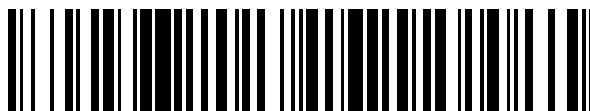


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 575 156**

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 11171461 (4)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **04.05.2016 EP 2397553**

54 Título: **Vacunas recombinantes contra copépodos caligidae (piojo de mar) y sus secuencias antigénicas**

30 Prioridad:

**28.07.2004 US 591626 P**

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

**24.06.2016**

73 Titular/es:

**NATIONAL RESEARCH COUNCIL OF CANADA  
(100.0%)  
1200 Montreal 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 2 575 156 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 caligidae (piojo de mar) y sus secuencias antigénicas

## Campo técnico

5 La presente invención se refiere de forma general a vacunas para salmones. Más particularmente, la presente invención se refiere a vacunas contra copépodos caligidae (piojo de mar) y sus secuencias antigénicas.

## Antecedentes de la invención

Una serie de especies estrechamente relacionadas entre sí de copépodos parasitarios de la familia *Caligidae* (copépodos caligidae) infectan y producen enfermedades en la cría de peces. Colectivamente, dichas especies se denominan piojos de mar. Existen tres géneros principales de piojos de mar: *Pseudocaligus*, *Caligus* y *Lepeophtheirus*. En relación a la producción de salmones por todo el hemisferio norte, una especie, el piojo del salmón (*Lepeophtheirus salmonis*), es responsable de la mayoría de los brotes de enfermedad en granjas de salmónidos. Este parásito es responsable de pérdidas directas e indirectas en acuicultivos por más de 100 millones de dólares de EE.UU. cada año (Johnson, S.C., et al., Zool. Studies 43: 8-19, 2004). Todas las etapas de desarrollo de los piojos de mar, unidos al hospedante, se alimentan del mucus, la piel y la sangre del hospedante. La unión y las actividades de alimentación de los piojos de mar dan como resultado lesiones que varían en naturaleza y gravedad dependiendo de: la especie de piojo de mar, su abundancia, las etapas de desarrollo presentes y la especie del hospedante (Johnson, S.C., et al., "Interactions between sea lice and their hosts". En *Host-Parasite Interactions*. Editores: G. Wiegertjes y G. Flick, Garland Science/Bios Science Publications, 2004, pág. 131-160). En el hemisferio sur, el *Caligus rogercresseyi* es el caligidae que más afecta a la industria de cría de salmón en Chile (González, L. y Carvajal, J. *Aquaculture* 220: 101-117, 2003).

Los copépodos caligidae presentan ciclos vitales directos que consisten en dos etapas de nauplius planctónicas de vida libre, una etapa de copepodito infeccioso de natación libre, de cuatro a seis etapas de fijación chalimus, una o dos etapas preadultas, y una etapa adulta (Kabata, Z., Libro 1: Crustacea as enemies of fishes. En: *Diseases of Fishes*, Editores: Snieszko, S.F. y Axelrod, H.R.; Nueva York, T.F.H. Publications, 1970, pág. 171). Cada una de estas etapas de desarrollo viene separada por una muda. Una vez alcanzada la etapa adulta, los copépodos caligidae no sufren mudas adicionales. En el caso del *L. salmonis*, los huevos eclosionan en la primera etapa de nauplius de natación libre, que viene seguida por una segunda etapa de nauplius, y después por la etapa de copepodito infeccioso. Una vez que el copepodito se localiza en un pez hospedante adecuado, continúa su desarrollo a través de cuatro etapas de chalimus, la primera y segunda etapas de pre-adulto y después una etapa final de adulto (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*. Editores: Boxshall, G.A. y Defaye, D., 1993, pág. 30-50). Las mudas se caracterizan por cambios graduales según va creciendo el animal y se ve sometido a modificaciones físicas que le permiten vivir como parásito de movimiento libre, alimentarse y reproducirse sobre la superficie del pez.

Los copépodos caligidae (piojos de mar) se alimentan del mucus, la piel y la sangre de sus hospedantes, lo que produce lesiones que varían en gravedad en función de la(s) etapa(s) de desarrollo de los copépodos presentes, del número de copépodos presentes, de su(s) sitio(s) de fijación y de la especie del hospedante. En situaciones de enfermedad grave, tal como las observadas en el salmón atlántico (*Salmo salar*) cuando es infectado por un número elevado de *L. salmonis*, se pueden observar grandes áreas de erosión cutánea y hemorragias sobre la cabeza y el cuello, y un área distintiva de erosión y hemorragia sub-epidérmica en el región perianal (Grimnes, A. et al. *J. Fish Biol.* 48: 1179-1194, 1996). Los piojos de mar pueden producir cambios fisiológicos en sus hospedantes que incluyen el desarrollo de una respuesta de estrés, una función inmunitaria reducida, un fallo osmorregulador y la muerte, si no son tratados (Johnson et al., ver anterior).

Existen varias estrategias de manejo que han sido usadas para reducir la intensidad de las plagas de copépodos caligidae (piojos de mar). Éstas incluyen: barbecho de los sitios antes de la reposición, separación de clase anual y selección de sitios de granja para evitar áreas en las que hay densidades elevadas de hospedantes silvestres u otras condiciones ambientales adecuadas para el establecimiento del piojo de agua (Pike, A.W. et al., *Adv Parasitol* 44: 233-337, 1999). Aunque el uso de estas estrategias puede reducir en algunos casos las tasas de infección de piojos de mar, su uso de forma individual o colectiva no ha sido efectivo para eliminar la infección.

Se han usado una variedad de productos químicos y fármacos para controlar los piojos de mar. Dichos productos químicos fueron diseñados para el control de plagas y parásitos terrestres de plantas y animales domésticos. Incluyen compuestos tales como peróxido de hidrógeno, organofosfatos (p.ej., 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 de piojos de mar se pueden clasificar en aquellos administrados mediante el baño (p.ej., organofosfatos, piretrinas) y aquellos administrados oralmente (p.ej., ivermectina). Los tratamientos de baño para el control de piojo de mar son dificultosos, caros de aplicar y pueden tener efectos significativos sobre el crecimiento de los peces después de los tratamientos (MacKinnon, ver anterior). Los productos químicos usados en los tratamientos

de baño no son necesariamente efectivos contra todas las etapas de piojo de mar que se dan en los peces. Actualmente, el uso de tratamientos orales tales como SLICE® (benzoato de emamectina) es el predominante en la industria de los salmónidos. Al contrario que los productos químicos administrados en los tratamientos de baño, SLICE® proporciona una protección a corto plazo contra la re-infección. Este tratamiento, aunque más sencillo de aplicar que los tratamientos de baño, sigue siendo caro y, como los tratamientos de baño, requiere de un periodo de retirada antes de que los animales puedan ser sacrificados para consumo humano (Stone, ver anterior). Como se ha visto en plagas y parásitos terrestres, no hay evidencia del desarrollo de resistencia en *L. salmonis* frente a estos tratamientos, especialmente en poblaciones tratadas frecuentemente (Denholm, I., *Pest Manag Sci* 58: 528-536, 2002). Para reducir los costes asociados a los tratamientos de piojos de mar, y para eliminar los riesgos ambientales asociados a dichos tratamientos, se necesitan nuevos métodos de control del piojo de mar, tales como vacunas.

Un rasgo característico de los sitios de unión y alimentación de los copépodos caligidae sobre muchos de sus hospedantes es la falta de respuesta inmune del hospedante (Johnson et al., ver anterior; Jones, M.W., et al., *J Fish Dis* 13: 303-310, 1990; Jónsdóttir, H., et al., *J Fish Dis* 15: 521-527, 1992). Esta carencia de respuesta inmune es similar a la reportada para otros parásitos artrópodos tales como las garrapatas en animales terrestres. En esos casos, la supresión de la respuesta inmune del hospedante se debe a la producción de sustancias inmunomoduladoras por parte del parásito (Wikel, S. K., et al., "Arthropod modulation of host immune responses". En *The Immunology of Host-Ectoparasitic Arthropod Relationships*. Editores: Wikel, S. K., CAB Int., 1996, pág. 107-130). Estas sustancias están siendo investigadas para uso como antígenos de vacuna para el control de dichos parásitos. Los piojos de mar, tal como el *L. salmonis*, como otros ectoparásitos artrópodos, producen sustancias activas biológicamente en el sitio de unión y alimentación que limitan la respuesta inmune del hospedante. Ya que estas sustancias tienen potencial para ser usadas en una vacuna contra piojos de mar, hemos identificado una serie de dichas sustancias de *L. salmonis* y hemos examinado sus efectos sobre la función inmune del hospedante *in vitro*.

Se han identificado antígenos potenciales usando una combinación de técnicas de biología molecular, proteómica, técnicas bioquímicas e inmunológicas. Por ejemplo, se ha observado un aumento en la actividad de proteasa en el mucus de salmón 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 actividad es debido principalmente a la aparición de una serie de proteínas de bajo peso molecular (18-24 kDa), que son producidas por *L. salmonis* y que fueron identificadas como tripsinas en base a la actividad, estudios de inhibición y el tamaño. Se identificó actividad de tripsina en mucus de salmón infectado usando absorción por afinidad de aminobenzamidina y zimografía de proteasa (Firth, K.L., et al., *J Parasitol* 86: 1199-1205, 2000). Se han caracterizado varios genes que codifican para tripsina en *L. salmonis* y se ha determinado el sitio de expresión de 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 varias bibliotecas de ADNc a partir de las etapas de copepodito, pre-adulto y adulto de *L. salmonis*. Un estudio de etiqueta de secuencia expresada (EST, del inglés "expressed sequence tag") de la biblioteca de pre-adulto dio como resultado la identificación de una serie de genes que codifican tripsina y proteasas relacionadas (que incluyen quimotripsina y otras de la familia de peptidasas S1), proteínas de choque térmico, proteínas de cutícula y enzimas metabólicas. Algunos de estos genes, tal como se describen en la presente memoria, tienen utilidad como antígenos en una vacuna del piojo de mar.

La actividad de tipo tripsina es secretada por *L. salmonis* sobre la piel del salmón y se cree que es usada por el piojo de mar para alimentarse del mucus, la piel y la sangre del salmón, así como para proteger al piojo de mar frente a la respuesta inmune del salmón (Firth, et al., ver anterior). Se descubrió tripsina en los productos de secreción (SPs) de los piojos de mar, tras estimulación con dopamina, mediante secuenciación de aminoácidos usando espectrometría de masas. La Tabla 1 muestra las secuencias de péptidos de tripsina secretada por *L. salmonis*. La protección contra tripsina de piojo de mar puede reducir el sustento del piojo, así como reducir la supresión de la respuesta inmune.

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

Coincidencias de proteína de Piojo de Mar	Fración de asociac. (grupo nº-fracción nº)	Ion de partida (m/z)	Mr (Da)	Error (ppm) <sup>a</sup>	Puntuación <sup>b</sup>	Secuencia de péptido (Inicio-final) <sup>c</sup>
Tripsina de Piojo de Mar (tipos 1-4)	1-2	579,80	1157,77	27	46	<sup>215</sup> FIDWIAEHQ <sup>223</sup> (SEQ ID NO: 25)
	1-1	638,35	1274,69	38	72	<sup>71</sup> IAVSDITYHEK <sup>81</sup> (SEQ ID NO: 26)
	3-6	920,18	1840,28	13	25	<sup>115</sup> DQEFIGDVVSGWGTI SSSGPPSPVLK <sup>141</sup> (SEQ ID NO: 27)

Coincidencias de proteína de Piojo de Mar	Fracción de asociac. (grupo nº-fracción nº)	Ion de partida (m/z)	Mr (Da)	Error (ppm) <sup>a</sup>	Puntuación <sup>b</sup>	Secuencia de péptido (Inicio-final) <sup>c</sup>
SL-0903 de tipo vitelogenina	1-1	580,28	1158,48	46	27	NQYDEFESK (SEQ ID NO: 28)
SL-1469 proteína SEP 3	1-1	724,85	1447,66	17	24	LSFEHETTEEAR (SEQ ID NO: 29)
	1-2	879,98	1757,91	29	72	IILGHEFTPGYIENR (SEQ ID NO: 30)
SL-0547 proteína SEP 1	1-1	604,31	1204,67	19	25	IVILKELSSGM (SEQ ID NO: 31) + oxidación M <sup>d</sup>
SL-0858 proteína SEP 2	1-2	1248,71	2495,33	65	35	AGQYGGEISGIVLPNIP PSISNLAK (SEQ ID NO: 32)

<sup>a</sup> Diferencia (en partes por millón) entre la masa medida y la masa predicha a partir de la secuencia de ADN.

<sup>b</sup> Puntuación de investigación MASCOT™, las puntuaciones por encima de 21 indican identidad u homología extendida (p<0,05)

<sup>c</sup> Secuencia peptídica de bromuro de cianógeno/tríptico predicha a partir de la secuencia de ADN.

<sup>d</sup> + oxidación M significa que la coincidencia MASCOT se dio para un péptido que contenía un residuo de metionina oxidado.

