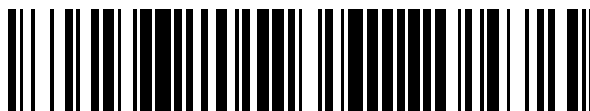


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 548 677**

51 Int. Cl.:

C12N 15/12 (2006.01)

A61K 39/00 (2006.01)

C07K 14/435 (2006.01)

A61P 37/04 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **28.07.2005** **E 11171430 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **02.09.2015** **EP 2405003**

54 Título: **Vacunas recombinantes contra copépodos caligidos (piojos de mar) y secuencias de antígeno de las mismas**

30 Prioridad:

28.07.2004 US 591626 P

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

20.10.2015

73 Titular/es:

**NATIONAL RESEARCH COUNCIL OF CANADA
(100.0%)
1200 Montréal Road
Ottawa, Ontario K1A 0R6, CA**

72 Inventor/es:

**ROSS, NEIL W.;
JOHNSON, STEWART C.;
FAST, MARK D. y
EWART, KATHRYN VANYA**

74 Agente/Representante:

DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto

ES 2 548 677 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Vacunas recombinantes contra copépodos caligidos (piojos de mar) y secuencias de antígeno de las mismas

Campo de la invención

La presente invención se refiere en general a vacunas para el salmón. Más particularmente, la presente invención se refiere a vacunas contra copépodos caligidos parásitos (piojos de mar) y a secuencias de antígeno de las mismas.

Antecedentes de la invención

Una variedad de especies estrechamente relacionadas de copépodos parásitos en la familia *Caligidae* (copépodos caligidos) infecta y causa enfermedad en los peces cultivados. Colectivamente, estas especies se conocen como piojos de mar. Hay tres grandes géneros de piojos de mar: *Pseudocaligus*, *Caligus* y *Lepeophtheirus*. Con respecto a la producción de salmónidos en todo el hemisferio norte, una especie, el piojo del salmón (*Lepeophtheirus salmonis*), es responsable de la mayoría de los brotes de enfermedad en los salmónidos cultivados. Este parásito es responsable de pérdidas directas e indirectas en acuicultura, de más de 100 millones de \$ estadounidenses anuales (Johnson, S.C., *et al.*, Zool Studies 43: 8-19, 2004). En todos los estadios del desarrollo de los piojos de mar, que se fijan al hospedador, éstos se alimentan de mucosidad, piel y sangre del hospedador. Las actividades de fijación y alimentación de los piojos de mar producen lesiones que varían en su naturaleza y gravedad, dependiendo de: la especie de piojo de mar, su abundancia, los estadios de desarrollo presentes y la especie del hospedador (Johnson, S.C. *et al.*, "Interactions between sea lice and their hosts". En: *Host-Parasite Interactions*. Compiladores: G. Wiegertjes y G. Flik, Garland Science/Bios Science Publications, 2004, págs. 131-160). En el hemisferio sur, *Caligus rogercresseyi*, es el principal caligido que afecta a la industria del cultivo de salmón en Chile (González, L. y Carvajal, J. Aquaculture 220: 101-117, 2003).

Los copépodos caligidos tienen ciclos de vida directos que consisten en dos estadios de nauplio planctónico de vida libre, un estadio de copepodito infeccioso de nado libre, de cuatro a seis estadios de chalimus fijado, uno o dos estadios preadultos, y un estadio adulto (Kabata, Z., Book 1: Crustacea as enemies of fishes. En: *Diseases of Fishes*, Compiladores: Snieszko, S.F. y Axelrod, H.R.; Nueva York, T.F.H. Publications, 1970, pág. 171). Cada uno de estos estadios de desarrollo está separado por una muda. Una vez alcanzado el estadio adulto, los copépodos caligidos no experimentan mudas adicionales. En el caso de *L. salmonis*, los huevos eclosionan en el primer estadio de nauplio de nado libre, que está seguido por un segundo estadio de nauplio, y luego el estadio de copepodito infeccioso. Una vez que el copepodito localiza un pez hospedador adecuado, continúa su desarrollo a través de cuatro etapas de chalimus, el primer y el segundo estadio preadulto, y luego un estadio adulto final (Schram, T.A. "Supplemental descriptions of the developmental stages of *Lepeophtheirus salmonis* (Krøyer, 1837) (Copepoda: Caligidae)". En: *Pathogens of Wild and Farmed Fish: Sea Lice*. Compiladores: Boxshall, G.A. y Defaye, D., 1993, pág. 30-50). Las mudas se caracterizan por cambios graduales a medida que el animal va creciendo y se somete a modificaciones físicas que le permiten vivir como un parásito libre, alimentándose y reproduciéndose en la superficie del pez.

Los copépodos caligidos (piojos de mar) se alimentan de la mucosa, la piel y la sangre de sus hospedadores lo que conduce a lesiones que varían en su gravedad basándose en el estadio(s) de desarrollo de los copépodos presentes, el número de copépodos presentes, su sitio(s) de fijación y la especie del hospedador. En situaciones de enfermedad grave, como se observa en el salmón del Atlántico (*Salmo salar*) cuando está infectado por un número elevado de *L. salmonis*, se pueden observar extensas áreas de erosión de la piel y hemorragias en la cabeza y el lomo, y un área de erosión distinta y hemorragia subepidérmica en la región perianal (Grimnes, A. *et al.* J Fish Biol 48: 1179-1194, 1996). Los piojos de mar pueden causar cambios fisiológicos en sus hospedadores, incluyendo el desarrollo de una respuesta de estrés, una función inmune reducida, una insuficiencia osmorreguladora y la muerte, si no se tratan (Johnson *et al.*, *supra*).

Hay varias estrategias para el tratamiento que se han utilizado para reducir la intensidad de las infestaciones por copépodos caligidos (piojos de mar). Estas incluyen: vacío sanitario de los sitios antes de la repoblación, separación de las clases anuales y selección de los sitios para granjas para evitar áreas en las que hay una alta densidad de hospedadores silvestres u otras condiciones ambientales adecuadas para el establecimiento de los piojos de mar (Pike, A.W. *et al.* Adv Parasitol. 44: 233-337, 1999). Aunque el uso de estas estrategias puede disminuir en algunos casos las tasas de infección con piojos de mar, su uso de forma individual o en combinación no ha sido eficaz para la eliminación de la infección.

Se ha utilizado una variedad de productos químicos y fármacos para el control de los piojos de mar. Estos productos químicos se habían diseñado para el control de plagas terrestres y de parásitos de plantas y animales domésticos. Incluyen compuestos tales como peróxido de hidrógeno, organofosfatos (por ejemplo, diclorvos y azametifos), ivermectina (y compuestos relacionados tales como benzoato de emamectina), reguladores de la muda de insectos y piretrinas (MacKinnon, B.M., World Aquaculture 28: 5-10, 1997; Stone J., *et al.*, J Fish Dis 22: 261-270, 1999). Los tratamientos para los piojos de mar se pueden clasificar en los que son administrados por medio de un baño (por ejemplo, organofosfatos, piretrinas) y los administrados por vía oral (por ejemplo, ivermectina). Los tratamientos por medio de un baño para el control de piojos de mar son complicados, costosos de aplicar y pueden tener efectos

significativos sobre el crecimiento de los peces después del tratamiento (MacKinnon, *supra*). Los productos químicos utilizados en los tratamientos por medio de un baño no son necesariamente eficaces contra todos los estadios de los piojos de mar que se encuentran en los peces. En la actualidad, el uso de tratamientos orales tales como SLICE® (benzoato de emamectina) es predominante en la industria de salmónidos. A diferencia de los productos químicos administrados como tratamientos en forma de baño, SLICE® proporciona una protección a corto plazo contra la reinfección. Este tratamiento, aunque es más fácil de aplicar que los tratamientos por medio de un baño, sigue siendo caro y, como los tratamientos por medio de un baño, requiere un tiempo de espera antes de que los animales puedan ser sacrificados para el consumo humano (Stone, *supra*). Como se observa en las plagas y los parásitos terrestres, existen pruebas de un desarrollo de resistencia en *L. salmonis* frente a algunos de estos tratamientos, especialmente en las poblaciones tratadas con frecuencia (Denholm, I., *Pest Manag Sci* 58: 528-536, 2002). Para reducir los costes asociados con los tratamientos contra los piojos de mar y eliminar los riesgos ambientales asociados con estos tratamientos, se necesitan nuevos métodos de control de los piojos de mar, tales como vacunas.

Un rasgo característico de los sitios de fijación y de alimentación de los copépodos caligidos en muchos de sus hospedadores es la falta de una respuesta inmune del hospedador (Johnson et al, *supra*; Jones, M.W., *et al.*, *J Fish Dis* 13: 303-310, 1990; Jónsdóttir, H., *et al.*, *J Fish Dis* 15: 521-527, 1992). Esta falta de respuesta inmune es similar a la descrita para otros parásitos artrópodos, tales como las garrapatas en animales terrestres. En esos casos, la supresión de la respuesta inmune del hospedador se debe a la producción en el parásito de sustancias inmunomoduladoras (Wikel, S. K., *et al.*, "Arthropod modulation of host immune responses". En *The Immunology of Host-Ectoparasitic Arthropod Relationships*. Compiladores: Wikel, S. K., CAB Int., 1996, págs. 107-130). Estas sustancias están siendo investigadas para uso como antígenos de vacuna para el control de estos parásitos. Los piojos de mar, tales como *L. salmonis*, igual que otros ectoparásitos artrópodos, producen sustancias biológicamente activas en el sitio de fijación y de alimentación que limitan la respuesta inmune del hospedador. Como estas sustancias tienen un potencial para uso en una vacuna contra los piojos de mar, se ha identificado una serie de estas sustancias procedentes de *L. salmonis* y se han examinado sus efectos sobre la función inmune del hospedador *in vitro*.

Se han identificado antígenos potenciales usando una combinación de técnicas biológicas moleculares, proteómicas, bioquímicas e inmunológicas. Por ejemplo, se ha observado un aumento de la actividad proteasa en el moco de salmón del Atlántico infectado con *L. salmonis*, en comparación con peces no infectados (Ross, N.W., *et al.*, *Dis Aquat Org* 41: 43-51, 2000; Fast, M.D., *et al.*, *Dis Aquat Org* 52: 57-68, 2002). Este aumento de la actividad se debe principalmente a la aparición de una serie de proteínas de bajo peso molecular (18-24 kDa), que son producidas por *L. salmonis* y se identificaron como tripsinas basándose en la actividad, estudios de inhibición y el tamaño. La actividad de la tripsina se identificó en el moco de salmónes infectados utilizando adsorción de afinidad con aminobenzamidina y zimografía de proteasas (Firth, K.J., *et al.*, *J Parasitol* 86: 1199-1205, 2000). Se han caracterizado diversos genes que codifican la tripsina procedente de *L. salmonis* y se ha determinado el sitio de expresión de la tripsina (Johnson, S.C., *et al.*, *Parasitol Res* 88: 789-796, 2002; Kvamme, B.O., *et al.*, *Int. J. Parasitol.* 34, 823-832, 2004; Kvamme, B.O. *et al.*, *Gene* 352:63-72, 2005).

Se han desarrollado diversas genotecas de ADNc a partir de los estadios de copepodito, preadulto y adulto de *L. salmonis*. Un estudio con marcadores de secuencia expresada (EST) de la genoteca de preadulto ha dado como resultado la identificación de una variedad de genes que codifican la tripsina y proteasas relacionadas (incluyendo la quimotripsina y otras de la familia de peptidasas S1), proteínas de choque térmico, proteínas de la cutícula y enzimas metabólicas. Algunos de estos genes tal y como se describen en esta memoria, tienen utilidad como antígenos en una vacuna contra los piojos de mar.

La actividad similar a la tripsina es secretada por *L. salmonis* sobre la piel del salmón y se cree que es utilizada por los piojos de mar para alimentarse sobre la mucosa, la piel y la sangre del salmón y para proteger a los piojos de mar de la respuesta inmune del salmón (Firth, *et al. supra*). La tripsina se ha encontrado en los productos de secreción (SPs del inglés, "secretion products") de piojos de mar, después de una estimulación con dopamina, mediante una secuenciación de los aminoácidos empleando espectrometría de masas. La Tabla 1 muestra las secuencias peptídicas de la tripsina secretada por *L. salmonis*. Una protección contra la tripsina de los piojos de mar puede reducir la alimentación de los piojos y reducir la supresión de la respuesta inmune.

Tabla 1: Resumen de la tripsina secretada por *L. salmonis* identificada a partir de LC/MS/MS

Coincidencias de proteínas de pulgas de mar	Fracción asociada (nº de grupo-nº de fracción)	Ion parental (m/z)	Mr (Da)	Error (ppm) ^a	Puntuación ^b	Secuencia peptídica (Inicio-fin) ^c
Tripsina de pulgas de mar (tipos 1-4)	1-2	579,80	1157,77	27	46	²¹⁵ FIDWIAEHQ ²²³ (SEQ ID NO: 25)
	1-1	638,35	1274,69	38	72	⁷¹ IAVSDITYHEK ⁸¹ (SEQ ID NO: 26)

	3-6	920,18	1840,28	13	25	¹¹⁵ DQFIGDVVWSGWGTI SSSGPPSPVLK ¹⁴¹ (SEQ ID NO: 27) NQYDEFESK (SEQ ID NO: 28)
SL-0903 similar a vitelogenina	1-1	580,28	1158,48	46	27	
SL-1469 proteína 3	1-1	724,85	1447,66	17	24	LSFEHETTEEAR (SEQ ID NO: 29)
SEP	1-2	879,98	1757,91	29	72	IILGHEFTPGYIENR (SEQ ID NO: 30)
SL-0547 proteína 1	1-1	604,31	1204,67	19	25	IVILKELSSGM (SEQ ID NO: 31) + oxidación M ^d
SEP						
SL-0858 proteína 2	1-2	1248,71	2495,33	65	35	AGQYGGGEISGIVLPNIPPSISNLAK (SEQ ID NO: 32)
SEP						

^a Diferencia (en partes por millón) entre la masa medida y la masa prevista de la secuencia de ADN.

^b Puntuación obtenida a partir de la búsqueda MASCOT[®], puntuaciones superiores a 21 indican identidad u homología extensa (p < 0,05)

^c Secuencia peptídica de bromuro de cianógeno/tríptico prevista a partir de la secuencia de ADN.

5 ^d + oxidación M significa que la coincidencia MASCOT era para un péptido que contenía un residuo de metionina oxidada.

10 La proteína similar a la vitelogenina se descubrió en los productos de secreción (PSs) de piojos de mar después de la estimulación con dopamina. La vitelogenina se ha descrito anteriormente como un antígeno eficaz en una vacuna contra las garrapatas (Tellam, R.I., *et al.*, Vet Parasitol. 103: 141-156, 2002). La inclusión de vitelogenina en una vacuna contra los piojos de mar puede interferir con la fecundidad de los piojos de mar y reducir el número de crías y por lo tanto reducir la cantidad futura de piojos de mar. Además, las proteínas similares a la vitelogenina han sido implicadas en la síntesis de melanina en invertebrados (Lee, K.M. *et al.*, Eur J Biochem 267:3695-3703, 2000). La melanina es una molécula de defensa importante de los invertebrados.

15 Los genes similares a los de adhesión del mejillón expresan proteínas similares a las encontradas en los hilos del biso del mejillón que emplean los mejillones para fijarse ellos mismos a superficies sólidas. Cómo se relacionan estos genes con una infestación por piojos de mar no se sabe en la actualidad, pero pueden estar implicados en la producción de filamentos frontales. El filamento frontal es utilizado en los estadios de chalimus para fijarse físicamente al hospedador (González-Alanis, P., *et al.*, J Parasitol 87: 561-574, 2001).

20 Los genes BCS-1 son expresados por los percebes cuando cambian de una forma planctónica a una forma fija (Okazaki, Y., *et al.*, Gene 250 (1-2): 127-135, 2000). En la actualidad existen evidencias que sugieren que estas son proteínas de unión a la cutícula. La alteración de estas proteínas a través de anticuerpos puede interferir en la muda, la integridad de la cutícula de los piojos de mar y el crecimiento normal de los piojos.

25 Las proteínas de secreción producidas por los piojos de mar pueden actuar como agentes inmunomoduladores o ayudar en las actividades de alimentación en el hospedador (Fast, M.D., *et al.*, Exp Parasitol. 107:5-13, 2004; Fast, M.D., *et al.*, J Parasitol 89: 7-13, 2003). La neutralización de estas actividades a través de anticuerpos obtenidos a partir del hospedador puede afectar al crecimiento de los piojos de mar y a la supervivencia sobre el salmón.

30 Las vacunas son en general más seguras que los tratamientos químicos, tanto para los peces como para el medio ambiente. Sin embargo, hasta la fecha no se han desarrollado vacunas comerciales contra los piojos de mar. El desarrollo de vacunas se ha visto obstaculizado por una falta de conocimiento de las interacciones hospedador-patógeno entre los piojos de mar y sus hospedadores. Parece que hay una respuesta de anticuerpos muy limitada en los hospedadores infectados de forma natural. Se han producido vacunas experimentales, en particular mediante extractos de animales enteros, contra *L. salmonis*. Las investigaciones en el desarrollo de vacunas contra los piojos de mar se han dirigido a proteínas inmunogénicas de los piojos de mar y, en particular, se han dirigido a antígenos intestinales. Estas vacunas, basadas en extractos de animales enteros, no han mostrado tener un efecto protector a pesar de que su administración dio lugar a cambios menores en la fecundidad de *L. salmonis* (Grayson T.H., *et al.*, J Fish Biol 47: 85-94, 1995). Sin embargo, este estudio en particular, fue un ensayo realizado una sola vez y no se han descrito más resultados de este grupo. También se han analizado vacunas para peces basadas en liposomas, en ciertas especies de peces de aleta (Keough, documento de solicitud PCT WO 03/101482), pero no en combinación con antígenos de los piojos de mar.

40 Un análisis más reciente de los posibles objetivos de la vacuna en el intestino ha sido establecido por Raynard *et al.*; sin embargo, sus estudios han tenido un éxito limitado (Raynard, R.S., *et al.*, Pest Manag Sci 58: 569-575, 2002).

Epítomos de linfocitos T promiscuos

Epítomos de linfocitos T promiscuos (o "epítomos PTC") son péptidos altamente inmunógenos que se pueden

caracterizar en parte por su capacidad para unirse a varias formas isotópicas y alotópicas de moléculas humanas del MHC de clase II. Al ayudar a eludir la restricción del MHC, pueden inducir respuestas de los linfocitos T y de anticuerpos en miembros de una población genéticamente diversa que expresa diversos haplotipos del MHC. Por consiguiente, los epítomos PTC se pueden combinar con antígenos que, por sí mismos, son poco inmunogénicos, para generar inmunógenos peptídicos potentes. En la presente invención, estos epítomos se incorporan en la composición para mejorar la inmunogenicidad del antígeno, y la composición global, en una amplia gama de especies.

Los epítomos de linfocitos T promiscuos se pueden obtener a partir de inmunógenos presentes en la naturaleza de origen vírico y bacteriano. Los epítomos PTC de origen natural también se pueden modificar de manera conservadora a través de una o múltiples adiciones, deleciones o sustituciones de aminoácidos (por ejemplo, dentro de clases de aminoácidos cargados, hidrófilos/hidrófobos, estéricos) para obtener secuencias candidatas que se pueden seleccionar por su capacidad para mejorar la inmunogenicidad.

Epítomos PTC no naturales se pueden sintetizar artificialmente para obtener secuencias que tienen una inmunogenicidad comparable o mejor. Los epítomos PTC artificiales pueden variar el tamaño desde aproximadamente 15 a aproximadamente 50 residuos de aminoácidos de longitud y pueden tener características estructurales tales como hélices anfipáticas, las cuales son estructuras alfa helicoidales con residuos de aminoácidos hidrófobos que dominan una cara de la hélice y residuos cargados o polares que dominan las caras circundantes. Los epítomos PTC también pueden contener patrones de aminoácidos primarios adicionales, tales como una Gly o un residuo cargado, seguido de dos a tres residuos hidrófobos, seguidos a su vez por un residuo cargado o polar (una secuencia de Rothbard). Además, los epítomos PTC siguen frecuentemente la regla 1, 4, 5, 8, en donde un residuo cargado positivamente está seguido por residuos hidrófobos en las posiciones cuarta, quinta y octava después el residuo cargado.

Estas características se pueden incorporar en los diseños de epítomos PTC artificiales. Las posiciones variables y los aminoácidos preferidos están disponibles para motivos de unión a MHC (Meister *et al.*, Vaccine, 1995; 13: 581-591). Por ejemplo, el epítomo PTC degenerado descrito en el documento PTC WO 95/11998 como SSAL1TH1 tiene la secuencia degenerada (Asp/Glu)-(Leu/Ile/Val/Phe)-Ser-(Asp/Gly)-(Leu/Ile/Val/Phe)-(Lys/Arg)-Gly-(Leu/Ile/Val/Phe)-(Leu/Ile/Val/Phe)-(Leu/Ile/Val/Phe)-His-(Lys/Arg)-Leu/Ile/Val/Phe)-(Asp/Glu)-Gly-(Leu/Ile/Val/Phe)-.

Ejemplos específicos de epítomos PTC

Los epítomos de linfocitos T promiscuos particularmente útiles son la proteína F del virus del sarampión LSEIKGVIVHRLEGV (SEQ ID NO: 33); o la secuencia de tétanos QYIKANSKFIGITEL (SEQ ID NO: 34).

