-
3, and joined CDS
          Length = 2390
          Score = 113 bits (57), Expect = 1e-24
          Identities = 99/113 (87%)
          Strand = Plus / Plus

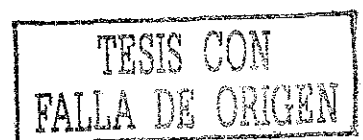
Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1117 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgatgcggaatccgaggatggag 1176

Query: 90  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 142
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1177 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 1229
>dbj|D90146.1|MUSQ89D Mouse Q8/9d gene
          Length = 6089
          Score = 113 bits (57), Expect = 1e-24
          Identities = 99/113 (87%)
          Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1596 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagagacgcggaatccgaggatggag 1655

Query: 90  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 142
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1656 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagac 1708

```





Alineamiento de la secuencia de nucleótidos amplificada vs *Sus scrofa*.

BLASTN 2.1.2 [Nov-13-2000]

**Reference:** Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.

RID: 985732885-6392-22515

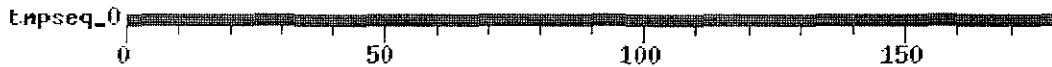
**Query=** (178 letters)

**Database:** nt 823,865 sequences; 2,981,440,623 total letters

If you have any problems or questions with the results of this search please refer to the [BLAST FAQs](#)

Distribution of 122 Blast Hits on the Query Sequence

Color Key for Alignment Scores



TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

Sequences producing significant alignments:

(bits) Value

<a href="#">gb AF074434.1 AF074434</a>	Sus scrofa H34 MHC class I antigen 2...	184	1e-47
<a href="#">gb AF074431.1 AF074431</a>	Sus scrofa H12 MHC class I antigen 2...	184	1e-47
<a href="#">gb AF074428.1 AF074428</a>	Sus scrofa H03 MHC class I antigen 2...	184	1e-47
<a href="#">gb AF074425.1 AF074425</a>	Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen...	184	1e-47
<a href="#">emb AJ131112.1 SSC131112</a>	Sus scrofa MHC class I SLA genes, ...	184	1e-47
<a href="#">emb Z97381.1 SSZ97381</a>	Sus scrofa SLA-2 gene, exon 2 (partial)	184	1e-47
<a href="#">gb AF074432.1 AF074432</a>	Sus scrofa H12 MHC class I antigen 3...	176	4e-45
<a href="#">gb AF074429.1 AF074429</a>	Sus scrofa H03 MHC class I antigen 3...	176	4e-45
<a href="#">emb Z97384.1 SSZ97384</a>	Sus scrofa SLA-3 gene, exon 2 (partial)	176	4e-45
<a href="#">gb AF074426.1 AF074426</a>	Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen...	168	9e-43
<a href="#">gb AF014004.1 AF014004</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PC14...	168	9e-43
<a href="#">gb AF074433.1 AF074433</a>	Sus scrofa H34 MHC class I antigen 1...	157	3e-39
<a href="#">gb AF074430.1 AF074430</a>	Sus scrofa H12 MHC class I antigen 1...	157	3e-39
<a href="#">gb AF074424.1 AF074424</a>	Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen...	157	3e-39
<a href="#">emb AJ251829.1 SSC251829</a>	Sus scrofa MHC class I SLA genomic...	157	3e-39
<a href="#">gb AF014006.1 AF014006</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PD14...	153	5e-38
<a href="#">gb AF014003.1 AF014003</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PC1)...	153	5e-38
<a href="#">gb AF000073.1 SSPG2I01</a>	Sus scrofa MHC class I SLA-PG2I (all...	153	5e-38
<a href="#">gb M59750.1 PIGMHCAAA</a>	Pig MHC class I gene (d haplotype)	153	5e-38
<a href="#">gb AF074427.1 AF074427</a>	Sus scrofa H03 MHC class I antigen 1...	137	3e-33
<a href="#">gb AF014001.1 AF014001</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PA14...	137	3e-33
<a href="#">gb AF000075.1 SSPG5I01</a>	Sus scrofa MHC class I SLA-PG5I (all...	137	3e-33
<a href="#">gb AF014005.1 AF014005</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PD1)...	135	1e-32
<a href="#">gb M21057.1 PIGMHCTA</a>	Pig MHC class I PD1 major transplantat...	135	1e-32
<a href="#">emb Z97397.1 SSZ97397</a>	Sus scrofa SLA-9 gene, exon 2 (partial)	127	3e-30
<a href="#">gb AF074435.1 AF074435</a>	Sus scrofa H34 MHC class I antigen 3...	123	5e-29
<a href="#">gb AF100665.1 AF100665</a>	Sus scrofa MHC class I antigen PD1 (...	113	4e-26
<a href="#">emb AJ251914.1 SSC251914</a>	Sus scrofa MHC class I SLA genes, ...	113	4e-26
<a href="#">gb AF014002.1 AF014002</a>	Sus scrofa MHC class I antigen (PA1)...	113	4e-26
<a href="#">gb M21058.1 PIGMHCTAB</a>	Pig MHC class I PD14 major transplantat...	113	4e-26
<a href="#">emb Z97389.1 SSZ97389</a>	Sus scrofa SLA-5 gene, exon 2	96	1e-20
<a href="#">gb AF013960.1 AF013960</a>	Sus scrofa major histocompatibility ...	80	6e-16
<a href="#">gb AF000077.1 SSPG6II01</a>	Sus scrofa MHC class I SLA-PG6II (a...	60	6e-10
<a href="#">emb Z97394.1 SSZ97394</a>	Sus scrofa SLA-7 gene, exon 2 (partial)	60	6e-10
<a href="#">emb Z97392.1 SSZ97392</a>	Sus scrofa SLA-6 gene, exon 2	54	4e-08
<a href="#">gb M17014.1 PIGMHDR6</a>	Swine MHC class I PD6-glycoprotein mRN...	54	4e-08
<a href="#">gb AF272729.1 AF272729</a>	Sus scrofa MHC class II antigen (SLA...	40	5e-04
<a href="#">gb L36570.1 PIGSLADRB</a>	Sus scrofa MHC class II SLA-DRB1-4 m...	40	5e-04
<a href="#">gb U09952.1 SSU09952</a>	Sus scrofa MHC class II histocompatibili...	40	5e-04
<a href="#">dbj AB038989.1 AB038989</a>	Sus scrofa SLADRB*J02 gene for MHC ...	40	5e-04
<a href="#">gb L08849.1 PIGMHDRBC</a>	Swine MHC DRB allele, b1 domain	40	5e-04
<a href="#">gb L08848.1 PIGMHDRBB</a>	Swine MHC DRB allele, b1 domain	40	5e-04
<a href="#">dbj D78150.1 PIGSLADRXE</a>	Sus scrofa SLA-DRB gene for MHC cla...	40	5e-04
<a href="#">dbj D78147.1 PIGSLADRXB</a>	Sus scrofa SLA-DRB gene for MHC cla...	40	5e-04
<a href="#">dbj D78145.1 PIGSLADREX</a>	Sus scrofa SLA-DRB gene for MHC cla...	40	5e-04
<a href="#">dbj D87426.1 D87426</a>	Porcine leukocyte DNA for MHC class II ...	40	5e-04
<a href="#">dbj D87420.1 D87420</a>	Porcine leukocyte cDNA for MHC class II ...	40	5e-04
<a href="#">dbj D87413.1 D87413</a>	Porcine leukocyte DNA for MHC class II ...	40	5e-04
<a href="#">dbj D87411.1 D87411</a>	Porcine leukocyte DNA for MHC class II ...	40	5e-04
<a href="#">dbj D87409.1 D87409</a>	Porcine leukocyte DNA for MHC class II ...	40	5e-04
<a href="#">dbj D87408.1 D87408</a>	Porcine leukocyte mRNA for MHC class II ...	40	5e-04
<a href="#">gb L36584.1 PIGSLADRBQ</a>	Sus scrofa MHC class II SLA-DRB3-1C ...	38	0.002
<a href="#">gb L36583.1 PIGSLADRB</a>	Sus scrofa MHC class II SLA-DRB3-1B ...	38	0.002
<a href="#">gb U52526.1 SSU52526</a>	Sus scrofa MHC class II beta-1 chain S...	38	0.002
<a href="#">emb Z26639.1 SSGRIS13</a>	S.scrofa MHC class II SLA-DR-beta 1 g...	38	0.002
<a href="#">gb L08847.1 PIGMHDRBA</a>	Swine MHC DRB allele, b1 domain	38	0.002
<a href="#">dbj D87423.1 D87423</a>	Porcine leukocyte mRNA for MHC class II...	38	0.002
<a href="#">dbj D87422.1 D87422</a>	Porcine leukocyte mRNA for MHC class II...	38	0.002
<a href="#">gb AF272731.1 AF272731</a>	Sus scrofa MHC class II antigen (SLA...	32	0.13
<a href="#">gb AF272728.1 AF272728</a>	Sus scrofa MHC class II antigen (SLA...	32	0.13





```

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 3    tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 63  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 122

Query: 150  gtcatgggcatcgca 166
          |||
Sbjct: 123  gtcatgggcatcgca 139
>gb|AF074428.1|AF074428 Sus scrofa H03 MHC class I antigen 2 mRNA, partial cds
          Length = 659
          Score = 184 bits (93), Expect = 1e-47
          Identities = 126/137 (91%)
          Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 3    tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 63  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 122

Query: 150  gtcatgggcatcgca 166
          |||
Sbjct: 123  gtcatgggcatcgca 139
>gb|AF074425.1|AF074425 Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen 2 mRNA, partial
          cds
          Length = 659
          Score = 184 bits (93), Expect = 1e-47
          Identities = 126/137 (91%)
          Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 3    tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 62

Query: 90  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 63  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 122

Query: 150  gtcatgggcatcgca 166
          |||
Sbjct: 123  gtcatgggcatcgca 139
>emb|AJ131112.1|SSC131112 Sus scrofa MHC class I SLA genes, haplotype H01, clone
          BAC 490B10
          Length = 154867
          Score = 184 bits (93), Expect = 1e-47
          Identities = 126/137 (91%)
          Strand = Plus / Plus

Query: 30  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89
          |||
Sbjct: 75894  tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggtatggag 75953

Query: 90  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149
          |||
Sbjct: 75954  ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 76013