- 5
- La proteína de tipo vitelogenina se descubrió en los productos de secreción (SPs) de piojos de mar tras estimulación con dopamina. La vitelogenina ha sido reportada previamente como antígeno efectivo en una vacuna contra garrapatas (Tellam, R.I., et al., Vet Parasitol 103: 141-156, 2002). La inclusión de vitelogenina en una vacuna contra piojos de mar puede interferir con la fecundidad de los piojos de mar y reducir el número de nacimientos y por tanto el número futuro de piojos de mar. Adicionalmente, las proteínas de tipo 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.
- 10
- Los genes de tipo adhesión de mejillón expresan proteínas similares a las encontradas en los filamentos bisales de mejillón usados por los mejillones para anclarse a superficies sólidas. El cómo se relacionan estos genes con la infestaciones de piojos de mar es algo que aún no se comprende, pero pueden estar implicados en la producción de filamentos frontales. El filamento frontal es usado por las etapas de chalimus para unirse físicamente al hospedante (Gonzalez-Alanis, P., et al., J Parasitol 87: 561-574, 2001).
- 15
- Los genes BCS-1 son expresados por los percebes cuando cambian de forma planctónica a forma pegada (Okazaki, Y., et al., Gene 250 (1-2): 127-135, 2000). Actualmente existen evidencias que sugieren que éstos son proteínas de unión de cutícula. La alteración de estas proteínas mediante anticuerpos puede interferir en la muda, la integridad de la cutícula del piojo de mar y el crecimiento normal del piojo.
- 20
- Las proteínas secretoras producidas por los piojos de mar pueden actuar como agentes inmunomoduladores o pueden ayudar en las actividades de alimentación sobre el hospedante (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 mediante anticuerpos derivados de hospedantes puede afectar al crecimiento del piojo de mar y a su supervivencia sobre el salmón.
- 25
- Generalmente las vacunas son más seguras que los tratamientos químicos, tanto para el pez como para el medio ambiente. Sin embargo, hasta la fecha no se han desarrollado vacunas comerciales contra el piojo de mar. El desarrollo de una vacuna ha estado dificultado por una carencia de conocimiento de las interacciones hospedante-patógeno entre el piojo de mar y sus hospedantes. Parece que existe una respuesta de anticuerpos muy limitada en los hospedantes infectados de forma natural. Se han producido vacunas experimentales contra *L. salmonis*, particularmente a través de extractos de animal completo. Las investigaciones en el desarrollo de vacunas contra piojo de mar han estado dirigidas a proteínas inmunogénicas del piojo de mar y, en particular, a antígenos de intestino. Estas vacunas, basadas en extractos de animal completo, no han demostrado ser protectoras, aunque su administración dio como resultado cambios menores en la fecundidad del *L. salmonis* (Grayson T.H., et al., J Fish Biol 47: 85-94, 1995). Sin embargo, este estudio particular fue un único ensayo y no se han presentado resultados adicionales de este primer grupo. También se han explorado vacunas de peces basadas en liposomas en determinadas especies de pez de aleta (Keough, Solicitud PCT WO 03/101482) pero no en combinación con antígenos de piojo de mar.
- 30
- Una discusión más reciente de posibles dianas de vacunas en el intestino fue publicada 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).
- 35
- 40

### Epítomos de células T promiscuas

5 Los epítomos de células T promiscuas (o “epítomos PTC”) son péptidos altamente inmunogénicos que pueden caracterizarse en parte por su capacidad para unirse a varias formas isotípicas y alotípicas de moléculas de MHC humanas de clase II. Al ayudar a superar la restricción de MHC, pueden inducir respuestas de células T y anticuerpos en miembros de una población genéticamente diversa que expresa diversos haplotipos de MHC. Los epítomos de PTC pueden, por tanto, combinarse con antígenos que en sí mismos son poco inmunogénicos, para generar inmunógenos de péptido potentes. En la presente invención, dichos epítomos se incorporan a la composición para potenciar la inmunogenicidad del antígeno, y la composición general, en un amplio rango de especies.

10 Los epítomos de células T promiscuas pueden ser derivados de inmunógenos naturales de origen vírico y bacteriano. Los epítomos PTC naturales también pueden ser modificados conservativamente mediante adiciones, eliminaciones o sustituciones de aminoácidos únicos o múltiples (p.ej., dentro de las clases de aminoácidos cargados, hidrofílicos/hidrofóbicos, estéricos) para obtener secuencias candidatas que pueden ser escrutadas en función de su capacidad para potenciar la inmunogenicidad.

15 Se pueden sintetizar epítomos PTC no naturales de forma artificial para obtener secuencias que tengan un inmunogenicidad comparable o mejor. Los epítomos PTC artificiales pueden oscilar en tamaño entre aproximadamente 15 y aproximadamente 50 residuos de aminoácido de longitud y pueden presentar características estructurales tales como hélices anfipáticas, que son estructuras alfa-helicoidales con residuos de aminoácido hidrofóbicos que dominan una cara de la hélice y residuos cargados o polares dominando las caras circundantes. Los epítomos PTC también pueden contener estructuras de aminoácido primarias adicionales, tales como una Gly o un residuo cargado seguido de entre dos y tres residuos hidrofóbicos, seguidos a su vez de un residuo cargado o polar (una secuencia de Rothbard). Adicionalmente, los epítomos PTC a menudo obedecen la regla 1, 4, 5, 8, donde un residuo cargado positivamente viene seguido de residuos hidrofóbicos en las posiciones cuarta, quinta y octava después del residuo cargado.

25 Estas características pueden incorporarse en los diseños de epítomos PTC artificiales. Las posiciones variables y los aminoácidos preferidos están disponibles para estructuras de unión a MHC (Meister et al., Vaccine, 1995; 13: 581-591). Por ejemplo, el epítomo PTC degenerado descrito en 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

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

Los ejemplos de epítomos de células T promiscuas particularmente útiles se enumeran en la Tabla 2:

**Tabla 2:** Ejemplos de epítomos de células T promiscuas

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

35 Debido a una falta de comprensión de los mecanismos y la patología sobre las infestaciones de piojos de mar en salmones, la identificación de dianas adecuadas para tratar la enfermedad no ha tenido éxito. Esto ha dificultado el progreso de la investigación en vacunas y, como tal, a pesar de la promesa y el éxito de las terapias basadas en vacunas en otras áreas de infección, aún no se ha desarrollado una vacuna contra piojo de mar adecuada. Por consiguiente, existe una necesidad de proporcionar dianas moleculares (antígenos) adecuadas efectivas, así como una vacuna contra la infección de piojos de mar.

### Sumario de la invención

Un objetivo de la presente invención es obviar o mitigar al menos una desventaja de los tratamientos previos contra la infección de piojo de mar en peces.

45 En un primer aspecto, la presente invención proporciona una vacuna contra la infección de copépodos caligidae en peces, comprendiendo la vacuna una cantidad inmunológicamente efectiva de antígeno. Particularmente, el copépodo caligidae es *Lepeophtheirus salmonis*, aunque se puede tratar la infección de cualquier copépodo. En una realización, la vacuna comprende un nucleótido o fragmento peptídico de tripsina de *L. salmonis* y un adyuvante, diluyente o vehículo farmacéuticamente aceptable.

En otro aspecto de la presente invención, se proporcionan secuencias de ADN y de aminoácidos que codifican antígenos para uso en la preparación de formulaciones de vacuna para el tratamiento de la infección de copépodos caligidae en peces. Las realizaciones de dichas secuencias incluyen proteínas de adhesión.

Otros aspectos de la invención incluyen un ADN que codifica proteína de adhesión 2.

- 5 Otros aspectos adicionales de la invención incluyen una secuencia de aminoácidos que codifica proteína de adhesión 2.

También se incluye una vacuna de ADN que comprende un ADN que codifica una proteína de adhesión 2 y un adyuvante, diluyente o vehículo farmacéuticamente aceptable.

- 10 Un aspecto adicional es una vacuna de péptido que comprende una secuencia de aminoácidos que codifica proteína de adhesión 2, y un adyuvante, diluyente o vehículo farmacéuticamente aceptable.

Otros aspectos y características de la presente invención serán evidentes para los especialistas en la técnica tras revisar la siguiente descripción de realizaciones específicas de la invención, en combinación con las figuras acompañantes.

### Breve descripción de las figuras

- 15 Las realizaciones de la presente invención se describen a continuación, únicamente a modo de ejemplo, haciendo referencia a las Figuras acompañantes, en donde:

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

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

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

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

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

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

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

Figura 8: es un gráfico de piojos por cm de pez a lo largo de la duración del tiempo post-infección, usando vacunas (A/B = gen de tripsina de piojo de mar expresado con epítipo de células T; Y/Z = gen de tripsina de piojo de mar expresado; C = control) de la presente invención.

- 35 Figura 9: es un gráfico de piojos por gramo de pez a lo largo de la duración del tiempo post-infección, usando vacunas (A/B = gen de tripsina de piojo de mar expresado con epítipo de células T; Y/Z = gen de tripsina de piojo de mar expresado; C = control) de la presente invención.

Figura 10: muestra un gráfico de datos apilados que muestran los porcentajes de las diferentes etapas de piojo de mar presentes en peces inmunizados con la vacuna de tripsina de *L. salmonis*, en comparación con peces de control, para cada tiempo de muestreo.

- 40 Figura 11: muestra una secuencia parcial de ácido nucleico (SEQ ID NO: 15) de proteína de tipo vitelogenina SL-903 similar pero de mayor longitud que la de la Figura 1. En negrita, subrayado y en cursiva ***TGA***, ***TAA*** ó ***TAG*** son los codones de parada predichos.

Figura 12: muestra la secuencia de ácido nucleico de longitud completa de la proteína SEP 1 SL-0547 (SEQ ID NO: 16). En negrita y subrayado ***ATG*** son los codones de inicio supuestos. En negrita, subrayado y en cursiva ***TGA***, ***TAA*** ó ***TAG*** son los codones de parada predichos.

- 45

Figura 13: muestra la secuencia de ácido nucleico de longitud completa putativa de la proteína SEP 2 SL-0858 (SEQ ID NO: 17). En negrita y subrayado ***ATG*** son los codones de inicio supuestos para la proteína. En negrita, subrayado y en cursiva ***TGA***, ***TAA*** ó ***TAG*** son los codones de parada predichos.

Figura 14: muestra la secuencia de ácido nucleico de longitud completa putativa de la proteína SEP 3 SL-1469 (SEQ ID NO: 18). En negrita y subrayado **ATG** son los codones de inicio supuestos para la proteína. En negrita, subrayado y en cursiva **TGA**, **TAA** ó **TAG** son los codones de parada predichos.

5 Figura 15: muestra la secuencia de ácido nucleico de longitud completa putativa de la proteína adhesiva de mejillón SL-0927 (SEQ ID NO: 19). En negrita y subrayado **ATG** son los codones de inicio supuestos para la proteína. En negrita, subrayado y en cursiva **TGA**, **TAA** ó **TAG** son los codones de parada predichos.

Figura 16: muestra una secuencia de aminoácidos parcial de proteína de tipo vitelogenina SL-903 (SEQ ID NO: 20), junto con coincidencias BLAST™ de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptido procedentes de los datos de Espectrometría de Masas de Proteómica.

10 Figura 17: muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa putativa de la proteína SEP 1 SL-0547 (SEQ ID NO: 21), junto a las coincidencias BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptido procedentes de los datos de Espectrometría de Masas de Proteómica.

15 Figura 18: muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa putativa de la proteína SEP 2 SL-0858 (SEQ ID NO: 22), junto a las coincidencias BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptido procedentes de los datos de Espectrometría de Masas de Proteómica.

Figura 19: muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa putativa de la proteína SEP 3 SL-1469 (SEQ ID NO: 23), junto a las coincidencias BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptido procedentes de los datos de Espectrometría de Masas de Proteómica.

20 Figura 20: muestra la secuencia de aminoácidos de longitud completa putativa de la proteína adhesiva de mejillón SL-0927 (SEQ ID NO: 24), junto a las coincidencias BLAST de la secuencia. Los aminoácidos subrayados son los fragmentos de péptido procedentes de los datos de Espectrometría de Masas de Proteómica.

25 Figura 21: muestra la expresión media ( $\pm$ SEM) del gen de interleuquina-1 $\beta$ , respecto a  $\beta$ -actina, en células SHK-1 incubadas con y sin lipopolisacárido (LPS), fracción agrupada 1 de producto secretor/excretor de *L. salmonis*, fracción agrupada 2 de producto secretor/excretor de *L. salmonis*, y fracción agrupada 3 de producto secretor/excretor de *L. salmonis*. \* indica diferencias significativas respecto al control; † indica diferencias significativas respecto a LPS + control.

30 Figura 22: muestra la expresión media ( $\pm$ SEM) de gen de interleuquina-1 $\beta$ , respecto a  $\beta$ -actina, en células SHK-1 incubadas con y sin lipopolisacárido (LPS), LPS y disolvente de cromatografía líquida liofilizada (LC), fracción 1 de producto secretor/excretor de *L. salmonis*, fracción 2 de producto secretor/excretor de *L. salmonis*, y productos secretores/excretores de *L. salmonis* no fraccionados; † indica diferencias significativas respecto a LPS + control.

### Descripción detallada

De forma general, la presente invención proporciona una vacuna para tratar la infección de piojo de mar en peces, particularmente la infección de *L. salmonis*. También se refiere a la secuencia de ADN y de aminoácidos de dianas moleculares para uso en la preparación de dicha vacuna.

35 Las vacunas de la presente invención han sido generadas en base a estudios llevados a cabo por nuestro grupo y otros sobre la expresión génica en piojos de mar. Varios genes del piojo de mar presentan potencial como productores de antígenos en formulaciones de vacuna diseñadas para proteger al salmón frente al piojo de mar, especialmente *L. salmonis*. Los genes incluyen: 1) un gen para tripsina de piojo de mar; 2) un gen que tiene una alta similitud con una proteína de tipo vitelogenina encontrada en productos de secreción; 3) un gen que tiene una alta similitud de secuencia con el gen de proteína 1 de adhesión de mejillón; 4) un gen que tiene una alta similitud de secuencia con el gen de proteína 2 de adhesión de mejillón; 5) una serie de genes que tienen una alta similitud de secuencia con el gen que codifica para la proteína BCS-1 específica de la etapa de *Balanus amphrite*; y 6) genes que codifican para tres productos de secreción (SP) proteínicos en el piojo de mar que, a fecha actual, no tienen una similitud significativa con ninguna proteína conocida en las bases de datos públicos.

45 Tal como se usa en la presente memoria, un “antígeno” se refiere a una molécula que contiene uno o más epítopos que estimulan un sistema inmune del hospedante para producir una respuesta humoral y/o celular específica de antígeno. El término también se usa en la presente memoria de forma intercambiable con “inmunógeno”.