Ejemplos de epítomos de linfocitos T promiscuos particularmente útiles se muestran en la Tabla 2:

Tabla 2: Ejemplos de epítomos de linfocitos T promiscuos

descripción	Secuencia de aminoácidos	SEQ ID NO:
Sarampión 289-302	LSEIKGVIVHRLEGV	33
Toxina del tétanos 830-844	QYIKANSKFIGITEL	34

Debido a una falta de conocimiento de los mecanismos y de la patología que rodean la infestación por piojos de mar de los salmones, la identificación de dianas adecuadas para el tratamiento de la enfermedad no ha tenido éxito. Esto ha obstaculizado el progreso de una investigación sobre vacunas y, por ello, a pesar de las esperanzas y del éxito de las terapias basadas en vacunas en otras áreas de infección, aún no se ha desarrollado una vacuna adecuada contra los piojos de mar. En consecuencia, existe una necesidad de proporcionar dianas moleculares adecuadas eficaces (antígenos) y una vacuna contra la infección por piojos de mar.

Compendio de la invención

Es un objeto de la presente invención obviar o mitigar al menos un inconveniente de los tratamientos previos contra la infección por piojos de mar en los peces.

En un primer aspecto, la presente invención proporciona una vacuna contra la infección por copépodos caligidos en peces, comprendiendo la vacuna una cantidad inmunológicamente eficaz de antígeno proteico recombinante purificado similar a la vitelogenina que comprende una secuencia de aminoácidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 2 o 20. En particular, el copépodo caligido es *Lepeophtheirus salmonis*, aunque se puede tratar cualquier infección por copépodo.

Otros aspectos de la invención incluyen un ADN que codifica una proteína similar a la vitelogenina, en donde el ADN que codifica el antígeno de la proteína similar a la vitelogenina comprende una secuencia de nucleótidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 1.

Otros aspectos adicionales de la invención incluyen una secuencia de aminoácidos que comprende una proteína

similar a la vitelogenina con una secuencia de aminoácidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 2 o 20.

También se incluye una vacuna de ADN que comprende uno cualquiera de los ADN anteriores y un adyuvante, un diluyente o un vehículo farmacéuticamente aceptable.

- 5 Un aspecto adicional es una vacuna peptídica que comprende una cualquiera de las secuencias de aminoácidos anteriores y un adyuvante, un diluyente o un vehículo farmacéuticamente aceptable.

Breve descripción de los dibujos

La Fig. 1 muestra a) la secuencia de ácido nucleico y b) la secuencia de aminoácidos de la proteína similar a la vitelogenina (SEQ ID NO: 1, 2).

- 10 La Fig. 2 muestra a) la secuencia de ácido nucleico y b) la secuencia de aminoácidos de la proteína 1 SEP (SEQ ID NO: 3, 4).

La Fig. 3 muestra a) la secuencia de ácido nucleico y b) la secuencia de aminoácidos de la proteína 2 SEP (SEQ ID NO: 5, 6).

La Fig. 4 muestra a) la secuencia de ácido nucleico y b) la secuencia de aminoácidos de la proteína 3 SEP (SEQ ID NO: 7, 8).

- 15 La Fig. 5 muestra a) la secuencia de ácido nucleico y b) la secuencia de aminoácidos de la proteína de adhesión 2, homóloga al precursor de la proteína 2 de la matriz de la placa adhesiva de mejillón (SEQ ID NO: 9, 10).

La Fig. 6 muestra a) la secuencia de ácido nucleico y b) la secuencia de aminoácidos de la proteína de adhesión 1, homóloga al precursor de la proteína de la matriz de la placa adhesiva de mejillón (proteína 1 del pie) (SEQ ID NO: 11, 12)

- 20 La Fig. 7 muestra a) la secuencia de ácido nucleico y b) la secuencia de aminoácidos de la proteína de unión a la cutícula 1, homóloga a la proteína similar a BSC-1 (morán 9-15) (SEQ ID NO: 13, 14).

La Fig. 8 es un gráfico de piojos por cm de pez a lo largo del tiempo posterior a la infección, empleando las vacunas (A/B = gen de tripsina de piojos de mar expresado con epítipo de linfocito T; Y/Z = gen de tripsina de piojos de mar expresado; C = control) de la presente invención.

- 25 La Fig. 9 es un gráfico de piojos por gramo de pez a lo largo del tiempo posterior a la infección, usando las vacunas (A/B = gen de tripsina de piojos de mar expresado con epítipo de linfocito T; Y/Z = gen de tripsina de piojos de mar expresado; C = control) de la presente invención.

- 30 La Fig. 10 muestra un gráfico de datos agrupados que muestra los porcentajes de diferentes estadios de piojos de mar presentes en peces vacunados con la vacuna de tripsina de *L. salmonis*, en comparación con el pez control en cada tiempo de muestreo.

La Fig. 11 muestra una secuencia de ácido nucleico parcial (SEQ ID NO: 15) de la proteína similar a la vitelogenina SL-903 pero más larga que la de la Fig. 1. **TGA**, **TAA** o **TAG** en negrita, subrayados y en cursiva son los codones de detención previstos.

- 35 La Fig. 12 muestra la secuencia de ácido nucleico de longitud completa de la proteína 1 SEP SL-0547 (SEQ ID NO: 16). **ATG** en negrita y subrayado son los codones de *inicio* previstos. **TGA**, **TAA** o **TAG** en negrita, subrayados y en cursiva son los codones de detención previstos.

La Fig. 13 muestra la secuencia de ácido nucleico de longitud completa putativa de la proteína 2 SEP SL-0858 (SEQ ID NO: 17). **ATG** en negrita y subrayado son los codones de *inicio* previstos para la proteína. **TGA**, **TAA** o **TAG** en negrita, subrayados y en cursiva son los codones de detención previstos.

- 40 La Fig. 14 muestra la secuencia de longitud completa putativa de la proteína 3 SEP SL-1469 (SEQ ID NO: 18). **ATG** en negrita y subrayado son los codones de *inicio* previstos para la proteína. **TGA**, **TAA** o **TAG** en negrita, subrayados y en cursiva son los codones de detención previstos.

- 45 La Fig. 15 muestra la secuencia de longitud completa putativa de la proteína adhesiva de mejillón SL-0927 (SEQ ID NO: 19). **ATG** en negrita y subrayado son los codones de *inicio* previstos para la proteína. **TGA**, **TAA** o **TAG** en negrita, subrayados y en cursiva son los codones de detención previstos.

La Fig. 16 muestra una secuencia parcial de aminoácidos de la proteína similar a la vitelogenina SL-903 (SEQ ID NO: 20), junto con los aciertos de BLAST® de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptidos procedentes de datos de la Espectrometría de Masas de Proteómica.

- 50 La Fig. 17 muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa putativa de la proteína 1 SEP SL-0547 (SEQ ID NO: 21), junto con los aciertos de BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de

péptidos procedentes de datos de la Espectrometría de Masas de Proteómica.

La Fig. 18 muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa de la proteína 2 SEP SL-0858 (SEQ ID NO: 22), junto con los aciertos de BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptidos procedentes de datos de la Espectrometría de Masas de Proteómica.

- 5 La Fig. 19 muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa putativa de la proteína 3 SEP SL-1469 (SEQ ID NO: 23), junto con los aciertos de BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptidos procedentes de datos de la Espectrometría de Masas de Proteómica.

- 10 La Fig. 20 muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa putativa de la proteína adhesiva de mejillón SL-0927 (SEQ ID NO: 24), junto con los aciertos de BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptidos procedentes de datos de la Espectrometría de Masas de Proteómica.

- 15 La Figura 21 muestra la expresión media ($\pm$ SEM) del gen de la interleucina-1 β , en relación con β -actina, en células SHK-1 incubadas con y sin lipopolisacárido (LPS), la fracción 1 agrupada de producto de secreción/excreción de *L. salmonis*, la fracción 2 agrupada de producto de secreción/excreción de *L. salmonis* y la fracción 3 agrupada de producto de secreción/excreción de *L. salmonis*. * Indica diferencias significativas con el control; † indica diferencias significativas con LPS + el control.

- 20 La Figura 22 muestra la expresión media ($\pm$ SEM) del gen de la interleucina-1 β , en relación con β -actina, en células SHK-1 incubadas con y sin lipopolisacárido (LPS), LPS y disolvente de cromatografía líquida liofilizado (LC), la fracción 1 de producto de secreción/excreción de *L. salmonis*, la fracción 2 de producto de secreción/excreción de *L. salmonis* y los productos de secreción/excreción sin fraccionar de *L. salmonis*. * Indica diferencias significativas con el control; † indica diferencias significativas con LPS + el control.

Descripción detallada

En general, la presente invención proporciona una vacuna para el tratamiento de una infección con piojos de mar en peces, en particular una infección con *L. salmonis*. También se refiere a la secuencia de ADN y de aminoácidos de dianas moleculares para uso en la preparación de estas vacunas.

- 25 Las vacunas descritas en esta memoria se generaron basándose en estudios realizados por nuestro grupo y otros sobre la expresión génica en los piojos de mar.

- 30 Se diseñaron diversos genes en los piojos de mar que tienen potencial como productores de antígenos en formulaciones de vacunas para proteger al salmón de los piojos de mar, especialmente de *L. salmonis*. Un gen que tiene una gran similitud con una proteína similar a la vitelogenina que se encuentra en los productos de secreción, no tiene ninguna similitud significativa con proteínas conocidas en bases de datos públicas.

Tal y como se usa en este documento, un "antígeno" se refiere a una molécula que contiene uno o varios epítomos que estimularán el sistema inmune de un hospedador para proporcionar una respuesta humoral y/o celular específica del antígeno. El término también se utiliza en el presente documento de manera intercambiable con "inmunógeno".

- 35 Tal como se utiliza en esta memoria, el término "epítipo" se refiere al sitio sobre un antígeno o hapteno al que se une una molécula de anticuerpo específica. El término también se utiliza en el presente documento de manera intercambiable con "determinante antigénico" o "sitio antigénico determinante".

- 40 Las Figuras 1 a 6 muestran las secuencias de los genes descritos anteriormente y secuenciados en nuestro laboratorio, con excepción de la tripsina, cuya secuencia de ácido nucleico ha sido publicada (Johnson, 2002, *supra*). Hemos identificado el producto del gen de tripsina en las secreciones de piojos de mar mediante la secuenciación de aminoácidos empleando espectrometría de masas. Estos genes se seleccionaron y se investigaron basándose en un conocimiento previo de su supuesta función.

Las Figuras 11 a 20 muestran secuencias de nucleótidos y de aminoácidos de longitud completa más largas o putativas de los genes y las proteínas tal y como se describen en esta memoria.

- 45 Los antígenos obtenidos a partir de *L. salmonis* deben proporcionar una protección a los peces frente a otras especies de piojos de mar, ya que éstos son propensos a usar métodos altamente conservados para fijarse, con el fin de poder alimentarse con éxito sobre el hospedador.

- 50 Los adyuvantes que se pueden utilizar en el contexto de la presente invención incluyen los adyuvantes Montanide® ISA e IMS (Seppic, Paris, Francia), otros adyuvantes de aceite-en-agua, agua-en-aceite y agua-en-aceite-en-agua de Ribí (Ribí ImmunoChem Research, Inc., Hamilton, MT), TiterMax de Hunter (CytRx Corp., Norcross, GA), adyuvantes de sales de aluminio, proteínas adsorbidas a nitrocelulosa, antígenos encapsulados, adyuvantes que contienen nanopartículas. Los adyuvantes preferidos incluyen Seppic Montanide 720, Montanide IMS111x, Montanide IMS131x, Montanide IMS221x, Montanide IMS301x, Montanide ISA206, Montanide ISA 207, Montanide ISA25, Montanide ISA27, Montanide ISA28, Montanide ISA35, Montanide ISA50A, Montanide ISA563, Montanide

ISA70, Montanide ISA51, Montanide ISA720, Montanide ISA264. Los adyuvantes particularmente preferidos incluyen, Montanide ISA740, Montanide ISA773, Montanide ISA 708, Montanide ISA266. El adyuvante recomendado es Montanide ISA763.

- 5 Los datos de los estudios que utilizan las vacunas descritas en esta memoria para el tratamiento de una infección con piojos de mar, se proporcionan en el presente documento por medio de los siguientes ejemplos.

Ejemplo 1

- 10 Los salmones fueron estimulados con tripsina de *L. salmonis* como antígeno. Los peces se inmunizaron con dos grupos de formulaciones de vacuna de tripsina: A/B (tripsina de piojos de mar recombinante con un epítipo de linfocitos T) e Y/Z (solo tripsina de piojos de mar). A algunos peces se les administró una vacuna de control, C, que solo contenía adyuvante. La protección de los peces es evidente el día 6, 11 y 20 (Figuras 8 y 9). El número de piojos de mar por cm y por gramo de pez se reduce en los peces vacunados, en comparación con los controles. La formulación de la vacuna A/B dio lugar a menores cantidades de piojos que la formulación Y/Z, lo que muestra que la inclusión de epítopos de linfocitos T con antígenos de piojos de mar proporciona una protección adicional contra los piojos de mar.
- 15 La Figura 10 muestra resultados de datos agrupados de los experimentos de estimulación y vacunación. La formulación de la vacuna A/B (tripsina de piojos de mar recombinante con un epítipo de linfocitos T) parecía que retardaba el desarrollo de *L. salmonis*, ya que los días 6, 11 y 20 había porcentajes más bajos de piojos que habían mudado a un estadio más avanzado, que en comparación con los peces control.

Ejemplo 2

- 20 Cromatografía de exclusión por tamaño y determinación de proteínas

- 25 Los productos de excreción secreción liofilizados (SEPs) se reconstituyeron con acetato de amonio 1,0 M (AMA) (pH 6,0). Una HPLC de Agilent 1100 equipada con un detector de matriz de diodos (control a 230 y 256 nm) y una columna de Taso Haas (G3000PWX2, 6 μ m d_p (7,8 mm x 300 mm)) se utilizaron para separar las proteínas/péptidos en las secreciones. Estas muestras se fraccionaron a continuación, utilizando un recolector de fracciones de Waters según los intervalos de tiempo. Las fracciones tal y como se muestran en la Tabla 1 se recogieron durante 6 series de HPLC independientes y se agruparon para cada intervalo de tiempo. Estas muestras se liofilizaron a continuación (-80°C) antes de la determinación de las proteínas. La columna se mantuvo a temperatura ambiente y se eluyó isocráticamente con 98:2 de AMA:acetonitrilo (ACN) durante 30 minutos a 0,2 ml min⁻¹. Las soluciones estándar de albúmina de suero bovino (BSA) (20 μ g, 2,0 μ g y 0,2 μ g), SW + DA, y la tripsina bovina (40 μ g), todas ellas migraron como controles para la comparación de los picos con los SEPs.

- 35 Las concentraciones de proteína de las fracciones de secreción de *L. salmonis* se determinaron usando un método de unión a colorante (Bradford, M.M. Anal Biochem 72: 248-254, 1976). Todos los ensayos se ejecutaron en un lector de microplacas de Thermomax[®] (Molecular Devices). Las muestras se reconstituyeron en ddH₂O y luego, después de la determinación de las proteínas, se dividieron en partes iguales entre los ensayos funcionales basados en células y el análisis proteómico.

Cultivo de células SHK

- 40 Las células SHK-1 se cultivaron a 18°C en matraces de cultivo de tejidos tratados de 75 cm² (Costar), en medio L-15 (con 300 mg/L de L-glutamina), complementado con 500 μ l de sulfato de gentamicina (50 mg/mL en agua destilada), 365 μ l de 2-mercaptoetanol (55 mM en D-PBS) y suero bovino fetal al 5% (FBS), como describen Fast *et al.* 2004 *supra*. Todos los componentes de los medios se adquirieron en Gibco. Los matraces confluentes se sometieron a pases semanales, dividiendo uniformemente las células y el medio entre dos matraces y añadiendo un volumen igual de medio nuevo a cada matraz. Las células utilizadas en este estudio se sometieron a pases entre 64 y 68 veces.

- 45 Las células SHK-1 se sembraron a aproximadamente 4 x 10⁶ células/frasco en medio L-15 complementado como se ha descrito anteriormente. La estimulación celular siguió el mismo procedimiento que en Fast, M.D. *et al.* Dev. Comp. Immunol. 29: 951-963, 2005. Brevemente, después de un período de 48 h, para permitir que cualquier expresión génica inducida por manipulación, volviera a los niveles constitutivos, se retiró el medio y se añadieron 20 ml de medio de nuevo aporte. El lipopolisacárido (LPS) se añadió a todos los matraces, excepto a los controles, para obtener una concentración final de 5 μ g/ml.

- 50 En el primer ensayo, las fracciones de SEP se agruparon en 3 grupos (Tabla 1), conteniendo cada uno el mismo intervalo de tiempo (10 min) y volúmenes de la cromatografía de exclusión por tamaño. Esto dio lugar a que se añadieran a cada matraz 13 μ g de proteína (fracción agrupada 1), 8,0 μ g de proteína (fracción agrupada 2) y <0,1 μ g de proteína (fracción agrupada 3). Estas incubaciones se llevaron a cabo durante 4 h a 18°C antes de que se retirara el medio y las células se almacenaran después en RNA a -80°C hasta la extracción del ARN. Este ensayo se repitió dos veces en matraces por triplicado para cada condición.

En el segundo ensayo, se añadieron fracciones de SEP 1 y 2 procedentes de la fracción agrupada 1 (Tabla 1) a 1,0 y 1,4 µg por matraz, respectivamente. Estas concentraciones se alcanzaron después de concentrar 4 migraciones de exclusión por tamaño para cada fracción. Para someter a ensayo cualquier efecto del disolvente residual sobre el ensayo basado en las células, 4 migraciones en blanco de AMA fueron sometidas al mismo tratamiento y se incluyeron en el experimento como controles. Finalmente, los SEPs no fraccionados usados en las incubaciones de macrófagos, se incubaron aquí con la misma concentración (660 ng).

Estas incubaciones se llevaron a cabo por triplicado y siguieron el mismo procedimiento que en el primer ensayo.

PCR en tiempo real de los genes de salmón del Atlántico

El ARN total se aisló a partir de células SHK-1 almacenadas en RNeasy[®] con el kit RNA II de Nucleospin[®] (Clontech) y la concentración se midió con un espectrofotómetro. Las muestras de ARN se sometieron a PCR para verificar la ausencia de contaminación con ADN. Las secuencias de los cebadores de la PCR en tiempo real fueron diseñadas, sometidas a ensayo y los productos se secuenciaron como se ha descrito previamente en Fast *et al.*, *supra* (2004; 2005). La PCR cuantitativa en tiempo real se realizó utilizando un sistema de detección en tiempo real de iCycler iQ[®] y kits de SYBR green (Bio-Rad), también como se ha descrito previamente en Fast *et al.*, *supra* (2004; 2005). Para asegurar que no había contaminación con ADN genómico añadido al ADNc cuantificado, se ejecutaron en la PCR controles no RT para cada aislamiento de ARN y se observaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 2,5%.

El perfil de la PCR era del modo siguiente: una etapa inicial de 3 min de desnaturalización a 95°C, seguida por 40 ciclos de desnaturalización (30 s a 95°C), reasociación (30 s a 58°C) y extensión (30 s a 72°C), y terminando con una etapa de extensión final a 72°C durante 5 min. La sensibilidad de las reacciones y la amplificación de los productos contaminantes, tales como dímeros de cebadores, detectados de forma indiscriminada por SYBR green (es decir, SYBR green se une a todos los ADNs de doble cadena), se evaluaron mediante la amplificación de diluciones de 10 veces de los clones (10^{-2} a 10^{-8} ng) y muestras duplicadas, así como mediante la realización de un blanco sin ADNc con cada ejecución. La relación entre el ciclo umbral (Ct) y el log (ARN) era lineal (-3,5<pendiente<-3,2) para todas las reacciones. Los números de copias se estimaron basándose en el peso molecular de los clones y la DO 260.

Actividad inmunomoduladora de las proteínas SEPs

Los SEPs se fraccionaron en base al tamaño y se recogieron las fracciones. En el primer ensayo (Fig. 21), las fracciones agrupada (PF1, PF2, PF3) se incubaron con células SHK-1 (una línea celular similar a macrófagos de salmón) en combinación con lipopolisacárido (LPS) y la expresión del gen de interleucina-1β se controló con el fin de determinar el efecto inmunomodulador de las proteínas SEPs fraccionadas sobre la expresión génica inmune. Se redujo la expresión del gen de interleucina-1β en las tres fracciones agrupadas, en comparación con las células estimuladas solo con LPS (Fig. 21). Cuando se sometieron a ensayo fracciones individuales que contenían proteínas, la expresión génica de la interleucina-1β se redujo a través de la fracción 2. El análisis LC-MS mostró que la fracción 2 de la agrupación 1 contenía la proteína 1 SEP, la proteína 2 SEP y tripsina. Una evidencia de la actividad inmunomoduladora de SEP, que contiene todas las proteínas descritas, se presenta en la Fig. 22, en donde hay una disminución significativa de la expresión inducida por LPS de la interleucina-1β en presencia de los SEPs totales.