Query: 150  gtcatgggcatcgca 166
          |||

```

Sbjct: 76014 gtcattgggcagcgcaca 76030  
 Score = 176 bits (89), Expect = 4e-45  
 Identities = 125/137 (91%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| | || |||||  
 Sbjct: 58166 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtggag 58225

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
 ||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||| |||||||||  
 Sbjct: 58226 ccgcgggcgagcagtgatagagcaggaggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 58285

Query: 150 gtcattgggcagcgcaca 166  
 | ||||||| |||||  
 Sbjct: 58286 gccattgggcagcgcaca 58302  
 Score = 127 bits (64), Expect = 3e-30  
 Identities = 109/124 (87%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| | || |||||  
 Sbjct: 36563 tacgtgaacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtggag 36622

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
 ||||||||| || ||| ||| ||||||||||||||||||||| ||||||| | |||||||||  
 Sbjct: 36623 ccgcgggcgagcagtgatggagcaggaggggcaggagtttgggatcagcagacgcggaat 36682

Query: 150 gtca 153  
 ||||  
 Sbjct: 36683 gtca 36686  
 Score = 95.6 bits (48), Expect = 1e-20  
 Identities = 99/116 (85%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 32 cgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggagcc 91  
 ||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||| || | | || |||||  
 Sbjct: 20290 cgtggacgacacgccgttggtgcggttcgacagcgacgccccgaagcccaggaaggagcc 20349

Query: 92 gcggggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcgga 147  
 ||||||| ||||||||| ||||||||| ||||||||| |||||||||  
 Sbjct: 20350 gcgggcatggtggatagagcaggaggggcccggagtattgggacgaggagacgcgga 20405  
 Score = 61.9 bits (31), Expect = 1e-10  
 Identities = 112/139 (80%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 ||||||||||||||||| || || ||||||||||||||||||||| ||| | | | |||||  
 Sbjct: 94282 tacgtggacgacacgcaactcatgaggttcgacagcgacgccccgaatccgaggggtggag 94341

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
 | |||| | | ||||| ||| || ||||| ||||||||||||| | | ||||| |  
 Sbjct: 94342 ctgcgggccgtcgtggatggagcagcagggggccagagtattgggatctgaacacgcggggc 94401

Query: 150 gtcattgggcagcaca 168  
 |||| | | |||||  
 Sbjct: 94402 gtcaaggacaccgcaca 94420  
 Score = 28.2 bits (14), Expect = 2 0  
 Identities = 14/14 (100%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 164 acaaaaagaccaa 177  
 |||||||||||||  
 Sbjct: 141172 acaaaaagaccaa 141185

Score = 28.2 bits (14), Expect = 2.0  
Identities = 14/14 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 164 acaaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 149665 acaaaaagaccaa 149678  
Score = 28.2 bits (14), Expect = 2.0  
Identities = 14/14 (100%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 164 acaaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 15694 acaaaaagaccaa 15681  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 165 caaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 6992 caaaaagaccaa 7004  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 165 caaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 137945 caaaaagaccaa 137957  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 165 caaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 83663 caaaaagaccaa 83675  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 164 acaaaaagaccaa 176  
|||||  
Sbjct: 105401 acaaaaagaccaa 105389  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 165 caaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 128971 caaaaagaccaa 128959  
>emb|Z97381.1|SSZ97381 Sus scrofa SIA-2 gene, exon 2 (partial)  
Length = 271  
Score = 184 bits (93), Expect = 1e-47  
Identities = 126/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 68 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggatggag 127

Query: 90 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggatattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 128 ccgcgggcgagcagtgatagagaaggaggggagcaggatattgggatcgggagacgcggaac 187

Query: 150 gtcatgggcatcgaca 166

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

|||||  
Sbjct: 188 gtcatgggcagcgcacca 204  
>gb|AF074432.1|AF074432 Sus scrofa H12 MHC class I antigen 3 mRNA, partial cds  
Length = 659  
Score = 176 bits (89), Expect = 4e-45  
Identities = 125/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 63 ccgcgggcgagtgatagagcaggagggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgcacca 166  
| |||||  
Sbjct: 123 gccatgggcagcgcacca 139  
>gb|AF074429.1|AF074429 Sus scrofa H03 MHC class I antigen 3 mRNA, partial cds  
Length = 659  
Score = 176 bits (89), Expect = 4e-45  
Identities = 125/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 63 ccgcgggcgagtgatagagcaggagggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 122

Query: 150 gtcatgggcatcgcacca 166  
| |||||  
Sbjct: 123 gccatgggcagcgcacca 139  
>emb|Z97384.1|SSZ97384 Sus scrofa SLA-3 gene, exon 2 (partial)  
Length = 271  
Score = 176 bits (89), Expect = 4e-45  
Identities = 125/137 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 68 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtggag 127

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|||||  
Sbjct: 128 ccgcgggcgagtgatagagcaggagggggcaggagtattgggatgaggagacgcggaac 187

Query: 150 gtcatgggcatcgcacca 166  
| |||||  
Sbjct: 188 gccatgggcagcgcacca 204  
>gb|AF074426.1|AF074426 Sus scrofa H01/28 MHC class I antigen 3 mRNA, partial cds  
Length = 659  
Score = 168 bits (85), Expect = 9e-43  
Identities = 118/129 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggtggag 62





Identities = 109/119 (91%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30      tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 145040    tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggatggag  
145099

Query: 90      ccgcgggcgagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaa 148  
|||||  
Sbjct: 145100    ccgcgggcgccgtggatacagcaggaggggcaggactattgggatcgggagacgcggaa 145158  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 165      caaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 72111    caaaaagaccaa 72123  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 165      caaaaagaccaa 177  
|||||  
Sbjct: 43638    caaaaagaccaa 43626  
>gb|AF014006.1|AF014006 Sus scrofa MHC class I antigen (PD14) mRNA, complete cds  
Length = 1095  
Score = 153 bits (77), Expect = 5e-38  
Identities = 122/137 (89%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30      tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 151      tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggatggag 210

Query: 90      ccgcgggcgagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaa 149  
|| ||  
Sbjct: 211      cctcgggcccgtggatacagcaggaggggcaggagtattgggataggaacacgcggaa 270

Query: 150      gtcatgggcatcgaca 166  
| ||  
Sbjct: 271      gccatgggcaacgcaca 287  
>gb|AF014003.1|AF014003 Sus scrofa MHC class I antigen (PCI) mRNA, complete cds  
Length = 1086  
Score = 153 bits (77), Expect = 5e-38  
Identities = 122/137 (89%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30      tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||  
Sbjct: 142      tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatccgcggatggag 201

Query: 90      ccgcgggcgagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaa 149  
|||||  
Sbjct: 202      ccgcgggcgccgtggatacagcaggaggggcagaagtattgggatgaggagacgcagaac 261

Query: 150      gtcatgggcatcgaca 166  
| ||  
Sbjct: 262      gccatgggcaacgcaca 278  
>gb|AF000073.1|SSPG2I01 Sus scrofa MHC class I SLA-PG2I (allele 12) gene, exon 2  
Length = 273  
Score = 153 bits (77), Expect = 5e-38  
Identities = 122/137 (89%)  
Strand = Plus / Plus

**TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN**

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 |||  
 Sbjct: 79 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccaaatccgCGgatggag 138

Query: 90 ccgCGGGcgcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
 |||  
 Sbjct: 139 ccgCGGGcgcCGtgGatagagaaggCGgagcagaagtattgggatgaggagacgcggaac 198

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166  
 | |||  
 Sbjct: 199 gccatgggCagcgca 215  
 >gb|M59750.1|PIGMHCAA Pig MHC class I gene (d haplotype)  
 Length = 4961  
 Score = 153 bits (77), Expect = 5e-38  
 Identities = 122/137 (89%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 |||  
 Sbjct: 1476 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccaaatccgCGgatggag 1535

Query: 90 ccgCGGGcgcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
 |||  
 Sbjct: 1536 cctCGGgtgCGtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggataaggagacgcggaac 1595

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166  
 | |||  
 Sbjct: 1596 gccatgggCagcgca 1612  
 >gb|AF074427.1|AF074427 Sus scrofa H03 MHC class I antigen 1 mRNA, partial cds  
 Length = 659  
 Score = 137 bits (69), Expect = 3e-33  
 Identities = 96/105 (91%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 |||  
 Sbjct: 3 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccgaatccgagggaggag 62

Query: 90 ccgCGGGcgcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggat 134  
 |||  
 Sbjct: 63 ccgCGGGcgcCGtgGatacagcaggaggggCaggagtattgggat 107  
 >gb|AF014001.1|AF014001 Sus scrofa MHC class I antigen (PA14) mRNA, complete cds  
 Length = 1095  
 Score = 137 bits (69), Expect = 3e-33  
 Identities = 102/113 (90%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 |||  
 Sbjct: 151 tacgtggacgacacgcagttcgtgaggttcgacagcGacgccccgaatccgagggaggag 210

Query: 90 ccgCGGGcgcagtgGatagagaaggaggggCaggagtattgggatcgggagac 142  
 |||  
 Sbjct: 211 ccgCGGGcgcCGtgGatacagcaggaggggCaggactattgggatcgggagac 263  
 >gb|AF000075.1|SSPG5I01 Sus scrofa MHC class I SLA-PG5I (allele 12) gene, exon 2  
 Length = 273  
 Score = 137 bits (69), Expect = 3e-33  
 Identities = 96/105 (91%)  
 Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccaaatgcaaagacggag 89  
 |||  
 Sbjct: 79 tacgtggacgacacgcagttcgtgCGGttcgacagcGacgccccgaatccgagggaggag 138





Sbjct: 3 |||||  
tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccgaatccgcggatggag 62

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagg-----ggcaggagtattgggatcgggag 140  
|||||

Sbjct: 63 ccgcgggcgccgtggataaagcaggagggggcaggagtggcaggagtattgggatgaggag 122

Query: 141 acgcggaacgtcatgggcatcgca 166  
|||||

Sbjct: 123 acgcggaacgccatggcagcgca 148  
>gb|AF100665.1|AF100665 Sus scrofa MHC class I antigen PD1 (SLA1) mRNA, SLA1-a  
allele,  
complete cds  
Length = 1249  
Score = 113 bits (57), Expect = 4e-26  
Identities = 117/137 (85%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||

Sbjct: 142 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacaactacgccccgaatccgcggatggag 201

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|| |||||

Sbjct: 202 cctcgggtgccgtggatacagcaggagggggcaggactattgggatgaggagacgcggaac 261

Query: 150 gtcatgggcatcgca 166  
|||| ||

Sbjct: 262 gtcaaggacaacgcaca 278  
>emb|AJ251914.1|SSC251914 Sus scrofa MHC class I SLA genes, haplotype H01, clone  
BAC 493A6  
Length = 158063  
Score = 113 bits (57), Expect = 4e-26  
Identities = 93/105 (88%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 30 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggag 89  
|||||

Sbjct: 84853 tacgtggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgaagctcagaatccgaggatggag 84794

Query: 90 ccgcgggcgagtgatagagaaggagggggcaggagtattgggat 134  
|||||

Sbjct: 84793 ccgcgggcgccgtgggtggagcaggagggggcaggagtattgggat 84749  
Score = 77.8 bits (39), Expect = 2e-15  
Identities = 87/103 (84%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 34 tggacgacacgcagttcgtgcggttcgacagcgacgccccaaatgcaaagacggagccgc 93  
|||||

Sbjct: 57440 tggacgacacgcagttcgtacgggttcagcagcgatgcccggaatccaaggggtggagcctc 57499

Query: 94 gggcgagtgatagagaaggagggggcaggagtattgggatcg 136  
|||||

Sbjct: 57500 gggcgccgtggatggagcaggagggggcgggaatattgggatcg 57542  
Score = 60.0 bits (30), Expect = 6e-10  
Identities = 30/30 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 36 gacgacacgcagttcgtgcggttcgacagc 65  
|||||

Sbjct: 68592 gacgacacgcagttcgtgcggttcgacagc 68621  
Score = 28.2 bits (14), Expect = 2.0  
Identities = 14/14 (100%)  
Strand = Plus / Minus

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

Query: 164 acaaaaagaccaa 177  
|  
Sbjct: 41410 acaaaaagaccaa 41397  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 112 aggaggggcagga 124  
|  
Sbjct: 69934 aggaggggcagga 69946  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 112 aggaggggcagga 124  
|  
Sbjct: 9606 aggaggggcagga 9618  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 165 caaaaagaccaa 177  
|  
Sbjct: 126159 caaaaagaccaa 126147  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 165 caaaaagaccaa 177  
|  
Sbjct: 117861 caaaaagaccaa 117849  
Score = 26.3 bits (13), Expect = 7.9  
Identities = 13/13 (100%)  
Strand = Plus / Minus

Query: 165 caaaaagaccaa 177  
|  
Sbjct: 55090 caaaaagaccaa 55078  
>gb|AF014002.1|AF014002 Sus scrofa MHC class I antigen (PA1) mRNA, complete cds  
Length = 1086  
Score = 113 bits (57), Expect = 4e-26  
Identities = 117/137 (85%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 30 tacgtggacgacgcagttcgtgcggttcgacagcagcggcccaaatgcaaagacggag 89  
|  
Sbjct: 142 tacgtggacgacgcagttcgtgcggttcgacaactacggccgaatccgcggatggag 201

Query: 90 ccgcgggcgcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcgggagacgcggaac 149  
|  
Sbjct: 202 cctcgggtgccgtggatacagcaggaggggcaggactattgggatgaggagacgcggaaa 261

Query: 150 gtcatgggcatgcaca 166  
|  
Sbjct: 262 gtcaaggacaacgcaca 278  
>gb|M21058.1|PIGMHCTAB Pig MHC class I PD14 major transplantation antigen (SLA)  
gene,  
complete cds  
Length = 3645  
Score = 113 bits (57), Expect = 4e-26  
Identities = 117/137 (85%)  
Strand = Plus / Plus



|||||  
Sbjct: 83 tggacgacacgcagttcgtacggttcagcagcgatgccgcgaatccaaggggtggagcctc 142

Query: 94 gggcgcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcg 136  
|||||

Sbjct: 143 gggccgtgggatggagcaggaggggcgggaatattgggatcg 185  
>gb|M17014.1|PIGMHDR6 Swine MHC class I PD6-glycoprotein mRNA, complete cds  
Length = 3797  
Score = 54.0 bits (27), Expect = 4e-08  
Identities = 84/103 (81%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 34 tggacgacacgcagttcgtcgggttcgacagcgacgcccaaatgcaaagacggagccgc 93  
|||||

Sbjct: 841 tggacgacacgcagttcgtacggttcagcagcgatgccgcgaatccaaggggtggagcctc 900

Query: 94 gggcgcagtgatagagaaggaggggcaggagtattgggatcg 136  
|||||

Sbjct: 901 gggccgtgggatggagcaggaggggcgggaatattgggatcg 943  
>gb|AF272729.1|AF272729 Sus scrofa MHC class II antigen (SIA-DRB) gene, SIA-DRB\*P06 allele,  
exon 2 and partial cds  
Length = 245  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 46 agttcgtgcggttcgacagcgacg 69  
|||||

Sbjct: 92 agttcgtgcggttcgacagcgacg 115  
>gb|L36570.1|PIGSLADRBC Sus scrofa MHC class II SLA-DRB1-4 mRNA, exon 2  
Length = 276  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 46 agttcgtgcggttcgacagcgacg 69  
|||||

Sbjct: 101 agttcgtgcggttcgacagcgacg 124  
>gb|U09952.1|SSU09952 Sus scrofa MHC class II histocompatibility antigen SLA-DRB (SLA-DRB-S04 allele) gene, partial cds  
Length = 218  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 46 agttcgtgcggttcgacagcgacg 69  
|||||

Sbjct: 84 agttcgtgcggttcgacagcgacg 107  
>dbj|AB038989.1|AB038989 Sus scrofa SLADRBJ02 gene for MHC Class II antigen, partial cds  
Length = 218  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 46 agttcgtgcggttcgacagcgacg 69  
|||||

Sbjct: 84 agttcgtgcggttcgacagcgacg 107  
>gb|L08849.1|PIGMHDRBC Swine MHC DRB allele, b1 domain  
Length = 282  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus





Query: 46 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 69  
|||||  
Sbjct: 83 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 106  
>dbj|D87413.1|D87413 Porcine leukocyte DNA for MHC class II histocompatibility antigen,  
partial cds  
Length = 210  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 46 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 69  
|||||  
Sbjct: 83 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 106  
>dbj|D87411.1|D87411 Porcine leukocyte DNA for MHC class II histocompatibility antigen,  
partial cds  
Length = 210  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 46 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 69  
|||||  
Sbjct: 83 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 106  
>dbj|D87409.1|D87409 Porcine leukocyte DNA for MHC class II histocompatibility antigen,  
partial cds  
Length = 210  
Score = 40.1 bits (20), Expect = 5e-04  
Identities = 23/24 (95%)  
Strand = Plus / Plus

Query: 46 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 69  
|||||  
Sbjct: 83 agttcgtgCGgttcgacagcgacg 106  
Database: nt  
Posted date: Mar 26, 2001 2:02 AM  
Number of letters in database: 2,981,440,623  
Number of sequences in database: 823,865

### Traducción de la secuencia de nucléotidos a sus tres diferentes marcos de lectura.

La secuencia obtenida fue traducida a su correspondiente secuencia de aminoácidos con el programa Dnaman (figura 11) utilizando para la traducción el código genético estándar para genes eucariontes de estos tres marcos de lectura se seleccionó el que mejor se alineó al consenso de las moléculas clásicas:

**YVDDIQFVRFDSAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI**

Esta misma secuencia fue alineada con las diferentes moléculas clásicas del H-2 del ratón y el SLA en el cerdo

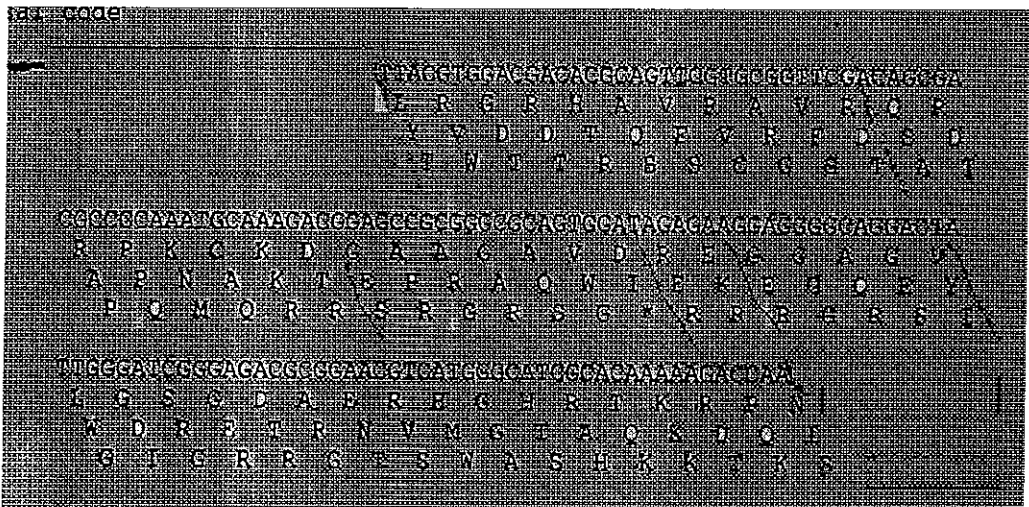