50 Tal como se usa en la presente memoria, el término “epítipo” se refiere al sitio sobre un antígeno o hapteno al cual se une una molécula de anticuerpo específica. El término también se usa en la presente memoria de forma intercambiable con “determinante antigénico” o “sitio determinante antigénico”.

Las Figuras 1 a 6 muestran las secuencias de los genes de la presente invención descritas anteriormente y secuenciadas en nuestro laboratorio, con la excepción de la tripsina, de la cual se ha publicado la secuencia de ácido nucleico (Johnson, 2002, ver anterior). Nosotros hemos identificado el producto génico de la tripsina en las

secreciones del piojo de mar mediante secuenciamiento de aminoácidos usando espectrometría de masas. Dichos genes fueron seleccionados e investigados en base a una comprensión previa de su función putativa.

Las Figuras 11 a 20 muestran secuencias de nucleótidos y aminoácidos de longitud completa putativas o de mayor longitud de los genes y proteínas descritos en la presente memoria.

- 5 Los antígenos derivados de *L. salmonis* deberían proporcionar protección para el pez frente a otras especies de piojo de mar, ya que probablemente usen métodos altamente conservados para fijarse y que les permitan alimentarse con éxito del hospedante.

10 Los adyuvantes que pueden usarse en el contexto de la presente invención incluyen adyuvantes Montanide™ ISA e IMS (Seppic, París, Francia), otros adyuvantes de aceite-en-agua, agua-en-aceite y agua-en-aceite-en-agua, adyuvantes de Ribit (Ribit ImmunoChem Research, Inc., Hamilton, MT), TiterMax de Hunter (CytRx Corp., Norcross, GA), adyuvantes de sales de aluminio, proteínas adsorbidas en 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 ISA207, 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 ISA708, Montanide ISA266. El adyuvante recomendado es Montanide ISA763.

Los datos procedentes de estudios que usan las vacunas de la presente invención para el tratamiento de la infección de piojos de mar se proporcionan en la presente memoria a través de los siguientes ejemplos.

## 20 EJEMPLO 1

Se expuso salmónes a tripsina de *L. salmonis* como antígeno. Los peces fueron inmunizados con dos grupos de formulación de vacuna de tripsina: A/B (tripsina de piojo de mar recombinante con un epítipo de célula T) e Y/Z (solo tripsina de piojo de mar recombinante). A determinados peces se les administró una vacuna de control, C, que contenía solamente adyuvante. La protección del pez es evidente en los días 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 a los controles. La formulación de vacuna A/B dio como resultado un menor número de piojos que la formulación Y/Z, lo que demuestra que la inclusión de epítopos de células T con antígenos de piojos de mar proporciona una protección adicional frente a los piojos de mar.

30 La Figura 10 muestra los resultados de datos apilados de los experimentos de exposición y vacunación. La formulación de vacuna A/B (tripsina de piojo de mar recombinante con un epítipo de célula T) parece que frenó el desarrollo de *L. salmonis*, ya que en los días 6, 11 y 20 había menores porcentajes de piojos que habían mudado a una etapa más avanzada en comparación con los peces de control.

## EJEMPLO 2

### Cromatografía de exclusión de tamaño y determinación de proteínas

35 Los productos secretores excretorios liofilizados (SEPs) fueron reconstituidos con acetato de amonio (AMA) 1,0 M (pH 6,0). Se usó un HPLC Agilent 1100 equipado con un detector de diodos (monitorizando a 230 y 256 nm) y una columna Taso Haas (G3000PWX2, 6  $\mu\text{m}$   $d_p$  (7,8 mm x 300 mm)) para separar las proteínas/péptidos de las secreciones. A continuación dichas muestras fueron fraccionadas usando un colector de fracciones Waters según los intervalos de tiempo. Las fracciones mostradas en la Tabla 1 fueron recogidas durante 6 experimentos separados de HPLC y se agruparon para cada intervalo de tiempo. A continuación estas muestras fueron secadas por congelación (-80°C) antes de realizar la determinación de proteínas. La columna se mantuvo a temperatura ambiente y se eluyó isocráticamente con AMA:acetonitrilo (ACN) 98:2 durante 30 minutos a 0,2 mL·min<sup>-1</sup>. Se analizaron disoluciones patrón de albúmina de suero bovino (BSA) (20  $\mu\text{g}$ , 2,0  $\mu\text{g}$  y 0,2  $\mu\text{g}$ ), SW + DA y tripsina bovina (40  $\mu\text{g}$ ) como controles para la comparación de picos con SEPs.

45 Las concentraciones de proteína de fracciones secretoras de *L. salmonis* fueron determinadas usando un método de unión a colorante (Bradford, M.M. Anal Biochem 72: 248-254, 1976). Todos los ensayos fueron analizados en un lector de microplacas Thermomax™ (Molecular Devices). Las muestras fueron reconstituidas en ddH<sub>2</sub>O y a continuación, tras la determinación de proteínas, fueron separadas por igual entre ensayos funcionales basados en células y análisis proteómico.

## 50 Cultivo de células SHK

Se cultivaron células SHK-1 a 18°C en matraces tratados con cultivo de tejido de 75 cm<sup>2</sup> (Costar), en medio L-15 (con 300 mg/L de L-glutamina) suplementados con 500  $\mu\text{L}$  de sulfato de gentamicina (50 mg/mL destilado en agua), 365  $\mu\text{L}$  de 2-mercaptoetanol (55 mM en D-PBS) y 5% de suero fetal bovino (FBS), tal como se describe en Fast et al., 2004, ver anterior. Todos los componentes del medio fueron adquiridos en Gibco. Los matraces confluentes fueron sometidos a pasaje semanalmente dividiendo las células y el medio uniformemente entre dos matraces y



añadiendo un volumen igual de medio nuevo a cada matraz. Las células usadas en este estudio fueron sometidas a pasaje entre 64 y 68 veces.

Las células SHK-1 fueron sembradas a aproximadamente  $4 \times 10^6$  células/matraz en medio L-15 suplementado como se ha indicado anteriormente. La estimulación celular siguió el mismo procedimiento indicado por Fast, M.D. et al. Dev. Comp. Immunol. 29: 951-963, 2005. Resumidamente, después de un periodo de 48 h para permitir que cualquier expresión génica inducida por la manipulación volviera a niveles constitutivos, se eliminó el medio y se añadieron 20 mL de medio nuevo. Se añadió lipopolisacárido (LPS) a todos los matraces, excepto a los controles, para obtener una concentración final de 5 µg/mL.

En el primer ensayo, las fracciones SEP fueron reunidas en 3 grupos (Tabla 1), cada una con iguales intervalos de tiempo (10 minutos) y volúmenes procedentes de la cromatografía de exclusión de tamaño. Esto dio como resultado que se añadieran a cada matraz 13 µg de proteína (fracción agrupada 1), 8,0 µg de proteína (fracción agrupada 2) y <0,1 µg de proteína (fracción agrupada 3). Estas incubaciones fueron llevadas a cabo durante 4 h a 18°C antes de retirar el medio y almacenar las células en ARN, después a -80°C hasta la extracción de ARN. Este ensayo se repitió dos veces con matraces triplicados para cada condición.

En el segundo ensayo, se añadieron las fracciones 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 obtuvieron tras concentrar 4 experimentos de exclusión de tamaño para cada fracción. Para evaluar cualquier efecto de disolvente residual sobre el ensayo basado en células, en el experimento se incluyeron como controles 4 blancos de AMA sometidos al mismo tratamiento. Finalmente, los SEPs no fraccionados usados en las incubaciones de macrófagos fueron incubados aquí a 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 genes de salmón atlántico

Se aisló ARN total de células SHK-1 almacenadas en RNeasy<sup>TM</sup> con el kit Nucleospin<sup>TM</sup> RNA II (Clontech) y se midió la concentración en un espectrofotómetro. Las muestras de ARN fueron sometidas a PCR para verificar la ausencia de contaminación de ADN. Se diseñaron las secuencias para cebadores de PCR en tiempo real, se evaluaron y los productos fueron secuenciados como se ha descrito previamente en Fast et al., ver anterior (2004; 2005). Se llevó a cabo la PCR cuantitativa en tiempo real usando un sistema de detección en tiempo real iCycler iQ<sup>TM</sup> y kits SYBR verdes (Bio-Rad) también descritos previamente por Fast et al., ver anterior (2004; 2005). Para asegurar que no se había añadido contaminación de ADN genómico al ADNc cuantificado, se realizaron controles no en tiempo real para cada elemento aislado de ARN con PCR y se observó mediante electroforesis en gel de agarosa al 2,5%.

El perfil de PCR fue como se indica a continuación: una etapa inicial de desnaturalización de 3 minutos a 95°C, seguida de 40 ciclos de desnaturalización (30 s a 95°C), maduración (30 s a 58°C) y extensión (30 s a 72°C), y finalizar con una etapa de extensión final de 72°C durante 5 minutos. La sensibilidad de las reacciones y la amplificación de productos contaminantes tales como dímeros cebadores, detectados indiscriminadamente mediante SYBR verde (es decir, el SYBR verde se une a todos los ADN de doble hélice), fueron evaluados amplificando diluciones 1 a 10 de los clones ( $10^{-2}$  a  $10^{-8}$  ng) y muestras duplicadas, así como llevando a cabo un blanco sin ADNc con cada experimento. La relación entre el ciclo umbral (Ct) y el log (ARN) fue lineal (-3,5<pendiente<-3,2) para todas las reacciones. Los números de copias fueron estimados en base al peso molecular de los clones y la DO 260.

#### Actividad inmunomoduladora de proteínas SEP

Las SEPs fueron fraccionadas en función del tamaño y las fracciones fueron agrupadas. En el primer ensayo (Figura 21), las fracciones agrupadas (PF1, PF2, PF3) fueron incubadas con células SHK-1 (una línea celular de tipo macrófago de salmón) en combinación con lipopolisacáridos (LPS) y se monitorizó la expresión del gen de interleuquina 1β con el objetivo de determinar el efecto inmunomodulador de las proteínas SEP fraccionadas sobre la expresión génica inmune. El gen de interleuquina 1β fue reducido en expresión por las tres fracciones agrupadas en comparación con células estimuladas solo con LPS (Figura 21). Cuando se evaluaron las fracciones individuales que contenían proteínas, la expresión de gen de interleuquina 1β fue reducida por la fracción 2. El análisis LC-MS mostró que la Fracción 2 del grupo 1 contenía la proteína SEP 1, la proteína SEP 2 y tripsina. En la Figura 22 se muestran evidencias de la actividad inmunomoduladora de SEP, que contiene todas las proteínas descritas, en donde se observa un descenso significativo de la expresión inducida por LPS de interleuquina 1β en presencia de SEPs totales.

Las realizaciones descritas anteriormente de la presente invención pretenden ser meramente ejemplos. Los especialistas en la técnica pueden efectuar alteraciones, modificaciones y variaciones de las realizaciones particulares sin separarse del alcance de la invención, que queda definido exclusivamente por las reivindicaciones anexas al presente documento.

LISTA DE SECUENCIAS

<110> National Research Council of Canada

5 <120> VACUNAS RECOMBINANTES CONTRA COPÉPODOS CALIGIDAE (PIOJO DE MAR) Y SUS SECUENCIAS ANTIGÉNICAS

<130> PAT 2116WEP-81

10 <140> 05770065.0  
<141> 28-07-2005

<150> US 60/591,626  
<151> 28-07-2004

15 <160> 34

<170> PatentIn versión 3.0

20 <210> 1  
<211> 594  
<212> DNA  
<213> Lepeophtheirus salmonis

25 <400> 1  
gcaatacaaaa attatccatg gatgtactac cacaattgac catgtatata ctcttgacaa 60  
tgtcacatat ccttacacac ctacctcatg ctggacggtg gcttctggac actggtcccc 120  
acatccaact tatgcagttt ttgtcaaaaa gtctgcagga tctcatttag atgctaaaat 180  
ttatttgggc ggtcacagca tgaattoca aacaagtggc ccaaagaaga ttaatgttct 240  
catcaacggt gaagctattg atgtaggaga ggaggaacat gtccatgaac aagacggaca 300  
agaaattttc aaggtcttaa aatggggatc aagttacagt gtttactcct tcttgaaaat 360  
ctgggtagtc tatgatggcc atgcagtcag cttaatccct gtcctatctg ttacgggtca 420  
acattgcggt ttgtgtggaa acttcaacag aaaccaatat gatgaatttg aaagcaagga 480  
tgctcatcaa ttgaagacat ccgacgagct tgttgaagat tataaatgga agtgttgaga 540  
atatttttct ttcatcgatt gatggagata ttttttacia tgattctatt atat 594

<210> 2  
<211> 178  
<212> PRT

30 <213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 2  
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 2 575 156 T3

```

          115                120                125
Val Ser Leu Ile Pro Ala Pro Ser Val Thr Gly Gln His Cys Gly Leu
      130                135                140
Cys Gly Asn Phe Asn Arg Asn Gln Tyr Asp Glu Phe Glu Ser Lys Asp
145                150                155                160
Ala His Gln Leu Lys Thr Ser Asp Glu Leu Val Glu Asp Tyr Lys Trp
          165                170                175
Lys Cys

```

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

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

<400> 3

```

gtccggttcg gcaaatctaa aatgtaccac aagaaggcaa tctataaatt cttgaagaag      60
acaactccca aaaaggttga ggccagtaag cccgccttcg ttgagaagaa ggtcggaggt      120
gccaagaatg ggggtactcg tatggttcgc gtcaagaagt tgaagaacga cttccccacc      180
atggaagac  gtgctcatag aatcgccaag aagcctgaaa agctctctcg cagggtccgt      240
cctaccctca ccctggaac tattgcagtt attcttgacag gtatccacaa aggaaagaga      300
atcgtcattc tcaaggagct ctccagtgga atgcttctga tttctggccc cttcaagctt      360
aataactgcc caattagaag gattaatcaa cgctatttgt tggccacatc aaccaagctc      420
gatgtttcat ccattaaat gcccgagaac attaatgatg attacttccg tcgtttaaga      480
gccgccaaga agccagctgg tantgtat                                          508