LISTA DE SECUENCIAS

<110> National Research Council of Canada

<120> Vacunas recombinantes contra copépodos caligidos (piojos de mar) y secuencias de antígeno de las mismas

<130> PAT 2116WEP-81

<140> 05770065.0

<141> 28-07-2005

<150> US 60/591,626

<151> 28-07- 2004

<160> 34

<170> PatentIn versión 3.0

<210> 1

<211> 594

<212> DNA

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 1

gcaatacaaaa	attatccatg	gatgtactac	cacaattgac	catgtatata	ctcttgacaa	60
tgtcacatat	ccttacacac	ctacctcatg	ctggacgttg	gcttctggac	actgttcccc	120
acatccaact	tatgcagttt	ttgtcaaaaa	gtctgcagga	tctcathtag	atgctaaaat	180
ttatttgggc	ggtcacagca	tcgaattcca	aacaagtggc	ccaaagaaga	ttaatgttct	240
catcaacggg	gaagctattg	atgtaggaga	ggaggaacat	gttcatgaac	aagacggaca	300
agaaaatttc	aaggtcttaa	aatggggatc	aagttacagt	gtttactcct	tcttgaaaat	360
ctgggtagtc	tatgatggcc	atgcagtcag	cttaatccct	gctccatctg	ttacgggtca	420
acattgcggt	ttgtgtggaa	acttcaacag	aaaccaatat	gatgaatttg	aaagcaagga	480
tgctcatcaa	ttgaagacat	ccgacgagct	tgttgaagat	tataaatgga	agtgttgaga	540
atattattct	ttcatcgatt	gatggagata	ttttttacaa	tgattctatt	atat	594

<210> 2

<211> 178

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

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

ES 2 548 677 T3

	115		120		125	
Val	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Pro
	130		135		140	
Cys	Gly	Asn	Phe	Asn	Arg	Asn
145			150		155	
Ala	His	Gln	Leu	Lys	Thr	Ser
			165		170	
Lys	Cys					

5 <210> 3
 <211> 508
 <212> DNA
 <213> Lepeophtheirus salmonis

10 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (503)
 <223> n = cualquier nucleótido

15 <400> 3
 gtccgggttcg gcaaattctaa aatgtaccac aagaaggcaa tctataaatt cttgaagaag 60
 acaactccca aaaagggttga ggccagtaag cccgccttcg ttgagaagaa ggtcggagggt 120
 gccaaagaatg ggggtactcg tatgggttcgc gtcaagaagt tgaagaacga cttccccacc 180
 atggaaagac gtgctcatag aatcgccaag aagcctgaaa agctctctcg cagggtccgt 240
 cctaccctca cccctggaac tattgcagtt attcttgag gtatccacaa aggaaagaga 300
 atcgtcattc tcaaggagct ctccagtggga atgcttctga tttctggccc cttcaagctt 360
 aataactgcc caattagaag gattaatcaa cgctatttgt tggccacatc aaccaagctc 420
 gatgtttcat ccattaaaat gcccgagaac attaatgatg attacttccg tcgtttaaga 480
 gccgccaaga agccagctgg tantgtat 508

20 <210> 4
 <211> 169
 <212> PRT
 <213> Lepeophtheirus salmonis

25 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (168)
 <223> Xaa = cualquier amino ácido

30 <400> 4

ES 2 548 677 T3

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

5

<210> 5
 <211> 433
 <212> DNA
 <213> Lepeophtheirus salmonis

10

<400> 5	
aagccctctt tgatcttcag aaggacctcg atggagatgt ggatgttgaa ctcaagttgg	60
tcaagaaagg aattgtctcc attcccatcc cctgcattga aagcccttca ggccctgcatt	120
tgggctcttg ttcctacaaa ctggaggaga ttgtcagcaa atatgcgtat ttcttgtgtc	180
cagactatth tccagagggc caaagctggt ctttcccttt gaaggcagga caatatggag	240
gtgagatctc tggatttggt ctacctgaca tcccaccttc catttccaac ctgcgcaagg	300
gaaccattca tggaaactctc tctgtgacca gaaacgggga agaagttttc tgtatcaatg	360
gagatttgaa aatgacaaaat taatccttgt ttctgtatcc atatttgaag tcaataaaat	420
acttcattaa tct	433

15

<210> 6
 <211> 126
 <212> PRT
 <213> Lepeophtheirus salmonis

20

<400> 6

ES 2 548 677 T3

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

<210> 7
 <211> 605
 <212> DNA
 <213> Lepeophtheirus salmonis

<220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (573)
 <223> n = cualquier nucleótido

<400> 7
 agaaattgaa atctcactaa gatttaatac ttctcccaat ggtgagcggt tatatttcag 60

aggtagaaaa tgggctctta ctggtatcgt caaagccaaa ggagaaccac aagatagggt 120
 atacaaaatt attttgggac atgaattcac tcctggatac attgagaatc gtctcaagtt 180
 tagaatgcaa agagttgcag tccctgggct tttgtctgat tattctatct gctttaatat 240
 ggaaaacaag taccagact ttggagaaga gtttatgact tatgacaaga gcaactcaatt 300
 aaaaatgtct ggaaatgcaa gacttcaata tgggtgctgct gcagactgtg actctactcc 360
 tggagaaatg aaattaagct tcgaacatga aacaactgaa gaagcaagag aggctatgaa 420
 acacacgtgg tactatgaaa agtgtatgga acagaagcaa catccagaat gggcaagcag 480
 aggtgacaga cttccattca cagaagcctg ccacatgaca acatgggatg caactactgc 540
 tccgtaata cacatggaag atgaactttg ttnagatgac tgatcgcatt gaatgctatt 600
 gtttc 605

<210> 8
 <211> 181
 <212> PRT
 <213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 8

ES 2 548 677 T3

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

<210> 9

5 <211> 689

<212> DNA

<213> Lepeophtheirus salmonis

10 <400> 9

tacatgtctt	gaacctgtct	gtccatctaa	tttgtgtaaa	aatggtggaa	aatgtaaagt	60
ttatcgtgga	gtatgttatt	gcgattgtaa	aggtactggg	tttgaagggt	caaaatgtca	120
tcaaccaact	tgacaccta	caacatgtcc	taaaaatgct	gtttgtgaac	tggttggtc	180
taataaaaaa	acacgtcgta	catgtaaaaa	aggatttgct	ggtgcaaatt	gtgctgataa	240
tgcttgctcc	cagtttccat	gtgaaaatgg	atctgaatgt	gttgtaaaat	atggatctca	300
accacaatgt	gattgtaagc	ctggattttt	tggcaatttc	tgccaatcac	atttttgtga	360
acatttcaaa	tattcagctg	taggtggtaa	atgtgaaatt	atggaagacg	aaaaaaactt	420
gggagtctat	aaacctgttt	gtaaatgttt	agaaggatat	gaaggtaaaa	tttgcagcga	480
aatttcttgc	tctgaatcat	tctgtcatta	tcgaggaaaa	tgttccgtta	gtaaagatat	540
aagaagctgc	aaatgtgaca	gaggaattca	aggcgagcgc	tgtgaacatc	ctaaaccttg	600
tgaaagttgc	gacaaagcag	attgtgttag	agaaaaacct	ggcagtggca	attttgtttg	660
tgcaaaaaaa	tagacataat	ataattaag				689

15 <210> 10

<211> 223

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

20

<400> 10

ES 2 548 677 T3

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

<210> 11
 5 <211> 585
 <212> DNA
 <213> Lepeophtheirus salmonis

10 <400> 11
 cccatccaaa gtagcctcaa aaacaaagtc atataccgcg cctctttact ccaaaaagaa 60
 cttcttacgc aagaaaccct ctgtatatta caaagttaag aaaaatcccg tcaagttaag 120
 aaaagttaag aaaattctga gacctgtgag ttactcaact cctcagactc atccgagcag 180
 caccgactgtt tcaaccacaa gagactatcc aagtaaactct cttgaaagtt taacgcaaac 240
 taagagtcca gaaatagtat cggcctttac tccggtctca gtctcaaaaa agtctattaa 300
 atcattgaat gctcgaaaat ccatttatgc aagtccatct accccatctt ttagatatctc 360
 accaacaaca ccttcttcat atcaaagtc taagccattt gagcccaaac ctattcatag 420
 attcagatct aagccaggct acaagtctac cagatccaaa cctacttatg tttcgtcaac 480
 gaccaccac ccagcgtatg tatcatctac tattagtcca gcctatgcat catctagtgt 540
 tagtccagcc tatgcatcat ctagtgtag cccagcctat gcatac 585

15 <210> 12
 <211> 194
 <212> PRT
 <213> Lepeophtheirus salmonis

20 <400> 12

ES 2 548 677 T3

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

5 <210> 13
 <211> 507
 <212> DNA
 <213> Lepeophtheirus salmonis

10 <400> 13
 agcgtggtcg cggccgaggt acgcggggaa tcagtacaaa gtttacaggc aacaatgatac 60
 atgtacacct cagtattcct tctttccatc gtcttttcat gtgccttttg agcaccacca 120
 tatcaagcct ctcagcctgc ttatgctcca gttgaagagc cttacgctta tcaatacgcc 180
 gttcaagatc cccaatcagg aaatgacttt tctgccgaag aatcctctga tggacaagtc 240
 atctctggat cctatcaagt ggctctcccc gatggctgta ttcaaactgt gacctacact 300
 gtgagtggag atagtggata cgttgctgat gttcagtatg aaggaactcc atcctatccc 360
 gaagctcctc agcaaccagc atatgtttaa aaagtttggc attgatgaat attcattaat 420
 tgatttatat ttatgttaaa tatattattc atagttgaaa ttgatattgt ttactctcaa 480
 agaaatacaa atttatattt atattttt 507

15 <210> 14
 <211> 129
 <212> PRT
 <213> Lepeophtheirus salmonis

20 <400> 14
 Ser Val Val Ala Ala Glu Val Arg Gly Glu Ser Val Gln Ser Leu Gln
 1 5 10 15
 Ala Thr Met Ile Met Tyr Thr Ser Val Phe Leu Leu Ser Ile Val Phe
 20 25 30

ES 2 548 677 T3

Ser Cys Ala Phe Gly Ala Pro Gln Tyr Gln Ala Ser Gln Pro Ala Tyr
35 40 45
Ala Pro Val Glu Glu Pro Tyr Ala Tyr Gln Tyr Ala Val Gln Asp Pro
50 55 60
Gln Ser Gly Asn Asp Phe Ser Ala Glu Glu Ser Ser Asp Gly Gln Val
65 70 75 80
Ile Ser Gly Ser Tyr Gln Val Ala Leu Pro Asp Gly Arg Ile Gln Thr
85 90 95
Val Thr Tyr Thr Val Ser Gly Asp Ser Gly Tyr Val Ala Asp Val Gln
100 105 110
Tyr Glu Gly Thr Pro Ser Tyr Pro Glu Ala Pro Gln Gln Pro Arg Tyr
115 120 125
Val

<210> 15

<211> 4203

<212> DNA

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 15

tattccaacg	taacatgac	agaggatggg	ctcaaagact	ccaattgaac	atggataaaa	60
tcaacaatca	tggacatgga	ttccattctg	aagagcaatc	catctttgga	gattgtgata	120
ctcttttacac	tgtagtgat	cataaaattg	tgaaatctgt	aagtcatact	aaagattgca	180
aaaacagagt	acgtgtcctc	attgatgatt	ggagggcgga	acgctgtgac	attgaccag	240
agcatccaga	aagcagagaa	aatccaaatg	gtctttactc	tgcttccaac	accatttatg	300
tcgtggacaa	gaaggagat	catttccacc	ctaaggccat	cattggatca	tcctcagttg	360
ttgcacaatt	ctatcaaatg	gaaggagtct	cctttattgc	tcactctaata	tcaacatcta	420
ttttgaaatc	tggtgaagat	atctcagaac	ctatggttgt	tggtggaatc	ccagtcaagg	480
atctcaata	cgaatttgaa	gataaagaat	atcaatggaa	ttctgacaga	gacctcaagg	540
ctcgtgaaga	acatttatcc	actggtgaat	tttttgagag	tgacatgtcc	actttgtcaa	600
aatatgttaa	ggaaaagctc	aacaagttcc	atgacatcat	gcaacatctt	tcaaatgaca	660
aagatgccat	tgacagaagct	catgataatg	gagtaaagag	tatggtagcc	ggtaggttg	720
ctatggacta	caatacattg	aaggctatgt	ctgaagaact	tcactcagac	aaatctgatg	780
aagggtgtatt	caaatacaat	cttttcaatg	aacttttgagg	aagtttagga	accagcgctt	840
ctgcactcct	ggccgtgac	atgatcatgg	aagacaaatt	tgaaaacttc	agggatgctg	900
tcctgtctct	tactgcoatt	cctttccata	ttcgtcaccc	taacaagcaa	cttttgagtg	960
aattcgaagc	tttgtaacaac	tacgatggag	atcaactcct	caaagatgcc	gtcccaattg	1020
ttcttgga	cttagcacga	gttacctgag	aaagagccgg	agtaatgcac	tcctctgctt	1080
ctaaagaatg	tttccactct	gttgctgatg	gatacgccga	taaaacaatt	gaaaaaatta	1140
tgggtgcatc	tgaccacaaa	gagcaaatga	agcttcttg	aatgttggtc	aatcttcgct	1200
atggaacgt	tgctgaaaaa	ttaaagcctc	ttatttatgg	agaaactgag	atcaaatgtg	1260
gacatctccg	tactcttgct	gttcaagctg	ctgcttttgg	agcaatcaac	aacggaaagg	1320
gagctgaata	tttattgccc	atttttgctg	acagtgaaaa	ctctcatgaa	cttagattga	1380
cagctctctc	atacttgatg	gatgctcatc	ccaccgcaac	tcactttaac	accatcgttg	1440
ctgtacttta	cagagaaaaa	gattatgaag	ttatcaacta	tgcttttaca	ctcttgata	1500
aatatgcaac	caatattaac	ccctgcaaaa	aatcggtctc	tgtattggcc	aaatacttct	1560
tgaaatatct	taagcaatac	agtcattttg	aaactgacta	tggattggga	gtgtccaaaa	1620
cttatagtcg	tcaattccaa	caatctaaat	acgggtatgg	aggtgaatac	agctactggg	1680
tcattggatc	tcatagttct	acccttcctc	tgagtgttgc	aatgtgtatg	gacacaacct	1740
tgtttgagg	atataccgct	aatggaatgt	gtgtgcaatt	aagaattgaa	ggattgtcca	1800
aggctctcat	ccgtaaatc	aagacgatga	gccagatat	ctggaaatct	gaagatctca	1860
aaagtatctt	aatgggagat	atgaacatta	aggaaagacc	tgatcaacca	atcaacgttg	1920
aggttctcct	tttctgcaag	aactcagttg	ttgcattcag	acaatataac	gaagattcaa	1980
ttaaggaagg	tgggaacttg	aaagaaatct	tcgatcgatt	gaaaggactt	ggagacacct	2040
actccattaa	tcaccaaa	gcaatgagat	ttggaagcct	cttgtacca	caacccttgg	2100
aagtcggtgc	tccagtctct	tacttaaaact	cattcacccg	cgtttttgat	gttcaagcta	2160
caattaagaa	gggaaatgcc	agaggtctta	tgttcagaga	tgtaaatat	aacatgaact	2220

tttttggaca	tggatctcgt	atgatgatgg	ttcaaaaccc	acaatcaaag	atgttttatt	2280
ccattttctca	aaaccgcatt	tatggctccc	atttcccaag	agaatttgtc	attggagtta	2340
atccattgaa	gaaagagttt	aaattatcta	ttcaacggcc	ttcttatgag	aatccactcg	2400
tacttatgat	gcactcttta	acaaaagttt	acactggatc	tcaaaatgtt	aatgaaaagc	2460
aggatatattc	agccaactgt	cctgagtgca	agtctgatac	tcctgtatcg	tatgggtccag	2520
atgctgctaa	aaccagagtc	tttttaaacc	atgattgcga	taagactggc	tcttatattc	2580
acggggaata	ctttgactgt	gaaatggaat	ccaatagggg	aaaggtctta	taccatttgt	2640
ggagagccat	gttaccttat	aacaaaaacc	ctaagacctt	tggaaatggg	attcgcatgg	2700
gtattcgtca	aatcagagct	tattttgttt	tcttcccaag	agctgaaaaa	tgtggagcaa	2760
tgcttcgctg	gtcacaatca	aaggaaaatc	cagttaaaga	gcttgaaatt	tctatgagat	2820
tcaatgctaa	tcccaatggc	gagcgtcttt	tcttttagagg	acgtaaatgg	gtagtcacaa	2880
ctattatcaa	agccaaaggt	gaaccacaag	ataggggtata	caaaattatt	ttgggacatg	2940
aattcactcc	tggatacatt	gagaatcgtc	tcaagtttag	aatgcaaaga	gctgcagttc	3000
ctggaattat	gtctgattat	tctatttgct	tcaatatgga	aaacaagtac	ccagactttg	3060
gagaagagtt	tatgacttat	gacaagagca	ctcaattaaa	aatgactgga	aaggcaaaac	3120
ttcaatatgg	tgctgctgca	gactgtgact	ctactcctgg	agaaatgaaa	ttaagcttca	3180
aacatgaaac	aactgaagaa	gcaagagagg	ctatgaaaca	cacttggtac	tatgaaaagt	3240
gtatggaaca	gaagaaacag	ccagaatggg	caaacagagg	tgataaaactt	ccattcacac	3300
aagcttgcca	catgacaaca	tgggatgcaa	ctactgcacg	taaatactca	tggaagatga	3360
actttgttaa	gatgactgat	cgcatgaatg	ctattgtttc	tcaattccaa	agtatcatga	3420
aaactggctc	tttaccttac	tgggacattg	atccagaaat	tatcccagct	acaagtgtcg	3480
atccccacat	gaatatcaaa	gctaccctta	aaaaccacga	caagaatgtt	gatatgtaca	3540
tggaaaccag	tcaggggagg	caacgtttca	acgatattcc	tcttagttta	aattggcgcc	3600
caatgtttgag	aaaccttaag	tttaccatcca	ccactagaag	tctcatgcaa	tacaaaatta	3660
tccatggatg	tactaccaca	attgacctg	tatatactct	tgacaatgtc	acatatcctt	3720
acacacctac	ctcatgctgg	acgttggctt	ctggacactg	ttccccacat	ccaacttatg	3780
cagtttttgt	caaaaagtct	gcaggatctc	atthagatgc	taaaatttat	ttgggcggtc	3840
acagcatcga	attccaaaca	agtggcccaa	agaagattaa	tgttctcatc	aacggtgaag	3900
ctattgatgt	aggagaggag	gaacatgttc	atgaacaaga	cggacaagaa	attttcaagg	3960
tcttaaaatg	gggatcaagt	tacagtgttt	actccttctt	gaaaatctgg	gtagtctatg	4020
atggccatgc	agtcagctta	atccctgttc	catctgttac	gggtcaacat	tgcggtttgt	4080
gtggaaactt	caacagaaac	caatatgatg	aatttgaaag	caaggatgct	catcaattga	4140
agacatccga	cgagcttggt	gaagattata	aatggaagtg	ttgagaattt	atttctttca	4200
tcg						4203

<210> 16

<211> 821

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 16

cttcttaaat	cctgaaaagg	tagtagtaga	acttccacgg	aaatggcgaa	gaacaagaac	60
gtcggtaagc	cgaggaacta	caagtttagc	tccggagtcg	tccggttcgg	caaatctaaa	120
atgtaccaca	agaaggcaat	ctataaattc	ttgaagaaga	caactcccaa	aaaggttgag	180
gccagtaagc	ccgccttcgt	tgagaagaag	gtcggagggtg	ccaagaatgg	gggtactcgt	240
atgggttcg	tcaagaagtt	gaagaacgac	ttccccacca	tggaaagacg	tgctcataga	300
atcgccaaga	agcctgaaaa	gtctctctcg	aggggtccg	ctaccctcac	ccctggaact	360
attgcagtta	ttcttgacag	tatccacaaa	ggaaagagaa	tcgtcattct	caaggagctc	420
tccagtggaa	tgttcttgat	ttctggcccc	ttcaagctta	ataactgcc	aattagaagg	480
attaatcaac	gctatttggt	ggccacatca	accaagctcg	atgtttcatc	cattaaaatg	540
cccagagaaca	ttaatgatga	ttacttccgt	cgtttaagag	ccgccaagaa	gccagctggg	600
agtgtattcg	aaggtaaaaa	ggaagaatac	aaaccttctg	aacaacgtaa	gaaggacca	660
gtcgaagttg	ataagcagct	cctcaatgtc	atcatgaagc	acccgaagc	ctctcttttg	720
aaacaatact	tgaagaagtc	cttcggtctt	agcaaggagc	aatatcctca	taatatgaaa	780
ttttaattgt	cgtcttggtta	aataaaacta	aaattcctcg	c		821