Figura 11 traducción de la secuencia obtenida a sus tres marcos de lectura.

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

# Alineamiento de la secuencia de aminoácidos vs moléculas de *Mus musculus*.

BLASTP 2.1.2 [Nov-13-2000]

**Reference:**

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.

RID: 985740786-1964-11073

**Query=**

(66 letters)

**Database: nr**

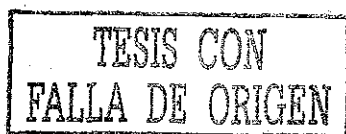
653,326 sequences; 205,916,393 total letters

If you have any problems or questions with the results of this search please refer to the [BLAST FAQs](#)

[Taxonomy reports](#)

## Distribution of 100 Blast Hits on the Query Sequence

### Color Key for Alignment Scores



Sequences producing significant alignments: (bits) Value

<a href="#">ref NP_034520.1 </a>	histocompatibility 2, Q region locus 1 [Mus musculus]	73	3e-14
<a href="#">gb AAB71648.1 </a>	(U96752) major histocompatibility complex Q1b chain [Mus musculus]	73	3e-14
<a href="#">pir  B24582</a>	H-2 class I histocompatibility antigen Q8 alpha chain [Mus musculus]	72	4e-14
<a href="#">gb AAB41657.1 </a>	(U57392) class Ib MHC antigen Qa-2 precursor [Mus musculus]	72	4e-14
<a href="#">prf  1503111B</a>	H2Dd gene [Mus musculus]	72	4e-14
<a href="#">sp P14430 HA18</a>	MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPAIIBIIIIY ANIIGEN...	72	4e-14
<a href="#">pdb 1QO3 A</a>	Chain A, Complex Between Nk Cell Receptor Iy49a And H2-Dd [Mus musculus]	72	4e-14
<a href="#">emb CAA26955.1 </a>	(X03211) put. Q8 antigen [Mus musculus]	72	4e-14
<a href="#">prf  1401243B</a>	major histocompatibility complex HLA I [Mus musculus]	72	4e-14
<a href="#">sp P01900 HA12</a>	MOUSE H-2 CLASS I HISIOCOMPAIIBILITY ANTIGEN...	72	4e-14
<a href="#">pdb 1DDH A</a>	Chain A, Mhc Class I H-2dd Heavy Chain Complexed With Peptide [Mus musculus]	72	6e-14
<a href="#">pdb 2MHA A</a>	Chain A, Class I Histocompatibility Antigen H-2k1 [Mus musculus]	71	8e-14
<a href="#">sp P01901 HA1B</a>	MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPAIIBIIIIY ANIIGEN...	71	8e-14
<a href="#">pdb 1G6R H</a>	Chain H, A Functional Hot Spot For Antigen Recognition [Mus musculus]	71	8e-14
<a href="#">emb CAA28977.1 </a>	(X05389) Q7(b) gene product (AA 1 - 330) [Mus musculus]	71	8e-14
<a href="#">sp P14431 HA19</a>	MOUSE H-2 CLASS I HISIOCOMPAIIBIIIIY ANIIGEN...	71	8e-14
<a href="#">pdb 1FO0 H</a>	Chain H, Murine Alloreactive Scfv Icr-Peptide-Mhc [Mus musculus]	71	8e-14
<a href="#">emb CAA27172.1 </a>	(X03443) put. Q9 antigen [Mus musculus]	71	8e-14
<a href="#">dbj BAB28645.1 </a>	(AK013097) putative [Mus musculus]	71	8e-14
<a href="#">ref NP_034524.1 </a>	histocompatibility 2, Q region locus 7 [Mus musculus]	71	8e-14
<a href="#">gb AAD28341.1 </a>	(AF100702) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">gb AAD28339.1 </a>	(AF100700) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">gb AAD31381.1 </a>	AF057279_1 (AF057279) MHC class Ib antigen Qa1 [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">pir  A45883</a>	MHC class I histocompatibility antigen Q8/9-d peptide [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">gb AAD28340.1 </a>	(AF100701) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">ref NP_034528.1 </a>	histocompatibility 2, T region locus 23 [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">gb AAA39678.1 </a>	(M29881) MHC Q8/9d surface antigen [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">gb AAD12244.1 </a>	(AF082510) MHC class Ib antigen Qa-1c [Mus musculus]	71	1e-13
<a href="#">gb AAA39740.1 </a>	(M69069) ORF [Mus musculus]	70	1e-13
<a href="#">dbj BAA14174.1 </a>	(D90146) Q8/9d peptide [Mus musculus]	70	2e-13
<a href="#">pir  I54459</a>	MHC H-2K1-k - mouse >gi 387456 gb AAA39610.1  (I000000000)	70	2e-13
<a href="#">pir  I49712</a>	H-2K-s - mouse >gi 193735 gb AAA37765.1  (M601600000)	70	2e-13
<a href="#">pir  I49713</a>	H-2K-sml - mouse >gi 193737 gb AAA37766.1  (M601600000)	70	2e-13
<a href="#">prf  1808278A</a>	MHC H-2K1k [Mus musculus]	70	2e-13
<a href="#">sp P01898 HA10</a>	MOUSE H-2 CLASS I HISIOCOMPAIIBIIIIY ANIIGEN...	70	2e-13
<a href="#">ref NP_034521.1 </a>	histocompatibility 2, Q region locus 10 [Mus musculus]	70	2e-13
<a href="#">gb AAD28338.1 </a>	(AF100699) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]	70	2e-13
<a href="#">pir  A60854</a>	MHC class I histocompatibility antigen A216 alpha chain [Mus musculus]	69	4e-13
<a href="#">pir  A32273</a>	MHC class I histocompatibility antigen H-2 Q4 alpha chain [Mus musculus]	68	6e-13
<a href="#">pir  I56077</a>	MHC class I antigen - mouse >gi 199430 gb AAA39610.1  (I000000000)	68	8e-13
<a href="#">gb AAB41658.1 </a>	(U57393) class Ib MHC antigen Qa-2 [Mus musculus]	68	8e-13
<a href="#">prf  1503111A</a>	H2Dp gene [Mus musculus]	67	1e-12
<a href="#">gb AAD28335.1 </a>	(AF100696) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]	67	1e-12
<a href="#">pir  I56198</a>	MHC Qa-1a - mouse >gi 407328 gb AAA16900.1  (I000000000)	67	1e-12
<a href="#">gb AAD28334.1 </a>	(AF100695) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]	67	1e-12
<a href="#">sp P14426 HA13</a>	MOUSE H-2 CLASS I HISIOCOMPAIIBIIIIY ANIIGEN...	67	1e-12
<a href="#">ref NP_034510.1 </a>	histocompatibility 2, D region locus 1 [Mus musculus]	66	1e-12
<a href="#">pir  I70694</a>	H-2D cell surface glycoprotein - mouse (fragment) [Mus musculus]	66	2e-12
<a href="#">pir  I55665</a>	H-2D cell surface glycoprotein - mouse (fragment) [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">gb AAA80451.1 </a>	(L36306) H2-K gene product [Mus musculus] >gi 193735 gb AAA37765.1  (M601600000)	66	3e-12
<a href="#">gb AAA39567.1 </a>	(M23444) H-2D cell surface glycoprotein [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">pdb 1FG2 A</a>	Chain A, Crystal Structure Of The Lcmv Peptidic Antigen [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">pdb 1HOC A</a>	Chain A, Murine Class I Major Histocompatibility Antigen [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">gb AAA80453.1 </a>	(L36308) H2-K gene product [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">ref NP_032225.1 </a>	histocompatibility 2, blastocyst; blastocyst [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">pdb 1QLF A</a>	Chain A, Mhc Class I H-2db Complexed With Glycoprotein [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">pir  HLMSDB</a>	MHC class I histocompatibility antigen H-2D(b) [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">gb AAA39601.1 </a>	(M37681) H-2D cell surface glycoprotein [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">gb AAA39553.1 </a>	(L23495) MHC H-2K antigen [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">gb AAB30503.2 </a>	(S70184) class I major histocompatibility antigen [Mus musculus]	66	3e-12
<a href="#">gb AAA80455.1 </a>	(L36310) H2-K gene product [Mus musculus] >gi 193735 gb AAA37765.1  (M601600000)	66	3e-12

pdb 1CE6 A Chain A, Mhc Class I H-2db Complexed With A Send...	66	3e-12
emb CAA25956.1  (X01815) H-2K(d) antigen [Mus musculus]	66	3e-12
gb AAA39652.1  (J00402) MHC H2-K antigen [Mus musculus]	66	3e-12
prf  1401243A major histocompatibility complex HLA I [Mus m...	66	3e-12
sp P01902 HA1D MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN...	66	3e-12
sp P01899 HA1I MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN...	66	3e-12
pdb 1BZ9 A Chain A, Crystal Structure Of Murine Class I Mhc...	66	3e-12
gb AAA39744.1  (M69073) ORF [Mus musculus]	65	4e-12
ref NP_064293.1  MHC (A.CA/J(H-2K-f) class I antigen [Mus m...	65	4e-12
gb AAA39552.1  (L23494) MHC H-2K antigen [Mus musculus]	65	4e-12
gb AAB62678.1  (U97660) MHC class I H-2Dp [Mus musculus]	65	5e-12
sp P14427 HA1A MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN...	65	5e-12
pir  S03687 Class I histocompatibility antigen H-2DP alpha	65	5e-12
pir  A45859 MHC class I histocompatibility antigen H-2D(d)	64	9e-12
gb AAD28342.1  (AF100703) MHC class I antigen Qa1 [Mus muscu...	64	9e-12
ref NP_034522.1  histocompatibility 2, Q region locus 2 [Mus...	64	9e-12
pir  A53277 MHC class I histocompatibility antigen H-2D(dx)	64	1e-11
pir  I57814 MHC class I-alpha - mouse >gi 199307 gb AAA3957...	63	2e-11
gb AAA39739.1  (M69067) ORF [Mus musculus]	63	2e-11
ref NP_032226.1  histocompatibility 2, D region locus 4 [Mus...	62	3e-11
gb AAA39742.1  (M69071) ORF [Mus musculus]	62	3e-11
gb AAA53202.1  (M18525) MHC H-2K-k protein [Mus musculus]	62	6e-11
gb AAB17608.1  (U47330) MHC class I heavy chain precursor [...]	62	6e-11
pir  I57806 MHC H-2K-kml mRNA - mouse (fragment) >gi 199406...	62	6e-11
gb AAA39568.1  (M18964) MHC H-2Kk alpha chain [Mus musculus]	62	6e-11
sp P04223 HA1K MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN...	62	6e-11
gb AAA53203.1  (M18525) MHC H-2K-k protein [Mus musculus]	62	6e-11
pir  HLM5LD MHC class I histocompatibility antigen H-2L(d)	62	6e-11
pir  A45876 class I histocompatibility antigen H-2D-r alpha...	61	8e-11
sp P03991 HA1W MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN...	61	1e-10
gb AAA73061.1  (M69068) [Mus musculus mRNA, complete cds.]...	60	1e-10
emb CAA24129.1  (V00752) unnamed protein product [Mus muscu...	60	2e-10
prf  1006281B antigen H-2Dq,histocompatibility [Mus musculus]	60	2e-10
prf  1006281C antigen H-2Dq Lq,histocompatibility [Mus muscu...	60	2e-10
pir  JL0059 H-2 class I histocompatibility antigen L-q - mo...	60	2e-10
sp P01897 HA1L MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN...	60	2e-10
pir  B60854 MHC class I histocompatibility antigen A149 alp...	60	2e-10
pdb 1LD9 A Chain A, The Three-Dimensional Structure Of An H...	60	2e-10
pdb 1LDP H Chain H, Crystal Structure Of Murine Mhc Class I...	60	2e-10

#### Alignments

>ref|NP\_034520.1| histocompatibility 2, Q region locus 1 [Mus musculus]  
emb|CAA34448.1| (X16424) class I (Qa) Q1-k antigen [Mus musculus]

Length = 363

Score = 72.8 bits (177), Expect = 3e-14

Identities = 32/49 (65%), Positives = 38/49 (77%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQ 56  
YVDDTQFVRFSDA N + EPRA W+E+EG EYW+R TR V G ++ Q

Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAKNPRYEPRAPWMEQEGPEYWERNTRRVKGSEKRFQ 96

>gb|AAB71648.1| (U96752) major histocompatibility complex Q1b [Mus musculus]

Length = 368

Score = 72.8 bits (177), Expect = 3e-14

Identities = 32/49 (65%), Positives = 38/49 (77%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQ 56  
YVDDIQFVRFSDA N + EPRA W+E+EG EYW+R TR V G ++ Q

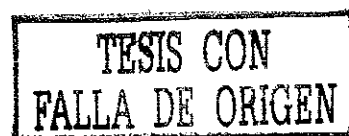
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAKNPRYEPRAPWMEQEGPEYWERNTRRVKGSEKRFQ 96

>pir||B24582 H-2 class I histocompatibility antigen Q8 alpha chain precursor - mouse

Length = 324

Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14

Identities = 30/43 (69%), Positives = 36/43 (82%)



Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMG 50  
YVDDIQFVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKG 90  
>gb|AAB41657.1| (U57392) class Ib MHC antigen Qa-2 precursor [Mus musculus]  
Length = 326  
Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14  
Identities = 30/43 (69%), Positives = 36/43 (82%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMG 50  
YVDDIQFVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKG 90  
>prf||1503111B H2Dd gene [Mus musculus]  
Length = 203  
Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14  
Identities = 31/50 (62%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
YVD+I+FVRFSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REIR G Q ++  
Sbjct: 48 YVDNTEFVRFSDAENPRYEPRARWIEQEGPEYWEREIRRAKGNESFRV 97  
>sp|P14430|HA18 MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIIGEN, Q8 ALPHA CHAIN  
PRECURSOR  
Length = 326  
Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14  
Identities = 30/43 (69%), Positives = 36/43 (82%)

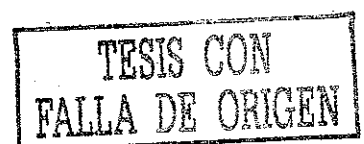
Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMG 50  
YVDDIQFVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G  
Sbjct: 48 YVDDTQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKG 90  
>pdb|1QO3|A Chain A, Complex Between Nk Cell Receptor Ly49a And Its Mhc Class  
I Ligand H-2dd  
Length = 277  
Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14  
Identities = 31/50 (62%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
YVD+I+FVRFSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REIR G Q ++  
Sbjct: 27 YVDNIEFVRFSDAENPRYEPRARWIEQEGPEYWERETRAKGNESFRV 76  
>emb|CAA26955.1| (X03211) put. Q8 antigen [Mus musculus]  
Length = 182  
Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14  
Identities = 30/43 (69%), Positives = 36/43 (82%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMG 50  
YVDDIQFVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G  
Sbjct: 27 YVDDIQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKG 69  
>prf||1401243B major histocompatibility complex HLA I [Mus musculus]  
Length = 341  
Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14  
Identities = 31/50 (62%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
YVD+I+FVRFSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REIR G Q ++  
Sbjct: 27 YVDNIEFVRFSDAENPRYEPRARWIEQEGPEYWEREIRRAKGNESFRV 76  
>sp|P01900|HA12 MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIIGEN, D-D ALPHA CHAIN  
PRECURSOR (H-2D(D))  
pdb|1BII|A Chain A, The Crystal Structure Of H-2dd Mhc Class I In Complex With  
The Hiv-1 Derived Peptide P18-110  
gb|AAA39581.1| (L29190) MHC H-2D-d transplantation antigen [Mus musculus]  
gb|AAB17604.1| (U47326) MHC class I heavy chain precursor [Mus musculus]  
Length = 365  
Score = 72.0 bits (175), Expect = 4e-14  
Identities = 31/50 (62%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQI 57



YVD+I+FVRFSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REIR G Q ++  
 Sbjct: 51 YVDNIEFVRFSDAENPRYEPRARWIEQEGPEYWEREIRRKAGNEQSFV 100  
 >pdb|1DDH|A Chain A, Mhc Class I H-2dd Heavy Chain Complexed With Beta-2  
 Microglobulin And An Immunodominant Peptide P18-I10  
 From The Human Immunodeficiency Virus Envelope  
 Glycoprotein 120  
 Length = 274  
 Score = 71.6 bits (174), Expect = 6e-14  
 Identities = 31/50 (62%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
 YVD+I+FVRFSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REIR G Q ++  
 Sbjct: 27 YVDNIEFVRFSDAENPRYEPRARWIEQEGPEYWERETRRANGNEQSFV 76  
 >pdb|2MHA|A Chain A, Class I Histocompatibility Antigen H-2k(B) Complex With  
 Octapeptide Arg-Gly-Tyr-Val-Tyr-Gln-Gly-Leu  
 pdb|2MHA|C Chain C, Class I Histocompatibility Antigen H-2k(B) Complex With  
 Octapeptide Arg-Gly-Tyr-Val-Tyr-Gln-Gly-Leu  
 Length = 270  
 Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
 Identities = 30/50 (60%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDI+FVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q ++  
 Sbjct: 27 YVDDIEFVRFSDAENPRYEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKGNEQSFV 76  
 >sp|P01901|HA1B MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIEN, K-B ALPHA CHAIN  
 PRECURSOR H-2K(B)  
 pir|HLMSEB MHC class I histocompatibility antigen H-2K(b) alpha chain  
 precursor - mouse  
 gb|AAB17606.1| (U47328) MHC class I heavy chain precursor [Mus musculus]  
 gb|AAC69900.1| (AF100956) H2K1(b) [Mus musculus]  
 emb|CAA24119.2| (V00746) MHC class I antigen H-2K [Mus musculus]  
 Length = 369  
 Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
 Identities = 30/50 (60%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDI+FVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+RET+ G Q ++  
 Sbjct: 48 YVDDTEFVRFSDAENPRYEPRARWMEQEGPEYWERETQKAKGNEQSFV 97  
 >pdb|1G6R|H Chain H, A Functional Hot Spot For Antigen Recognition In A  
 Superagonist IcrMHC COMPLEX  
 pdb|1G6R|I Chain I, A Functional Hot Spot For Antigen Recognition In A  
 Superagonist IcrMHC COMPLEX  
 pdb|1OSZ|A Chain A, Mhc Class I H-2kb Heavy Chain Complexed With Beta-2  
 Microglobulin And An (L4v) Mutant Of The Vesicular  
 Stomatitis Virus Nucleoprotein  
 pdb|1KBG|H Chain H, Mhc Class I H-2kb Presented Glycopeptide Rgy8-6h-Gal2  
 pdb|2VAA|A Chain A, Mhc Class I H-2kb Heavy Chain Complexed With Beta-2  
 Microglobulin And Vesicular Stomatitis Virus  
 Nucleoprotein  
 pdb|1VAC|A Chain A, Mhc Class I H-2kb Heavy Chain Complexed With Beta-2  
 Microglobulin And Chicken Ovalbumin  
 pdb|1VAD|A Chain A, Mhc Class I H-2kb Heavy Chain Complexed With Beta-2  
 Microglobulin And Yeast Alpha-Glucosidase  
 pdb|2VAB|A Chain A, Mhc Class I H-2kb Heavy Chain Complexed With Beta-2  
 Microglobulin And Sendai Virus Nucleoprotein  
 Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
 Identities = 30/50 (60%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDI+FVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q ++  
 Sbjct: 27 YVDDIEFVRFSDAENPRYEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKGNEQSFV 76  
 >emb|CAA28977.1| (X05389) Q7(b) gene product (AA 1 - 330) [Mus musculus]  
 Length = 330  
 Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14

Identities = 31/46 (67%), Positives = 37/46 (80%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q

Sbjct: 44 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREQIQAAGHEQ 89  
>sp|P14431|HA19 MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, Q9 ALPHA CHAIN  
PRECURSOR

Length = 200  
Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
Identities = 31/46 (67%), Positives = 37/46 (80%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q

Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREQIQAAGHEQ 93  
>pdb|1FO0|H Chain H, Murine Alloreactive Scfv Tcr-Peptide-Mhc Class I  