```

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

<220>  
 <221> característica miscelánea  
 <222> (168)  
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 4

```

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

```

30 <210> 5  
 <211> 433

ES 2 575 156 T3

<212> DNA

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 5

```
aagccctctt tgatcttcag aaggacctcg atggagatgt ggatggtgaa ctcaagttgg 60
tcaagaaagg aattgtctcc attcccatcc cctgcattga aagcccttca ggcctgcatt 120
tgggctcttg ttctacaaa ctggaggaga ttgtcagcaa atatgcgtat ttcttgtgtc 180
cagactattt tccagagggc caaagctggt ctttcccttt gaaggcagga caatatggag 240
gtgagatctc tggattgtt ctacctgaca tcccaccttc catttccaac ctgcaccaagg 300
gaaccattca tggaaactctc tctgtgacca gaaacgggga agaagttttc tgtatcaatg 360
gagatttgaa aatgacaaat taatccttgt ttctgtatcc atatttgaag tcaataaaat 420
acttcattaa tct 433
```

5

<210> 6

<211> 126

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

10

<400> 6

```
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
```

15

<210> 7

<211> 605

<212> DNA

<213> Lepeophtheirus salmonis

20

<220>

<221> característica miscelánea

<222> (573)

<223> n = cualquier nucleótido

25

<400> 7

```
agaaattgaa atctcactaa gatttaatac ttctcccaat ggtgagcgtt tatatttcag 60
aggtagaaaa tgggctctta ctggatcgt caaagccaaa ggagaaccac aagataggggt 120
atacaaaatt attttgggac atgaattcac tcttgatcac attgagaatc gtctcaagtt 180
tagaatgcaa agagttgcag tccctgggct ttgtctgat 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
tccgtaaata cacatggaag atgaactttg tttagatgac tgategcatt gaatgctatt 600
gtttc 605
```

30

<210> 8

<211> 181

<212> PRT

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 8

ES 2 575 156 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

<211> 689

5 <212> DNA

<213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 9

tacatgtcct gaacctgtct gtccatctaa tttgtgtaaa aatggtggaa aatgtaaagt 60  
 ttatcgtgga gtatgttatt gcgattgtaa aggtactggt tttgaaggtt caaaatgtca 120  
 tcaaccaact tgcacaccta caacatgtcc taaaaatgct gtttgtgaac tggattggtc 180  
 taataaaaaa acacgtcgtta 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 gtaaattggtt agaaggatat gaaggtaaaa tttgcagcga 480  
 aatttcttgc tctgaatcat tctgtcatta tgcaggaaaa tgttccggtta gtaaagatat 540  
 aagaagctgc aaatgtgaca gaggaattca aggcgagcgc tgtgaacatc ctaaacccttg 600  
 tgaaaagttgc gacaaagcag attgtgttag agaaaaacct ggcagtggca attttgtttg 660  
 10 tgcaaaaaaa tagacataat ataattaag 689

<210> 10

<211> 223

<212> PRT

15 <213> Lepeophtheirus salmonis

<400> 10

ES 2 575 156 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

<211> 585

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

5

<400> 11

```

cccatccaaa gtagcctcaa aaacaaagtc atataccgcg cctctttact ccaaaaagaa 60
cttcttacgc aagaaacct ctgtatatta caaagttaag aaaaatcccg tcaagttaag 120
aaaagttaag aaaattctga gacctgtgag ttactcaact cctcagactc atccgagcag 180
cactgactgtt tcaaccacaa gagactatcc aagtaaactct cttgaaagtt taacgcaaac 240
taagagtcca gaaatagtat cggcctttac tccggtctca gtctcaaaaa agtctattaa 300
atcattgaat gctcgaaaat ccatttatgc aagtccatct accccatctt ttagatattc 360
accaacaaca ccttcttcat atcaaagtct taagccattt gagcccaaac ctattcatag 420
attcagatct aagccaggct acaagtctac cagatccaaa ctaacttatg tttcgtcaac 480
gaccacccac ccagcgtatg tatcatctac tattagtcca gcctatgcat catctagtgt 540
tagtccagcc tatgcatcat ctagtgttag cccagcctat gcatc 585
  
```

10

<210> 12

<211> 194

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

15

<400> 12

ES 2 575 156 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

<210> 13

<211> 507

5 <212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 13

agcgtggtcg cggccgaggt acgcggggaa tcagtacaaa gtttacaggc aacaatgac 60  
 atgtacacct cagtattcct tctttccatc gctttttcat gtgcctttgg agcaccceaa 120  
 tatcaagcct ctcagcctgc ttatgctcca gttgaagagc cttacgctta tcaatagccc 180  
 gttcaagatc cccaatcagg aaatgacttt tctgccgaag aatcctctga tggacaagtc 240  
 atctctggat cctatcaagt ggctctcccc gatggtcgta ttcaaactgt gacctacact 300  
 gtgagtggag atagtggata cgttgctgat gttcagtatg aaggaactcc atcctatccc 360  
 gaagctcctc agcaaccag atatgtttaa aaagtttggc attgatgaat attcattaat 420  
 tgatttatat ttatgttaaa tatattatc atagttgaaa ttgatattgt ttactctcaa 480  
 agaaatacaa atttatattt atatttt 507

10

<210> 14

<211> 129

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

15

<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  
 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

# ES 2 575 156 T3

<210> 15  
 <211> 4203  
 <212> DNA  
 <213> *Lepeophtheirus salmonis*

5

```

<400> 15
tattccaacg taacatgatc agaggatggg ctcaagact ccaattgaac atggataaaa      60
tcaacaatca tggacatgga ttccattctg aagagcaatc catctttgga gattgtgata      120
ctctttacac tgttagtgat cataaaattg tgaatctgt aagtcatact aaagattgca      180
aaaacagagt acgtgtcctc attgatgatt ggaggggcca acgctgtgac attgaccag      240
agcatccaga aagcagagaa aatccaaatg gtctttactc tgcttccaac accatttatg      300
tcgtggacaa gaagggagat catttccacc ctaaggccat cattggatca tcctcagttg      360
ttgcacaatt ctatcaaatg gaaggagtct cctttattgc tcaactctaat tcaacatcta      420
ttttgaaatc tgttgaagat atctcagaac ctatggttgt tgttgaatc ccagtcaagg      480

atctcaaata cgaatthttaa gataaagaat atcaatggaa ttctgacaga gacctcaagg      540
ctcgtgaaga acatthtatcc actggtgaat tttttgagag tgacatgtcc actthtgcac      600
aatatgthta gaaaaagctc aacaagttcc atgacatcat gcaacatctt tcaaatgaca      660
aagatgccat tgcagaagct catgataatg gagtaaacag tatgggtacc ggtatgttgg      720
ctatggacta caatacaatc aaggctatgt ctgaagaact tcaactcagac aaatctgatg      780
aagtggtatt caaatcaatc cttttcaatg aactthtggg aagthttaga accagcgtt      840
ctgcactcct ggtccgtgac atgatcatgg aagacaaatt tgaaaacttc agggatgctg      900
tccgtgctct tactgccatt cttttccata ttcgtcacc taacaagcaa cthttagagt      960
aattcgaagc thtgtacaac tacgatggag atcaactcct caaagatgcc gtcccaattg     1020
ttcttgacaa ctttagcagc gttacctgag aaagagccgg agtaatgac tcccctgctt     1080
ctaaagaatg thtccactct gttgtcagat gatagcgcga taaaacaatt gaaaaaatta     1140
tgggtgcacg tgaccacaaa gagcaaatc agctthtggg aatgthtgc aatcttgcct     1200
atggaacagc tgctgaaaaa thaaagcctc ththttagg agaaactgag atcaaatgtg     1260
gacatctcct tactcttctg gttcaagctg ctgctthtgg agcaatcaac aacggaaagg     1320
gagctgaata ththttagccc atthttagcgg acagtgaaaa ctctcatgaa ctttagattg     1380
cagctctctc atacttgatg gatgctcacc ccaccgcaac tcaactthaac accatcgttg     1440
ctgtacttht cagagaaaaa gattatgaag thtcaacta tgctthtaca ctcttgata     1500
aatatgcaac caatattaac ccctgcaaaa aatcggctct tgtattggcc aaatacttct     1560
tgaaatattc taagcaatc agtcatttht aaactgacta tggattggga gtgtccaaaa     1620
cttatagtcg tcaattccaa caatcaaat acgggtatgg aggtgaatc agctactggg     1680
tcattggatc tcatagtht acccttctc tgagtthtgc aatgtgtatg gacacaacct     1740
tgtthtggagg atataccgct aatggaatgt gtgtgcaatt aagaattgaa ggattgtcca     1800
aggtctctcat ccgtaaatc aagacgatga gccagatct ctggaaatct gaagatctca     1860
aaagtatctt aatgggagat atgaacatta aggaaagacc tgatcaacca atcaacgtht     1920
agthtctcct thtctgcaag aactcagtht ttgcattcag acaatataac gaagattcaa     1980
ttaaggaagg tgggaacttg aaagaaattc tcgatcgatt gaaaggactt ggagacacct     2040
actccattaa tcaccaaaga gcaatgagat thtgaagcct cthttagcaa caacccttht     2100
aagtcggthc tccagthct tactthaaact cthtccagc cthtthttagt gthtcaageta     2160
caatthaaag gggaaatgcc agaggtctta thttagagaa thtcaaatat aacatgaact     2220
    
```



ES 2 575 156 T3

tttttgaca	tggatctcgt	atgatgatgg	ttcaaaacc	acaatcaaag	atgttttatt	2280
ccatttctca	aaaccgcatt	tatggctccc	atltcccaag	agaatttgtc	attggagtta	2340
atccattgaa	gaaagagttt	aaattatcta	ttcaacggcc	ttcttatgag	aatccactcg	2400
tacttatgat	gcaactctta	acaaaagttt	acactggatc	tcaaaatggt	aatgaaaagc	2460
aggatatttc	agccaactgt	cctgagtgca	agtctgatac	tccctgatac	tatggccag	2520
atgctgctaa	aaccagagtc	tttttaaac	atgattgcga	taagactgga	tcttatattc	2580
acggggaata	ctttgactgt	gaaatggaat	ccaataggg	aaaggctcta	taccatttgt	2640
ggagagccat	gttaccttat	aacaaaaacc	ctaagacctt	tggaaatggt	attcgcattg	2700
gtattcgtca	aatcagagct	tattttgttt	tcttcccaag	agctgaaaaa	tgtggagcaa	2760
tgcttcgctg	gtcacaatca	aaggaaaatc	cagttaaaga	gcttgaaatt	tctatgagat	2820
tcaatgctaa	tccaatggc	gagcgtcttt	tctttagagg	acgtaaatgg	gtagtacaca	2880
ctattatcaa	agccaaagga	gaaccacaag	atagggata	caaaattatt	ttgggacatg	2940
aattcactcc	tggatacatt	gagaatcgtc	tcaagtttag	aatgcaaaga	gctgcagtcc	3000
ctggaattat	tatgattat	tctatttgc	tcaatagga	aaacaagtac	ccagactttg	3060
gagaagagtt	tatgacttat	gacaagagca	ctcaatataa	aatgactgga	aaggcaaaac	3120
ttcaatatgg	tgctgctgca	gactgtgact	ctactcctgg	agaaatgaaa	ttaagcttca	3180
aacatgaaac	aactgaagaa	gcaagagagg	ctatgaaaca	cacttggtag	tatgaaaagt	3240
gtatggaaca	gaagaaacag	ccagaatggg	caaacagagg	tgataaactt	ccattcacac	3300
aagcttgcca	catgacaaca	tgggatgcaa	ctactgcacg	taaaactca	tggaaagatga	3360
actttgttaa	gatgactgat	cgcatgaatg	ctattgtttc	tcaattccaa	agtatcatga	3420
aaactggctc	tttaccttac	tgggacattg	atccagaaat	tatcccagct	acaagtgctg	3480
atccccacat	gaatatcaaa	gctaccctta	aaaaccacga	caagaatggt	gatatgtaca	3540
tggaaaccag	tcagggaggt	caacgtttca	acgatattcc	tcttagttta	aattggcgcc	3600
caatgttgag	aaaccttaag	tttaccatca	ccactagacg	tctcatgcaa	tacaaaatta	3660
tccatggatg	tactaccaca	attgaccatg	tataactctc	tgacaatgtc	acatacctt	3720
acacacctac	ctcatgctgg	acgttggtct	ctggacactg	ttccccacat	ccaacttatg	3780

cagtttttgt	caaaaagtct	gcaggatctc	atntagatgc	taaaatttat	ttgggcggctc	3840
acagatcga	attccaaaca	agtggcccaa	agaagattaa	tgctctcctc	aacgggtgaag	3900
ctattgatgt	aggagaggag	gaacatgttc	atgaacaaga	cggacaagaa	atlttcaagg	3960
tcttaaaatg	gggatcaagt	tacagtgttt	actccttctt	gaaaactctg	gtagtctatg	4020
atggccatgc	agtcagctta	atccctgctc	catctgttac	gggtcaacat	tgcggtttgt	4080
gtggaactt	caacagaaac	caatatgatg	aatttgaaag	caaggatgct	catcaattga	4140
agacatccga	cgagcttgtt	gaagattata	aatggaagtg	ttgagaattt	atltctttca	4200
tcg						4203