<210> 17

<211> 591

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 17

tcaatttgat	tgatccagga	agagaaacat	gaagatcatt	gccatctttg	cacttttggt	60
cattgccgtg	tctggagagg	atctggagtg	ggagtcctgc	aatcccgata	acttgggaga	120
aggagacatt	gccctctctc	cttatccctt	tccagtagtt	agtggaaacca	gtctggattt	180
gaaagccctc	tttgccttcc	acaaggacct	cgatggagat	gtggatgttg	aactcaagtt	240
ggtcaagaaa	ggaattgtct	ccattcccat	cccctgcatt	gaaagccctt	caggcctgca	300
tttgggctct	tgcttctaca	aactggagga	gattgtcagc	aaatatgcgt	atttcttgtg	360
tccagactat	tttccagagg	gccaaagctg	ttctttccct	ttgaaggcag	gacaatatgg	420
aggtgagatc	tctggtattg	ttctacctga	catcccacct	tccatttcca	acctcgccaa	480
gggaaccatt	catggaactc	tctctgtgac	cagaaacggg	gaagaagttt	tctgtatcaa	540
tggagatttg	aaaatgacaa	attaatcctt	gtttctgtat	ccatatttga	a	591

<210> 18

<211> 3718

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 18

ccattcaaga	tgagagtcac	agccctcctt	tgccttatttg	ttgccgctgt	cagcgggaagc	60
atatttgaag	atggaaagca	atatgtatct	gattcagaga	catctgttgt	tgttgggtacg	120
atggaccatg	ctccacactc	atctggattt	gcttacaagc	accatactac	catgcaagtt	180
caaggagata	acatcaaagt	gaagctttct	cagcttgaat	tctcacaatt	caatggaaaa	240
catgagaatg	gagagtctcc	atttgaccac	actaaccttg	ttgcaacaaa	cagagacatt	300
cctgcatttg	aagttcagtt	ggactcccat	ggattgtttt	catccctcaa	agttggtcct	360
aaactgacac	tattccaacg	taacatgac	agaggatggg	ctcaaagact	ccaattgaac	420
atggataaaa	tcaacaatca	tggacatgga	ttccattctg	aagagcaatc	catctttgga	480
gattgtgata	ctctttacac	tgttagtgat	cataaaattg	tgaaatctgt	aagtcatact	540
aaagattgca	aaaacagagt	acgtgtcctc	attgatgatt	ggaggggcca	acgtgtgac	600
attgaccag	agcatccaga	aagcagagaa	aatccaaatg	gtctttactc	tgcttccaac	660
accattttatg	tctgtggaca	gaaggagat	catttccacc	ctaaggccat	cattggatca	720
tccctcagttg	ttgcacaatt	ctatcaaattg	gaaggagtct	cctttattgc	tcactctaatt	780
tcaacatcta	ttttgaaatc	tgttgaagat	atctcagaac	ctatggttgt	tgttggaaatc	840
ccagtcaagg	atctcaaata	cgaatttgaa	gataaagaat	atcaatggaa	ttctgacaga	900
gacctcaagg	ctcgtgaaga	acattttatc	actggtgaat	tttttgagag	tgacatgtcc	960
actttgtcaa	aatatgttaa	ggaaaagctc	aacaagttcc	atgacatcat	gcaacatctt	1020
tcaaattgaca	aagatgccat	tgcagaagct	catgataatg	gagtaaacag	tatggtacc	1080
ggtatgttgg	ctatggacta	caatacatgt	aaggctatgt	ctgaagaact	tcactcagac	1140
aaatctgagt	aaggtgtatt	caaatacaat	cttttcaatg	aacttttggg	aagtttagga	1200
accagcgctt	ctgcactcct	ggtccgtgac	atgatcatgg	aagacaaatt	tgaaaacttc	1260
agggatgctg	tccgtgctct	tactgccatt	cctttccata	ttcgtcacc	tagcaagcaa	1320
cttttgagtg	aattcgaagc	tttgtacaac	tacgatggag	atcaactcct	caaagatgcc	1380
gtcccaattg	ttcttggaca	cttagcacga	gttacctgcg	aaagagccgg	agtaatgcac	1440
tcccctgctt	ctaaagaatg	tttccactct	gttgtcgatg	gatacgccga	taaaacaatt	1500
gaaaaaatta	tgggtgcac	tgaccacaaa	gagcaaatta	agcttcttgg	aatgttggtc	1560
aatcttcgct	atggaaacgt	tgctgaaaaa	ttaaagcctc	ttatttatgg	agaaactgag	1620
atcaaattgtg	gacatctccg	tactcttgct	gttcaagctg	ctgcttttgg	agcaatcaac	1680
aacggaaaagg	gagctgaata	tttattgccc	atttttgctg	acagtgaata	ctctcatgaa	1740
cttagattga	cagctctctc	atacttgatg	gatgctcatc	ccaccgcaac	tcactttaac	1800
accatcgttg	ctgtacttta	cagagaaaaa	gattatgaag	ttatcaacta	tgcttttaca	1860
ctcttggata	aatatgcaac	caatattaac	ccctgcaaga	aatcggtctc	tgtattggcc	1920
aaatacttct	tgaatatct	taagcaatac	agtcattttg	aaactgacta	tggattggga	1980
gtgtccaaaa	cttatagtcg	tcaattccaa	caatctaaat	acgggtatgg	aggtgaatac	2040
agctactggg	tcattggatc	tcatagttct	acccttctct	tgagtgttgc	aatgtgtatg	2100
gacacaacct	tgtttggagg	atataccgct	aatggaatgt	gtgtgcaatt	aagaattgaa	2160
ggattgtcca	aggctctcat	ccgtaaatcc	aagacgatga	gccagatat	ctggaaatct	2220

ES 2 548 677 T3

gaagatctca	aaagtatctt	aatgggagat	atgaacatta	aggaaagacc	tgatcaacca	2280
atcaacgttg	aggttctcct	tttcgtcaag	aactcagttg	ttgcattcag	acaatataac	2340
gaagattcaa	ttaaggaagg	tgggaacttg	aaagaaatth	tcgatcaatt	gaaaggactt	2400
ggaggcacct	actccattaa	tcaccaaaga	gcaatgagat	ttggaagcct	cttgtacca	2460
caacccttgg	aagtcggtgc	tccagtctct	tacttaaaact	cattcaccgg	cgtttttgat	2520
gttcaagcta	caattaagaa	gggaaatgcc	agaggtctta	tgttcagaga	tgtcaaatat	2580
aacatgaact	tttttggaca	tggatctcgt	atgatgatgg	ttcaaaaccc	acaatcaaag	2640
atgttttatt	ccatttctca	aaaccgcatt	tatggctccc	atttcccaag	agaatttgtc	2700
attggagtta	atccattgaa	gaaagagttt	aaattatcta	ttcaacggcc	ttcttatgag	2760
aatccactcg	tacttatgat	gcaactctta	acaaaagttt	acactggatc	tcaaatggtt	2820
aatgaaaagc	aggatatttc	agccaactgt	cctgagtgc	agtctgatac	tcctgtatcg	2880
tatgggtccag	atgctgctaa	aaccagagtc	tttttaaaacc	atgattgcga	taagactggc	2940
tcttatattc	acggggaata	ctttgactgt	gaaatggaat	ccaatagggg	aaaggtctta	3000
taccatttgt	ggagagccat	gttaccttat	aacaaaaacc	ctaagacctt	tggaaatggg	3060
attcgcattg	gtattcgtca	aatcagagct	tattttgttt	tcttcccaag	agctgaaaaa	3120
tgtggagcaa	tgcttcgctg	gtcacaatca	aaggaaaatc	cagttaaaga	gcttgaaatt	3180
tctatgagat	tcaatgctaa	tcccaatggc	gagcgtcttt	tcttttagagg	acgtaaattg	3240

gtagtcacaa	ctattatcaa	agccaaagga	gaaccacaag	ataggggtata	caaaattatt	3300
ttgggacatg	aattcactcc	tggatacatt	gagaatcgtc	tcaagtttag	aatgcaaaga	3360
gctgcagttc	ctggaattat	gtctgattat	tctatttgct	tcaatatgga	aaacaagtac	3420
ccagactttg	gagaagagtt	tatgacttat	gacaagagca	ctcaattaaa	aatgactgga	3480
aaggcaaaac	ttcaatatgg	tgctgctgca	gactgtgact	ctactcctgg	agaaatgaaa	3540
tttaagcttca	aacatgaaac	aactgaagaa	gcaagagagg	ctatgaaaca	cacttggtac	3600
tatgaaaagt	gtatggaaca	gaagaaacag	ccagaatggg	caaacagagg	tgataaactt	3660
ccattcacac	aagcttgcca	catgacaaca	tgggatgcaa	ctactgctcc	gtaaatac	3718

<210> 19

<211> 2428

5 <212> DNA

<213> Lepeophtheirus salmonis

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (2077)

10 <223> n = nucleótido desconocido

<400> 19

cóaatcttag	ctagtcacta	tgaactagtc	aaaataatth	atatactggt	tttatattga	60
tttttattta	tatattatta	catccttgag	gacttttgaa	caaagtggtt	cgtagtaaac	120
ttttgagtca	ttattacata	gttgtcatac	ctatttcaag	gataataagg	acgatcatca	180
tgaaaacatc	tattattttc	tactgtatg	ttctgcttc	tatactgcac	cttgcgtgaa	240
gtgaagataa	aactattata	gctgaagacc	tgacagctgt	agagtcacgc	tataaagtac	300
atgcaaaacc	ctcaccttat	gttcctccac	aaccagcacc	agattttgat	tactttgcac	360
ccactgtatc	tccttctttc	tccccaatcg	catctccctc	tccttcttcc	cctgttacat	420
cctactttac	accacaaccc	attcctccag	tgactccctc	gaccacaacg	accactgtta	480
caacaacaac	ccctgccaca	tctacttaca	gaaagttatt	ctttccaacg	tctttcaaac	540
catcttttct	ttcttctcga	aaaaagttaa	ccacaactac	aacaacgccc	gctacaacat	600
cctcaacaac	aacaacaata	accttcaccc	caactacttc	acccctcca	tctgctaattg	660
aagttcgaac	aacattaaac	ccatccaaag	tagcctcaaa	aacaaagtca	tatacccgcc	720
ctctttactc	caaaaagaac	ttcttacgca	agaaaccctc	tgtatattac	aaagttaaga	780
aaaatcccgt	caagttaaga	aaagttaaga	aaattctgag	acctgtgagt	tactcaactc	840
ctcagactca	tccgagcagc	acgactgttt	caaccacaag	agactatcca	agtaaattctc	900
ttgaaagttt	aacgcaaact	aagagtccag	aatagttatc	ggcctttact	ccggtctcag	960
tctcaaaaaa	gtctattaaa	tattgaatg	ctcgaaaatc	catttatgca	agtccatcta	1020
ccccactttt	tagatattca	ccaacaacac	cttcttcata	tcaaagtctt	aagccatttg	1080
agcccaaac	tattcataga	ttcagatcta	agccaggcta	caagtctacc	agatccaaac	1140
ctactttatg	ttcgtcaacg	accacccacc	cagcgtatgt	atcatctact	attagtcacg	1200
cctatgcac	atctagtgtt	agtccagcct	atgcatcatc	tagtgttagc	ccagccctatg	1260

```

catccacaac agttaaacct gtctttggtt ctacgacagc aaatgaaata tactatacgc 1320
ccgaacccaaa aagggtacga agtcttccac ttacacgaga acaagcacat ctctattcat 1380
ctatttcctta tgattcaaca actacatcaa ggcagcctcc agctcctggt tcctacagta 1440
cacctaagcc ccaactcgaaa caacatagcc aatatcgga attgccattg actagagagc 1500
aaagtgaaaa cattgagttt agtactcccg taaaggctaa tacgaagcct tacaataata 1560
atatacaatt taatcctgta agacggattc cttctcatta tagaaatcat caagcgttga 1620
atgaaatacg tcggggaggaa aagtatcctg cacaacccta ttccttcagc tatgatatca 1680
aagatgagac aagtggaaacg gattttttcc gctctgaaga aagctcaggc cctgtgacga 1740
agggaagtta taaggtggct cttcctgatg gtcgtattca aattggtgaa tatattgcag 1800
atgaaaatgg ctataaggcc acagtctcct atgagggaga agctgttttc ccaaaccag 1860
atgattttga agaagaacca actcggagaa cttttagaca ctcaagaaaa gtcgatattg 1920
actctgtacc caataacaac tactcatttt tgcggaatag agtccgtggt gcagggacta 1980
cagaaaaagc tcctttctcct caagacacaa ccattcgtcc agtcagtctt ccattaagac 2040
atcgattatc tcgtgccgaa gtctcaaaat cacttcntac gagtccgttt ccttatgctg 2100
tgagtagtac gtcaccagct ccattacctt ctagtcaagg cccacaacgt tttcgtgttc 2160
atcattcttc accaaatggt gagggacgag tattacatca ctcaacacct ccagtcagct 2220
attcccaact cccccaatc gcgacaactc aaaaacccag attccttcat aacgccaat 2280
acgaagaagc attacgagac tatggaatta aggttgatta ttaatacctt tacttttttg 2340
tgatccattt aatatgggtt ataaatatat ttattagtac tcattgttta tttattgtaa 2400
aagccgttta gttgttcaga tgaaagtg 2428

```

<210> 20

<211> 1393

5 <212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 20

```

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

```

ES 2 548 677 T3

Lys	Ser	Asp	Glu	Gly	Val	Phe	Lys	Tyr	Asn	Leu	Phe	Asn	Glu	Leu	Leu	
			260					265					270			
Gly	Ser	Leu	Gly	Thr	Ser	Ala	Ser	Ala	Leu	Leu	Val	Arg	Asp	Met	Ile	
		275					280					285				
Met	Glu	Asp	Lys	Phe	Glu	Asn	Phe	Arg	Asp	Ala	Val	Arg	Ala	Leu	Thr	
	290					295					300					
Ala	Ile	Pro	Phe	His	Ile	Arg	His	Pro	Ser	Lys	Gln	Leu	Leu	Ser	Glu	
305					310					315					320	
Phe	Glu	Ala	Leu	Tyr	Asn	Tyr	Asp	Gly	Asp	Gln	Leu	Leu	Lys	Asp	Ala	
			325					330						335		
Val	Pro	Ile	Val	Leu	Gly	His	Leu	Ala	Arg	Val	Thr	Cys	Glu	Arg	Ala	
		340						345					350			
Gly	Val	Met	His	Ser	Pro	Ala	Ser	Lys	Glu	Cys	Phe	His	Ser	Val	Val	
	355						360					365				
Asp	Gly	Tyr	Ala	Asp	Lys	Thr	Ile	Glu	Lys	Ile	Met	Gly	Ala	Ser	Asp	
	370					375					380					
His	Lys	Glu	Gln	Ile	Lys	Leu	Leu	Gly	Met	Leu	Phe	Asn	Leu	Arg	Tyr	
385					390					395					400	
Gly	Asn	Val	Ala	Glu	Lys	Leu	Lys	Pro	Leu	Ile	Tyr	Gly	Glu	Thr	Glu	
		405						410						415		
Ile	Lys	Cys	Gly	His	Leu	Arg	Thr	Leu	Ala	Val	Gln	Ala	Ala	Ala	Phe	
		420						425					430			
Gly	Thr	Ile	Asn	Asn	Gly	Lys	Gly	Ala	Glu	Tyr	Leu	Leu	Pro	Ile	Phe	
	435						440					445				
Ala	Asp	Ser	Glu	Asn	Ser	His	Glu	Leu	Arg	Leu	Thr	Ala	Leu	Ser	Tyr	
	450					455					460					
Leu	Met	Asp	Ala	His	Pro	Thr	Ala	Thr	His	Phe	Asn	Thr	Ile	Val	Ala	
465					470					475					480	
Val	Leu	Tyr	Arg	Glu	Lys	Asp	Tyr	Glu	Val	Ile	Asn	Tyr	Ala	Phe	Thr	
		485						490						495		
Leu	Leu	Asp	Lys	Tyr	Ala	Thr	Asn	Ile	Asn	Pro	Cys	Lys	Lys	Ser	Val	
		500						505					510			
Ser	Val	Leu	Ala	Lys	Tyr	Phe	Leu	Lys	Tyr	Leu	Lys	Gln	Tyr	Ser	His	
	515						520					525				
Phe	Glu	Thr	Asp	Tyr	Gly	Leu	Gly	Val	Ser	Lys	Thr	Tyr	Ser	Arg	Gln	
	530					535					540					
Phe	Gln	Gln	Ser	Lys	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Gly	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Trp	Val	
545					550					555					560	
Ile	Gly	Ser	His	Ser	Ser	Thr	Leu	Pro	Leu	Ser	Val	Ala	Met	Cys	Met	
			565					570						575		
Asp	Thr	Thr	Leu	Phe	Gly	Gly	Tyr	Thr	Ala	Asn	Gly	Met	Cys	Val	Gln	
		580						585					590			
Leu	Arg	Ile	Glu	Gly	Leu	Ser	Lys	Ala	Leu	Ile	Arg	Lys	Phe	Lys	Thr	
	595						600					605				
Met	Ser	Pro	Asp	Ile	Trp	Lys	Ser	Glu	Asp	Leu	Lys	Ser	Ile	Leu	Met	
	610					615					620					
Gly	Asp	Met	Asn	Ile	Lys	Glu	Arg	Pro	Asp	Gln	Pro	Ile	Asn	Val	Glu	
625					630					635					640	
Val	Leu	Leu	Phe	Val	Lys	Asn	Ser	Val	Val	Ala	Phe	Arg	Gln	Tyr	Asn	
			645						650					655		
Glu	Asp	Ser	Ile	Lys	Glu	Gly	Gly	Asn	Leu	Lys	Glu	Ile	Phe	Asp	Gln	
		660						665					670			
Leu	Lys	Gly	Leu	Gly	Asp	Thr	Tyr	Ser	Ile	Asn	His	Gln	Arg	Ala	Met	
		675					680					685				
Arg	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Tyr	Gln	Gln	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Ala	Pro	
	690					695					700					
Val	Ser	Tyr	Leu	Asn	Ser	Phe	Thr	Gly	Val	Phe	Asp	Val	Gln	Ala	Thr	
705					710					715					720	
Ile	Lys	Lys	Gly	Asn	Ala	Arg	Gly	Leu	Met	Phe	Arg	Asp	Val	Lys	Tyr	

ES 2 548 677 T3

725										730				735			
Asn	Met	Asn	Phe	Phe	Gly	His	Gly	Ser	Arg	Met	Met	Met	Val	Gln	Asn		
740										745				750			
Pro	Gln	Ser	Lys	Met	Phe	Tyr	Ser	Ile	Ser	Gln	Asn	Arg	Ile	Tyr	Gly		
755		760		765		770		775		780		785		800			
Ser	His	Phe	Pro	Arg	Glu	Phe	Val	Ile	Gly	Val	Asn	Pro	Leu	Lys	Lys		
770		780		790		795		810		815		820		830			
Glu	Phe	Lys	Leu	Ser	Ile	Gln	Arg	Pro	Ser	Tyr	Glu	Asn	Pro	Leu	Val		
785		805		810		825		830		840		845		850			
Leu	Met	Met	His	Ser	Leu	Thr	Lys	Val	Tyr	Thr	Gly	Ser	Gln	Asn	Val		
805		810		820		825		830		835		840		845			
Asn	Glu	Lys	Gln	Asp	Ile	Ser	Ala	Asn	Cys	Pro	Glu	Cys	Lys	Ser	Asp		
820		830		835		840		845		850		855		860			
Thr	Pro	Val	Ser	Tyr	Gly	Pro	Asp	Ala	Ala	Lys	Thr	Arg	Val	Phe	Leu		
835		840		845		850		855		860		865		870			
Asn	His	Asp	Cys	Asp	Lys	Thr	Gly	Ser	Tyr	Ile	His	Gly	Glu	Tyr	Phe		
850		855		860		865		870		875		880		885			
Asp	Cys	Glu	Met	Glu	Ser	Asn	Arg	Gly	Lys	Val	Leu	Tyr	His	Leu	Trp		
865		870		875		880		885		890		895		900			
Arg	Ala	Met	Leu	Pro	Tyr	Asn	Lys	Asn	Pro	Lys	Thr	Phe	Gly	Asn	Gly		
885		890		895		900		905		910		915		920			
Ile	Arg	Met	Gly	Ile	Arg	Gln	Ile	Arg	Ala	Tyr	Phe	Val	Phe	Phe	Pro		
900		905		910		915		920		925		930		935			
Arg	Ala	Glu	Lys	Cys	Gly	Ala	Met	Leu	Arg	Trp	Ser	Gln	Ser	Lys	Glu		
915		920		925		930		935		940		945		950			
Asn	Pro	Val	Lys	Glu	Leu	Glu	Ile	Ser	Leu	Arg	Phe	Asn	Ala	Asn	Pro		
930		935		940		945		950		955		960		965			
Asn	Gly	Glu	Arg	Leu	Phe	Phe	Arg	Gly	Arg	Lys	Trp	Val	Val	Thr	Thr		
945		950		955		960		965		970		975		980			
Ile	Ile	Lys	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Gln	Asp	Arg	Val	Tyr	Lys	Ile	Ile		
965		970		975		980		985		990		995		1000			
Leu	Gly	His	Glu	Phe	Thr	Pro	Gly	Tyr	Ile	Glu	Asn	Arg	Leu	Lys	Phe		
980		985		990		995		1000		1005		1010		1015			
Arg	Met	Gln	Arg	Ala	Ala	Val	Pro	Gly	Ile	Met	Ser	Asp	Tyr	Ser	Ile		
995		1000		1005		1010		1015		1020		1025		1030			
Cys	Phe	Asn	Met	Glu	Asn	Lys	Tyr	Pro	Asp	Phe	Gly	Glu	Glu	Phe			
1010		1015		1020		1025		1030		1035		1040		1045			
Met	Thr	Tyr	Asp	Lys	Ser	Thr	Gln	Leu	Lys	Met	Thr	Gly	Lys	Ala			
1025		1030		1035		1040		1045		1050		1055		1060			
Lys	Leu	Gln	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ala										