Molecule Complex

Length = 276  
Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
Identities = 30/50 (60%), Positives = 39/50 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKQDI 57  
YVDDI+VRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q ++

Sbjct: 28 YVDDIEFVRFSDSDAENPRYEPRARWMEQEGPEYWEREQIQAAGNEQSERV 77  
>emb|CAA27172.1| (X03443) put. Q9 antigen [Mus musculus]

Length = 179  
Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
Identities = 31/46 (67%), Positives = 37/46 (80%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q

Sbjct: 27 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREQIQAAGHEQ 72  
>dbj|BAB28645.1| (AK013097) putative [Mus musculus]

Length = 184  
Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
Identities = 31/46 (67%), Positives = 37/46 (80%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q

Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREQVAKGHEQ 93  
>ref|NP\_034524.1| histocompatibility 2, Q region locus 7 [Mus musculus]

sp|P14429|HA17 MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, Q7 ALPHA CHAIN  
PRECURSOR QA-2 ANTIGEN)

pir||A24582 MHC class I histocompatibility antigen H-2 Q7 alpha chain  
precursor - mouse

emb|CAA26954.1| (X03210) Qa2 antigen [Mus musculus]

Length = 334  
Score = 71.2 bits (173), Expect = 8e-14  
Identities = 31/46 (67%), Positives = 37/46 (80%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q

Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREQIQAAGHEQ 93  
>gb|AAD28341.1| (AF100702) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]

Length = 196  
Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
Identities = 30/38 (78%), Positives = 34/38 (88%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REI

Sbjct: 40 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWIEQEGPEYWEREQI 77  
>gb|AAD28339.1| (AF100700) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus castaneus]

Length = 196  
Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
Identities = 30/38 (78%), Positives = 34/38 (88%)



Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRET 45  
 YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REI  
 Sbjct: 40 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWIEQEGPEYWEREI 77  
 >gb|AAD31381.1|AF057279.1 (AF057279) MHC class Ib antigen Qa-1d [Mus musculus]  
 Length = 357  
 Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
 Identities = 30/38 (78%), Positives = 34/38 (88%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
 YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REI  
 Sbjct: 47 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWIEQEGPEYWERET 84  
 >pir||A45883 MHC class I histocompatibility antigen Q8/9-d precursor - mouse  
 (strain BALB/c)  
 Length = 340  
 Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
 Identities = 30/51 (58%), Positives = 39/51 (75%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQII 58  
 YVDD QFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q +++  
 Sbjct: 45 YVDDKQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKGHEQSFRVS 95  
 >gb|AAD28340.1| (AF100701) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus bactrianus]  
 Length = 196  
 Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
 Identities = 30/38 (78%), Positives = 34/38 (88%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRET 45  
 YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REI  
 Sbjct: 40 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWIEQEGPEYWEREI 77  
 >ref|NP\_034528.1| histocompatibility 2, T region locus 23 [Mus musculus]  
 sp|P06339|HAI5 MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILIIY ANTIIGEN, D-37 ALPHA CHAIN  
 PRECURSOR  
 pir||HLMS37 MHC class I histocompatibility antigen H-2 gene 37 alpha chain  
 precursor - mouse  
 emb|CAA68665.1| (Y00629) gene 37 [Mus musculus]  
 gb|AAA39693.1| (M1284) histocompatibility antigen [Mus musculus]  
 Length = 357  
 Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
 Identities = 30/38 (78%), Positives = 34/38 (88%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRET 45  
 YVDDTQFVRFSDSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+RET  
 Sbjct: 47 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWIEQEGPEYWEREI 84  
 >gb|AAA39678.1| (M29881) MHC Q8/9d surface antigen [Mus musculus]  
 Length = 328  
 Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
 Identities = 30/51 (58%), Positives = 39/51 (75%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQII 58  
 YVDD QFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q +++  
 Sbjct: 45 YVDDKQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKGHEQSFRVS 95  
 >gb|AAD12244.1| (AF082510) MHC class Ib antigen Qa-1c [Mus musculus]  
 Length = 357  
 Score = 70.9 bits (172), Expect = 1e-13  
 Identities = 30/38 (78%), Positives = 34/38 (88%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
 YVDDIQFVRFSDSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+REI  
 Sbjct: 47 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWIEQEGPEYWEREI 84  
 >gb|AAA39740.1| (M69069) ORF [Mus musculus]  
 Length = 344  
 Score = 70.5 bits (171), Expect = 1e-13  
 Identities = 29/51 (56%), Positives = 38/51 (73%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQII 58  
Y+DDIQFVRFSD N + EPRA+W+E+EG EYW+R IR G Q +++  
Sbjct: 48 YIDDIQFVRFSDIENPRFEPRARWMEQEGPEYWERNIRRAKGHEQSFRVS 98  
>dbj|BAA14174.1| (D90146) Q8/9d peptide [Mus musculus]  
Length = 184  
Score = 70.1 bits (170), Expect = 2e-13  
Identities = 31/49 (63%), Positives = 37/49 (75%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQ 56  
YVDDTQFVRFDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q Q  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFDRDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQIAGHEQSFQ 96  
>pir||I54459 MHC H-2K1-k - mouse  
gb|AAA39610.1| (M27134) MHC H-2K1-k [Mus musculus]  
Length = 243  
Score = 70.1 bits (170), Expect = 2e-13  
Identities = 29/39 (74%), Positives = 35/39 (89%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
YVDDIQFVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQ 86  
>pir||I49712 H-2K-s - mouse  
gb|AAA37765.1| (M60168) H-2K-s [Mus musculus]  
gb|AAA39743.1| (M69072) ORF [Mus musculus]  
Length = 368  
Score = 70.1 bits (170), Expect = 2e-13  
Identities = 29/40 (72%), Positives = 35/40 (87%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRN 47  
YVDDT+FVRFSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+R I+N  
Sbjct: 48 YVDDTEFVRFSDAENPRYEPRARWIEQEGPEYWERNTQN 87  
>pir||I49713 H-2K-sml - mouse  
gb|AAA37766.1| (M60169) H-2K-sml [Mus musculus]  
Length = 368  
Score = 70.1 bits (170), Expect = 2e-13  
Identities = 29/40 (72%), Positives = 35/40 (87%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRN 47  
YVDDI+FVRFSDA N + EPRA+WIE+EG EYW+R I+N  
Sbjct: 48 YVDDTEFVRFSDAENPRYEPRARWIEQEGPEYWERNIQN 87  
>prf||1808278A MHC H-2K1k [Mus musculus]  
Length = 208  
Score = 70.1 bits (170), Expect = 2e-13  
Identities = 29/39 (74%), Positives = 35/39 (89%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
YVDDIQFVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQ 86  
>sp|P01898|HA10 MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILIIY ANTIGEN, Q10 ALPHA CHAIN  
PRECURSOR  
pir||A21125 MHC class I histocompatibility antigen H-2 Q10 alpha chain -  
mouse  
gb|AAA39574.1| (K01207) Q10 [Mus musculus]  
Length = 322  
Score = 69.7 bits (169), Expect = 2e-13  
Identities = 30/51 (58%), Positives = 37/51 (71%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQII 58  
YVDDIQFVRFSDA + EPRA W+E+EG EYW+REI+ G Q ++  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAEIPRMEPRAPWMEQEGPEYWEREIQRAKGNEQSFHVS 98  
>ref|NP\_034521.1| histocompatibility 2, Q region locus 10 [Mus musculus]  
pir||S20045 MHC class I histocompatibility antigen Q10-k alpha chain - mouse  
emb|CAA34449.1| (X16426) unnamed protein product [Mus musculus]  
Length = 325  
Score = 69.7 bits (169), Expect = 2e-13

Identities = 30/51 (58%), Positives = 37/51 (71%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQII 58  
YVDDIQFVRFSDA + EPRA W+E+EG EYW+REI+ G Q ++  
Sbjct: 51 YVDDIQFVRFSDAEIPRMEPRAPWMEQEGPEYWEREIQRAKGNQSFHVS 101  
>gb|AAD28338.1| (AF100699) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus]  
Length = 194  
Score = 69.7 bits (169), Expect = 2e-13  
Identities = 29/38 (76%), Positives = 34/38 (89%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
YVDDIQFVRFSD+ N + EPRA+WIE+EG EYW+RET  
Sbjct: 38 YVDDIQFVRFSDSENPRMEPRARWIEQEGPEYWEREI 75  
>pir||A60854 MHC class I histocompatibility antigen A216 alpha chain precursor  
- mouse (strain C3H)  
Length = 368  
Score = 68.9 bits (167), Expect = 4e-13  
Identities = 28/40 (70%), Positives = 35/40 (87%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRN 47  
YVDDT+FVRFSDA N + EPRA+WIE++G EYW+R I+N  
Sbjct: 48 YVDDTEFVRFSDAQNPRYEPRARWIEQQGPEYWERNIQN 87  
>pir||A32273 MHC class I histocompatibility antigen H-2 Q4 alpha chain  
precursor - mouse  
gb|AAA39575.1| (M18837) MHC beta-2-microglobulin [Mus musculus]  
Length = 326  
Score = 68.2 bits (165), Expect = 6e-13  
Identities = 29/46 (63%), Positives = 36/46 (78%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVD+I+FVRFSDA N + EPRA W+E+EG EYW+RET+ G Q  
Sbjct: 48 YVDNIEFVRFSDAENPRYEPRAPWMEQEGPEYWEREIQKAKGNEQ 93  
>pir||I56077 MHC class I antigen - mouse  
gb|AAA39608.1| (M58156) MHC class I antigen [Mus musculus]  
Length = 369  
Score = 67.8 bits (164), Expect = 8e-13  
Identities = 28/50 (56%), Positives = 38/50 (76%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI 57  
YVD+T+FVRFSDA N + EPR +W+E+EG EYW+RET+ G Q ++  
Sbjct: 48 YVDNIEFVRFSDAENPRFEPRVRWMEQEGPEYWERETQRAKGNQSFHVS 97  
>gb|AAB41658.1| (U57393) class Ib MHC antigen Qa-2 [Mus musculus]  
Length = 326  
Score = 67.8 bits (164), Expect = 8e-13  
Identities = 28/43 (65%), Positives = 35/43 (81%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMG 50  
YVD+ QFVRFSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+RET+ G  
Sbjct: 48 YVDNKQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWEREIQKAKG 90  
>prf||1503111A H2Dp gene [Mus musculus]  
Length = 203  
Score = 67.4 bits (163), Expect = 1e-12  
Identities = 27/51 (52%), Positives = 40/51 (77%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQII 58  
YVD+T+FVRFSDA N + +PRA W+E+EG EYW++EI+N + Q +++  
Sbjct: 48 YVDNIEFVRFSDAENPRMKPRAAWMEQEGPEYWEQEIQNAKDMEQSFHVS 98  
>gb|AAD28335.1| (AF100696) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus castaneus]  
Length = 196  
Score = 67.4 bits (163), Expect = 1e-12  
Identities = 28/38 (73%), Positives = 33/38 (86%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
YVDDIQFV FSD+ N K EPRA+W+E+EG EYW+REI

Sbjct: 40 YVDDIQFVSEFSDSENPKMEPRARWMEQEGPEYWEREI 77  
>pir||I56198 MHC Qa-1a - mouse  
gb|AAA16900.1| (I00606) MHC Qa-1a [Mus musculus]  
gb|AAD53968.1|AF041855\_1 (AF041855) Qa-1 [Mus musculus]  
Length = 342  
Score = 67.4 bits (163), Expect = 1e-12  
Identities = 28/38 (73%), Positives = 33/38 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRET 45  
YVDDIQFV FSDS+ N K EPRA+W+E+EG EYW+RET  
Sbjct: 47 YVDDIQFVSEFSDSENPKMEPRARWMEQEGPEYWEREI 84  
>gb|AAD28334.1| (AF100695) MHC class I antigen Qa1 [Mus musculus castaneus]  
Length = 196  
Score = 67.4 bits (163), Expect = 1e-12  
Identities = 28/38 (73%), Positives = 33/38 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRET 45  
YVDDIQFV FSDS+ N K EPRA+W+E+EG EYW+REI  
Sbjct: 40 YVDDIQFVSEFSDSENPKMEPRARWMEQEGPEYWEREI 77  
>sp|P14426|HA13 MOUSE H-2 CLASS I HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, D-K ALPHA CHAIN  
PRECURSOR (H-2D(K))  
pir||I71998 MHC H-2D-k protein - mouse  
gb|AAA53201.1| (M18524) MHC H-2D-k protein [Mus musculus]  
Length = 362  
Score = 67.0 bits (162), Expect = 1e-12  
Identities = 28/50 (56%), Positives = 38/50 (76%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI 57  
YVD+T+FVRFSDA N + EPR +W+E+EG EYW+RET+ G Q ++  
Sbjct: 51 YVDNTEFVRFSDAENPRDEPRVRWMEQEGPEYWERETQIAKGNEQSFV 100  
>ref|NP\_034510.1| histocompatibility 2, D region locus 1 [Mus musculus]  
gb|AAB17605.1| (U47327) MHC class I heavy chain precursor [Mus musculus]  
Length = 362  
Score = 67.0 bits (162), Expect = 1e-12  
Identities = 28/50 (56%), Positives = 38/50 (76%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI 57  
YVD+I+FVRFSDA N + EPR +W+E+EG EYW+REI+ G Q ++  
Sbjct: 51 YVDNTEFVRFSDAENPRDEPRVRWMEQEGPEYWEREQIAKGNEQSFV 100  
>pir||I70694 H-2D cell surface glycoprotein - mouse (fragment)  
gb|AAA39602.1| (M37682) H-2D cell surface glycoprotein [Mus musculus]  
Length = 337  
Score = 66.2 bits (160), Expect = 2e-12  
Identities = 28/50 (56%), Positives = 37/50 (74%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI 57  
YVD+ +FVRFSDA N + EPRA W+E+EG EYW+RET+ G Q ++  
Sbjct: 26 YVDNKEFVRFSDAENPRYEPRAPWMEQEGPEYWERETQKAKGQEQSFV 75  
>pir||I55665 H-2D cell surface glycoprotein - mouse (fragment)  
gb|AAA39600.1| (M37680) H-2D cell surface glycoprotein [Mus musculus]  
Length = 337  
Score = 65.9 bits (159), Expect = 3e-12  
Identities = 28/46 (60%), Positives = 35/46 (75%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQ 53  
YVD+ +FVRFSDA N + EPRA W+E+EG EYW+REI+ G Q  
Sbjct: 26 YVDNKEFVRFSDAENPRYEPRAPWMEQEGPEYWEREQKAKGQE 71  
Database: nr  
Posted date: Mar 26, 2001 2:57 AM  
Number of letters in database: 2,981,440,623  
Number of sequences in database: 823,865



# Alineamiento de la secuencia de aminoácidos vs moléculas de *Sus scrofa*.

BLASTP 2.1.2 [Nov-13-2000]

Reference:

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.

RID: 985793266-27494-29303

Query=

(66 letters)

Database: nr

653,326 sequences; 205,916,393 total letters

If you have any problems or questions with the results of this search please refer to the [BLAST FAQs](#)

[Taxonomy reports](#)

## Distribution of 52 Blast Hits on the Query Sequence

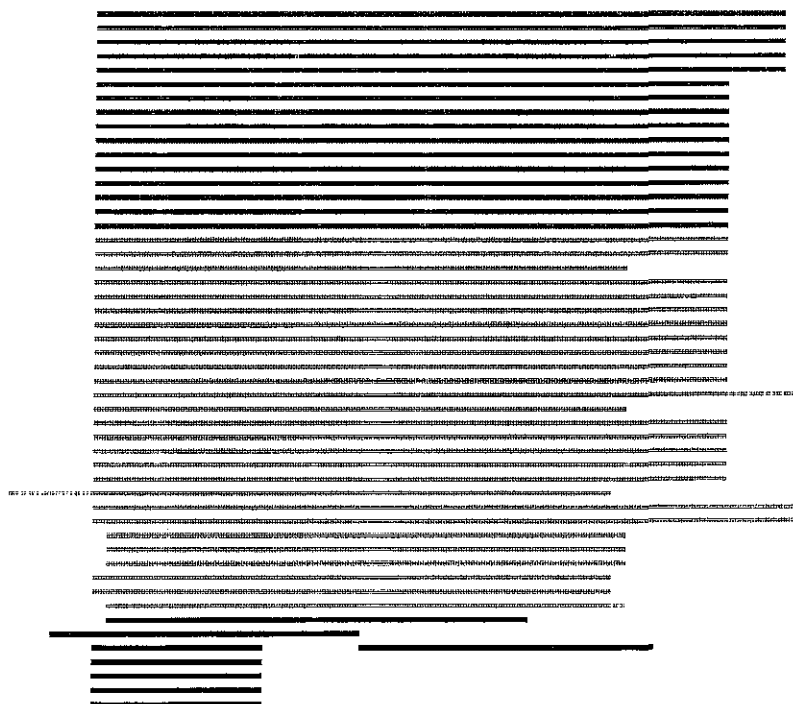
### Color Key for Alignment Scores



tmpseq\_0

0

50



TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

Sequences producing significant alignments: (bits) Value

<u>gb AAC26751.1</u>	(AF074425) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]	<u>91</u>	8e-21
<u>gb AAC26757.1</u>	(AF074431) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]	<u>91</u>	8e-21
<u>emb CAB51874.1</u>	(AJ131112) swine leucocyte antigen 2/2(SLA-....	<u>91</u>	8e-21
<u>emb CAB10676.1</u>	(Z97381) MHC class I gene [Sus scrofa]	<u>91</u>	8e-21
<u>emb CAB51873.1</u>	(AJ131112) swine leucocyte antigen 2/1(SLA-....	<u>91</u>	8e-21
<u>gb AAC26760.1</u>	(AF074434) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]	<u>88</u>	7e-20
<u>gb AAC26754.1</u>	(AF074428) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]	<u>87</u>	1e-19
<u>emb CAB51872.1</u>	(AJ131112) swine leucocyte antigen 3/2 (SLA....	<u>86</u>	2e-19
<u>gb AAC26755.1</u>	(AF074429) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]	<u>86</u>	2e-19
<u>emb CAB10678.1</u>	(Z97384) MHC class I gene [Sus scrofa]	<u>86</u>	2e-19
<u>gb AAC26758.1</u>	(AF074432) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]	<u>86</u>	2e-19
<u>emb CAB51871.1</u>	(AJ131112) swine leucocyte antigen 3/1 (SLA....	<u>86</u>	2e-19
<u>gb AAC26752.1</u>	(AF074426) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]	<u>86</u>	3e-19
<u>pir  A60369</u>	MHC class I histocompatibility antigen PD7 alpha...	<u>85</u>	4e-19
<u>gb AAB69341.1</u>	(AF014006) MHC class I antigen [Sus scrofa]	<u>85</u>	6e-19
<u>gb AAB69338.1</u>	(AF014003) MHC class I antigen [Sus scrofa]	<u>82</u>	4e-18
<u>gb AAC26761.1</u>	(AF074435) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]	<u>79</u>	2e-17
<u>gb AAB64111.1</u>	(AF000074) MHC class I SLA-PG2I [Sus scrofa]	<u>79</u>	2e-17
<u>gb AAB69339.1</u>	(AF014004) MHC class I antigen [Sus scrofa]	<u>79</u>	3e-17
<u>pir  I46603</u>	MHC PD14a transplantation antigen - pig >gi 164....	<u>78</u>	5e-17
<u>pir  I46604</u>	MHC PD14 transplantation antigen - pig >gi 1645....	<u>78</u>	5e-17
<u>gb AAA31076.1</u>	(M21057) MHC PD1 major transplantation antigen...	<u>77</u>	9e-17
<u>gb AAB69340.1</u>	(AF014005) MHC class I antigen [Sus scrofa]	<u>77</u>	9e-17
<u>gb AAA31077.1</u>	(M21057) MHC PD1a major transplantation anti...	<u>77</u>	9e-17
<u>emb CAB63936.1</u>	(AJ251829) swine leucocyte antigen [Sus scrofa]	<u>77</u>	1e-16
<u>gb AAC26756.1</u>	(AF074430) MHC class I antigen 1 [Sus scrofa]...	<u>77</u>	1e-16
<u>gb AAC26750.1</u>	(AF074424) MHC class I antigen 1 [Sus scrofa]	<u>77</u>	1e-16
<u>gb AAB69336.1</u>	(AF014001) MHC class I antigen [Sus scrofa]	<u>75</u>	5e-16
<u>gb AAC26753.1</u>	(AF074427) MHC class I antigen 1 [Sus scrofa]	<u>75</u>	5e-16
<u>gb AAB64112.1</u>	(AF000076) MHC class I SLA-PG5I [Sus scrofa]	<u>75</u>	6e-16
<u>emb CAB63859.1</u>	(AJ251914) putative non classical MHC class...	<u>72</u>	3e-15
<u>gb AAB69337.1</u>	(AF014002) MHC class I antigen [Sus scrofa]	<u>72</u>	5e-15
<u>gb AAD46388.1</u>	AF100665 1 (AF100665) MHC class I antigen PD1...	<u>72</u>	5e-15
<u>emb CAB10686.1</u>	(Z97397) MHC class I gene [Sus scrofa]	<u>71</u>	7e-15
<u>emb CAB10684.1</u>	(Z97394) MHC class I gene [Sus scrofa]	<u>67</u>	2e-13
<u>emb CAB63858.1</u>	(AJ251914) putative non classical MHC class...	<u>67</u>	2e-13
<u>emb CAB63857.1</u>	(AJ251914) non classical MHC class I antigen...	<u>67</u>	2e-13
<u>emb CAB51868.1</u>	(AJ131112) swine leucocyte antigen 5/1 (SLA....	<u>61</u>	7e-12