<210> 16  
 <211> 821  
 <212> DNA  
 <213> *Lepeophtheirus salmonis*

5

<400> 16						
cttcttaaat	cctgaaaag	tagtagtaga	acttccacgg	aatggcgaa	gaacaagaac	60
gtcggtaagc	cgaggaacta	caagttagcc	tccggagtcg	tccggttcgg	caaatctaaa	120
atgtaccaca	agaaggcaat	ctataaatc	ttgagaaga	caactcccaa	aaaggttgag	180
gccagtaagc	ccgccttcgt	tgagaagaag	gtcggaggtg	ccaagaatgg	gggtactcgt	240
atggttcgcg	tcaagaagtt	gaagaacgac	ttccccacca	tggaaagacg	tgctcataga	300
atcgccaaga	agcctgaaaa	gctctctcgc	agggtccgct	ctaccctcac	ccctggaact	360
attgcagtta	ttcttgacag	tatccacaaa	gaaagagaa	tcgtcattct	caaggagctc	420
tccagtggaa	tgcttctgat	ttctgcccc	ttcaagctta	ataactgcc	aattagaagg	480
attaatcaac	gctatttgtt	ggccacatca	accaagctcg	atgtttcatc	cattaaaatg	540
cccgagaaca	ttaatgatga	ttacttccgt	cgtttaagag	ccgccaagaa	gccagctggt	600
agtgtattcg	aaggtaaaaa	ggaagaatac	aaaccttctg	aacaacgtaa	gaaggaccaa	660
gtcgaagttg	ataagcagct	cctcaatgtc	atcatgaagc	accccgaaagc	ctctcttttg	720
aaacaatact	tgaagaagtc	cttcggctct	agcaagggac	aatatctca	taatatgaaa	780
ttttaattgt	cgtcttggtta	aataaaacta	aaattcctcg	c		821

10

<210> 17  
 <211> 591  
 <212> DNA  
 <213> *Lepeophtheirus salmonis*

15

<400> 17

## ES 2 575 156 T3

tcaatthgat	tgatccagga	agagaaacat	gaagatcatt	gccatctttg	cacttttggt	60
cattgccgtg	tctggagagg	atctggagtg	ggagtctctg	aatccccgata	acttggggaga	120
aggagacatt	gccctctctc	cttatcccct	tccagtagtt	agtggaaacca	gtctggattt	180
gaaagccctc	tttgatcttc	acaaggacct	cgatggagat	gtggatgttg	aactcaagtt	240
ggtcaagaaa	ggaattgtct	ccattcccct	ccctgcatt	gaaagccctt	caggcctgca	300
tttgggctct	tgttccctaca	aactggagga	gattgtcagc	aaatatgcgt	atttcttctg	360
tccagactat	ttccagagg	gccaaaagctg	ttctttccct	ttgaaggcag	gacaatatgg	420
aggtgagatc	tctgggtattg	ttctacctga	catcccacct	tccatttcca	acctcgccaa	480
gggaaccatt	catggaactc	tctctgtgac	cagaaaacggg	gaagaagttt	tctgtatcaa	540
tggagatttg	aaaatgacaa	attaatcctt	gtttctgtat	ccatatttga	a	591

<210> 18

<211> 3718

<212> DNA

5 <213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 18

ccattcaaga	tgagagtcac	agccctcctt	tgettatttg	ttgccgctgt	cagcgggaagc	60
atatttgaag	atggaaagca	atatgtatth	gattcagaga	catctgttgt	tgttggtacg	120
atggaccatg	ctccacactc	atctggattt	gcttacaagc	accatactac	catgcaagtt	180
caaggagata	acatcaaagt	gaagctttct	gacgttgaat	tctcacaatt	caatggaaaa	240
catgagaatg	gagagttccc	atthgaccac	actaaccttg	ttgcaacaaa	cagagacatt	300
cctgcatttg	aagtccagtt	ggactcccct	ggattgtttt	catcccctca	agttggtcct	360
aaactgacac	tattccaacg	taacatgatc	agaggatggg	ctcaaagact	ccaattgaac	420
atggataaaa	tcaacaatca	tggacatgga	ttccattctg	aagagcaatc	catctttgga	480
gattgtgata	ctctttacac	tgttagtgat	cataaaattg	tgaaatctgt	aagtcatact	540
aaagattgca	aaaacagagt	acgtgtcctc	attgatgatt	ggaggggcca	acgtctgtgac	600
attgaccag	agcatccaga	aagcagagaa	aatccaaatg	gtctttactc	tgcttccaac	660
accatttatg	tctgtggacaa	gaagggagat	catttocacc	ctaaggccat	cattggatca	720
tcctcagttg	tgtccacaatt	ctatcaaatg	gaaggagtct	cctttattgc	tcaactcaat	780
tcaacatcta	ttttgaaatc	tgttgaagat	atctcagaac	ctatggttgt	tgttggaatc	840
ccagtcaagg	atctcaaata	cgaatttgaa	gataaagaat	atcaatggaa	ttctgacaga	900
gacctcaagg	ctcgtgaaga	acatthtacc	actggtgaat	tttttgagag	tgacatgtcc	960
actthgtcaa	aatatgthaa	ggaaaagctc	aacaagttcc	atgacatcat	gcaacatctt	1020
tcaaatgaca	aagatgccat	tgcagaagct	catgataatg	gagtaaacag	tatggtaccc	1080
ggtatgthtg	ctatggacta	caatacattg	aaggetatgt	ctgaagaact	tcaactcagac	1140
aaatctgatg	aaggtgtatt	caaatcaaat	ctthtcaatg	aactthtggg	aagthtagga	1200
accagcgttt	ctgcactcct	ggtccgtgac	atgatcatgg	aagacaaatt	tgaaaacttc	1260
agggatgctg	tccgtgctct	tactgccatt	cctthccata	ttcgtcacc	tagcaagcaa	1320
ctthtgagtg	aattcgaagc	thtgtacaac	tacgatggag	atcaactcct	caaagatgcc	1380
gtcccatttg	thcttgagca	cttagcacga	gttacctgcg	aaagagccgg	agtaatgcac	1440
tcccctgctt	ctaaagaatg	thtccactct	gttgtcgatg	gatacgccga	taaaacaatt	1500
gaaaaatta	tgggtgcatc	tgaccacaaa	gagcaaatth	agctthcttg	aatgttgthc	1560
aatcttgcct	atggaaacgt	tgttgaaaaa	thaaagcctc	thattthtgg	agaaactgag	1620
atcaaatgtg	gacatctccg	tactcttgcct	gttcaagctg	ctgctthtgg	agcaatcaac	1680
aacggaaaagg	gagctgaata	thtattgccc	atthtggcgg	acagtgaaaa	ctctcatgaa	1740
cttagattga	cagctctctc	atacttgatg	gatgctcatc	ccaccgcaac	tcactthaac	1800
accatcgttg	ctgtaactth	cagagaaaaa	gattatgaag	thtcaacta	tgctthtaca	1860
ctcttgagata	aatatgcaac	caatathaac	ccctgcaaga	aatcgtctc	tgtattggcc	1920
aaatacttht	tgaaatatht	taagcaatac	agtcatttht	aaactgacta	tggattggga	1980
gtgtccaaaa	cttatagthc	tcaattccaa	caatctaaat	acgggtatgg	aggtgaatac	2040
agctactggg	tcattggatc	tcatagtht	acccttctc	tgagtgthtgc	aatgtgtatg	2100
gacacaacct	tgtthtgagg	atataccgct	aatggaaatg	gtgtgcaatt	aagaattgaa	2160
ggattgtcca	aggtctctcat	ccgtaaatc	aagacgatga	gccagatath	ctggaaatct	2220

ES 2 575 156 T3

gaagatctca	aaagtatctt	aatgggagat	atgaacatta	aggaaagacc	tgatcaacca	2280
atcaacgttg	aggttctcct	tttcgtcaag	aactcagttg	ttgcattcag	acaatataac	2340
gaagattcaa	ltaaggaagg	tgggaacttg	aaagaaatth	tcgatcaatt	gaaaggactt	2400
ggaggcacct	actccattaa	tcaccaaga	gcaatgagat	ttggaagcct	cttgtaccaa	2460
caacccttgg	aagtgggtgc	tccagtctct	tacttaaact	cattcacccg	cgtttttgat	2520
gttcaagcta	caattaagaa	gggaaatgcc	agaggtctta	tgttcagaga	tgtcaaatat	2580
aacatgaact	tttttggaca	tggatctcgt	atgatgatgg	ttcaaaaccc	acaatcaaag	2640
atgttttatt	ccattttctca	aaaccgcatt	tatggctccc	atttcccaag	agaatttgtc	2700
attggagtta	atccattgaa	gaaagagttt	aaattatcta	ttcaacggcc	ttcttatgag	2760
aatccactcg	tacttatgat	gcactcttta	acaaaagttt	acactggatc	tcaaaatggt	2820
aatgaaaagc	aggatatttc	agccaactgt	cctgagtgca	agtctgat ac	tcctgtatcg	2880
tatgggccag	atgctgctaa	aaccagagtc	tttttaaac	atgattgcga	taagactggc	2940
tcttatattc	acggggaata	ctttgactgt	gaaatggaat	ccaatagggg	aaaggtctta	3000
taccatttgt	ggagagccat	gttaccttat	aacaaaaacc	ctaagacctt	tggaaatggt	3060
attcgcattg	gtattctgtca	aatcagagct	tattttgttt	tcttcccaag	agctgaaaaa	3120
tgtggagcaa	tgcttcgctg	gtcacaaatca	aaggaaaatc	cagttaaaga	gcttgaaatt	3180
tctatgagat	tcaatgctaa	tcccaatggc	gagcgtcttt	tcttttagagg	acgtaaatgg	3240
gtagtcacaa	ctattatcaa	agccaaagga	gaaccacaag	atagggatata	caaaattatt	3300
ttgggacatg	aattcactcc	tggatacatt	gagaatcgtc	tcaagtttag	aatgcaaaga	3360
gctgcagttc	ctggaattat	gtctgattat	tctatthgtc	tcaatattga	aaacaagtac	3420
ccagactttg	gagaagagtt	tatgacttat	tatgacttat	ctcaattaaa	aatgactgga	3480
aaggcaaaac	ttcaatatgg	tgctgctgca	gactgtgact	ctactcctgg	agaaatgaaa	3540
ttaaagctta	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>  
 10 <221> característica miscelánea  
 <222> (2077)  
 <223> n = nucleótido desconocido

<400> 19	ccaattctag	ctagtcacta	tgaactagtc	aaaataatth	atatactgth	tttatattga	60
tttttatthta	tatattatta	catccttgag	gactthttgaa	caaaggtgth	cgtagtaaac		120
ttttgagthca	ttattacata	gttgtcatac	ctatthtcaag	gataataagg	acgatcatca		180
tgaaaacatc	tattatthttc	tcactgbatg	ttctgccttc	tatactgcac	cttgcgtgtaa		240
gtgaagataa	aactattata	gctgaagacc	tgacagctgt	agagtcacgc	tataaagtag		300
atgcaaaacc	ctcaccttat	gttctctcac	aaccagcacc	agattthtgat	tactthtgac		360
ccactgtatc	tccttctthtc	tcccaatcg	catctccttc	tccttctthcc	cctgttacat		420
cctactthtac	accacaacc	attcctccag	tgactccttc	gaccacaacg	accactgtta		480
caacaacaac	cctgcccaca	tctacttaca	gaaagthtatt	ctthtccaacg	tctthtcaaac		540
catctthttct	ttcttctcga	aaaaagthta	ccacaactac	aaacaagcgcg	gctacaacat		600
cctcaacaac	aacaacaata	accttcacc	caactacttc	acccctcca	tctgctaattg		660
aagttcgaac	aacatthaac	ccatccaag	tagcctcaaa	aacaaagtca	tatacccgcc		720
ctctthtactc	caaaaagaac	ttctthcgcga	agaaaccttc	tgtatattac	aaagthtaaga		780
aaaatcccgt	caagthtaaga	aaagthtaaga	aaattctgag	acctgtgagt	tactcaactc		840
ctcagactca	tccgagcagc	acgactgtht	caaccacaag	agactatcca	agthaaatctc		900
ttgaaagtht	aacgcaaac	aagagthccag	aaatagthac	ggcctthtact	ccggtctcag		960
tctcaaaaaa	gtctatthaaa	tcattgaaatg	ctcgaaaatc	cattthtgca	agtccatctca		1020
ccccatctth	tagatattca	ccaacaacac	ctthtctcata	tcaaaagthctt	aagccattthg		1080
agcccaaac	tattcataga	ttcagactca	agcaggctca	caagthctacc	agatccaaac		1140
ctactthtattg	ttcgtcaacg	accaccacc	cagcgtatgt	atcatctact	attagthccag		1200
cctatgcatc	atctagthgth	agthccagcct	atgcatcatc	tagthgthtagc	ccagcctatg		1260

15

ES 2 575 156 T3

```

catccacaac agttaaacct gtctttgttt ctacgacagc aaatgaaata tactatacgc 1320
ccgaacacaaa aagggtagca agtcttccac ttacacgaga acaagcacat ctctattcat 1380
ctattcctta tgattcaaca actacatcaa ggcagcctcc agctcctggt tcctacagta 1440
cacctaagcc ccactcgaaa caacatagcc aatatcgcca attgccattg actagagagc 1500
aaagtgaaaa cattgagttt agtactcccg taaaggctaa tacgaagcct tacaataata 1560
atatacaatt taatcctgta agacggattc cttctcatta tagaaatcat caagcgttga 1620
atgaaatagc tcgggaggaa aagtatcctg cacaacccta ttccttcagc tatgatatca 1680
aagatgagac aagtggaaac gattttttcc gctctgaaga aagctcaggc cctgtgacga 1740
agggaaagta taagggtggt cttcctgatg gtcgtattca aattggtgaa tatattgcag 1800
atgaaaatgg ctataaggcc acagtttctt atgagggaga agctggtttc ccaaatccag 1860
atgattttga agaagaacca actcggagaa cttttagaca ctcaagaaaa gtcgatattg 1920
actctgtacc caataacaac tactcatttt tgcggaatag agtcctggtt gcagggacta 1980
cagaaaaagc tccttctcct caagacacaa ccattcgtcc agtcagtctt ccattaagac 2040
atcgattatc tcgtgccgaa gtctcaaaat cacttctac gagtccgttt ccttatgctg 2100
tgagttagtac gtcaccagct ccattacctt ctagtcaagg cccacaacgt tttcgtgttc 2160
atcattcttc accaaatggt gagggacgag tattacatca ctcaacacct ccagtcagct 2220
attcccaact ccccaaatc gcgacaactc aaaaaccag attccttcat aacgccaatt 2280
acgaagaagc attacgagac tatggaatta aggttgatta ttaatacctt tacttttttg 2340
tgatccattt aatatgggtt ataaatatat ttattagtagc 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