ES 2 548 677 T3

1175	1180	1185
Phe Asn Asp Ile Pro Leu Ser	Leu Asn Trp Arg Pro	Met Leu Arg
1190	1195	1200
Asn Leu Lys Phe Thr Ser Thr	Thr Arg Arg Leu Met	Gln Tyr Lys
1205	1210	1215
Ile Ile His Gly Cys Thr Thr	Thr Ile Asp His Val	Tyr Thr Leu
1220	1225	1230
Asp Asn Val Thr Tyr Pro Tyr	Thr Pro Thr Ser Cys	Trp Thr Leu
1235	1240	1245
Ala Ser Gly His Cys Ser Pro	His Pro Thr Tyr Ala	Val Phe Val
1250	1255	1260
Lys Lys Ser Ala Gly Ser His	Leu Asp Ala Lys Ile	Tyr Leu Gly
1265	1270	1275
Gly His Ser Ile Glu Phe Gln	Thr Ser Gly Pro Lys	Lys Ile Asn
1280	1285	1290
Val Leu Ile Asn Gly Glu Ala	Ile Asp Val Gly Glu	Glu Glu His
1295	1300	1305
Val His Glu Gln Asp Gly Gln	Glu Ile Phe Lys Val	Leu Lys Trp
1310	1315	1320
Gly Ser Ser Tyr Ser Val Tyr	Ser Phe Leu Lys Ile	Trp Val Val
1325	1330	1335
Tyr Asp Gly His Ala Val Ser	Leu Ile Pro Ala Pro	Ser Val Thr
1340	1345	1350
Gly Gln His Cys Gly Leu Cys	Gly Asn Phe Asn Arg	Asn Gln Tyr
1355	1360	1365
Asp Glu Phe Glu Ser Lys Asp	Ala His Gln Leu Lys	Thr Ser Asp
1370	1375	1380
Glu Leu Val Glu Asp Tyr Lys	Trp Lys Cys	
1385	1390	

<210> 21
 <211> 247
 <212> PRT
 <213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 21

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

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

<210> 22

<211> 178

5 <212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 22

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

10

<210> 23

<211> 1234

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

15

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (1018)

<223> Xaa = aminoácido desconocido

20

<400> 23

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

ES 2 548 677 T3

			20					25					30				
Val	Val	Val	Gly	Thr	Met	Asp	His	Ala	Pro	His	Ser	Ser	Gly	Phe	Ala		
		35					40					45					
Tyr	Lys	His	His	Thr	Thr	Met	Gln	Val	Gln	Gly	Asp	Asn	Ile	Lys	Val		
	50					55					60						
Lys	Leu	Ser	Asp	Val	Glu	Phe	Ser	Gln	Phe	Asn	Gly	Lys	His	Glu	Asn		
65					70					75					80		
Gly	Glu	Phe	Pro	Phe	Asp	His	Thr	Asn	Phe	Val	Ala	Thr	Asn	Arg	Asp		
				85					90					95			
Ile	Pro	Ala	Phe	Glu	Val	Gln	Leu	Asp	Ser	His	Gly	Leu	Phe	Ser	Ser		
		100						105					110				
Leu	Lys	Val	Gly	Pro	Lys	Leu	Thr	Leu	Phe	Gln	Arg	Asn	Met	Ile	Arg		
	115					120						125					
Gly	Trp	Ala	Gln	Arg	Leu	Gln	Leu	Asn	Met	Asp	Lys	Ile	Asn	Asn	His		
	130					135					140						
Gly	His	Gly	Phe	His	Ser	Glu	Glu	Gln	Ser	Ile	Phe	Gly	Asp	Cys	Asp		
145					150					155				160			
Thr	Leu	Tyr	Thr	Val	Ser	Asp	His	Lys	Ile	Val	Lys	Ser	Val	Ser	His		
				165					170					175			
Thr	Lys	Asp	Cys	Lys	Asn	Arg	Val	His	Val	Leu	Ile	Asp	Asp	Trp	Arg		
		180						185					190				
Gly	Glu	Arg	Cys	Asp	Ile	Asp	Pro	Glu	His	Pro	Glu	Ser	Arg	Glu	Asn		
	195					200						205					
Pro	Asn	Gly	Leu	Tyr	Ser	Ala	Ser	Asn	Thr	Ile	Tyr	Val	Val	Asp	Lys		
	210					215						220					
Lys	Gly	Asp	His	Phe	His	Pro	Lys	Ala	Ile	Ile	Gly	Ser	Ser	Ser	Val		
225					230					235				240			
Val	Ala	Gln	Phe	Tyr	Gln	Met	Glu	Gly	Val	Ser	Phe	Ile	Ala	His	Ser		
				245					250					255			
Asn	Ser	Thr	Ser	Ile	Leu	Lys	Ser	Val	Glu	Asp	Ile	Ser	Glu	Pro	Met		
			260					265					270				
Val	Val	Val	Gly	Ile	Pro	Val	Lys	Asp	Leu	Lys	Tyr	Glu	Phe	Glu	Asp		
	275					280						285					
Lys	Glu	Tyr	Gln	Trp	Asn	Ser	Asp	Arg	Asp	Leu	Lys	Ala	Arg	Glu	Glu		
	290				295						300						
His	Leu	Ser	Thr	Gly	Glu	Phe	Phe	Glu	Ser	Asp	Met	Ser	Thr	Leu	Ser		
305					310					315					320		
Lys	Tyr	Val	Lys	Glu	Lys	Leu	Asn	Lys	Phe	His	Asp	Ile	Met	Gln	His		
				325					330					335			
Leu	Ser	Asn	Asp	Lys	Asp	Ala	Ile	Ala	Glu	Ala	His	Asp	Asn	Glu	Val		
			340					345					350				
Asn	Ser	Met	Val	Pro	Gly	Met	Leu	Ala	Met	Asp	Tyr	Asn	Thr	Ser	Lys		
		355					360					365					
Ala	Met	Ser	Glu	Glu	Leu	His	Ser	Asp	Lys	Ser	Asp	Glu	Gly	Val	Phe		
	370					375					380						

ES 2 548 677 T3

Ile	Glu	Lys	Ile	Met	Gly	Ala	Ser	Asp	His	Lys	Glu	Gln	Ile	Lys	Leu
			500					505					510		
Leu	Gly	Met	Leu	Phe	Asn	Leu	Arg	Tyr	Gly	Asn	Val	Ala	Glu	Lys	Leu
		515					520					525			
Lys	Pro	Leu	Ile	Tyr	Gly	Glu	Thr	Glu	Ile	Lys	Cys	Gly	His	Leu	Arg
		530				535					540				
Thr	Leu	Ala	Val	Gln	Ala	Ala	Phe	Gly	Ala	Ile	Asn	Asn	Gly	Lys	
545					550				555						560
Gly	Ala	Glu	Tyr	Leu	Leu	Pro	Ile	Phe	Ala	Asp	Ser	Glu	Asn	Ser	His
				565					570						575
Glu	Leu	Arg	Leu	Thr	Ala	Leu	Ser	Tyr	Leu	Met	Asp	Ala	His	Pro	Thr
			580					585					590		
Ala	Thr	His	Phe	Asn	Thr	Ile	Val	Ala	Val	Leu	Tyr	Arg	Glu	Lys	Asp
		595					600					605			
Tyr	Glu	Val	Ile	Asn	Tyr	Ala	Phe	Thr	Leu	Leu	Asp	Lys	Tyr	Ala	Thr
	610					615					620				
Asn	Ile	Asn	Pro	Cys	Lys	Lys	Ser	Val	Ser	Val	Leu	Ala	Lys	Tyr	Phe
625					630				635						640
Leu	Lys	Tyr	Leu	Lys	Gln	Tyr	Ser	His	Phe	Glu	Thr	Asp	Tyr	Gly	Leu
				645					650						655
Gly	Val	Ser	Lys	Thr	Tyr	Ser	Arg	Gln	Phe	Gln	Gln	Ser	Lys	Tyr	Gly
			660					665					670		
Tyr	Gly	Gly	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Trp	Val	Ile	Gly	Ser	His	Ser	Ser	Thr
		675					680						685		
Leu	Pro	Leu	Ser	Val	Ala	Met	Cys	Met	Asp	Thr	Thr	Leu	Phe	Gly	Gly
		690				695					700				
Tyr	Thr	Ala	Asn	Gly	Met	Cys	Val	Gln	Leu	Arg	Ile	Glu	Gly	Leu	Ser
705					710				715						720
Lys	Ala	Leu	Ile	Arg	Lys	Phe	Lys	Thr	Met	Ser	Pro	Asp	Ile	Trp	Lys
				725					730						735
Ser	Glu	Asp	Leu	Lys	Ser	Ile	Leu	Met	Gly	Asp	Met	Asn	Ile	Lys	Glu
			740					745					750		
Arg	Pro	Asp	Gln	Pro	Ile	Asn	Val	Glu	Val	Leu	Leu	Phe	Val	Lys	Asn
			755				760						765		
Ser	Val	Val	Ala	Phe	Arg	Gln	Tyr	Asn	Glu	Asp	Ser	Ile	Lys	Glu	Gly
			770			775					780				
Gly	Asn	Leu	Lys	Glu	Ile	Phe	Asp	Gln	Leu	Lys	Gly	Leu	Gly	Asp	Thr
785					790				795						800
Tyr	Ser	Ile	Asn	His	Gln	Arg	Ala	Met	Arg	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Tyr
			805						810						815
Gln	Gln	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Ala	Pro	Val	Ser	Tyr	Leu	Asn	Ser	Phe
			820					825					830		
Thr	Gly	Val	Phe	Asp	Val	Gln	Ala	Thr	Ile	Lys	Lys	Gly	Asn	Ala	Arg
		835					840					845			
Gly	Leu	Met	Phe	Arg	Asp	Val	Lys	Tyr	Asn	Met	Asn	Phe	Phe	Gly	His
		850					855				860				
Gly	Ser	Arg	Met	Met	Met	Val	Gln	Asn	Pro	Gln	Ser	Lys	Met	Phe	Tyr
865					870				875						880
Ser	Ile	Ser	Gln	Asn	Arg	Ile	Tyr	Gly	Ser	His	Phe	Pro	Arg	Glu	Phe
			885						890						895
Val	Ile	Gly	Val	Asn	Pro	Leu	Lys	Lys	Glu	Phe	Lys	Leu	Ser	Ile	Gln
			900					905					910		
Arg	Pro	Ser	Tyr	Glu	Asn	Pro	Leu	Val	Leu	Met	Met	His	Ser	Leu	Thr
		915					920						925		
Lys	Val	Tyr	Thr	Gly	Ser	Gln	Asn	Val	Asn	Glu	Lys	Gln	Asp	Ile	Ser
		930				935					940				
Ala	Asn	Cys	Pro	Glu	Cys	Lys	Ser	Asp	Thr	Pro	Val	Ser	Tyr	Gly	Pro
945					950				955						960
Asp	Ala	Ala	Lys	Thr	Arg	Val	Phe	Leu	Asn	His	Asp	Cys	Asp	Lys	Thr

ES 2 548 677 T3

965					970					975					
Gly	Ser	Tyr	Ile	His	Gly	Glu	Tyr	Phe	Asp	Cys	Glu	Met	Glu	Ser	Asn
980					985					990					
Arg	Gly	Lys	Val	Leu	Tyr	His	Leu	Trp	Arg	Ala	Met	Leu	Pro	Tyr	Asn
995					1000					1005					
Lys	Asn	Pro	Lys	Thr	Phe	Gly	Asn	Gly	Xaa	Arg	Met	Gly	Ile	Arg	
1010					1015					1020					
Gln	Ile	Arg	Ala	Tyr	Phe	Val	Phe	Phe	Pro	Arg	Ala	Glu	Lys	Cys	
1025					1030					1035					
Gly	Ala	Met	Leu	Arg	Trp	Ser	Gln	Ser	Lys	Glu	Asn	Pro	Val	Lys	
1040					1045					1050					
Glu	Leu	Glu	Ile	Ser	Met	Arg	Phe	Asn	Ala	Asn	Pro	Asn	Gly	Glu	
1055					1060					1065					
Arg	Leu	Phe	Phe	Arg	Gly	Arg	Lys	Trp	Val	Val	Thr	Thr	Ile	Ile	
1070					1075					1080					
Lys	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Gln	Asp	Arg	Val	Tyr	Lys	Ile	Ile	Leu	
1085					1090					1095					
Gly	His	Glu	Phe	Thr	Pro	Gly	Tyr	Ile	Glu	Asn	Arg	Leu	Lys	Phe	
1100					1105					1110					
Arg	Met	Gln	Arg	Ala	Ala	Val	Pro	Gly	Ile	Met	Ser	Asp	Tyr	Ser	
1115					1120					1125					
Ile	Cys	Phe	Asn	Met	Glu	Asn	Lys	Tyr	Pro	Asp	Phe	Gly	Glu	Glu	
1130					1135					1140					
Phe	Met	Thr	Tyr	Asp	Lys	Ser	Thr	Gln	Leu	Lys	Met	Thr	Gly	Lys	
1145					1150					1155					
Ala	Lys	Leu	Gln	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ala	Asp	Cys	Asp	Ser	Thr	Pro	
1160					1165					1170					
Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Ser	Phe	Lys	His	Glu	Thr	Thr	Glu	Glu	Ala	
1175					1180					1185					
Arg	Glu	Ala	Met	Lys	His	Thr	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Lys	Cys	Met	Glu	
1190					1195					1200					
Gln	Lys	Lys	Gln	Pro	Glu	Trp	Ala	Asn	Arg	Gly	Asp	Lys	Leu	Pro	
1205					1210					1215					
Phe	Thr	Gln	Ala	Cys	His	Met	Thr	Thr	Trp	Asp	Ala	Thr	Thr	Ala	
1220					1225					1230					

Pro

<210> 24

<211> 714

5 <212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 24

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

10

ES 2 548 677 T3

Leu	Phe	Phe	Pro	Thr	Ser	Phe	Lys	Pro	Ser	Phe	Leu	Ser	Ser	Arg	Lys
		115					120					125			
Lys	Leu	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Pro	Ala	Thr	Thr	Ser	Ser	Thr	Thr
		130					135					140			
Thr	Thr	Ile	Thr	Phe	Thr	Pro	Thr	Thr	Ser	Pro	Pro	Pro	Ser	Ala	Asn
		145				150				155					160
Glu	Val	Arg	Thr	Thr	Leu	Asn	Pro	Ser	Lys	Val	Ala	Ser	Lys	Thr	Lys
			165						170					175	
Ser	Tyr	Thr	Arg	Pro	Leu	Tyr	Ser	Lys	Lys	Asn	Phe	Leu	Arg	Lys	Lys
			180					185					190		
Pro	Ser	Val	Tyr	Tyr	Lys	Val	Lys	Lys	Asn	Pro	Val	Lys	Leu	Arg	Lys
		195					200					205			
Val	Lys	Lys	Ile	Leu	Arg	Pro	Val	Ser	Tyr	Ser	Thr	Pro	Gln	Thr	His
		210				215					220				
Pro	Ser	Ser	Thr	Thr	Val	Ser	Thr	Thr	Arg	Asp	Tyr	Pro	Ser	Lys	Ser
		225				230				235					240
Leu	Glu	Ser	Leu	Thr	Gln	Thr	Lys	Ser	Pro	Glu	Ile	Val	Ser	Ala	Phe
			245						250					255	
Thr	Pro	Val	Ser	Val	Ser	Lys	Lys	Ser	Ile	Lys	Ser	Leu	Asn	Ala	Arg
			260					265					270		
Lys	Ser	Ser	Tyr	Ala	Ser	Pro	Ser	Thr	Pro	Ser	Phe	Arg	Tyr	Ser	Pro
		275				280						285			
Thr	Thr	Pro	Ser	Ser	Tyr	Gln	Ser	Leu	Lys	Pro	Phe	Glu	Pro	Lys	Pro
		290				295					300				
Ile	His	Arg	Phe	Arg	Ser	Lys	Pro	Gly	Tyr	Lys	Ser	Thr	Arg	Ser	Lys
		305				310				315					320
Pro	Thr	Tyr	Val	Ser	Ser	Thr	Thr	Thr	His	Pro	Ala	Tyr	Val	Ser	Ser
			325						330					335	
Thr	Ile	Ser	Pro	Ala	Tyr	Ala	Ser	Ser	Ser	Val	Ser	Pro	Ala	Tyr	Ala
			340					345					350		
Ser	Ser	Ser	Val	Ser	Pro	Ala	Tyr	Ala	Ser	Thr	Thr	Val	Lys	Pro	Val
		355				360						365			
Phe	Val	Ser	Thr	Thr	Ala	Asn	Glu	Ile	Tyr	Tyr	Thr	Pro	Glu	Pro	Lys
		370				375					380				
Arg	Val	Arg	Ser	Leu	Pro	Leu	Thr	Arg	Glu	Gln	Ala	His	Leu	Tyr	Ser
		385				390				395					400
Ser	Ile	Pro	Tyr	Asp	Ser	Thr	Thr	Thr	Ser	Arg	Gln	Pro	Pro	Ala	Pro
			405						410					415	
Val	Ser	Tyr	Ser	Thr	Pro	Lys	Pro	His	Ser	Lys	Gln	His	Ser	Gln	Tyr
			420					425					430		
Arg	Glu	Leu	Pro	Leu	Thr	Arg	Glu	Gln	Ser	Glu	Asn	Ile	Glu	Phe	Ser
		435					440				445				
Thr	Pro	Val	Lys	Ala	Asn	Thr	Lys	Pro	Tyr	Asn	Asn	Asn	Ile	Gln	Phe
		450				455					460				
Asn	Pro	Val	Arg	Arg	Ile	Pro	Ser	His	Tyr	Arg	Asn	His	Gln	Ala	Leu
			465			470				475					480
Asn	Glu	Ile	Arg	Arg	Glu	Glu	Lys	Tyr	Pro	Ala	Gln	Pro	Tyr	Ser	Phe
			485						490					495	
Ser	Tyr	Asp	Ile	Lys	Asp	Glu	Thr	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Phe	Arg	Ser
		500						505				510			
Glu	Glu	Ser	Ser	Gly	Pro	Val	Thr	Lys	Gly	Ser	Tyr	Lys	Val	Ala	Leu
		515					520					525			
Pro	Asp	Gly	Arg	Ile	Gln	Ile	Val	Glu	Tyr	Ile	Ala	Asp	Glu	Asn	Gly
		530				535					540				
Tyr	Lys	Ala	Thr	Val	Ser	Tyr	Glu	Gly	Glu	Ala	Val	Phe	Pro	Asn	Pro
		545				550				555					560
Asp	Asp	Phe	Glu	Glu	Glu	Pro	Thr	Arg	Arg	Thr	Phe	Arg	His	Ser	Arg
			565						570					575	
Lys	Val	Asp	Ile	Asp	Ser	Val	Pro	Asn	Asn	Asn	Tyr	Ser	Phe	Leu	Arg

ES 2 548 677 T3

	580		585		590										
Asn	Arg	Val	Arg	Gly	Ala	Gly	Thr	Thr	Glu	Lys	Ala	Pro	Ser	Pro	Gln
	595						600					605			
Asp	Thr	Thr	Ile	Arg	Pro	Val	Ser	Leu	Pro	Leu	Arg	His	Arg	Leu	Ser
	610					615					620				
Arg	Thr	Glu	Val	Ser	Lys	Ser	Leu	Pro	Thr	Ser	Pro	Phe	Pro	Tyr	Ala
625					630					635					640
Val	Ser	Ser	Thr	Ser	Pro	Ala	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Gln	Gly	Pro	Gln
			645						650					655	
Arg	Phe	Arg	Val	His	His	Ser	Ser	Pro	Asn	Val	Glu	Gly	Arg	Val	Leu
			660					665					670		
His	His	Ser	Thr	Pro	Pro	Val	Ser	Tyr	Ser	Gln	Leu	Pro	Gln	Ile	Ala
		675					680					685			
Thr	Thr	Gln	Lys	Pro	Arg	Phe	Leu	His	Asn	Ala	Asn	Tyr	Glu	Glu	Ala
	690					695						700			
Leu	Arg	Asp	Tyr	Gly	Ile	Lys	Val	Asp	Tyr						
705					710										

<210> 25

<211> 9

5 <212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 25

Phe Ile Asp Trp Ile Ala Glu His Gln

1

5

10

<210> 26

<211> 11

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

15

<400> 26

Ile Ala Val Ser Asp Ile Thr Tyr His Glu Lys

1

5

10

<210> 27

20

<211> 27

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 27

Asp Gln Glu Phe Ile Gly Asp Val Val Val Ser Gly Trp Gly Thr Ile

1

5

10

15

Ser Ser Ser Gly Pro Pro Ser Pro Val Leu Lys

25

20

25

<210> 28

<211> 9

<212> PRT

30

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 28

Asn Gln Tyr Asp Glu Phe Glu Ser Lys

1

5

35

<210> 29

<211> 12

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

40

<400> 29

Leu Ser Phe Glu His Glu Thr Thr Glu Glu Ala Arg
1 5 10

<210> 30
<211> 15
5 <212> PRT
<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 30
Ile Ile Leu Gly His Glu Phe Thr Pro Gly Tyr Ile Glu Asn Arg
1 5 10 15