<u>emb CAB51869.1</u>	(AJ131112) swine leucocyte antigen 5/2 (SLA....	<u>61</u>	7e-12
<u>emb CAB10680.1</u>	(Z97389) MHC class I gene [Sus scrofa]	<u>61</u>	7e-12
<u>emb CAB10682.1</u>	(Z97392) non-classical MHC class I gene [Sus...	<u>60</u>	2e-11
<u>pir  I46608</u>	MHC PD6-glycoprotein - pig >gi 164573 gb AAA310....	<u>60</u>	2e-11
<u>gb AAB67719.1</u>	(AF013960) major histocompatibility complex ...	<u>58</u>	8e-11
<u>gb AAB64113.1</u>	(AF000078) MHC class I SLA-PG6II [Sus scrofa]	<u>39</u>	4e-05
<u>sp P19756 GHR</u>	PIG GROWIH HORMONE RECEPTOR PRECURSOR (GH REC...	<u>23</u>	2.7
<u>emb CAB63861.1</u>	(AJ251914) putative MHC class I related ant...	<u>22</u>	3.5
<u>pir  I47167</u>	MHC class II histocompatibility antigen - pig (...	<u>22</u>	6.0
<u>gb AAB03231.1</u>	(I36570) MHC class II SLA-DRB1-4 [Sus scrofa]	<u>22</u>	6.0
<u>dbj BAA13370.1</u>	(D87426) MHC class II histocompatibility an...	<u>22</u>	6.0
<u>dbj BAB12243.1</u>	(AB038989) MHC Class II [Sus scrofa]	<u>22</u>	6.0
<u>dbj BAA13352.1</u>	(D87408) MHC class II histocompatibility an...	<u>22</u>	6.0
<u>dbj BAA13364.1</u>	(D87420) MHC class II histocompatibility an...	<u>22</u>	6.0

#### Alignments

>gb|AAC26751.1 (AF074425) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]  
 Length = 219  
 Score = 90.9 bits (224), Expect = 8e-21  
 Identities = 39/50 (78%), Positives = 45/50 (90%)

Query: 8 YVDDIQFVRESDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDIQFVRESDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIRNVMG AQ D++  
 Sbjct: 1 YVDDTQFVRESDAPNPRMEPRAPWIQEGQDYWDREIRNVMGSAQIDRV 50



>gb|AAC26757.1| (AF074431) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]  
 Length = 62  
 Score = 90.9 bits (224), Expect = 8e-21  
 Identities = 39/50 (78%), Positives = 45/50 (90%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIRNVMG AQ D++  
 Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIQQEGQDYWDREIRNVMGSAQIDRV 50  
 >emb|CAB51874.1| (AJ131112) swine leucocyte antigen 2/2(SLA-2/2) [Sus scrofa]  
 Length = 399  
 Score = 90.9 bits (224), Expect = 8e-21  
 Identities = 39/50 (78%), Positives = 45/50 (90%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIRNVMG AQ D++  
 Sbjct: 51 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIQQEGQDYWDREIRNVMGSAQIDRV 100  
 >emb|CAB10676.1| (Z97381) MHC class I gene [Sus scrofa]  
 Length = 86  
 Score = 90.9 bits (224), Expect = 8e-21  
 Identities = 39/50 (78%), Positives = 45/50 (90%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDTQFVRFSDSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIRNVMG AQ D++  
 Sbjct: 23 YVDDTQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIQQEGQDYWDREIRNVMGSAQIDRV 72  
 >emb|CAB51873.1| (AJ131112) swine leucocyte antigen 2/1(SLA-2/1) [Sus scrofa]  
 Length = 364  
 Score = 90.9 bits (224), Expect = 8e-21  
 Identities = 39/50 (78%), Positives = 45/50 (90%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQKDQI 57  
 YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIRNVMG AQ D++  
 Sbjct: 51 YVDDTQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIQQEGQDYWDREIRNVMGSAQIDRV 100  
 >gb|AAC26760.1| (AF074434) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]  
 Length = 219  
 Score = 87.8 bits (216), Expect = 7e-20  
 Identities = 39/46 (84%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQ 53  
 YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WIEKEGQYWD ETRN MG AQ  
 Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEKEGQYWDDEETRNAMGSAQ 46  
 >gb|AAC26754.1| (AF074428) MHC class I antigen 2 [Sus scrofa]  
 Length = 219  
 Score = 87.0 bits (214), Expect = 1e-19  
 Identities = 39/46 (84%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQ 53  
 YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WIEKEGQYWD EIR VMG AQ  
 Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEKEGQYWDDEETRKVMGSAQ 46  
 >emb|CAB51872.1| (AJ131112) swine leucocyte antigen 3/2 (SIA-3/2) [Sus scrofa]  
 Length = 397  
 Score = 86.3 bits (212), Expect = 2e-19  
 Identities = 38/46 (82%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQ 53  
 YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WIE+EGQYWD EIRN MG AQ  
 Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEQEGQYWDDEEIRNAMGSAQ 93  
 >gb|AAC26755.1| (AF074429) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]  
 Length = 219  
 Score = 86.3 bits (212), Expect = 2e-19  
 Identities = 38/46 (82%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQYWDREIRNVMGIAQ 53  
 YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WIE+EGQYWD EIRN MG AQ  
 Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEQEGQYWDDEETRNAMGSAQ 46



>emb|CAB10678.1| (297384) MHC class I gene [Sus scrofa]  
Length = 86  
Score = 86.3 bits (212), Expect = 2e-19  
Identities = 38/46 (82%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WIE+EGQEYWD EIRN MG AQ  
Sbjct: 23 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEQEGQEYWDDEEIRNAMGSAQ 68  
>gb|AAC26758.1| (AF074432) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]  
Length = 219  
Score = 86.3 bits (212), Expect = 2e-19  
Identities = 38/46 (82%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQ 53  
YVDDTQFVRFSDSDAPN + EPRA WIE+EGQEYWD ETRN MG AQ  
Sbjct: 1 YVDDTQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEQEGQEYWDDEEIRNAMGSAQ 46  
>emb|CAB51871.1| (AJ131112) swine leucocyte antigen 3/1 (SLA-3/1) [Sus scrofa]  
Length = 361  
Score = 86.3 bits (212), Expect = 2e-19  
Identities = 38/46 (82%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WIE+EGQEYWD EIRN MG AQ  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEQEGQEYWDDEEIRNAMGSAQ 93  
>gb|AAC26752.1| (AF074426) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]  
Length = 219  
Score = 85.5 bits (210), Expect = 3e-19  
Identities = 38/46 (82%), Positives = 40/46 (86%)

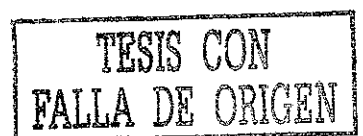
Query: 8 YVDDTQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQ 53  
YVDDTQFVRFSDSDAPN + EPRA WIE+EGQEYWD ETRN MG AQ  
Sbjct: 1 YVDDTQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIEQEGQEYWDDEEIRNAMGGAQ 46  
>pir||A60369 MHC class I histocompatibility antigen PD7 alpha chain precursor  
- pig  
Length = 366  
Score = 85.1 bits (209), Expect = 4e-19  
Identities = 37/46 (80%), Positives = 39/46 (84%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPR WIEKEGQEYWD+EI N MG AQ  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDSDAPNPRMEPRVPWIEKEGQEYWDKETENAMGSAQ 93  
>gb|AAB69341.1| (AF014006) MHC class I antigen [Sus scrofa]  
Length = 364  
Score = 84.7 bits (208), Expect = 6e-19  
Identities = 37/46 (80%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQ 53  
YVDDTQFVRFSDSDAPN + EPRA WI++EGQEYWDR IRN MG AQ  
Sbjct: 51 YVDDTQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIIQEGQEYWDRNIRNAMGNAQ 96  
>gb|AAB69338.1| (AF014003) MHC class I antigen [Sus scrofa]  
Length = 361  
Score = 82.0 bits (201), Expect = 4e-18  
Identities = 35/46 (76%), Positives = 40/46 (86%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDTQFVRFSDSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWD EI+N MG AQ  
Sbjct: 48 YVDDTQFVRFSDSDAPNPRMEPRAPWIIQEGQKYWDEEIQNAMGSAQ 93  
>gb|AAC26761.1| (AF074435) MHC class I antigen 3 [Sus scrofa]  
Length = 222  
Score = 79.3 bits (194), Expect = 2e-17  
Identities = 37/49 (75%), Positives = 40/49 (81%), Gaps = 3/49 (6%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEG---QEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDSDAPN + EPRA WI++EG QEYWD EIRN MG AQ





Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDAPNPRMEPRAPWIKQEGQEWQEYWDDEEIRNAMGSAQ 49  
>gb|AAB64111.1| (AF000074) MHC class I SLA-PG2I [Sus scrofa]  
Length = 183  
Score = 79.3 bits (194), Expect = 2e-17  
Identities = 35/46 (76%), Positives = 38/46 (82%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WIEK Q+YWD EI+N MG AQ  
Sbjct: 27 YVDDIQFVRFSDAPNPRMEPRAPWIEKAEQKYWDEEIQNAMGSAQ 72  
>gb|AAB69339.1| (AF014004) MHC class I antigen [Sus scrofa]  
Length = 364  
Score = 79.0 bits (193), Expect = 3e-17  
Identities = 34/39 (87%), Positives = 36/39 (92%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WIEKEGQEYWDREI+  
Sbjct: 51 YVDDIQFVRFSDAPNPRMEPRAPWIEKEGQEYWDREIQ 89  
>pir||I46603 MHC PD14a transplantation antigen - pig  
gb|AAA31079.1| (M21058) MHC PD14a transplantation antigen [Sus scrofa]  
Length = 366  
Score = 78.2 bits (191), Expect = 5e-17  
Identities = 34/46 (73%), Positives = 37/46 (79%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDI+VRFSDAPN + EPR WI+ EGQEYWDR TR MG AQ  
Sbjct: 51 YVDDIEFVRFSDAPNPRMEPRGPWIIQEGQEYWDRNTRKPMGNAQ 96  
>pir||I46604 MHC PD14 transplantation antigen - pig  
gb|AAA31078.1| (M21058) MHC PD14 transplantation antigen [Sus scrofa]  
Length = 364  
Score = 78.2 bits (191), Expect = 5e-17  
Identities = 34/46 (73%), Positives = 37/46 (79%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDI+VRFSDAPN + EPR WI+ EGQEYWDR IR MG AQ  
Sbjct: 51 YVDDIEFVRFSDAPNPRMEPRGPWIIQTEGQEYWDRNTRKPMGNAQ 96  
>gb|AAA31076.1| (M21057) MHC PD1 major transplantation antigen [Sus scrofa]  
Length = 361  
Score = 77.4 bits (189), Expect = 9e-17  
Identities = 34/46 (73%), Positives = 38/46 (81%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFD+ APN + EPR WI++EGQEYWDREIRNV AQ  
Sbjct: 48 YVDDTQFVRFSDNYAPNPRMEPRVPWIIQEGQEYWDREIRNVKEIAQ 93  
>gb|AAB69340.1| (AF014005) MHC class I antigen [Sus scrofa]  
Length = 361  
Score = 77.4 bits (189), Expect = 9e-17  
Identities = 34/46 (73%), Positives = 38/46 (81%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFD+ APN + EPR WI++EGQEYWDREIRNV AQ  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDNYAPNPRMEPRVPWIIQEGQEYWDREIRNVKEIAQ 93  
>gb|AAA31077.1| (M21057) MHC PD1a major transplantation antigen [Sus scrofa]  
Length = 363  
Score = 77.4 bits (189), Expect = 9e-17  
Identities = 34/46 (73%), Positives = 38/46 (81%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFD+ APN + EPR WI++EGQEYWDREIRNV AQ  
Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDNYAPNPRMEPRVPWIIQEGQEYWDREIRNVKEIAQ 93  
>emb|CAB63936.1| (AJ251829) swine leucocyte antigen [Sus scrofa]  
Length = 361  
Score = 77.0 bits (188), Expect = 1e-16  
Identities = 33/46 (71%), Positives = 38/46 (81%)



Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
           YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIR +Q  
 Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDAPNPRMEPRAPWIQEGQDYWDREIRKQRDISQ 93  
 >gb|AAC26756.1| (AF074430) MHC class I antigen 1 [Sus scrofa]  
 >gb|AAC26759.1| (AF074433) MHC class I antigen 1 [Sus scrofa]  
           Length = 219  
           Score = 77.0 bits (188), Expect = 1e-16  
           Identities = 33/46 (71%), Positives = 38/46 (81%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
           YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIR +Q  
 Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDAPNPRMEPRAPWIQEGQDYWDREIRKQRDISQ 46  
 >gb|AAC26750.1| (AF074424) MHC class I antigen 1 [Sus scrofa]  
           Length = 219  
           Score = 77.0 bits (188), Expect = 1e-16  
           Identities = 33/46 (71%), Positives = 38/46 (81%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
           YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREIR +Q  
 Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDAPNPRMEPRAPWIQEGQDYWDREIRKQRDTSQ 46  
 >gb|AAB69336.1| (AF014001) MHC class I antigen [Sus scrofa]  
           Length = 364  
           Score = 75.1 bits (183), Expect = 5e-16  
           Identities = 31/39 (79%), Positives = 36/39 (91%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
           YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WI++EGQ+YWDREI+  
 Sbjct: 51 YVDDIQFVRFSDAPNPREPRAPWIQEGQDYWDREIQ 89  
 >gb|AAC26753.1| (AF074427) MHC class I antigen 1 [Sus scrofa]  
           Length = 219  
           Score = 75.1 bits (183), Expect = 5e-16  
           Identities = 33/51 (64%), Positives = 40/51 (77%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQIT 58  
           YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WI++EGQEYWDR I+ AQ +++  
 Sbjct: 1 YVDDIQFVRFSDAPNPREPRAPWIQEGQEYWDRNIQIYKEIAQIYRV 51  
 >gb|AAB64112.1| (AF000076) MHC class I SLA-PG5I [Sus scrofa]  
           Length = 184  
           Score = 74.7 bits (182), Expect = 6e-16  
           Identities = 33/46 (71%), Positives = 37/46 (79%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
           YVDDIQFVRFSDAPN + EPRA WI++EGQEYWDR I+ AQ  
 Sbjct: 27 YVDDIQFVRFSDAPNPREPRAPWIQEGQEYWDRNIQIYKEIAQ 72  
 >emb|CAB63859.1| (AJ251914) putative non classical MHC class I antigen [Sus  
           scrofa]  
           Length = 364  
           Score = 72.4 bits (176), Expect = 3e-15  
           Identities = 30/46 (65%), Positives = 36/46 (78%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
           YVDDIQFVRFSD+A N + EPRA W+E+EGQEYWD EI+ + Q  
 Sbjct: 46 YVDDIQFVRFSDSEANPRMEPRAPWVEQEGQEYWDEEIQRAKDLVQ 91  
 >gb|AAB69337.1| (AF014002) MHC class I antigen [Sus scrofa]  
           Length = 361  
           Score = 71.6 bits (174), Expect = 5e-15  
           Identities = 31/46 (67%), Positives = 36/46 (77%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
           YVDDIQFVRFD+ APN + EPR WI++EGQ+YWD EIR V AQ  
 Sbjct: 48 YVDDIQFVRFDNYAPNPRMEPRVPWIQEGQDYWDEEIRKVKDNAQ 93  
 >gb|AAD46388.1|AF100665.1 (AF100665) MHC class I antigen PD1 [Sus scrofa]  
           Length = 361  
           Score = 71.6 bits (174), Expect = 5e-15

Identities = 31/46 (67%), Positives = 36/46 (77%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YVDDIQFVRFSDAPN + APN + EPR WI++EGQ+YWD EIR V AQ

Sbjct: 48 YVDDIQFVRFSDNYAPNPRMEPRVPIQQEQDYWDEEIRKVKDNAQ 93  
>[emb|CAB10686.1|](#) (Z97397) MHC class I gene [Sus scrofa]

Length = 86  
Score = 71.2 bits (173), Expect = 7e-15  
Identities = 32/46 (69%), Positives = 39/46 (84%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQ 53  
YV+DTQFVRFSDAPN + EPRA +E+EGQE+WD++IRNV AQ

Sbjct: 23 YVNDIQFVRFSDAPNPRMEPRAPSMEQEGQEFWDQQIRNVKEEAQ 68  
>[emb|CAB10684.1|](#) (Z97394) MHC class I gene [Sus scrofa]

Length = 86  
Score = 66.6 bits (161), Expect = 2e-13  
Identities = 30/51 (58%), Positives = 36/51 (69%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQII 58  
YVDDIQFVRFSD+APN + EPR W+E EG EY DR IR +Q Q++

Sbjct: 23 YVDDTQFVRFSDNAPNPREEPRIPWVELEGPEYCDRNIRIYKDISQNFQVS 73  
>[emb|CAB63858.1|](#) (AJ251914) putative non classical MHC class I antigen [Sus scrofa]

Length = 353  
Score = 66.6 bits (161), Expect = 2e-13  
Identities = 30/51 (58%), Positives = 36/51 (69%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIRNVMGIAQKDQIT 58  
YVDDTQFVRFSD+APN + EPR W+E EG EY DR IR +Q Q++

Sbjct: 48 YVDDTQFVRFSDNAPNPREEPRTPWVELEGPEYCDRNIRIYKDISQNFQVS 98  
>[emb|CAB63857.1|](#) (AJ251914) non classical MHC class I antigen [Sus scrofa]

Length = 350  
Score = 66.6 bits (161), Expect = 2e-13  
Identities = 29/49 (59%), Positives = 37/49 (75%), Gaps = 5/49 (10%)

Query: 2 GRGNSIY-----VDDIQFVRFSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
G G+ +Y +DDTQFVRF SDA N + EPRA W+E+EG+EYWDR+I

Sbjct: 40 GHGSDLYSSVGFLLDDTQFVRFSSDAANPRVEPRAPWMEQEGREYWDROI 88  
>[emb|CAB51868.1|](#) (AJ131112) swine leucocyte antigen 5/1 (SLA-5/1) [Sus scrofa]

Length = 361  
Score = 61.2 bits (147), Expect = 7e-12  
Identities = 27/38 (71%), Positives = 29/38 (76%)

Query: 9 VDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
VDDI VRFSDA + EPRA WIE+EG EYWD EIR

Sbjct: 49 VDDTPLVRFSDARKPRKEPRAWWIEQEGPEYWDEEIR 86  
>[emb|CAB51869.1|](#) (AJ131112) swine leucocyte antigen 5/2 (SIA-5/2) [Sus scrofa]

Length = 396  
Score = 61.2 bits (147), Expect = 7e-12  
Identities = 27/38 (71%), Positives = 29/38 (76%)

Query: 9 VDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
VDDI VRFSDA + EPRA WIE+EG EYWD EIR

Sbjct: 49 VDDTPLVRFSDARKPRKEPRAWWIEQEGPEYWDEEIR 86  
>[emb|CAB10680.1|](#) (Z97389) MHC class I gene [Sus scrofa]

Length = 86  
Score = 61.2 bits (147), Expect = 7e-12  
Identities = 27/38 (71%), Positives = 29/38 (76%)

Query: 9 VDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
VDDI VRFSDA + EPRA WIE+EG EYWD EIR

Sbjct: 24 VDDIPLVRFSDARKPRKEPRAWWIEQEGPEYWDEEIR 61  
>[emb|CAB10682.1|](#) (Z97392) non-classical MHC class I gene [Sus scrofa]

Length = 90



Score = 60.1 bits (144), Expect = 2e-11  
Identities = 25/38 (65%), Positives = 32/38 (83%)

Query: 8 YVDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
++DDIQFVRF SDA N + EPRA +E+EG+EYWDR+I  
Sbjct: 27 FLDDIQFVRFSSDAANPRVEPRAVGMEQEGREYWDRQI 64  
>pir||I46608 MHC PD6-glycoprotein - pig  
gb|AAA31086.1| (M17014) MHC PD6-glycoprotein [Sus scrofa]  
Length = 350  
Score = 60.1 bits (144), Expect = 2e-11  
Identities = 25/38 (65%), Positives = 32/38 (83%)

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREI 45  
++DDIQFVRF SDA N + EPRA +E+EG+EYWDR+I  
Sbjct: 51 FLDDIQFVRFSSDAANPRVEPRAVGMEQEGREYWDRQI 88  
>gb|AAB67719.1| (AF013960) major histocompatibility complex [Sus scrofa]  
Length = 360  
Score = 57.8 bits (138), Expect = 8e-11  
Identities = 26/38 (68%), Positives = 29/38 (75%)

Query: 9 VDDIQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDREIR 46  
VDDI VRFSDAP + EPRA I++EG EYWD EIR  
Sbjct: 50 VDDIPLVRFSDAPKLRKEPRAWKIKQEGPEYWDEEIR 87  
Database: nr  
Posted date: Mar 26, 2001 2:57 AM  
Number of letters in database: 2,981,440,623  
Number of sequences in database: 823,865

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## Alineamiento de la secuencia de aminoácidos amplificada vs molécula Qa-2.

### Blast 2 Sequences results