```

10

ES 2 575 156 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 2 575 156 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
Ser	His	Phe	Pro	Arg	Glu	Phe	Val	Ile	Gly	Val	Asn	Pro	Leu	Lys	Lys	
				770												780
Glu	Phe	Lys	Leu	Ser	Ile	Gln	Arg	Pro	Ser	Tyr	Glu	Asn	Pro	Leu	Val	
				785												800
Leu	Met	Met	His	Ser	Leu	Thr	Lys	Val	Tyr	Thr	Gly	Ser	Gln	Asn	Val	
																815
Asn	Glu	Lys	Gln	Asp	Ile	Ser	Ala	Asn	Cys	Pro	Glu	Cys	Lys	Ser	Asp	
				820												830
Thr	Pro	Val	Ser	Tyr	Gly	Pro	Asp	Ala	Ala	Lys	Thr	Arg	Val	Phe	Leu	
				835												845
Asn	His	Asp	Cys	Asp	Lys	Thr	Gly	Ser	Tyr	Ile	His	Gly	Glu	Tyr	Phe	
																860
Asp	Cys	Glu	Met	Glu	Ser	Asn	Arg	Gly	Lys	Val	Leu	Tyr	His	Leu	Trp	
				865												880
Arg	Ala	Met	Leu	Pro	Tyr	Asn	Lys	Asn	Pro	Lys	Thr	Phe	Gly	Asn	Gly	
				885												895
Ile	Arg	Met	Gly	Ile	Arg	Gln	Ile	Arg	Ala	Tyr	Phe	Val	Phe	Phe	Pro	
				900												910
Arg	Ala	Glu	Lys	Cys	Gly	Ala	Met	Leu	Arg	Trp	Ser	Gln	Ser	Lys	Glu	
				915												925
Asn	Pro	Val	Lys	Glu	Leu	Glu	Ile	Ser	Leu	Arg	Phe	Asn	Ala	Asn	Pro	
				930												940
Asn	Gly	Glu	Arg	Leu	Phe	Arg	Gly	Arg	Lys	Trp	Val	Val	Thr	Thr		
				945												960
Ile	Ile	Lys	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Gln	Asp	Arg	Val	Tyr	Lys	Ile	Ile	
				965												975
Leu	Gly	His	Glu	Phe	Thr	Pro	Gly	Tyr	Ile	Glu	Asn	Arg	Leu	Lys	Phe	
				980												990
Arg	Met	Gln	Arg	Ala	Ala	Val	Pro	Gly	Ile	Met	Ser	Asp	Tyr	Ser	Ile	
				995												1005
Cys	Phe	Asn	Met	Glu	Asn	Lys	Tyr	Pro	Asp	Phe	Gly	Glu	Glu	Phe		
				1010												1020
Met	Thr	Tyr	Asp	Lys	Ser	Thr	Gln	Leu	Lys	Met	Thr	Gly	Lys	Ala		
				1025												1035
Lys	Leu	Gln	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ala	Asp	Cys	Asp	Ser	Thr	Pro	Gly		
				1040												1050
Glu	Met	Lys	Leu	Ser	Phe	Lys	His	Glu	Thr	Thr	Glu	Glu	Ala	Arg		
				1055												1065
Glu	Ala	Met	Lys	His	Thr	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Lys	Cys	Met	Glu	Gln		
				1070												1080
Lys	Lys	Gln	Pro	Glu	Trp	Ala	Asn	Arg	Gly	Asp	Lys	Leu	Pro	Phe		
				1085												1095
Thr	Gln	Ala	Cys	His	Met	Thr	Thr	Trp	Asp	Ala	Thr	Thr	Ala	Arg		
				1100												1110
Lys	Tyr	Ser	Trp	Lys	Met	Asn	Phe	Val	Lys	Met	Thr	Asp	Arg	Met		
				1115												1125
Asn	Ala	Ile	Val	Ser	Gln	Phe	Gln	Ser	Ile	Met	Lys	Thr	Gly	Leu		
				1130												1140
Leu	Pro	Tyr	Trp	Asp	Ile	Asp	Pro	Glu	Ile	Ile	Pro	Ala	Thr	Ser		
				1145												1155
Ala	Asp	Pro	His	Met	Asn	Ile	Lys	Ala	Thr	Leu	Lys	Asn	His	Asp		
				1160												1170
Lys	Asn	Val	Asp	Met	Tyr	Met	Glu	Thr	Ser	Gln	Gly	Gly	Gln	Arg		

ES 2 575 156 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

5 <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

10

ES 2 575 156 T3

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

<212> PRT

5 <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 2 575 156 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
								105						110	
Leu	Lys	Val	Gly	Pro	Lys	Leu	Thr	Leu	Phe	Gln	Arg	Asn	Met	Ile	Arg
								120						125	
Gly	Trp	Ala	Gln	Arg	Leu	Gln	Leu	Asn	Met	Asp	Lys	Ile	Asn	Asn	His
						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
								200						205	
Pro	Asn	Gly	Leu	Tyr	Ser	Ala	Ser	Asn	Thr	Ile	Tyr	Val	Val	Asp	Lys
						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
								280						285	
Lys	Glu	Tyr	Gln	Trp	Asn	Ser	Asp	Arg	Asp	Leu	Lys	Ala	Arg	Glu	Glu
						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						365			
Ala	Met	Ser	Glu	Glu	Leu	His	Ser	Asp	Lys	Ser	Asp	Glu	Gly	Val	Phe
						375						380			
Lys	Tyr	Asn	Leu	Phe	Asn	Glu	Leu	Leu	Gly	Ser	Leu	Gly	Thr	Ser	Ala
385						390						395			400
Ser	Ala	Leu	Leu	Val	Arg	Asp	Met	Ile	Met	Glu	Asp	Lys	Phe	Glu	Asn
						405						410			415
Phe	Arg	Asp	Ala	Val	Arg	Ala	Leu	Thr	Ala	Ile	Pro	Phe	His	Ile	Arg
						420								430	
His	Pro	Ser	Lys	Gln	Leu	Leu	Ser	Glu	Phe	Glu	Ala	Leu	Tyr	Asn	Tyr
						435								445	
Asp	Gly	Asp	Gln	Leu	Leu	Lys	Asp	Ala	Val	Pro	Ile	Val	Leu	Gly	His
						455						460			
Leu	Ala	Arg	Val	Thr	Cys	Glu	Arg	Ala	Gly	Val	Met	His	Ser	Pro	Ala
465						470						475			480
Ser	Lys	Glu	Cys	Phe	His	Ser	Val	Val	Asp	Gly	Tyr	Ala	Asp	Lys	Thr
						485						490			495

ES 2 575 156 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 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 2 575 156 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 2 575 156 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  
 13C 135 140  
 Thr Thr Ile Thr Phe Thr Pro Thr Thr Ser 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  
 21C 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  
 29C 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  
 37C 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  
 45C 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  
 53C 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 2 575 156 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

```

20

<210> 27

<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
          20              25

```

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

ES 2 575 156 T3

<211> 15  
 <212> PRT  
 <213> Lepeophtheirus salmonis  
 5 <400> 30  
 Ile Ile Leu Gly His Glu Phe Thr Pro Gly Tyr Ile Glu Asn Arg  
 1 5 10 15  
 <210> 31  
 <211> 11  
 10 <212> PRT  
 <213> Lepeophtheirus salmonis  
 <400> 31  
 Ile Val Ile Leu Lys Glu Leu Ser Ser Gly Met  
 1 5 10  
 15 <210> 32  
 <211> 25  
 <212> PRT  
 <213> Lepeophtheirus salmonis  
 20 <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  
 20 25  
 25 <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  
 30 <210> 34  
 <211> 15  
 <212> PRT  
 <213> toxina tetánica  
 35 <400> 34  
 Gln Tyr Ile Lys Ala Asn Ser Lys Phe Ile Gly Ile Thr Glu Leu  
 1 5 10 15  
 40

**REIVINDICACIONES**

1. Un ADN que codifica un antígeno proteínico para uso en el tratamiento de infección de copépodos caligidae en peces, en donde el ADN consiste en la secuencia de nucleótidos establecida en la SEQ ID NO: 9.
- 5 2. El ADN según la reivindicación 1, en donde el copépodo caligidae es *Lepeophtheirus salmonis*.
3. Un ADN que codifica un antígeno proteínico, comprendiendo el ADN una secuencia de nucleótidos establecida en la SEQ ID NO: 9.
4. El ADN según la reivindicación 3 para uso en la prevención de infección de copépodo caligidae en peces.
- 10 5. Una proteína recombinante purificada para uso en la prevención de infección de copépodo caligidae en peces, proteína que consiste en una secuencia de aminoácidos establecida en la SEQ ID NO: 10.
6. Una proteína recombinante purificada para uso según la reivindicación 5, en donde el copépodo caligidae es *Lepeophtheirus salmonis*.
7. Una proteína recombinante purificada que comprende una secuencia de aminoácidos establecida en la SEQ ID NO: 10.

15

## FIG. 1

a)

### Proteína de tipo vitelogenina (SL-0903)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
GCAATACAAAATTATCCATGGATGTA  
CTACTACCACAATTGACCATGTATA  
CTCTTGACAATGTCACATATCCTT  
ACACACCTACCTCATGCTGGACG  
TTGGCTTCTGGACACTGTTCC  
CCACATCCAACCTTATGCAGT  
TTTTGTCAAAAAGTCTGCAGG  
ATCTCATCTC  
ATTTAGATGCTAAAATTTATTT  
GGGCGGTACAGCATCGAATT  
CCAAACAAGTGGCCAAAGA  
AGATTAATGTTCTCATCAAC  
GGTGAAGCTATTGATGTAGG  
AGAGGAGGAAGAACATGTT  
CATGAACAAGACGGACAAGA  
AATTTTCAAGGTCTTAAAT  
GGGGATCAAGTTACAGTGT  
TTACTCCTTCTTGAAAATCT  
GGGTAGTCTATGATGGCCAT  
GCAGTCAGCTTAATCCCTG  
CTCCATCTGTTACGGGTCA  
ACATTGCGGTTTGTGTG  
GAAACTTCAACAGAAACCA  
ATATGATGAATTTGAAAGCA  
AGGATGCTCATCAATGAA  
GACATCCGACGAGCTTGTT  
GAAGATTATAAATGGAAGT  
GTTGAGAATTTATTTCTT  
TCATCGATTGATGGAGAT  
ATTTTTTACAATGATTCT  
ATTATAT
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
QYKIIHGCTTTIDHVYTL  
DNVTYPYTP TSCWTLAS  
GHCSHPHTYAVFVKKS  
AGSHLDAKIYLG  
GHSIEFQTS  
GPKKINVL  
INGEAIDV  
GEEHVHEQD  
GQEIFKVL  
KWGSSYS  
VYSFLKI  
WVVYD  
GHA  
VSLIP  
PSVTG  
QHCG  
LCGN  
FN  
RNQY  
DEFES  
KDA  
HQLKT  
SDEL  
VEDY  
KWKC
```



## FIG. 2

a)

### Proteína SEP 1 (SL-0547)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
GTCCGGTTCGGCAAATCTAAAATGTACCACAAGAAGGCAATCTATAAATTCTTGA
AGAAGACAACCTCCCAAAAAGGTTGAGGCCAGTAAGCCCGCCTTCGTTGAGAAG
AAGGTCGGAGGTGCCAAGAATGGGGGTA CT CGTATGGTTCGCGTCAAGAAGTT
GAAGAACGACTTCCCCACCATGGAAAGACGTGCTCATAGAATCGCCAAGAAGC
CTGAAAAGCTCTCTCGCAGGGTCCGTCTACCCCTCACCCCTGGA ACTATTGCAG
TTATTCTTGCAGGTATCCACAAAGGAAAGAGAATCGTCATTCTCAAGGAGCTCTC
CAGTGG AATGCTTCTGATTTCTGGCCCTTCAAGCTTAATAACTGCCCAATTAGA
AGGATTAATCAACGCTATTTGTTGGCCACATCAACCAAGCTCGATGTTTCATCCA
TTAAAATGCCCGAGAACATTAATGATGATTACTTCCGTGTTTAAGAGCCGCCAA
GAAGCCAGCTGGTANTGTAT
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
VRFGKSK Met YHKKAIYKFLKKTTPKKVEASKPAFVEKKVGG
AKNGGTR Met VRVKKLKNDFPT Met ERRAHRIAKKPEKLSRRV
RPTLTPGTIAVILAGIHKGKRIVILKELSSG Met LLISGPFKLNN
CPIRRINQRYLLATSTKLDVSSIK Met PENINDDYFRRLRAAK
K P A G X V
```

## FIG. 3

a)