10 <210> 31
<211> 11
<212> PRT
<213> Lepeophtheirus salmonis

15 <400> 31
Ile Val Ile Leu Lys Glu Leu Ser Ser Gly Met
1 5 10

20 <210> 32
<211> 25
<212> PRT
<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 32
Ala Gly Gln Tyr Gly Gly Glu Ile Ser Gly Ile Val Leu Pro Asn Ile
1 5 10 15
Pro Pro Ser Ile Ser Asn Leu Ala Lys
25 20 25

30 <210> 33
<211> 15
<212> PRT
<213> sarampión

<400> 33
Leu Ser Glu Ile Lys Gly Val Ile Val His Arg Leu Glu Gly Val
1 5 10 15

35 <210> 34
<211> 15
<212> PRT
<213> toxina del tétanos

40 <400> 34
Gln Tyr Ile Lys Ala Asn Ser Lys Phe Ile Gly Ile Thr Glu Leu
1 5 10 15

45

REIVINDICACIONES

1. Una vacuna recombinante contra una infección por copépodos caligidos en peces, comprendiendo la vacuna una cantidad inmunológicamente eficaz de un antígeno proteico purificado recombinante similar a la vitelogenina y un adyuvante, un diluyente o un vehículo farmacéuticamente aceptable, en donde el antígeno es un antígeno peptídico recombinante que comprende una secuencia de aminoácidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 2 o 20.
2. Una vacuna de ADN contra una infección por copépodos caligidos en peces, comprendiendo la vacuna una cantidad inmunológicamente eficaz de un ADN que codifica un antígeno proteico similar a la vitelogenina y un adyuvante, un diluyente o un vehículo farmacéuticamente aceptable, en donde el ADN que codifica el antígeno proteico similar a la vitelogenina comprende una secuencia de nucleótidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 1.
3. La vacuna según una cualquiera de las reivindicaciones 1 o 2, para uso en la prevención de una infección por copépodos caligidos en peces.
4. La vacuna según la reivindicación 3, en donde el copépodo caligido es *Lepeophtheirus salmonis*.
5. Una proteína recombinante purificada que comprende una secuencia de aminoácidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 2 o 20.
6. La proteína recombinante purificada según la reivindicación 5, para uso en el tratamiento de una infección por copépodos caligidos en peces.
7. Un ADN que codifica una proteína similar a la vitelogenina, comprendiendo el ADN una secuencia de nucleótidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 1.
8. El ADN según la reivindicación 7, para uso en el tratamiento de una infección por copépodos caligidos en peces.
9. La proteína recombinante purificada similar a la vitelogenina según la reivindicación 6 o el ADN según la reivindicación 8, en donde el copépodo caligido es *Lepeophtheirus salmonis*.
10. Una proteína recombinante purificada similar a la vitelogenina según la reivindicación 6 o el ADN según la reivindicación 8, para uso como un antígeno en una formulación de vacuna para el tratamiento de una infección por copépodos caligidos en peces.
11. Una proteína recombinante purificada similar a la vitelogenina para uso según la reivindicación 10, en donde el copépodo caligido es *Lepeophtheirus salmonis*.
12. Una proteína recombinante purificada similar a la vitelogenina para uso según la reivindicación 10 u 11, en donde la proteína similar a la vitelogenina comprende una secuencia de aminoácidos tal y como se describe en SEQ ID NO: 2 o 20.

FIG. 1

a)

Proteína similar a la vitelogenina (SL-0903)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
GCAATACAAAATTATCCATGGATGTACTACCACAATTGACCATGTATATACTCTT
GACAATGTCACATATCCTTACACACCTACCTCATGCTGGACGTTGGCTTCTGGA
CACTGTTCCCCACATCCAACCTTATGCAGTTTTTGTCAAAAAGTCTGCAGGATCTC
ATTTAGATGCTAAAATTTATTTGGGCGGTACAGCATCGAATTCCAAACAAGTGG
CCCAAAGAAGATTAATGTTCTCATCAACGGTGAAGCTATTGATGTAGGAGAGGA
GGAACATGTTTCATGAACAAGACGGACAAGAAATTTTCAAGGTCTTAAATGGGG
ATCAAGTTACAGTGTTTACTCCTTCTTGAAAATCTGGGTAGTCTATGATGGCCAT
GCAGTCAGCTTAATCCCTGCTCCATCTGTTACGGGTCAACATTGCGGTTTGTGT
GGAACTTCAACAGAAACCAATATGATGAATTTGAAAGCAAGGATGCTCATCAAT
TGAAGACATCCGACGAGCTTGTTGAAGATTATAAATGGAAGTGTTGAGAATTTAT
TTCTTTCATCGATTGATGGAGATATTTTTTACAATGATTCTATTATAT
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
QYKIIHGCTTTIDHVTLDNVTYPYTPPTSCWTLASGHCSPPH
TYAVFVKKSAGSHLDAKIYLGGHSEFQTS GPKKINVLINGE
AIDVGEEHVHEQDGQEIFKVLKWGSSYSVYSFLKIWVVYD
GHAVSLIPAPSVTGQHCGLCGNFNRNQYDEFESKDAHQLKT
SDELVEDYKWK C
```

FIG. 2

a)

Proteína 1 SEP (SL-0547)

Secuencia de ácidos nucleicos

GTCCGGTTCGGCAAATCTAAAATGTACCACAAGAAGGCAATCTATAAATTCTTGA
AGAAGACAACCTCCCAAAAAGGTTGAGGCCAGTAAGCCCGCCTTCGTTGAGAAG
AAGGTCGGAGGTGCCAAGAATGGGGGTACTCGTATGGTTCGCGTCAAGAAGTT
GAAGAACGACTTCCCCACCATGGAAAGACGTGCTCATAGAATCGCCAAGAAGC
CTGAAAAGCTCTCTCGCAGGGTCCGTCTACCCTCACCCCTGGAACCTATTGCAG
TTATTCTTGCAGGTATCCACAAAGGAAAGAGAATCGTCATTCTCAAGGAGCTCTC
CAGTGGAATGCTTCTGATTTCTGGCCCCTTCAAGCTTAATAACTGCCCAATTAGA
AGGATTAATCAACGCTATTTGTTGGCCACATCAACCAAGCTCGATGTTTCATCCA
TTAAAATGCCCCGAGAACATTAATGATGATTACTTCCGTCTGTTTAAGAGCCGCCAA
GAAGCCAGCTGGTANTGTAT

b)

Secuencia de aminoácidos

VRFGKSK **Met**YHKKAIYKFLKKTTPKKVEASKPAFVEKKVGG
AKNGGTR **Met**VRVKKLKNDFPT **Met**ERRAHRIAKKPEKLSRRV
RPTLTPGTIAVILAGIHKGKRIVILKELSSG **Met**LLISGPFKLNN
CPIRRINQRYLLATSTKLDVSSIK **Met**PENINDDYFRRLRAAK
KPAGXV

FIG. 3

a)

Proteína 2 SEP (SL-0858)

Secuencia de ácidos nucleicos

AAGCCCTCTTTGATCTTCAGAAGGACCTCGATGGAGATGTGGATGTTGAACTCA
AGTTGGTCAAGAAAGGAATTGTCTCCATTCCCATCCCCTGCATTGAAAGCCCTT
CAGGCCTGCATTTGGGCTCTTGTTCTACAACTGGAGGAGATTGTCAGCAAAT
ATGCGTATTTCTTGTGTCCAGACTATTTTCCAGAGGGCCAAAGCTGTTCTTTCCC
TTTGAAGGCAGGACAATATGGAGGTGAGATCTCTGGTATTGTTCTACCTGACAT
CCCACCTTCCATTTCCAACCTCGCCAAGGGAACCATTGATGGAACCTCTCTGT
GACCAGAAACGGGGAAGAAGTTTTCTGTATCAATGGAGATTTGAAAATGACAAA
TTAATCCTTGTTTCTGTATCCATATTTGAAGTCAATAAAATACTTCATTAATCT

b)

Secuencia de aminoácidos

-ALFDLQKDL DGDVDVELKLVKKGI VSIPIPCIESPSGLHLGS
CSYKLEEI VSKYAYFLCPDYFPEGQSCSFPLKAGQYGGEISGI
VLPDIPPSISNLA KGTIHGTL SVTRNGEEVFCINGDLK **Met** TN
Stop

FIG. 4

a)

Proteína 3 SEP (SL-1469)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
AGAAATTGAAATCTCACTAAGATTTAATACTTCTCCCAATGGTGAGCGTTTATATT
TCAGAGGTAGAAAATGGGCTCTTACTGGTATCGTCAAAGCCAAAGGAGAACCAC
AAGATAGGGTATACAAAATTATTTTGGGACATGAATTCACTCCTGGATACATTGA
GAATCGTCTCAAGTTTAGAATGCAAAGAGTTGCAGTCCCTGGGCTTTTGTCTGA
TTATTCTATTTGCTTTAATATGGAAAACAAGTACCCAGACTTTGGAGAAGAGTTTA
TGACTTATGACAAGAGCACTCAATTA AAAATGTCTGGAAATGCAAGACTTCAATA
TGGTGCTGCTGCAGACTGTGACTCTACTCCTGGAGAAATGAAATTAAGCTTCGA
ACATGAAACAACCTGAAGAAGCAAGAGAGGCTATGAAACACACGTGGTACTATGA
AAAGTGTATGGAACAGAAGCAACATCCAGAATGGGCAAGCAGAGGTGACAGAC
TTCCATTACAGAAGCCTGCCACATGACAACATGGGATGCAACTACTGCTCCGT
AAATACACATGGAAGATGAACTTTGTTNAGATGACTGATCGCATTGAATGCTATT
GTTTC
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
-EIEISLRFNTSPNGERLYFRGRKWALTGIVKAKGEPQDRVYK
IILGHEFTPGYIENRLKFRMetQRVAVPGLLSDYSICFNMetEN
KYPDFGEEFMetTYDKSTQLKMetSGNARLQYGAAADCDSTPG
EMetKLSFEHETTEEAREAMetKHTWYYEKCMetEQKQHPEWA
SRGDRLPFTEACHMetTTWDATTAP stop
```

FIG. 5

a)

Proteína de adhesión 2

~Precursor de la proteína 2 de la matriz de la placa adhesiva de mejillón (proteína 2 del pie)
(mb3a02.ckr)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
TACATGTCTTGAACCTGTCTGTCCATCTAATTTGTGTAAAAATGGTGGAAAATGT
AAAGTTTATCGTGGAGTATGTTATTGCGATTGTAAAGGTACTGGTTTTGAAGGTT
CAAAATGTCATCAACCAACTTGCACACCTACAACATGTCCTAAAAATGCTGTTTG
TGAAGTGGATTGGTCTAATAAAAAAACACGTCGTACATGTAAAAAAGGATTTGCT
GGTGCAAATTGTGCTGATAATGCTTGCTCCCAGTTTCCATGTGAAAATGGATCT
GAATGTGTTGTAAAATATGGATCTCAACCACAATGTGATTGTAAGCCTGGATTTT
TTGGCAATTTCTGCCAATCACATTTTTGTGAACATTTCAAATATTCAGCTGTAGGT
GGTAAATGTGAAATTATGGAAGACGAAAAAACTTGGGAGTCTATAAACCTGTTT
GTAAATGTTTAGAAGGATATGAAGGTAAAATTTGCAGCGAAATTTCTTGCTCTGA
ATCATTCTGTCATTATCGAGGAAAATGTTCCGTTAGTAAAGATATAAGAAGCTGC
AAATGTGACAGAGGAATTCAAGGCGAGCGCTGTGAACATCCTAAACCTTGTGAA
AGTTGCGACAAAGCAGATTGTGTTAGAGAAAAACCTGGCAGTGGCAATTTTGT
TGTGCAAAAAATAGACATAATATAATTAAG
```

b)

Secuencia de aminoácidos parcial

```
-TCLEPVCPSNLCKNGGKCKVYRGVCYCDCKGTGFEGSKCH
QPTCTPTTCKPKNVCELDWSNKKTRRTCKKGFAGANCADNA
CSQFPCENGSECVVKYGSQPQCDCKPGFFGNFCQSHFCEHFK
YSAVGGKCEIMEDEKNLGVYKPVCKCLEGYEGKICSEISCSE
SFCHYRGKCSVSKDIRSCKCDRGIQGERCEHPKPCESCDKAD
CVREKPGSGNFVCAKK
```

FIG. 6

a)

Proteína de adhesión 1

~Precursor de la proteína de la matriz de la placa adhesiva de mejillón (proteína 1 del pie) (sl-0927-9)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
CCCATCCAAAGTAGCCTCAAAAACAAAGTCATATACCCGCCCTCTTTACTCCAAA  
AAGAACTTCTTACGCAAGAAACCCTCTGTATATTACAAAGTTAAGAAAAATCCCG  
TCAAGTTAAGAAAAGTTAAGAAAATTCTGAGACCTGTGAGTTACTCAACTCCTCA  
GACTCATCCGAGCAGCACGACTGTTTCAACCACAAGAGACTATCCAAGTAAATC  
TCTTGAAAGTTTAACGCAAACCTAAGAGTCCAGAAATAGTATCGGCCTTTACTCCG  
GTCTCAGTCTCAAAAAAGTCTATTAAATCATTGAATGCTCGAAAATCCATTTATGC  
AAGTCCATCTACCCCATCTTTTAGATATTCACCAACAACACCTTCTTCATATCAAA  
GTCTTAAGCCATTTGAGCCCAAACCTATTCATAGATTGAGATCTAAGCCAGGCTA  
CAAGTCTACCAGATCCAAACCTACTTATGTTTCGTCAACGACCACCCACCCAGC  
GTATGTATCATCTACTATTAGTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTAGTCCAGCC  
TATGCATCATCTAGTGTTAGCCCAGCCTATGCATC
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
PSKVASKTKSYTRPLYSKKNFLRKKPSVYYKVKKNPVKLRK  
VKKILRPVSYSTPQTHPSSTTVSTTRDYPKSLESLTQTKSPE  
IVSAFTPVSVSKKSIKSLNARKSIYASPSTPSFRYSPTTPSSYQ  
SLKPFEPKPIHRFRSKPGYKSTRSKPTYVSSTTTTHPAYVSSTI  
SPAYASSSVSPAYASSSVSPAYA
```

FIG. 7

a)