```
Clonal: 1 YVDDIQFVRFSDSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQ 46
consenso YVDDTQFVRFSDSDA N + EPRA+W+E+EG EYW+REI+ G Q
Qa-2 : 27 YVDDIQFVRFSDSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWERETQIAKGHEQ 72
```

En el programa ClustalW se realizaron los siguientes alineamientos correspondientes a la secuencia amplificada y a la secuencia de aminoácidos correspondiente al exón 1, exón 2 y exón 3 del gene Q9

```
>gi|clon1|
YVDDTQFVRFSDSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI
>gi|Qa2|
GQHSLQYFHIAVSRPGLGEPWFISVGYVDDTQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWERETQIAKGH
EQSFRGSLRTAQSYYNQSKGGSHTLQWMYGCDMGSDGRLLRGYLFAYEGRDYIALNEDLKTWTAVDMAA
```

Posteriormente se realizó el alineamiento entre las secuencias de la secuencia amplificada con la secuencia de aminoácidos correspondiente al exón 1, exón 2 y exón 3 del gene Q9 y la secuencia de aminoácidos correspondiente al gen PD1 que es un gen clase I clásico del SLA porcino (figura 12)

```
>gi|clon1|
YVDDTQFVRFSDSDAPNAKTEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGIAQKDQI
>gi|Qa2|
GQHSLQYFHIAVSRPGLGEPWFISVGYVDDTQFVRFSDAENPRMEPRARWMEQEGPEYWERETQIAKGH
EQSFRGSLRTAQSYYNQSKGGSHTLQWMYGCDMGSDGRLLRGYLFAYEGRDYIALNEDLKTWTAVDMAA
>gi|PD1|
MGPGALELLLSTLALTGTIQAAPHSLSYFYTAVSRPDRGEPRIAVGYVDDTQFVRFSDNYAPNPRMEPRV
PWIQQEGQDYWDEETRKVKDNAQTLRVGLNPLRGYYNQSEAGSHTLQSMFGCYLGPDGLLLHGYRQDAYD
GADYIALNEDLRSWTAADMAAQISKRWEEAAEAERMRSYLQGRVVEGLRRLYLMGKDTLQRADEPKTHV
TRHPSSDLGVI LRCWALGFYPKEISLTWQREGQDQSQDMELVETRPSGDGTFQKWAALVVPPEEQSYTC
HVQHEGLQEPLTLRWDPAPVPMVGITVGLVVLVAGAMVAGVVIWRKTRSGEKGGSYTOAAGSDSAQG
SDVSLTKDPRV
```

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## ClustalW Multiple Sequence Alignment Results

### Courtesy of the [BCM Search Launcher](#)

Click here to check your [job cw18-25206.status](#)

Page 1.1