### Proteína SEP 2 (SL-0858)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
AAGCCCTCTTTGATCTTCAGAAGGACCTCGATGGAGATGTGGATGTTGAACTCA
AGTTGGTCAAGAAAGGAATTGTCTCCATTCCCATCCCCTGCATTGAAAGCCCTT
CAGGCCTGCATTTGGGCTCTTGTTCCCTACAAACTGGAGGAGATTGTCAGCAAAT
ATGCGTATTTCTTGTGTCCAGACTATTTTCCAGAGGGCCAAAGCTGTTCTTTCCC
TTTGAAGGCAGGACAATATGGAGGTGAGATCTCTGGTATTGTTCTACCTGACAT
CCCACCTTCCATTTCCAACCTCGCCAAGGGAACCATTGGAACCTCTCTCTGT
GACCAGAAACGGGGAAGAAGTTTTCTGTATCAATGGAGATTTGAAAATGACAAA
TTAATCCTTGTTTCTGTATCCATATTTGAAGTCAATAAAATACTTCATTAATCT
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
-ALFDLQKDL DGDVDVELKLVKKGIVSIPICIESPSGLHLGS
CSYKLEEI VSKYAYFLCPDYFPEGQSCSFPLKAGQYGGGEISGI
VLPDIPPSISNLAKGTIHGTLSVTRNGEEVFCINGDLK Met TN
Stop
```

## FIG. 4

a)

### Proteína SEP 3 (SL-1469)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
AGAAATTGAAATCTCACTAAGATTTAATACTTCTCCCAATGGTGAGCGTTTATATT
TCAGAGGTAGAAAATGGGCTCTTACTGGTATCGTCAAAGCCAAAGGAGAACCAC
AAGATAGGGTATACAAAATTATTTTGGGACATGAATTCCTCCTGGATACATTGA
GAATCGTCTCAAGTTTAGAATGCAAAGAGTTGCAGTCCCTGGGCTTTTGTCTGA
TTATTCTATTTGCTTTAATATGAAAACAAGTACCCAGACTTTTGGAGAAGAGTTTA
TGACTTATGACAAGAGCACTCAATTAATAATGTCTGGAAATGCAAGACTTCAATA
TGGTGCTGCTGCAGACTGTGACTCTACTCCTGGAGAAATGAAATTAAGCTTCGA
ACATGAAACAACCTGAAGAAGCAAGAGAGGCTATGAAACACACGTGGTACTATGA
AAAGTGTATGGAACAGAAGCAACATCCAGAATGGGCAAGCAGAGGTGACAGAC
TTCCATTCACAGAAGCCTGCCACATGACAACATGGGATGCAACTACTGCTCCGT
AAATACACATGGAAGATGAACTTTGTTNAGATGACTGATCGCATTGAATGCTATT
GTTTC
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
-EIEISLRFNTSPNGERLYFRGRKWALTGIVKAKGEPQDRVYK
IILGHEFTPGYIENRLKFR MetQRVAVPGLLSDYSICFN MetEN
KYPDFGEEF MetTYDKSTQLK MetSGNARLQYGAAADCSTPG
E MetKLSFEHETTEEARE MetKHTWYYEK MetEQKQHPEWA
SRGDRLPFTEACH MetTTWDATTAP stop
```

## FIG. 5

a)

**Proteína de adhesión 2**

~precursor de proteína 2 de matriz de placa adhesiva de mejillón (proteína de pie 2)  
(mb3a02.ckr)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
TACATGTCTTGAACCTGTCTGTCCATCTAATTTGTGTAAAAATGGTGGAAAATGT
AAAGTTTATCGTGGAGTATGTTATTGCGATTGTAAAGGTAAGTGGTTTTGAAGGTT
CAAAATGTCATCAACCAACTTGCACACCTACAACATGTCCTAAAAATGCTGTTTG
TGAAGTGGATTGGTCTAATAAAAAAACACGTCGTACATGTAAAAAAGGATTTGCT
GGTGCAAATTGTGCTGATAATGCTTCCAGTTTCCATGTGAAAATGGATCT
GAATGTGTTGTAAAATATGGATCTCAACCACAATGTGATTGTAAGCCTGGATTTT
TTGGCAATTTCTGCCAATCACATTTTTGTGAACATTTCAAATATTCAGCTGTAGGT
GGTAAATGTGAAATTATGGAAGACGAAAAAACTTGGGAGTCTATAAACCTGTTT
GTAAATGTTTAGAAGGATATGAAGGTAAAATTTGCAGCGAAAATTTCTTGCTCTGA
ATCATTCTGTCATTATCGAGGAAAATGTTCCGTTAGTAAAGATATAAGAAGCTGC
AAATGTGACAGAGGAATTCAAGGCGAGCGCTGTGAACATCCTAAACCTTGTGAA
AGTTGCGACAAAGCAGATTGTGTTAGAGAAAAACCTGGCAGTGGCAATTTTGT
TGTGCAAAAAAATAGACATAATATAATTAAG
```

b)

Secuencia de aminoácidos parcial

```
-TCLPVCPSNLCKNGGKCKVYRGVCYCDCKGTGFEGSKCH
QPTCTPTTCKPNAVCELDWSNKKTRRTCKKGFAGANCADNA
CSQFPCENGSECVVKYGSQPQCDCKPGFFGNFCQSHFCEHFK
YSAVGGKCEIMEDEKNLGVYKPVCKCLEGYEGKICSEISCSE
SFCHYRGKCSVSKDIRSCKCDRGIQGERCEHPKPCESCDKAD
CVREKPGSGNFVCAKK
```

## FIG. 6

a)

**Proteína de adhesión 1**

**~precursor de proteína de matriz de placa adhesiva de mejillón (proteína de pie 1)  
(sl-0927-9)**

Secuencia de ácidos nucleicos

```
CCCATCCAAAGTAGCCTCAAAAACAAAGTCATATACCCGCCCTCTTTACTCCAAA  
AAGA ACTTCTTACGCAAGAAACCCTCTGTATATTACAAAGTTAAGAAAAATCCCG  
TCAAGTTAAGAAAAGTTAAGAAAATTCTGAGACCTGTGAGTTACTCAACTCCTCA  
GACTCATCCGAGCAGCACGACTGTTTCAACCACAAGAGACTATCCAAGTAAATC  
TCTTGAAAGTTTAAACGCAAACCTAAGAGTCCAGAAATAGTATCGGCCTTTACTCCG  
GTCTCAGTCTCAAAAAAGTCTATTAATCATTGAATGCTCGAAAATCCATTTATGC  
AAGTCCATCTACCCCATCTTTTAGATATTCACCAACAACACCTTCTTCATATCAAA  
GTCTTAAGCCATTTGAGCCCAAACCTATTCATAGATTCAGATCTAAGCCAGGCTA  
CAAGTCTACCAGATCCAAACCTACTTATGTTTCGTCAACGACCACCCACCCAGC  
GTATGTATCATCTACTATTAGTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTAGTCCAGCC  
TATGCATCATCTAGTGTTAGCCAGCCTATGCATC
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
PSKVASKTKSYTRPLYSKKNFLRKKPSVYYKVKKNPVKLRK  
VKKILRPVSYSTPQTHPSSTTVSTTRDYPSKSLES LTQTKSPE  
IVSAFTPVS VSKKSIKSLNARKSIYASPSTPSFRYSPTTPSSYQ  
SLKPFEPKPIHRFRSKPGYKSTRSKPTYVSSTTTHPAYVSSTI  
SPAYASSSVSPAYASSSVSPAYA
```

## FIG. 7

a)

**Proteína 1 de unión a cutícula**  
~proteína de tipo BCS-1 (morán 9-15)

Secuencia de ácidos nucleicos

```
AGCGTGCGCGGCCGAGGTACGCGGGGAATCAGTACAAAGTTTACAGGCAAC
AATGATCATGTACACCTCAGTATTCCTTCTTTCCATCGTCTTTTCATGTGCCTTTG
GAGCACCCCAATATCAAGCCTCTCAGCCTGCTTATGCTCCAGTTGAAGAGCCTT
ACGCTTATCAATACGCCGTTCAAGATCCCAATCAGGAAATGACTTTTCTGCCG
AAGAATCCTCTGATGGACAAGTCATCTCTGGATCCTATCAAGTGGCTCTCCCG
ATGGTCGTATTCAAACCTGTGACCTACACTGTGAGTGGAGATAGTGGATACGTTG
CTGATGTTCAAGTATGAAGGAACTCCATCCTATCCCGAAGCTCCTCAGCAACCCA
GATATGTTTAAAAAGTTTGGCATTGATGAATATTCATTAATTGATTTATTTATGT
TAAATATATTATTCATAGTTGAAATTGATATTGTTTACTCTCAAAGAAATACAAATT
TATATTTATATTTT
```

b)

Secuencia de aminoácidos