Proteína de unión a la cutícula 1

~Proteína similar a BSC-1 (morán 9-15)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
AGCGTGGTCGCGGCCGAGGTACGCGGGGAATCAGTACAAAGTTTACAGGCAAC
AATGATCATGTACACCTCAGTATTCCTTCTTTCCATCGTCTTTTCATGTGCCTTTG
GAGCACCCCAATATCAAGCCTCTCAGCCTGCTTATGCTCCAGTTGAAGAGCCTT
ACGCTTATCAATACGCCGTTCAAGATCCCAATCAGGAAATGACTTTTCTGCCG
AAGAATCCTCTGATGGACAAGTCATCTCTGGATCCTATCAAGTGGCTCTCCCCG
ATGGTCGTATTCAAACGTGTGACCTACACTGTGAGTGGAGATAGTGGATACGTTG
CTGATGTTTCAGTATGAAGGAACTCCATCCTATCCCGAAGCTCCTCAGCAACCCA
GATATGTTTAAAAAGTTTGGCATTGATGAATATTCATTAATTGATTTATATTTATGT
TAAATATATTATTCATAGTTGAAATTGATATTGTTTACTCTCAAAGAAATACAAATT
TATATTTATATTTT
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
SVVAAEVRGESVQSLQATMIMYTSVFLLSIVFSCAFGAPQYQ
ASQPAYAPVEEPYAYQYAVQDPQSGNDFS AEESD GQVISGS
YQVALPDGRIQTVTYTVSGDSGYVADVQYEGTPSYPEAPQQ
PR Y V
```

FIG. 8

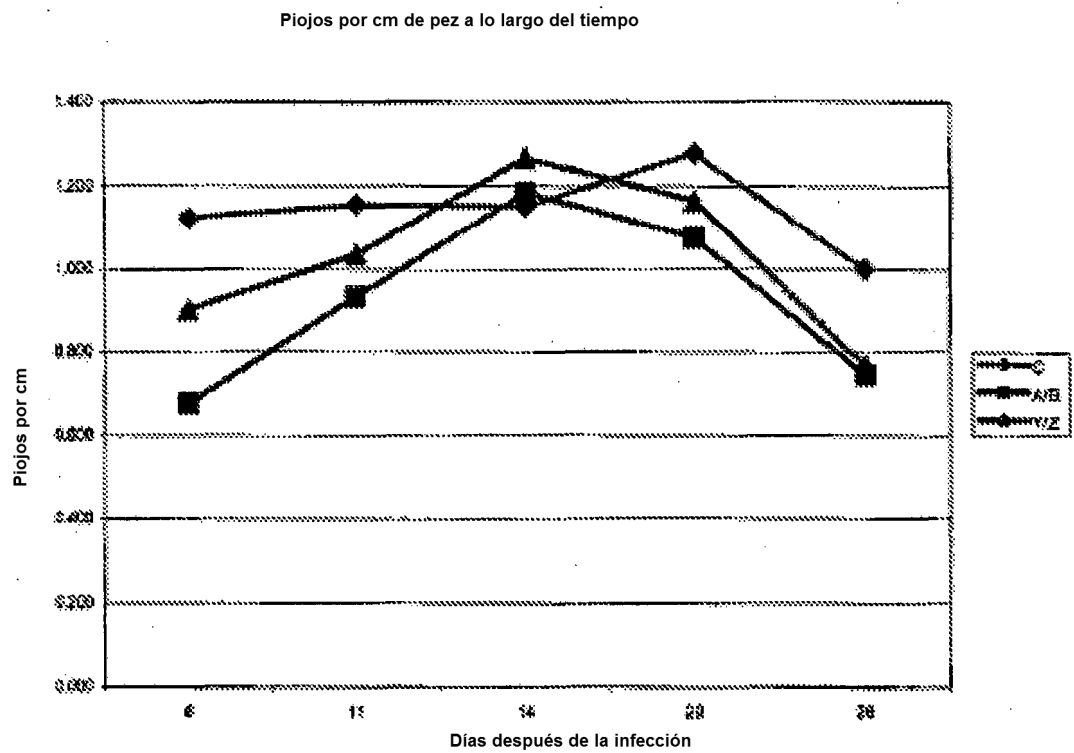


FIG. 9

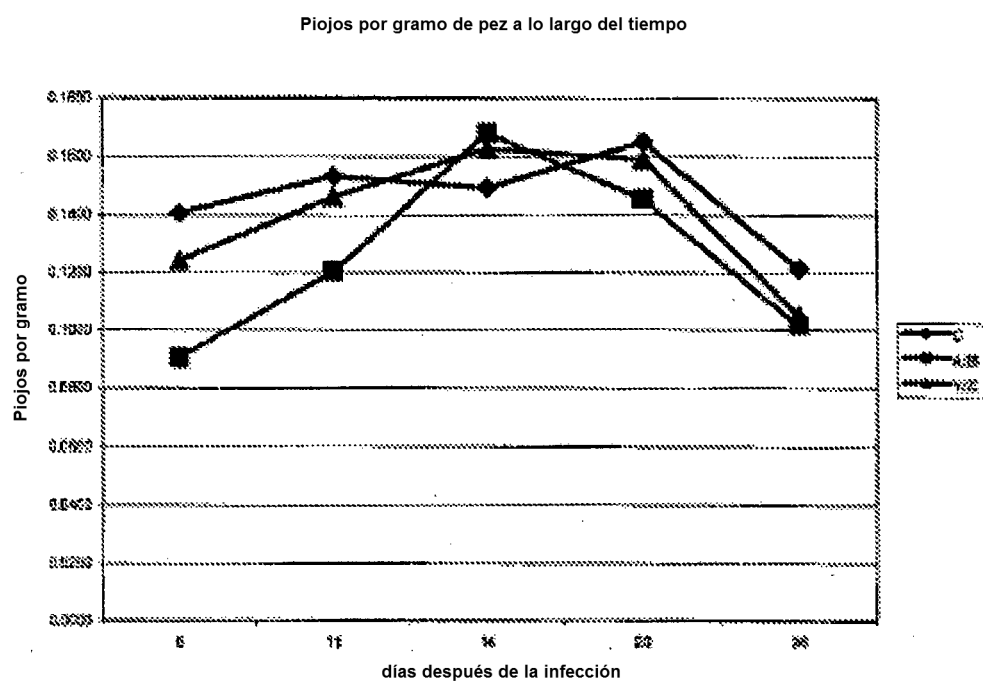


FIG. 10

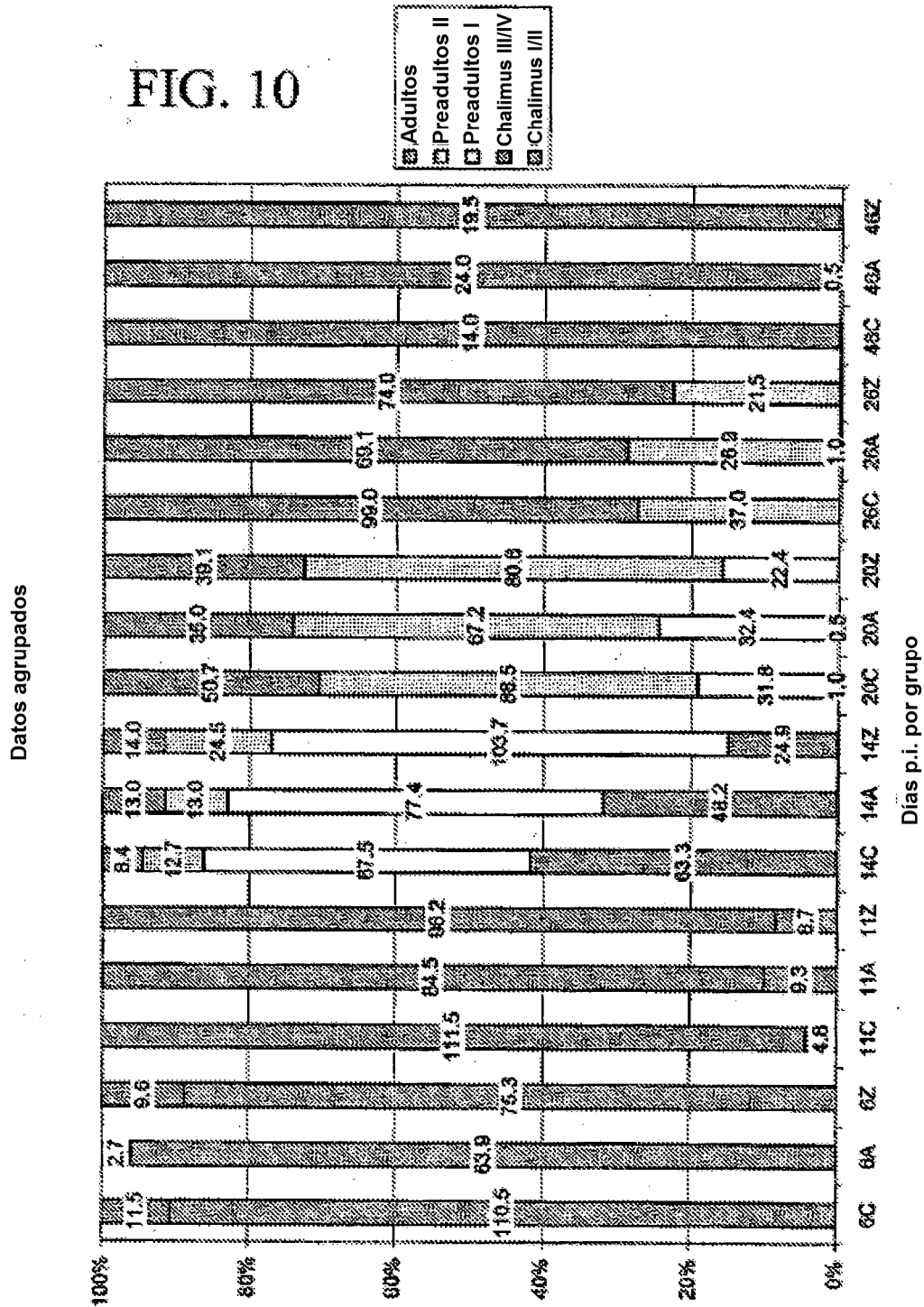


FIG. 11

Proteína similar a vitelogenina SL-903 >SL0903FLG

TATTCCAACGTAACATGATCAGAGGATGGGCTCAAAGACTCCAATTGAACATGGATAAAATCAACAATCATGGAC
 ATGGATTCCATTCTGAAGAGCAATCCATCTTTGGAGATTGTGATACTCTTACACTGTTAGTGATCATAAAATTGTG
 AAATCTGTAAAGTCATACTAAAGATTGCAAAAACAGAGTACGTGTCCTCATTGATGATTGGAGGGGCGAACGCTGT
 GACATTGACCCAGAGCATCCAGAAAAGCAGAGAAAATCCAAATGGTCTTTACTCTGCTTCCAACACCATTTATGTGCG
 TGGACAAGAAGGGAGATCATTTCCACCCTAAGGCCATCATTTGGATCATCTCAGTTGTTGCACAATTCTATCAAAAT
 GGAAGGAGTCTCCTTTATTGCTCACTCTAATTCACACTCTATTTTGAAATCTGTTGAAGATATCTCAGAACCCTATGG
 TTGTTGTTGGAATCCCACTCAAGGATCTCAAAATACGAATTTGAAGATAAAGAATATCAATGGAAATCTGACAGAG
 ACCTCAAGGCTCGTGAAGAACATTATCCACTGGTGAATTTTGGAGAGTGACATGTCCACTTTGTCAAAATATGT
 TAAGGAAAAGCTCAACAAGTTCATGACATCATGCAACTCTTTCAAAATGACAAAAGATGCCATTGCAGAAGCTCA
 TGATAATGGAGTAACAGTATGGTACCCGGTATGTTGGCTATGGACTACAATACATTGAAGGCTATGCTGAAGA
 ACTTCACTCAGACAAATCTGATGAAGGTGATTCAAAATACAATCTTTCAATGAACCTTTGGGAAGTTTAGGAACC
 AGCGCTTCTGCACTCCTGGTCCGTGACATGATCATGGAAGACAAATTTGAAAACCTTCAGGGATGCTGTCCGTGCTC
 TTAATGCCATTCTTTCCATATTCGTCAACCCTAACAAGCAACTTTGAGTGAATTCGAAGCTTTGTACAACCTACGAT
 GGAGATCAACTCCTCAAAGATGCCGTCCCAATTTGTTGGACACTAGCACGAGTTACCTGCCAAAAGAGCCGGA
 GTAATGCACTCCCCTGCTTCTAAAGAATGTTTCCACTCTGTTGTGCGATGGATACGCCGATAAAAACAATTGAAAAA
 TTATGGGTGCATCTGACCACAAAGAGCAAAATTAAGCTTCTTGGAATGTTGTTCAATCTTCGCTATGGAACGTTGC
 TGAAAAATTAAGCCTCTTATTTATGGAGAACTGAGATCAAATGTGGACATCTCCGTAATCTTGTCTTTCAAGCT
 GCTGCTTTTGGAGCAATCAACAACGGAAAGGGAGCTGAATATTTATTGCCCATTTTGGCGGACAGTGAAAACCTCTC
 ATGAACCTTAGATTGACAGCTCTCTCATACTTGTATGGATGCTCATCCACCCGCAACTCACTTTAACACCATCGTTGCT
 GTACTTTACAGAGAAAAAGATTATGAAGTTATCAACTATGCTTTTACACTCTTGGATAAAATATGCAACCAATATTA
 ACCCTGCCAAAAAATCGGTCTCTGTATTGGCCAAATACTTCTTGAAATATCTTAAGCAATACAGTCATTTTGAAC
 TGACTATGGATTGGGAGTGTCCAAAACCTTATAGTCGTCAATTCCAACAATCTAAATACGGGTATGGAGGTGAATAC
 AGCTACTGGGTCATTGGATCTCATAGTTCTACCCTTCTCTGAGTGTGCAATGTGTATGGACACAACCTTGTGTTGG
 AGGATATACCGCTAATGGAATGTGTGTGCAATTAAGAATTGAAGGATTGTCCAAGGCTCTCATCCGTAATTCAG
 ACGATGAGCCAGATATCTGGAATCTGAAGATCTCAAAAGTATCTTAATGGGAGATATGAACATTAAGGAAAAA
 CCTGATCAACCAATCAACGTTGAGGTTCTCTTTTCGTGAAGAACTCAGTTGTTGCATTAGACAAATATAACGAAG
 ATTCAATTAAGGAAGGTGGGAACCTGAAAGAAATTTTCGATCGATTGAAAGGACTTGGAGACACCTACTCCATTA
 ATCACCAGAGCAATGAGATTGGAAGCCTCTTGTACCAACAACCCCTTGAAGTCCGTTGCTCCAGTCTCTTACTT
 AAATCATTACCCGGCGTTTGTATGTTCAAGCTACAATTAAGAAGGGAAATGCCAGAGGCTTATGTTTCAGAGAT
 GTCAAAATATAACATGAACCTTTTGGACATGGATCTCGTATGATGATGGTTCAAAACCCACAATCAAAGATGTTTT
 ATTCCATTTCTCAAAACCGCATTTATGGCTCCCATTTCCTCAAGAGAATTTGTCTATTGGAGTTAATCCATTGAAGAAA
 GAGTTTAAATATCTATTCAACGGCCTCTTATGAGAAATCCACTCGTACTTATGATGCACTCTTAACAAAAGTTTA
 CACTGGATCTCAAAATGTTAATGAAAAGCAGGATATTTACGCCAACTGTCTGAGTGCAAGTCTGATCTACTCTGTA
 TCGTATGGTCCAGATGCTTAAACACAGAGTCTTTTAAACCAATGATTGCGATAAGACTGCTCTTATATTACAG
 GGAATACTTTGACTGTGAAATGGAATCCAATAGGGGAAAGGTCTTATACCATTGTGGAGAGCCATGTTACCTTA
 TAACAAAACCCCTAAGACCTTTGGAAATGGTATTCGATGGGTATTCGTCAAAATCAGAGCTTATTTGTTTCTTCC
 CAAGAGCTGAAAAATGTGGAGCAATGCTTCGCTGGTCACAATCAAAAGGAAAATCCAGTTAAAGAGCTTGAAATTT
 CTATGAGATTCAATGCTAATCCCAATGGCGAGCGCTTTTTCTTTAGAGGACGTAATGGGTAGTCACAACTATTAT
 CAAAGCCAAAGGAGAACCAAGATAGGGTATACAAAATTATTTGGGACATGAATTCCTCTGGATACATTGA
 GAATCGTCTCAAGTTTAGAATGCAAGAGCTGCAGTTCCTGGAATATGTCTGATTATCTATTGCTTCAATATGG
 AAAACAAGTACCCAGACTTTGGAGAAGAGTTTATGACTTATGACAAGAGCACTCAATTAATAATGACTGGAAAG
 CAAAACCTCAATATGGTGTCTGTCAGACTGTGACTCTACTCTGGAGAAATGAAATTAAGCTTCAAAACATGAAAC
 AACTGAAGAAGCAAGAGAGGCTATGAAACACACTGGTACTATGAAAAGTGTATGGAACAGAAAGAACAGCCAG
 AATGGGCAACAGAGGTGATAAACTTCCATTACACAAGCTTGCCACATGACAACATGGGATGCAACTACTGCAC
 GTAAATACTCATGGAAGATGAACCTTGTAAAGATGACTGATCGCATGAATGCTATTGTTTCTCAATTCCAAGTAT
 CATGAAAACCTGGTCTTTTACCTTACTGGGACATTGATCCAGAAATATCCAGCTACAAGTGCTGATCCCCACATG
 AATATCAAAGCTACCCTTAAAAACACGACAAGAATGTTGATATGTACATGGAAACCAAGTCAGGGAGGTCAACGT
 TTCAACGATATTCCTCTTAGTTTAAATTTGGCGCCCAATGTTGAGAAACCTTAAGTTTACATCCACCACTAGACGCTCT
 CATGCAATACAAAATTATCCATGGATGTACTACCAACTTGACCATGTATATACTCTTGCAATGTCCACATATCTCT
 TACACACCTACCTCATGCTGGACGTTGGCTTCTGGACACTGTTCCCCACATCCAACCTTATGCAGTTTGTGCAAAAA
 GTCTGCAGGATCTCATTTAGATGCTAAAAATTATTTGGGCGGTACACAGCATCGAATTTCAAAACAAGTGGCCCAAAG
 AAGATTAATGTTCTCATCAACGGTGAAGCTATTGATGTAGGAGAGGAGGAACATGTTTATGAACAAGACGGACAA
 GAAATTTTCAAGGTCTTAAAAATGGGGATCAAGTTACAGTGTCTTCTTCTTGAAAAATCTGGGTAGTCTATGATG
 GCCATGCAGTCAGCTTAATCCCTGCTCCATCTGTTACGGGTCAACATTGCGGTTTGTGTGGAACCTTCAACAGAAA
 CCAATATGATGAATTTGAAAGCAAGGATGCTCATCAATTGAAGACATCCGACGAGCTTGTGGAAGATTATAAATG
 GAAGTGTGGAATTTATTTCTTTCATCG

FIG. 12

Proteína 1 SEP **SL-0547**
>SL0547DRFL

CTTCTTAAATCCTGAAAAGGTAGTAGTAGAACTTCCACGGAAATGGCGAA
GAACAAGAACGTCGGTAAGCCGAGGAAGTACAAGTTAGCCTCCGGAGTC
GTCCGGTTCGGCAAATCTAAAATGTACCACAAGAAGGCAATCTATAAATT
CTTGAAGAAGACAACCTCCCAAAAAGGTTGAGGCCAGTAAGCCCGCCTTCG
TTGAGAAGAAGGTCGGAGGTGCCAAGAATGGGGGTACTCGTATGGTTTCGC
GTCAAGAAGTTGAAGAACGACTTCCCCACCATGGAAAGACGTGCTCATAG
AATCGCCAAGAAGCCTGAAAAGCTCTCTCGCAGGGTCCGTCCTACCCTCA
CCCCTGGAAGTATTGCAGTTATTCTTGCAGGTATCCACAAAGGAAAGAGA
ATCGTCATTCTCAAGGAGCTCTCCAGTGGAATGCTTCTGATTTCTGGCCCC
TTCAAGCTTAATAACTGCCCAATTAGAAGGATTAATCAACGCTATTTGTTG
GCCACATCAACCAAGCTCGATGTTTCATCCATTAAAATGCCCGAGAACAT
TAATGATGATTACTTCCGTCGTTTAAAGAGCCGCCAAGAAGCCAGCTGGTA
GTGTATTCGAAGGTAAAAAGGAAGAATACAAACCTTCTGAACAACGTAAG
AAGGACCAAGTCGAAGTTGATAAGCAGCTCCTCAATGTCATCATGAAGCA
CCCCGAAGCCTCTCTTTTGAAACAATACTTGAAGAAGTCCTTCGGTCTTAG
CAAGGGACAATATCCTCATAATATGAAATTTTAATTGTCGTCTTGTTAAAT
AAAACATAAAATTCCTCGC

FIG. 13

Proteína 2 SEP **SL-0858**
>SL0858C4

TCAATTTGATTGATCCAGGAAGAGAAACAATGAAAGATCATTGCCATCTTTG
CACTTTTGTTCATTGCCGTGTCTGGAGAGGATCTGGAGTGGGAGTCCTGCA
ATCCCGATAACTTGGGAGAAGGAGACATTGCCCTCTCTCCTTATCCCCTTC
CAGTAGTTAGTGGAACCAAGTCTGGATTTGAAAGCCCTCTTTGATCTTCACA
AGGACCTCGATGGAGATGTGGATGTTGAACTCAAGTTGGTCAAGAAAGGA
ATTGTCTCCATTCCCATCCCCTGCATTGAAAGCCCTTCAGGCCTGCATTTG
GGCTCTTGTTCTACAAACTGGAGGAGATTGTCAGCAAATATGCGTATTTC
TTGTGTCCAGACTATTTTCCAGAGGGCCAAAGCTGTTCTTTCCCTTTGAAG
GCAGGACAATATGGAGGTGAGATCTCTGGTATTGTTCTACCTGACATCCC
ACCTTCCATTTCCAACCTCGCCAAGGGAACCATTCATGGAACCTCTCTCTGT
GACCAGAAACGGGGAAGAAGTTTTCTGTATCAATGGAGATTTGAAAATGA
CAAATTAATCCTTGTTTCTGTATCC
ATATTTGAA

FIG. 14

Proteína 3 SEP SL-1469
>SL1469FLRD

CCATTCAAGATGAGAGTACAGCCCTCCTTTGCTTATTTGTTGCCGCTGTCAGCGGAAGCATATTTGAAGATGGAA
AGCAATATGTATTTGATTGAGAGACATCTGTTGTTGTTGGTACGATGGACCATGCTCCACACTCATCTGGATTGTC
TTACAAGCACCATACTACCATGCAAGTTCAAGGAGATAACATCAAAGTGAAGCTTTCTGACGTTGAATTCACAA
TTCAATGGAAAACATGAGAATGGAGAGTTCCCATTTGACCACACTAACTTTGTTGCAACAAACAGAGACATTCTG
CATTTGAAGTTCAGTTGGACTCCCATGGATTGTTTTCATCCCTCAAAGTTGGTCTAACTGACACTATTCCAACG
TAACATGATCAGAGGATGGGCTCAAAGACTCCAATTGAACATGGATAAAATCAACAATCATGGACATGGATTCCAT
TCTGAAGAGCAATCCATCTTTGGAGATTGTGATACTCTTTACACTGTTAGTGATCATAAAATGTGAAATCTGTAA
GTCATACTAAAGATTGCAAAAACAGAGTACGTGTCTCATTTGATGATTGGAGGGGCGAACGCTGTGACATTGACCC
AGAGCATCCAGAAAGCAGAGAAAATCCAAATGGTCTTTTACTCTGCTTCCAACACCATTTATGTCGTGGACAAGAAG
GGAGATCATTTCCACCCTAAGGCCATCATTGGATCATCTCAGTTGTTGCACAATTCTATCAAATGGAAGGAGTCT
CCTTTATTGCTCACTCTAATTCAACATCTATTTTGAATCTGTTGAAGATATCTCAGAACCTATGGTTGTTGTTGG
AATCCAGTCAAGGATCTCAAATACGAATTTGAAGATAAAGAAATATCAATGGAATTCTGACAGAGACCTCAAGGCT
CGTGAAGAACATTTATCCACTGGTGAATTTTTGAGAGTGACATGTCCACTTTGTCAAAATATGTTAAGGAAAAGC
TCAACAAGTTCATGACATCATGCAACATCTTCAAATGACAAAGATGCCATTGCAGAAGCTCATGATAATGGAGT
AAACAGTATGGTACCCGGTATGTTGGCTATGGACTACAATACATTGAAGGCTATGTCTGAAGAACTTCACTCAGAC
AAATCTGATGAAGGTGATTCAAATACAATCTTTTCAATGAACTTTTGGGAAGTTTAGGAACAGCGCTTCTGCAC
TCCTGGTCCGTGACATGATCATGGAAGACAAATTTGAAAATCTCAGGGATGCTGTCCGTGCTCTTACTGCCATTC
TTTCCATATTCGTCAACCCTAGCAAGCAACTTTTGAGTGAATTCGAAGCTTTGTACAACCTACGATGGAGATCAACTC
CTCAAAGATGCCGTCCCAATTGTTCTTGGACACTTAGCACGAGTTACCTGCGAAAGAGCCGGAGTAATGCACTCCC
CTGCTTCTAAAGAAATGTTTCCACTCTGTTGTGCGATGGATACGCCGATAAAACAATTGAAAAAATTTATGGGTGCATC
TGACCACAAAGAGCAAATTAAGCTTCTTGGAAATGTTGTTCAATCTTCGCTATGGAAACGTTGCTGAAAAATTAAG
CCTCTATTTATGGAGAACTGAGATCAAATGTGGACATCTCCGTACTCTTGTGTTCAAGCTGCTGCTTTTGGAG
CAATCAACAACGGAAAGGGAGCTGAATATTTATTGCCATTTTTCGCGACAGTGAAAACCTCATGAACCTTAGATT
GACAGCTCTCTACTTGTATGGATGCTCATCCACCGCAACTCACTTTAACACCATCGTTGCTGTACTTTACAGA
GAAAAAGATTATGAAGTTATCAACTATGCTTTTACACTCTTGGATAAAATATGCAACCAATATTAACCCCTGCAAGA
AATCGGTCTCTGTATTGGCCAAATACTTCTTGAAATATCTTAAGCAATACAGTCATTTTGAACCTGACTATGGATT
GGGAGTGTCCAAAACCTTATAGTCGTCAATTCCAACAATCTAAATACGGGTATGGAGGTGAATACGCTACTGGGTC
ATTGGATCTCATAGTTCTACCCCTTCTCTGAGTGTGCAATGTGTATGGACACAACCTTGTGTTGGAGGATATACCG
CTAATGGAATGTGTGTGAATTAAGAATTGAAGGATTGTCCAAGGCTCTCATCCGTAATTTCAAGACGATGAGCCC
AGATATCTGGAATCTGAAGATCTCAAAGTATCTTAATGGGAGATATGAACATTAAGGAAAGACCTGATCAACCA
ATCAACGTTGAGGTTCTCCTTTTCGTCAAGAACTCAGTTGTTGCATTGACACAATATAACGAAGATTCAATTAAGG
AAGGTGGGAACCTTGAAGAAATTTTCGATCAATTGAAAGGACTTGGAGGCACCTACTCCATTAATCACCAAAGAGC
AATGAGATTTGGAAGCCTCTTGTACCAACAACCCCTTGAAGTCGGTGCTCCAGTCTCTTACTTAACTCATTCAAC