```

1 15 16 30 31 45 46 60 61 75 76 90
-----YVDD TQFVRFSDAPNAKT EPRAQWIEKEQEYW DRETRNVMG-----43
2 1 16 31 46 61 76 91
GQHSLOYHTAVSRP GLGEPWFISVGYVDD TQFVRFSDAENPRM EPPRARWMEQEGPEYW ERETQIAKGHEQSFRLSRTAQSYYNQSKG 90

```

Page 2.1

```

1 105 106 120 121 135 136 150 151 165 166 180
-----IAQKQI-----
2 1 106 121 136 151 166 181
GSHTLQWYGCDMGS DGRLLRGLYQFAYEG RDYIALNEDLKTWTA VDMAAQITRRKWEQA GIAEKDAQYLEGTCM QSLRRYLELGKETL 179

```

## ClustalW Multiple Sequence Alignment Results

### Courtesy of the [BCM Search Launcher](#)

Click here to check your [job cw18-28275.status](#)

Page 1.1

```

1 15 16 30 31 45 46 60 61 75 76 90
-----GQHSLOYFH TAVSRPGLGEPWFIS VGYVDDTQFVRFSD AENPRMEPPRARWMEQ EGPEYWERETQIAKG 69
2 1 16 31 46 61 76 91
MGPGALFLLLSGILA LTGTQAGSHLSYFY TAVSRPDRGEPRTFA VGYVDDTQFVRFSDY APNPRMEPRVFWIQ EGQDYWDEETRRVKD 90
3 1 16 31 46 61 76 91
-----YVDDTQFVRFSD APNAKTEPRAQWIEK EGQEYWDRETRNVMG 43

```

Page 2.1

```

1 105 106 120 121 135 136 150 151 165 166 180
-----LKTWTAVDMAA-----140
2 1 106 121 136 151 166 181
NAQTLRVGLNTERGY YNQSEAGSHLQSMF GCYLGPDGLLHGVR QDAYDGADYIALNED LRSWTAADMAAQISK RKWEAADAERMRSY 180
3 1 106 121 136 151 166 181
IAQKQI-----50

```

Page 3.1