GGCGTTTTTGATGTTCAAGCTACAATTAAGAAGGGAAATGCCAGAGGTCTTATGTTGAGAGATGTCAAATATAACA
TGAACCTTTTTTGGACATGGATCTCGTATGATGATGGTTCAAACCCACAATCAAAGATGTTTTATTCATTTCTCA
AAACCGCATTTATGGCTCCCATTTCCTCAAGAGAATTTGTCAATTGGAGTTAATCCATTGAAGAAAGAGTTTAAATTA
TCTATTCAACGGCTTCTTATGAGAATCCACTCGTACTTATGATGCACTCTTTAACAAAAGTTTACACTGGATCTC
AAAATGTTAATGAAAAGCAGGATATTTAGCCAACTGTCTGAGTGCAAGTCTGATACTCCTGTATCGTATGGTCC
AGATGCTGCTAAAACAGAGTCTTTTAAACCATGATTGCGATAAGACTGGCTCTTATATTACAGGGGAATACTTT
GACTGTGAAATGGAATCCAATAGGGGAAAGTCTTATACCATTTGTGGAGAGCCATGTTACCTTATAACAAAACCC
CTAAGACCTTTGGAAATGGTATTCGCATGGGTATTCGTCAAATCAGAGCTTATTTGTTTTCTTCCCAAGAGCTGA
AAAATGTGGAGCAATGCTTCGCTGGTCACAATCAAAGGAAAATCCAGTTAAAGAGCTTGAAATTTCTATGAGATTC
AATGCTAATCCCAATGGCGAGCGCTTTTTCTTTAGAGGACGTAAATGGGTAGTCACAACATATTATCAAAGCCAAAG
GAGAACCACAAGATAGGGTATACAAAATATTTTGGGACATGAATCACTCCTGGATACATTGAGAATCGTCTCAA
GTTTAGAATGCAAAGAGCTGCAGTTCCTGGAATATGTCTGATTATTCTATTTGCTTCAATATGGAAAACAAGTAC
CCAGACTTTGGAGAAAGATTTATGACTTATGACAAAGAGCACTCAATTAATAATGACTGGAAAGCAAAACCTCAAT
ATGGTGCTGCTGCAGACTGTGACTCTACTCCTGGAGAAATGAAATTAAGCTTCAAACATGAAACAACCTGAAGAAGC
AAGAGAGGCTATGAAACACACTTGGTACTATGAAAAGTGTATGGAACAGAAGAAACAGCCAGAATGGGCAAACAGA
GGTGATAAACTTCCATTACACAAGCTTGCCACATGACAACATGGGATGCAACTACTGCTCCGTAATAAC

FIG. 15

(proteína adhesiva de mejillón) SL-0927

>SL0927R61

CCAATTCTAGCTAGTCACTATGAACTAGTCAAAATAATTTATATACTGTTTTTATA
 TTGATTTTTATTTATATATTATTACATCCTTGAGGACTTTTGAACAAAGGTGTTTCGT
 AGTAAACTTTTGAGTCATTATTACATAGTTGTCATACCTATTTCAAGGATAATAAG
 GACGATCATCATGAAAACATCTATTATTTTCTCACTGTATGTTCTGCCTTCTATAC
 TGCACCTTGCTGTAAGTGAAGATAAAACTATTATAGCTGAAGACCTGACAGCTGT
 AGAGTCACGCTATAAAGTAGATGCAAACCCCTCACCTTATGTTCCCTCCACAACCA
 GCACCAGATTTTGATTACTTTGCACCCACTGTATCTCCTTCTTTCTCCCAATCGC
 ATCTCCCTCTCCTTCTTCCCCTGTTACATCCTACTTTACACCCACAACCATTCCTCC
 AGTGACTCCCTCGACCACAACGACCACTGTTACAACAACAACCCCTGCCACATCT
 ACTTACAGAAAGTTATTCTTTCCAACGTCTTTCAAACCATCTTTTCTTTCTTCTCGA
 AAAAAGTTAACCACAACCTACAACAACGCCGGCTACAACATCCTCAACAACAACA
 ACAATAACCTTCACCCCAACTACTTCACCCCTCCATCTGCTAATGAAGTTCGAA
 CAACATTAAACCCATCCAAAGTAGCCTCAAAAACAAGTCATATACCCGCCCTCT
 TTAATCCAAAAGAACTTCTTACGCAAGAAACCCCTCTGTATATTACAAAGTTAAG
 AAAAATCCCGTCAAGTTAAGAAAAGTTAAGAAAATTCTGAGACCTGTGAGTTACT
 CAACTCCTCAGACTCATCCGAGCAGCAGCACTGTTTCAACCACAAGAGACTATCC
 AAGTAAATCTCTTGAAAGTTTAAACGCAAACTAAGAGTCCAGAAATAGTATCGGCC
 TTTACTCCGGTCTCAGTCTCAAAAAGTCTATTAAATCATTGAATGCTCGAAAAT
 CCATTTATGCAAGTCCATCTACCCCATCTTTTAGATATTCACCAACAACACCTTCT
 TCATATCAAAGTCTTAAGCCATTTGAGCCCAACCTATTTCATAGATTTCAGATCTA
 AGCCAGGCTACAAGTCTACCAGATCCAAACCTACTTATGTTTCGTCACGACCAC
 CCACCCAGCGTATGTATCATCTACTATTAGTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTA
 GTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTAGCCAGCCTATGCATCCACAACAGTTAA
 ACCTGTCTTTGTTTCTACGACAGCAAATGAAATATACTATAACGCCCGAACCAAAA
 AGGGTACGAAGTCTTCCACTTACACGAGAACAAGCACATCTCTATTTCATCTATTTC
 CTTATGATTCAACAACCTACATCAAGGCAGCCTCCAGCTCCTGTTTCCTACAGTAC
 ACCTAAGCCCCACTCGAAACAACATAGCCAATATCGCGAATTGCCATTGACTAGA
 GAGCAAAGTGAACACATTGAGTTTAGTACTCCCGTAAAGGCTAATACGAAGCCTT
 ACAATAATAATATACAATTTAATCCTGTAAGACGGATTCTTCTCATTATAGAAA
 TCATCAAGCGTTGAATGAAATACGTCGGGAGGAAAAGTATCCTGCACAACCCCTAT
 TCCTTCAGCTATGATATCAAAGATGAGACAAGTGGAACGGATTTTTTCCGCTCTG
 AAGAAAGCTCAGGCCCTGTGACGAAGGGAAGTTATAAGGTGGCTCTTCTGATG
 GTCGTATTCAAATTGTTGAATATATTGCAGATGAAAATGGCTATAAGGCCACAGT
 TTCCTATGAGGGAGAAGCTGTTTTCCCAAATCCAGATGATTTTGAAGAAGAACCA
 ACTCGGAGAACTTTTAGACACTCAAGAAAAGTTCGATATTGACTCTGTACCCAATA
 ACAACTACTCATTTTTTGCAGGAATAGAGTCCGTGGTGCAGGGACTACAGAAAAAG
 CTCCTTCTCCTCAAGACACAACCATTCGTCCAGTCAGTCTTCCATTAAGACATCGA
 TTATCTCGTGCCGAAGTCTCAAAATCACTTCNTACGAGTCCGTTTCTTATGCTGT
 GAGTAGTACGTACCCAGCTCCATTACCTTCTAGTCAAGGCCCAACAGTTTTCGT
 GTTCATCATTCTTACCAAATGTTGAGGGACGAGTATTACATCACTCAACACCTC
 CAGTCAGCTATTTCCCAACTCCCCCAAATCGCGACAACCTCAAAAACCCAGATTCT
 TCATAACGCCAATTACGAAGAAGCATTACGAGACTATGGAATTAAGGTTGATTAT
 TAAATACCTTTACTTTTTTGTGATCCATTTAATATGGGTTATAAATATATTATTAGT
 ACTCATTGTTTATTTATTGTAAAAGCCGTTTAGTTGTTTCAGATGAAAGTG

FIG. 16

SL-0903 similar a vitelogenina

FQRMIRGWAQRLQLNMDKINNHHGHGFHSEEQSI FGDCDTLYTVSDHKIVKSVSHTKDCKNRVHVLIDD
 WRGERCDIDPEHPESRENPNGLYSASNTIYVVDKKGDHFKAIIGSSSVVAQFYQMEGVSFIAHSNST
 SILKSVEDISEPMVVVGIPVKDLKYEFEDKEYQWNSDRDLKAREEHLSTGEFFESDMSTLSKYVKEKLN
 KFHDIHQHLSNDKDAIAEAHDNGVNSMVPGLAMDYNTLKAMSEELHSDKSDEGVFKYNLFNELLGSLG
 TSASALLVRDMIMEDKFENFRDAVRALTAIPFHIRHPSKQLLSEFEALYNYDGDQLLKDAVPFIVLGH
 RVT CERAGVMHSPASKECFHSVVDGYADKTIEKIMGASDHKEQIKLLGMLFNLRYGNAEKLKPLIYGE
 TEIKCGHLRTLAVQAAAFGTINNGKGAEYLLPIFADSENSHELRLTALSYLMDAHTATHTNTIVAVLY
 REKDYEVINYAFTLLDKYATNINPCKKSVSVLAKYFLKYLKQYSHFETDYGLGVSKTYSRQFQQSKYGY
 GGEYSYVWIGSHSSTLPLSVAMCMDTTLFGGYTANGMCVQLRIEGLSKALIRKFKTMSPDWKSSEDLS
 ILMGDMNIKERPDQPINVEVLLFVKNSVVAFRQYNEDSIKEGGNLKEIFDQLKGLGDTYSINHQRAMRF
 GSLLYQQPLEVGAPVSYLNSFTGVFDVQATIKKGNARGLMFRDVKYNNMFFGHGSRMMMVQNPQSKMFY
 SISOQNRIYGSHPREFVIGVNPLKKEFKLSIQRPSYENPLVLMHSLTKVYTGSQNVNEKQDISANCP
 CKSDTPVSYGPDAAKTRVFLNHDCDKTGSYIHGEYFDCMESNRGKVLYHLWRAML PYNKNPKTFGNGI
 RMGIRQIRAYFVFFPRAEKCGAMLRWSQSKENPVKELEISLRFNANPNGERLFFRGRKWVVTTIKAKG
 EPQDRVYKIILGHEFTPGYIENRLKFRMQRAAVPGIMSDYSICFNMENKYPDFGEEFMTYDKSTQLKMT
 GKAKLQYGAAADCDSTPGEMKLSFKHETTEEAREAMKHTWYEEKCMEQKKQPEWANRGDKLPFTQACHM
 TTWDATTARKYSWKMN FVKMTDRMNAIVSQFQSIMKTGLLPYWDIDPEIIPATSADPHMNIKATLKNHD
 KNVDMYMETSQGGQRFNDIPLSLNWRPMLRNKFTSTTRRLMQYKIIHGCTTTIDHVYTLDNVTPYTP
 TSCWTLASGHCSPHPTYAVFVKKSAGSHLDAKIYLGHSIEFQTS GPKKINVLINGEAIDVGEEHVHE
 QDGQEIFKVLKWGSSYSVYSFLKIWVVDGHAVSLIPAPSVTGQHCGLCGNFNRNQYDEFESKDAHQLK
 TSELDVEDYKWK

Acieros de BLAST:

tr	Q9NDN7	_TENMO	Proteína relacionada con la melanización	[160 kDa MRP]	[Tene... 147 2e-33]
tr	O17428	_9HYME	Vitelogenina [Pimpla nipponica]		73 4e-11

FIG. 17

Proteína 1 SEP SL-0547

MAKNKNVGKPRNYKLASGVVRFGKSKMYHKKAIYKFLKKTTPKKVEASKPAFVEK
KVGGAKNGGTRMVRVKLKNDFPTMERRAHRIAKKPEKLSRRVRPTLTPGTIAVILA
GIHKGKRIVILKELSSGMLLISGPFKLNNCPIRRINQRYLLATSTKLDVSSIKMPENIND
DYFRRLRAAKKPAGSVFEGKKEEYKPSEQRKKDQVEVDKQLLNVMKHPEASLLKQ
YLKKSFGLSKGQYPHNMKF

Aciertos de BLAST:

tr Q5UAT5_BOMMOProteína ribosómica L6 [RpL6] [Bombyx mori (Silk m... 242 6e-63

FIG. 18

Proteína 2 SEP SL-0858

MKIIAIFALLFIAVSGEDLEWESCPDNLGEGDIALSPYPLPVVSGTSLDLKALFDL
HKDLGDVDVELKLVKKGIVSIPIPCIESPSGLHLGSCSYKLEEIVSKYAYFLCPDY
FPEGQSCSFPLKAGQYGGEISGIVLPDIPPSISNLAKGTIHGTLSVTRNGEEVFCIN
GDLKMTN

Aciertos de BLAST:

tr Q5EN79_9CNID Proteína similar al activador de gangliósido M2 . [Aurelia a... 44 0.001

FIG. 19

Proteína 3 SEP SL-1469

MRVTALLCLFVAAVSGSIFEDGKQYVFDSETSVVVGTM DHAPHSSGFAYKHHTTMQV
QGDNIKVKLS DVEFSQFNGKHENGEFPFDHTNFVATNRDIPAFEVQLDSHGLFSSLK
VGPKLTLFQRMIRGWAQRLQLNMDKINNHHGHGFHSEEQSIFGDCDTLYTVSDHKIV
KSVSHTKDCKNRVHVLIDDWRGERCDIDPEHPESRENPNGLYSASNTIYVVDKKGDH
FHPKAIIGSSSVVAQFYQMEGVSFIAHSNSTSILKSVEDISEPMVVVGIPVKDLKYE
FEDKEYQWNSDRDLKAREEHLSTGEFFESDMSTLSKYVKEKLNKFHDIMQHLSNDKD
AIAEAHDNEVNSMVPGLAMDYNTSKAMSEELHSDKSDEGVFKYNLFNELLGSLGTS
ASALLVRDMIMEDKFENFRDAVRALTAIPFHIRHPSKQLLSEFEALYNYDGDQLLKD
AVPIVLGHLARVTCERAGVMHSPASKECFHSVVDGYADKTIEKIMGASDHKEQIKLL
GMLFNLRYGNVAEKLKPLIYGETEIKCGHLRTLAVQAAAFGAINNGKGAEYLLPIFA
DSENSHELRLTALS YLMDAHPTATHFNTIVAVLYREKDYE VINYAFTLLDKYATNIN
PCKKSVSVLAKYFLKYLKQYSHFETDYG LGVSKTYSRQFQQSKYGYGGEYSYWVIGS
HSSTLPLSVAMCMDTTLFGGYTANGMCVQLRIEGLSKALIRKFKTMSPDIWKSEDLK
SILMGDMNIKERPDQPINVEVLLFVKNSVVAFRQYNEDSIKEGGNLKEIFDQLKGLG
DTYSINHQRAMRFGSLLYQQPLEVGAPVSYLNSFTGVFDVQATIKKGNARGLMFRDV
KYNMNF FGHGSRMMM VQNPQSKMFYSISQNR IYGSHFPREFVIGVNPLKKEFKLSIQ
RPSYENPLVLMMHSLTKVYTG SQNVNEKQDISANCPECKSDTPVSYGPDAAKTRVFL
NHDCDKTG SYIHGEYFDCEMESNRGKVL YHLWRAML PYNKNPKTFGNGXRMGIRQIR
AYFVFFPRAEKCGAMLRWSQSKENPVKELEISMRFNANPNGERLFFRGRKWVVTII
KAKGEPQDRVYKIIILGHEFTPGYIENRLKFRMQRAAVPGIMSDYSICFNMENKYPDF
GEEFMTYDKSTQLKMTGKAKLQYGAAADCDSTPGEMKLSFKHETTEEAREAMKHTWY
YEKCMEQKKQPEWANRGDKLPFTQACHMTTWDATTAP

Aciertos de BLAST:

tr Q9NDN7 _TENMO Proteína relacionada con la melanización [160 kDa MRP] [Tene... 137 1e-30

Proteína relacionada con la melanización [160 kDa MRP] [Tenebrio molitor (Gusano de la harina amarillo)]

sp P18948 VIT6 _CAEEL Precursor 6 de la vitelogenina [vit-6] [Caenorhab... 67 2e-09

tr Q7KPP7 _CAEEL Genes estructurales de vitelogenina. (Gen de la proteína de la yema 67 2e-09

tr Q8JIF9 _9GOBI Vitelogenina [Vg-530] [Acanthogobius flavimanus] 66 4e-09

FIG. 20

proteína adhesiva del mejillón SL-0927

MKTSIIIFSILVLP SILHLAVSEDKTIIAEDLTAVESRYKVD AKPSPYVPPQPAPDFD
 YFAPTVSPSFSPIASPSPPSPVTSYFTPTTIPPVTPSTTTTTVTTPATSTYRKLF
 FPTSFKPSFLSSRKKLTTPATTSSTTTITFTPTTSPPPSANEVRTTLNPSKV
 ASKTKSYTRPLYSKNFLRKKPSVYKVKKNPVKLRKVKKILRPVSYSTPQTHPSST
 TVSTTRDYPKSLES LTQTKSPEIVSAFTPVS SVSKS IKS LNARKSSYASPSTPSFR
 YSPTTPSSYQSLKPFEPKPIHRFRSKPGYKSTRSKPTYVSSTTTHPAYVSSTISPAY
 ASSSVSPAYASSSVSPAYASTTVKPVFVSTTANEIYYTPEPKRVRSLPLTREQAHL
 SSIPYDSTTTSRQPPAPVSYSTPKPHSKQHSQYRELPLTREQSENIEFSTPVKANTK
 PYNNNIQFNPVRRIPSHYRNHQALNEIRREEKYP AQPY SFSYDIKDETS GTDFRSE
 ESSGPVTKGSYKVALPDGRIQIVEYIADENGYKATVSYEGEAVFPNPDDFEEEPTRR
 TFRHSRKVDIDSVPNNNYSFLNRNVRGAGTTEKAPSPQDTTIRPVSLPLRHRLSRTE
 VSKSLPTSPFPYAVSSTSPAPLPSSQGPQRFVRVHSSPNVEGRVLHHSTPPVSYSQL
 PQIATTQKPRFLHNANYEEALRDYGIKVDY

Aciertos de BLAST:

tr Q9V918 _DROME CG9036-PA (RE26879p) [CG9036] [Drosophila melano... 76
 2e-12
 tr Q5R283 _DROSI CG9036 [Drosophila simulans (mosca de la fruta)] 76 2e-12
 tr Q5R279 _DROSE CG9036 [Drosophila sechellia (mosca de la fruta)] 76 2e-12
 tr Q5TRT2 _ANOGA ENSANGP00000029010 (Fragmento)
 [ENSANGG0000002361... 75 4e-12
 tr Q9V6T6 _DROME CG6305-PA (GH20904p) [CG6305] [Drosophila melano... 74
 1e-11
 tr Q7QGL7 _ANOGA ENSANGP00000018947 (Fragmento)
 [ENSANGG0000001645... 70 2e-10
 tr Q9V7U0 _DROME CG15920-PA, isoforma A [CG15920] [Drosophila mela... 70
 2e-10
 tr Q9NDT7 _BALAM BCS-1 [bcs-1] [Balanus amphitrite (Percebes:)] 61 8e-08

FIG. 21

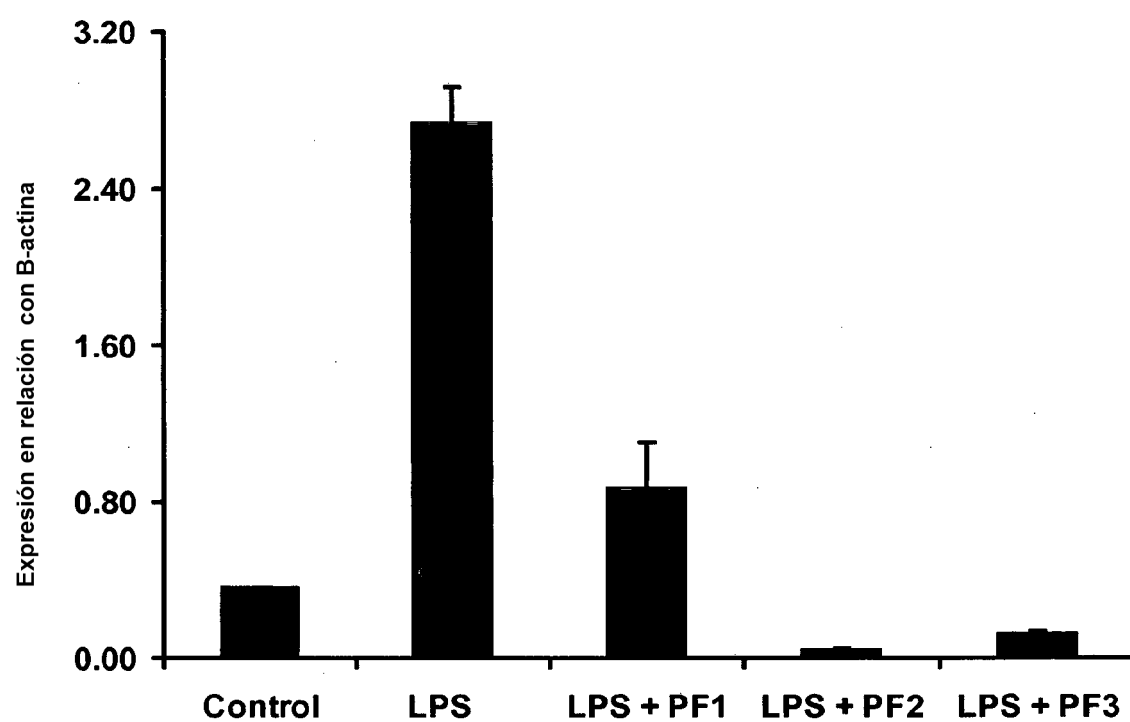


FIG. 22