```

1 181 195 196 210 211 225 226 240 241 255 256 270
-----EGQDQSQDMELVETR PSGDGTFOKWAALVV 140
2 1 181 196 211 226 241 256 271
LOGRCVEGLRRYLQM GKDTLQRADEPKTHV TRHPSSDLGVTLRCW ALGFYPKETISLTWQR EGQDQSQDMELVETR PSGDGTFOKWAALVV 270
3 1 181 196 211 226 241 256 271
-----50

```

Figura 12: Alineamientos de secuencias de aminoácidos clonal, Q9 y PDI



## Dominios Conservados.

Estos alineamientos se realizaron en el programa Blast.

RPS-BLAST 2.1.2 [Nov-13-2000]

Query= local sequence: lcl|tmpseq\_0 No definition line found  
(66 letters)

Database: oasis\_sap.v1.50  
3019 PSSMs; 603,965 total columns



This CD alignment includes 3D structure To display structure, download [Cn3D v3.00!](#)

PSSMs producing significant alignments:	Score (bits)	E value
<a href="#">gnl Pfam pfam0012</a> 9 MHC_I, Class I Histocompatibility antigen, domains alpha 1 and 2	70.1	3e-14

[gnl|Pfam|pfam00129](#), MHC\_I, Class I Histocompatibility antigen, domains alpha 1 and 2

CD-length = 179 residues, only 28.5% aligned

Score = 70.1 bits (170), Expect = 3e-14

Query: 8 YVDDTQFVRFSDAPNAKIEPRAQWIEKEGQEYWDRETRNVMGLAQKDQII 58  
Sbjct: 27 YVDDIQFVRFNSDAANPRMEPRAPWIEQEGPEYWEREIQIAKGNEQIFREN 77

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

## 9.- Referencias.

- Acha NP and Szyfres Zoonosis y enfermedades transmisibles al hombre y a los animales OMS/OPS Publicaciones científicas No 503 1988.
- Aluja, A. Frequency of porcine cysticercosis in Mexico *In* Flisser, A., Willms, K, Lacleste, JP., Larralde, C, Ridaura, C., Beltrán, F (Ed) *Cysticercosis: present stage of knowledge and perspectives* New York, N Y *Academic Press*, 53-62 1982
- Blankenhorn EP, Wax JS, Matthai R, and Potter M Genetic analysis of alphafetoprotein levels in BALB/c sublines. *Curr Top Microbiol Immunol* 1985; 122: 53-7
- Briles WE, Goto RM, Auffray C, Miller MM A polymorphic system related to but genetically independent of the chicken major histocompatibility complex *Immunogenetics*1993; 37(6):408-14
- Cao W, Brenner CA, Alikani M, Cohen J, Warner CM Search for a human homologue of the mouse Ped gene *Mol Hum Reprod* 1999 Jun;5(6):541-7
- Chappuis PO, Ghadirian P, Foulkes WD The role of genetic factors in the etiology of pancreatic adenocarcinoma: an update *Cancer Invest* 2001;19(1):65-75 Review
- Chardon P, Renard C, Kirszenbaum M, Geffrotin C, Cohen D, Vaiman M Molecular genetic analyses of the major histocompatibility complex in pig families and recombinants *J Immunogenet* 1985 Jun;12(3):139-49
- Chardon P, Renard C, Vaiman M The major histocompatibility complex in swine. *Immunol Rev* 1999 Feb;167:179-92 Review
- Chardon P, Rogel-Gaillard C, Cattolico L, Duprat S, Vaiman M, Renard C. Sequence of the swine major histocompatibility complex region containing all non-classical class I genes *Tissue Antigens* 2001 Jan;57(1):55-65
- Courtet M, Flajnik M, Du Pasquier L Major histocompatibility complex and immunoglobulin loci visualized by in situ hybridization on xenopus chromosomes *Dev Comp Immunol* 2001;25(2):149-57
- Cruz-Revilla C, Rosas G, Fragoso G, Lopez-Casillas F, Toledo A, Larralde C, Sciutto E *Taenia crassiceps* cysticercosis: protective effect and immune response elicited by DNA immunization *J Parasitol* 2000 Feb;86(1):67-74
- Del Brutto OH and Sotelo J Neurocysticercosis: an update *Rev Infect Dis* 1988;10: 1075-1087



- Edidin, M. MHC antigens and non-immune functions *Immunol today* 1983;4:269-70
- Edidin M Major histocompatibility complex haplotypes and the cell physiology of peptide hormones  
Hum Immunol 1986;15(4):357-65
- Feder JN, Penny DM, Irrinki A, Lee VK, Lebron JA, Watson N, Tsuchihashi Z, Sigal E, Bjorkman PJ, Schatzman RC The hemochromatosis gene product complexes with the transferrin receptor and lowers its affinity for ligand binding Proc Natl Acad Sci USA 1998;17;95(4):1472-7
- Fan PC, Chung WC, Wu JC Experimental infection of an isolate of *Taenia solium* from Hainan in domestic animals J Helminthol 1994 Sep;68(3):265-6
- Flaherty L, Elliott E, Tine JA, Walsh AC, Waters JB Immunogenetics of the Q and TL regions of the mouse. Crit Rev Immunol 1990;10(2):131-75
- Flajnik MF, Kasahara M, Shum BP, Salter-Cid L, Taylor E, Du Pasquier L A novel type of class I gene organization in vertebrates: a large family of non-MHC-linked class I genes is expressed at the RNA level in the amphibian *Xenopus* EMBO J 1993;12(11):4385-96
- Flisser A Multiple cerebral hydatid cysts or neurocysticercosis Trans R Soc Trop Med Hyg 1988;82(5):799
- Flores P I Efecto de dosis bajas de irradiación gamma Co-60 sobre el metacéstodo de *Taenia solium* Tesis de licenciatura *Fac. Med Vet Y Zoot* Universidad Nacional Autónoma de México México D F , 1996
- Fragoso G, Sciutto E, Estrada I, y Larralde C Susceptibilidad genética a infecciones parasitarias Revista latinoamericana de microbiología 1991;33:171-180
- Fragoso G, Lamoyi E, Mellor A, Lomeli C, Govezensky T, and Sciutto E Genetic control of susceptibility to *Taenia crassiceps* cysticercosis *Parasitology* 1996;112:119-24
- Fragoso G, Lamoyi E, Mellor A, Lomeli C, Hernández M and Sciutto E Increased resistance to *Taenia crassiceps* murine cysticercosis in Qa-2 transgenic mice *Infection and Immunity* 1998;66(2): 760-764
- Geffrotin C, Popescu CP, Cribiu EP, Boscher J, Renard C, Chardon P, Vaiman M Assignment of MHC in swine to chromosome 7 by in situ hybridization and serological typing Ann Genet 1984;27(4):213-9
- Geraghty DE, Koller BH, Pei J, Hansen JA Examination of four HLA class I pseudogenes Common events in the evolution of HLA genes and pseudogenes J Immunol 1992;15;149(6):1947-56



- Geraghty DE Structure of the HLA class I region and expression of its resident genes *Curr Opin Immunol* 1993;5(1):3-7
- Gorer PA, *J Pathol Bacteriol* 1937; 44: 691-97
- Groh V, Bahram S, Bauer S, Herman A, Beauchamp M, Spies T Cell stress-regulated human major histocompatibility complex class I gene expressed in gastrointestinal epithelium *Proc Natl Acad Sci U S A* 1996;29;93(22):12445-50.
- Gross CN, Irrinki A, Feder JN, Enns CA Co-trafficking of HFE, a nonclassical major histocompatibility complex class I protein, with the transferrin receptor implies a role in intracellular iron regulation *J Biol Chem* 1998;21;273(34):22068-74
- Hashimoto K, Nakanishi T, Kurosawa Y Identification of a shark sequence resembling the major histocompatibility complex class I alpha 3 domain *Proc Natl Acad Sci USA* 1992;15;89(6):2209-12
- Hashimoto K, Okamura K, Yamaguchi H, Ototake M, Nakanishi T, Kurosawa Y Conservation and diversification of MHC class I and its related molecules invertebrates *Immunol Rev* 1999;167:81-100
- Huerta M, Sciutto E, Garcia G, Villalobos N, Hernandez M, Fragoso G, Diaz J, Diaz A, Ramirez R, Luna S, Garcia J, Aguilar E, Espinoza S, Castilla G, Bobadilla JR, Avila R, Jose MV, Larralde C, de Aluja AS Vaccination against *Taenia solium* cysticercosis in underfed rustic pigs of Mexico: roles of age, genetic background and antibody response *Vet Parasitol* 2000 Jun 27;90(3):209-19
- Huerta M, de Aluja AS, Fragoso G, Toledo A, Villalobos N, Hernandez M, Gevorkian G, Acero G, Diaz A, Alvarez I, Avila R, Beltran C, Garcia G, Martinez JJ, Larralde C, Sciutto E Synthetic peptide vaccine against *Taenia solium* pig cysticercosis: successful vaccination in a controlled field trial in rural Mexico *Vaccine* 2001 (en prensa)
- Janatipour M, Naumov Y, Ando A, Sugimura K, Okamoto N, Tsuji K, Abe K, Inoko H Search for MHC-associated genes in human: five new genes centromeric to HLA-DP with yet unknown functions *Immunogenetics* 1992;35(4):272-8.
- Klein J, Figueroa F Evolution of the major histocompatibility complex *Crit Rev Immunol* 1986;6(4):295-386 Review

**TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN**

- Larralde C, Padilla A, Hernández M, Govezensky T, Sciutto E, Gutiérrez G, Tapia-Conver R, Salvatierra B y Sepúlveda J. Seroepidemiología de la cisticercosis en México *Salud Pública de México* 1992;345
- Lawlor DA, Warren E, Ward FE, Parham P. Comparison of class I MHC alleles in humans and apes. *Immunol Rev* 1990;113:147-85
- Mackinnon MJ, Gunawardena DM, Rajakaruna J, Weerasingha S, Mendis KN, Carter R. Quantifying genetic and nongenetic contributions to malarial infection in a Sri Lankan population *Proc Natl Acad Sci USA* 2000 Nov 7;97(23):12661-6
- Mann DA and Forman J. Recognition by cytotoxic T lymphocytes of Qa-2 antigens *J Immunol* 1988;141:1813-18
- Manoutcharian K, Terrazas LI, Gevorkian G, Govezensky T. Protection against murine cysticercosis using cDNA expression library immunization *Immunol Lett* 1998 Jul;62(3):131-6
- Mellor AL, Antoniou J and Robinson PJ. Structure and expression of genes encoding murine Qa-2 class I antigen *Proc Natl Acad Sci USA* 1985;82: 5920-24
- Mellor AL, Tomlinson PD, Antoniou J, Chandler P, Robinson P, Felstein M, Sloan J, Edwards A, O'Reilly L, Cooke A, et al. Expression and function of Qa-2 major histocompatibility complex class I molecules in transgenic mice *Int Immunol* 1991;3(5):493-502
- Mizuno S, Trapani JA, Koller BH, Dupont B and Yang SY. Isolation and nucleotide sequence of a cDNA clone encoding a novel HLA class I gene *J Immunol* 1988;140:4024-30
- Molinari JL, Soto R, Tato P, Rodríguez D, Retana A, Sepúlveda J and Palet A. Immunization against porcine cysticercosis in an endemic area in México. A field and laboratory study *Am. J of Trop Med And Hygiene* 1993;49: 502-512
- Mori H, Ikegami H, Kawaguchi Y, Seino S, Yokoi N, Takeda J, Inoue I, Seino Y, Yasuda K, Hanafusa T, Yamagata K, Awata T, Kadowaki T, Hara K, Yamada N, Gotoda T, Iwasaki N, Iwamoto Y, Sanke T, Nanjo K, Oka Y, Matsutani A, Maeda E, Kasuga M. The Pro12 -Ala substitution in PPAR-gamma is associated with resistance to development of diabetes in the general population: possible involvement in impairment of insulin secretion in individuals with type 2 diabetes *Diabetes* 2001 Apr;50(4):891-4
- Mullis K, Faloona F, Scharf S, Saiki R, Horn G, Erlich H. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction 1986 *Biotechnology* 1992;24:17-27



- Muris DF, Vreeken K, Carr AM, Murray JM, Smit C, Lohman PH, Pastink A Isolation of the *Schizosaccharomyces pombe* RAD54 homologue, rhp54+, a gene involved in the repair of radiation damage and replication fidelity *J Cell Sci* 1996 Jan;109 ( Pt 1):73-81
- Nascimento IP, Dias WO, Mazzantini RP, Miyaji EN, Gamberini M, Quintilio W, Gebara VC, Cardoso DF, Ho PL, Raw I, Winter N, Gicquel B, Rappuoli R, Leite LC Recombinant *Mycobacterium bovis* BCG expressing pertussis toxin subunit S1 induces protection against an intracerebral challenge with live *Bordetellapertussis* in mice *Infect Immun* 2000 Sep; 68 (9):4877-83
- Niederhorn JY, Chiang EY, Ungchusri T, Stroynowski I Expression of a nonclassical MHC class Ib molecule in the eye *Transplantation* 1999;15;68(11):1790-9
- O'Callaghan CA, Tormo J, Willcox BE, Braud VM, Jakobsen BK, Stuart DI, McMichael AJ, Bell JI, Jones EY Structural features impose tight peptide binding specificity in the nonclassical MHC molecule HLA-E *Mol Cell* 1998;1(4):531-41
- Ogasawara T, Hatano M, Otaki M, Sekita N, Kobayashi K, Miyazaki M, Nakajima N, Tokuhisa T A novel homologue of the TIAP/m-survivin gene *Biochem Biophys Res Commun* 2001 Mar 23;282(1):207-11
- Okamura K, Nakanishi T, Kurosawa Y, Hashimoto K Expansion of genes that encode MHC class I molecules in cyprinid fishes *J Immunol* 1993;1;151(1):188-200
- Okamura K, Ototake M, Nakanishi T, Kurosawa Y, Hashimoto K The most primitive vertebrates with jaws possess highly polymorphic MHC class I genes comparable to those of humans *Immunity* 1997;7(6):777-90
- Okolo MI Cerebral cysticercosis in rural dogs *Microbios* 1986;47(192-193):189-91
- Parkkila S, Waheed A, Britton RS, Bacon BR, Zhou XY, Tomatsu S, Fleming RE, Sly WS Association of the transferrin receptor in human placenta with HFE, the protein defective in hereditary hemochromatosis *Proc Natl Acad Sci USA* 1997;94(24):13198-202
- Plancarte A, Flisser A, Gauci CG, Lightowler MW Vaccination against *Taenia solium* cysticercosis in pigs using native and recombinant oncosphere antigens *Int J Parasitol* 1999 Apr;29(4):643-7
- Potter M History of the BALB/c family *Curr Top Microbiol Immunol* 1985;22:100-120
- Rammensee HG, Falk K, Rotzschke O Peptides naturally presented by MHC class I molecules *Annu Rev Immunol* 1993;11:213-44



- Roderick TH, Lanagley SH and Leiter EH Genetic differences in BALB/c sublines. *Curr. Top Microbiol Immunol* 1985;122: 9-18
- Rosas G, Cruz-Revilla C, Fragoso G, Lopez-Casillas F, Perez A, Bonilla MA, Rosales R, Sciutto E *Taenia crassiceps* cysticercosis: humoral immune response and protection elicited by DNA immunization *J Parasitol* 1998 Jun;84(3):516-23
- Sambrook, Fritz, Maniatis, *Molecular Cloning A Laboratory Manual*, second Edition 1989 Cold Spring Harbor Laboratory Press tomo 1 capitulo 1-3, tomo 2 capitulo 8-15
- Sciutto E, Aluja A, Fragoso G, Rodarte LF, Hernández M, Villalobos N, Padilla A, Keilbach N, Baca M, Govezensky I, Díaz S and Larralde C Immunization of pigs against *Taenia solium* cysticercosis Factors related to effective protection *Vet Parasitol* 1995;60: 53-67
- Shum BP, Avila D, Du Pasquier L, Kasahara M, Flajnik MFJ Isolation of a classical MHC class I cDNA from an amphibian Evidence for only one class I locus in the *Xenopus* MHC *Immunol* 1993;151(10):5376-86
- Shum BP, Rajalingam R, Magor KE, Azumi K, Carr WH, Dixon B, Stet RJ, Adkison MA, Hedrick RP, Parham P A divergent non-classical class I gene conserved in salmonids *Immunogenetics* 1999;49(6):479-90
- Skamene E Genetic control of susceptibility to infections with intracellular pathogens *Pathol Biol (Paris)* 1998 Nov;46(9):689-92
- Soloski MJ, Hood L and Stroynowski I *Proc Nat Acad Sci* 1985;85:3100-3104
- Stroynowski I, Soloski MJ, Low MG and Hood L A single gene encodes soluble and membrane-bound forms of the major histocompatibility Qa-2 antigen: Anchoring of the product by a phospholipid tail *Cell* 1987;50:759-768
- Stroynowski I Molecules related to class-I major histocompatibility complex antigens *Annu Rev Immunol* 1990;8:501-30
- Stroynowski I, Lindahl KF Antigen presentation by non-classical class I molecules *Curr Opin Immunol* 1994;6(1):38-44
- Susi M, Holopainen P, Mustalahti K, Maki M, Partanen J Candidate gene region 15q26 and genetic susceptibility to coeliac disease in Finnish families *jid0060105* 2001 Apr;36(4):372-4.
- Tabaczewski P, Shirwan H, Lewis K, Stroynowski I Alternative splicing of class Ib major histocompatibility complex transcripts *in vivo* leads to the expression of soluble Qa-2 molecules in murine blood *Proc Natl Acad Sci USA* 1994;91(5):1883-7

- Tatebayashi K, Tani T, Ikeda H Fission Yeast Mog1p Homologue, Which Interacts With the Small GTPase Ran, Is Required for Mitosis-to-Interphase Transition and poly(A)(+) RNA Metabolism *Genetics* 2001 Apr;157(4):1513-22
- Terrazas LI, Bojalil R, Govezensky T, Larralde C Shift from an early protective Th1-type immune response to a late permissive Th2-type response in murine cysticercosis (*Taenia crassiceps*) *J Parasitol* 1998;84(1):74-81
- Tian Z, Xu Y, Warner CM Removal of Qa-2 antigen alters the Ped gene phenotype of preimplantation mouse embryos *Biol Reprod* 1992;47(2):271-6
- Toledo A, Fragoso G, Rosas G, Hernandez M, Gevorkian G, Lopez-Casillas F, Hernandez B, Acero G, Huerta M, Larralde C, Sciutto E Two epitopes shared by *Taenia crassiceps* and *Taenia solium* confer protection against murine *T. crassiceps* cysticercosis along with a prominent T1 response *Infect Immun* 2001 Mar;69(3):1766-73
- Urasaki N, Tokumoto M, Terauchi R, Tarora K, Chinen I, Ban Y, Kayano T, Tanaka H cDNA cloning and molecular analysis of papaya small GTP-binding protein, pgp1 *Genes Genet Syst* 2000 Oct;75(5):293-8
- Velten F, Rogel-Gaillard C, Renard C, Pontarotti P, Tazi-Ahnini R, Vaiman M, Chardon P A first map of the porcine major histocompatibility complex class I region *Tissue Antigens* 1998 Feb;51(2):183-94
- Wang CR, Castano AR, Peterson PA, Slaughter C, Lindahl KF, Deisenhofer J Nonclassical binding of formylated peptide in crystal structure of the MHC class Ib molecule H2-M3 *Cell* 1995;25;82(4):655-64
- Warner C M Genetic manipulation of the major histocompatibility complex *J Anim Sci* 1986;63:279-87
- Warner CM, Golnick SO and Goldbard SB Linkage of the preimplantation embryo development (Ped) gene product *Biol Reprod* 1986;36:606-610
- Warner CM, Panda P, Almquist CD and Xu Y Preferential survival of mice expressing the Qa-2 antigen *J Reprod Fertil* 1993;99:145-7
- Weiss EH, Golden L, Fahrner K, Mellor AL, Devlin JJ, Bullman H, Tiddens H, Bud H, Flavell RA Organization and evolution of the class I gene family in the major histocompatibility complex of the C57BL/10 mouse *Nature* 1984;310(5979):650-5

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

- Yamada K, Mizutani I, Shou Z, Yazawa T, Sekiguchi T, Yoshino M, Inazu T, Miyamoto K Cloning and Functional Expression of an E Box-Binding Protein from Rat Granulosa Cells Biol Reprod 2001 May;64(5):1315-9
- Zappacosta F, Tabaczewski P, Parker KC, Coligan JE, Stroynowski I The murine liver-specific nonclassical MHC class I molecule Q10 binds a classical peptide repertoire J Immunol 2000;164(4):1906-15
- Zhou XY, Tomatsu S, Fleming RE, Parkkila S, Waheed A, Jiang J, Fei Y, Brunt EM, Ruddy DA, Prass CE, Schatzman RC, O'Neill R, Britton RS, Bacon BR, Sly WS HFE gene knockout produces mouse model of hereditary hemochromatosis Proc Natl Acad Sci U S A 1998;95(5):2492-7