```
SVVAAEVRGESVQSLQATMIMYTSVFLLSIVFSCAFGAPQYQ
ASQPAYAPVEEPYAYQYAVQDPQSGNDFSAEESSDGQVISGS
YQVALPDGRIQTVTYTVSGDSGYVADVQYEGTPSYPEAPQQ
PRYV
```

FIG. 8

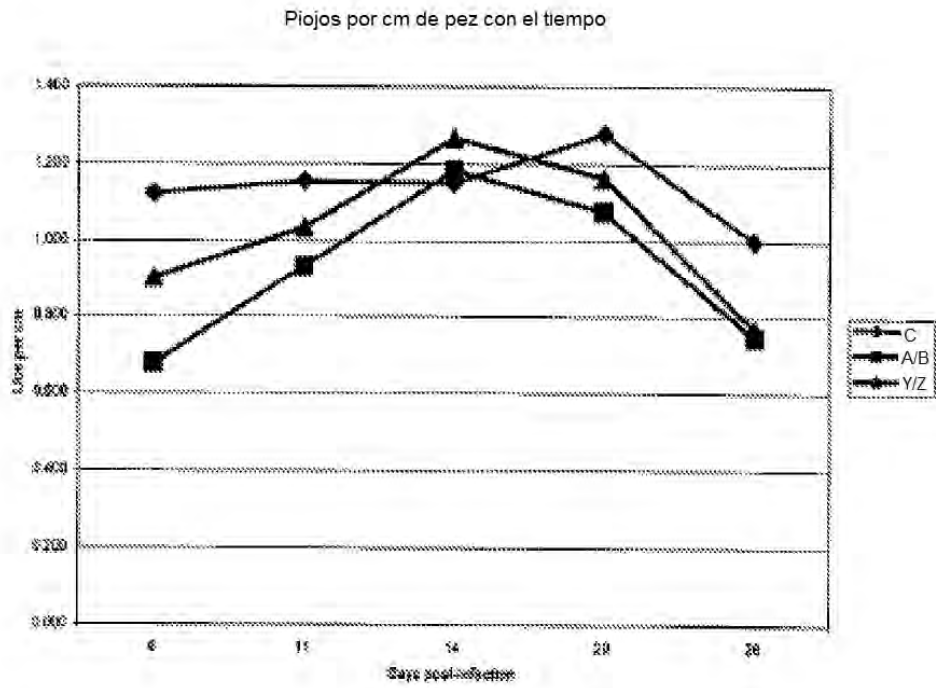
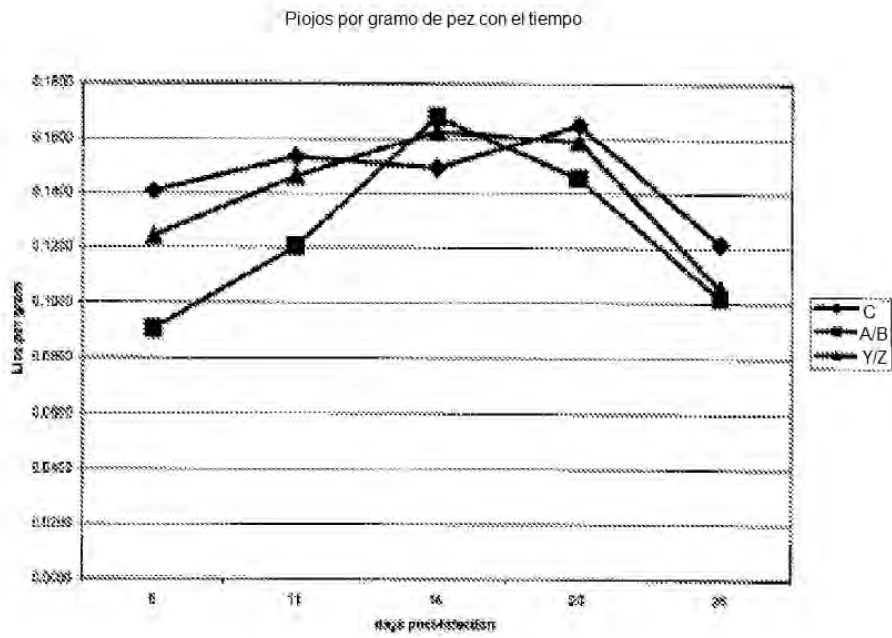
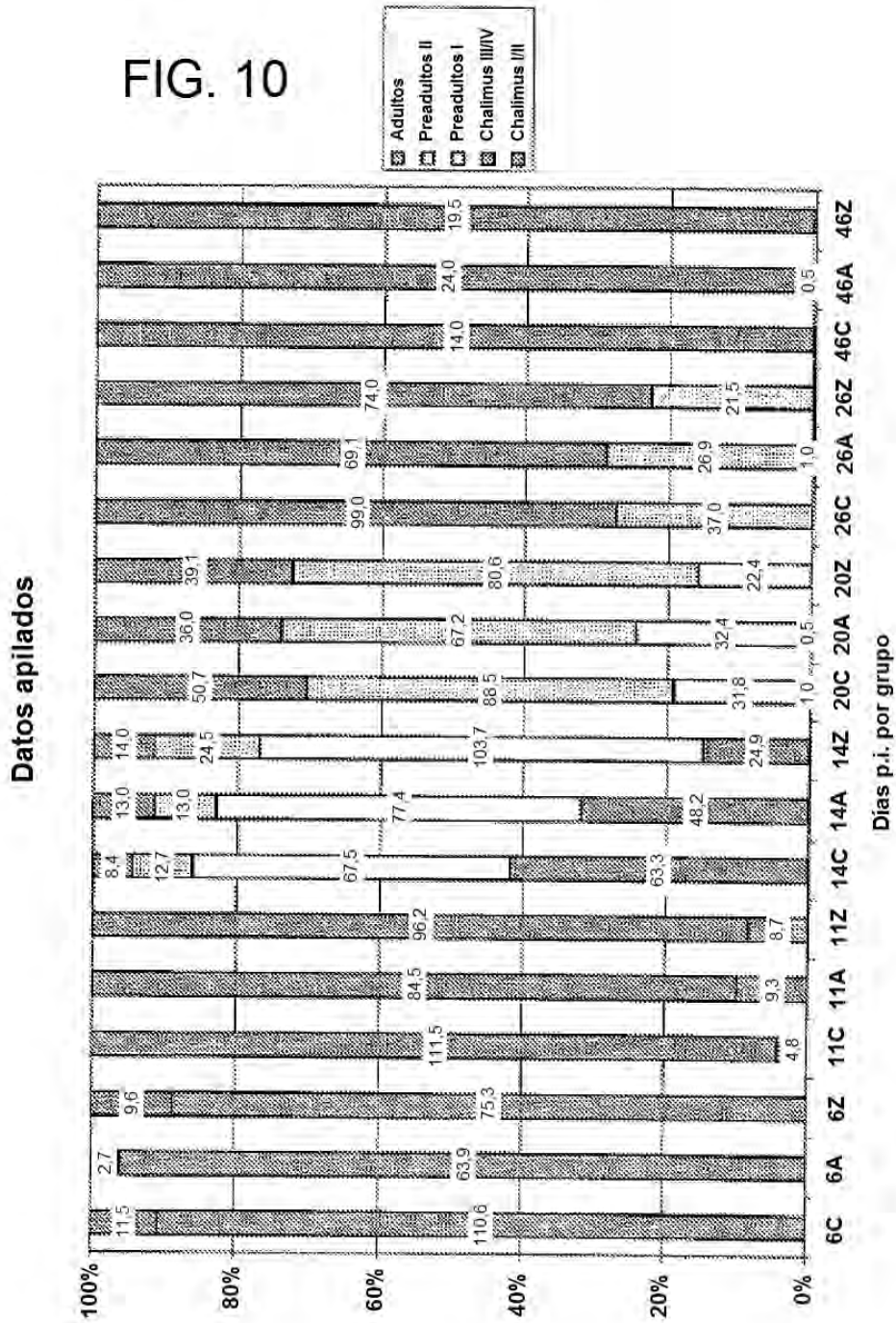


FIG. 9







# FIG. 11

**Proteína de tipo vitelogenina SL-903 >SL0903FLG**

TATTCCAACGTAACATGATCAGAGGATGGGCTCAAAGACTCCAATTGAACATGGATAAAATCAACAATCATGGAC  
 ATGGATTCCATTCTGAAGAGCAATCCATCTTTGGAGATTGTGATACTTTTACACTGTTAGTGATCATAAAATTTGTG  
 AAATCTGTAAAGTCACTAAAGATTGCAAAAACAGAGTACGTGTCCTCATTGATGATTGGAGGGGCGAACGCTGT  
 GACATTGACCCAGAGCATCCAGAAAAGCAGAGAAAATCCAAATGGTCTTTACTCTGCTTCCAACACCATTATGTCCG  
 TGGACAAGAAGGGAGATCATTCCACCCTAAGGCCATCATGGATCATCTCAGTTGTTGACAAATTCATCAAAAT  
 GGAAGGAGTCTCCTTTATTGCTCACTCTAATTCACATCTATTTTGAATCTGTTGAAGATATCTCAGAACCCTATGG  
 TTGTTGTTGGAATCCCAGTCAAGGATCTCAAATACGAATTTGAAGATAAAGAATATCAATGGAATTCGACAGAG  
 ACCTCAAGGCTCGTGAAGAACAATTTATCCACTGGTGAATTTTTGAGAGTGACATGTCCACTTTGTCAAAAATATGT  
 TAAGGAAAAGCTCAACAAGTCCATGACATCATGCAACATCTTCAAATGACAAAAGATGCCATTGCAGAAGCTCA  
 TGATAATGGAGTAAACAGTATGGTACCCGGTATGTTGGCTATGGACTACAATACATTGAAGGCTATGTCTGAAGA  
 ACTTCACTCAGACAAAATCTGATGAAGGTGATTCAAATACAATCTTTTCAATGAACTTTTGGGAAGTTTAGGAACC  
 AGCGTCTGCTCCTGGTCCGTGACATGATCATGGAAGACAAATTTGAAAACCTCAGGGATGCTGTCCGTGCTC  
 TTACTGCCATTCTTTCCATATTCGTCCCTAACAAAGCAACTTTTGAAGTGAATTCGAAGCTTGTACAACTACGAT  
 GGAGATCAACTCCTCAAAGATGCCGTCCCAATTTGTTCTGGACACTTACGACGAGTTACCTGCGAAAAGAGCCGGA  
 GTAATGCACTCCCTGCTTCAAAGAATGTTTCCACTCTGTTGTCGATGGATACGCCGATAAAAACAATGAAAAAA  
 TTATGGGTGCATCTGACCACAAAAGAGCAAAATTAAGCTTCTTGGAAATGTTGTTCAATCTTCGCTATGGAACCGTTCG  
 TGAAAAATTAAGCCCTCTTATTTATGGAGAAAATGAGATCAAATGTGGACATCTCCGACTCTTGTGTTCAAGCT  
 GCTGCTTTTGGAGCAATCAACAACGGAAAAGGGAGCTGAATATTTATTGCCATTTTGGCGACAGTGA AAAACTCTC  
 ATGAACCTTAGATTGACAGCTCTCTCATACTTGATGGATGCTCATCCACCAGCACTCACTTTAACACCATCGTTGCT  
 GACTTTTACAGAGAAAAAGATTATGAAGTTATCAACTATGCTTTTACACTCTTGGATAAAATATGCAACCAATATTA  
 ACCCTGCAAAAAATCGGTCTCTGTATTGGCCAAACTCTTGAATATCTTAAGCAATACAGTCAATTTGAAAC  
 TGACTATGGATTGGGAGTGTCCAAAACCTTATAGTCGTCAAATTCACCAATCTAAATACGGGTATGGAGGTGAATAC  
 AGCTACTGGGTCAATGGATCTCATAGTCTACCCCTCCCTGAGTGTGCAATGTGTATGGACACAACCTTGTGTTGG  
 AGGATATACCGCTAATGGAATGTGTGTGCAATTAAGAATTTGAAGGATTGTCCAAGGCTCTCATCCGTA AATTTCAAG  
 ACGATGAGCCAGATATCTGGAATCTGAAGATCTCAAAAAGTATCTTAATGGGAGATATGAACAITAAGGAAAAGA  
 CCTGATCAACCAATCAACGTTGAGGTTCTCTTTTCGTC AAGA ACTCAGTTGTTGCATTCAGACAATATAACGAA  
 ATTC AATTAAGGAAGGTGGGAACCTTGAAGAAAATTTTCGATCGATTGAAAGGACTTGGAGACACCTACTCCATTA  
 ATCACC AAAAGCAATGAGATTGGAAGCCCTTGTACCAACAACCCCTTGAAGTCCGTGCTCCAGTCTTTACTT  
 AAACCTATTCACCGGCTTTTGTATGTTCAAGCTACAATTAAGAAGGGAAAATGCCAGAGGTCTTATGTTTCAGAGAT  
 GTC AATATAACATGAACCTTTTGGACATGGATCTCGIATGATGATGGTTCAAACCCACAATCAAAGATGTTT  
 ATTCCATTTCTCAAAACCGCATTTATGGCTCCCATTTCCCAAGAGAATTTGTCAATGGAGTAAATCCAITGAAGAAA  
 GAGTTTAAATATCTAATCAACCGCTCTTATGAGAAATCCACTCGTACTTATGATGCACTCTTTAACAAAAGTTTA  
 CACTGGATCTCAAAATGTTAATGAAAAGCAGGATATTTACGCCAACTGTCTCTGAGTGCAAGTCTGATACTCCTGTA  
 TCGTATGGTCCAGATGCTGTAAAACCAAGAGTCTTTTAAACCATGATTGCGATAAAGACTGGCTCTTATATTACG  
 GGAATACTTTGACTGTGAAATGGAATCCAATAGGGGAAAGGTCTTATACCATTGTTGGAGAGCCATGTTACCTTA  
 TAACAAAACCCCTAAGACCTTTGGAAAATGGTATTCGATGGGTATTCGTCAAAATCAGAGCTTATTTGTTTCTTCC  
 CAAGAGCTGAAAAATGTTGGAGCAATGCTTCGCTGGTCACAATCAAAGGAAAATCCAGTTAAAGAGCTTGA AATTT  
 CTATGAGATTCAATGCTAATCCCAATGGCGAGCGTCTTTTCTTTAGAGGACGTA AATGGGTAGTCAACAATATTAT  
 CAAAGCCAAAAGGAGAACCACAAGATAGGGTATACAAAATTAATTTGGGACATGAATTCACCTCTGGATACATTGA  
 GAATCGTCTCAAGTTTAGAATGCAAAGAGCTGCAGTTCCTGGAATTAATGTTCTGATTATTTCTATTTGCTTCAATATGG  
 AAAACAAGTACCCAGACTTTGGAGAAGAGTTTATGACTTATGACAAGAGCACTCAATTA AAAATGACTGGAAGG  
 CAAAACCTCAATATGGTGTGCTGCTGCAGACTGTGACTCTACTCCTGGAGAAAATGAAATTAAGCTTCAAACATGAAAC  
 AACTGAAGAAGCAAGAGAGGCTATGAAAACACACTTGGTACTATGAAAAGTGTATGGAAACAGAAAGAAACAGCCAG  
 AATGGGCAAAACAGAGGTGATAAACTCCATTACACAAGCTTGCACATGACAACATGGGATGCAACTACTGCAC  
 GTAAATACTCATGGAAGATGAACTTTGTTAAGATGACTGATCGCATGAATGCTATTGTTTCTCAATTTCAAAGTAT  
 CATGAAAACCTGGTCTTTTACCTTACTTGGGACATGATCCAGAAAATTAATCCAGCTACAAGTGTGATCCCCACATG  
 AATATCAAAGCTACCCTTAAAAACACAGACAAGAAATGTTGATATGTACATGGAAAACAGTCAAGGAGGTCAACGT  
 TTCAACGATATTTCTTATGTTTAAATTTGGCGCCCAATGTTGAGAAAACCTTAAGTTTACATCCACCCTAGACGCT  
 CATGCAATACAAAATTTATCCATGGATGTACTACCACAATTTGACCATGTATATACTCTTGACAATGTACATATCTCT  
 TACACACCTACCTCATGCTGGACGTTGGCTTCTGGACACTGTTCCCCACATCCAACCTTATGCAAGTTTTTGTCAAAA  
 GTCTGCAGGATCTAATTTAGATGCTAAAATTTATTGGGCGGTACAGCATCGAATTTCAAACAAGTGGCCCAAAG  
 AAGATTAATGTTCTCATCAACGGTGAAGCTATTGATGTAGGAGAGGAGGAACATGTTTATGAACAAGACGGACAA  
 GAAATTTCAAGGTCTTAAAAATGGGGATCAAGTTACAGTGTACTCTTCTTGAAAATCTGGGTAGTCTATGATG  
 GCCATGCAGTCAGCTTAAATCCCTGCTCAATCTGTTACGGGTCAACATTTGCCGTTTTGTGTGGAACCTTCAACAGAAA  
 CCAATATGATGAAATTTGAAAAGCAAGGATCTCATCAATTTGAAGACATCCGACGAGCTTGTGGAAGATTATAAATG  
 GAAGTGTGGAATTTATTTCTTTCATCG

## FIG. 12

Proteina SEP 1 SL-0547

>SL0547DRFL

CTTCTTAAATCCTGAAAAGGTAGTAGTAGAACTTCCACGGAAATGGCGAA  
GAACAAGAACGTCGGTAAGCCGAGGAACTACAAGTTAGCCTCCGGAGTC  
GTCCGGTTCGGCAAATCTAAAATGTACCACAAGAAGGCAATCTATAAATT  
CTTGAAGAAGACAACCTCCCAAAAAGGTTGAGGCCAGTAAGCCCGCCTTCG  
TTGAGAAGAAGGTCGGAGGTGCCAAGAATGGGGGTACTCGTATGGTTCGC  
GTCAAGAAGTTGAAGAACGACTTCCCCACCATGGAAAGACGTGCTCATAG  
AATCGCCAAGAAGCCTGAAAAGCTCTCTCGCAGGGTCCGTCCTACCCTCA  
CCCCTGGAACTATTGCAGTTATTCTTGCAGGTATCCACAAAGGAAAGAGA  
ATCGTCATTCTCAAGGAGCTCTCCAGTGGAATGCTTCTGATTTCTGGCCCC  
TTCAAGCTTAATAACTGCCCAATTAGAAGGATTAATCAACGCTATTTGTTG  
GCCACATCAACCAAGCTCGATGTTTCATCCATTAATAATGCCCGAGAACAT  
TAATGATGATTACTTCCGTCGTTTAAGAGCCGCCAAGAAGCCAGCTGGTA  
GTGTATTCGAAGGTAAAAGGAAGAATACAAACCTTCTGAACAACGTAAG  
AAGGACCAAGTCGAAGTTGATAAGCAGCTCCTCAATGTCATCATGAAGCA  
CCCCGAAGCCTCTCTTTTGAACAATACTTGAAGAAGTCCTTCCGGTCTTAG  
CAAGGGACAATATCCTCATAATATGAAATTTTAAATTGTCGTCTTGTTAAAT  
AAAACATAAAATTCCTCGC

## FIG. 13

Proteina SEP 2 SL-0858

>SL0858C4

TCAATTTGATTGATCCAGGAAGAGAAACATGAAGATCATTGCCATCTTTG  
CACTTTTGTTCATTGCCGTGTCTGGAGAGGATCTGGAGTGGGAGTCCTGCA  
ATCCCGATAACTTGGGAGAAGGAGACATTGCCCTCTCTCCTTATCCCCTTC  
CAGTAGTTAGTGGAACCAGTCTGGATTTGAAAGCCCTCTTTGATCTTCACA  
AGGACCTCGATGGAGATGTGGATGTTGAACTCAAGTTGGTCAAGAAAGGA  
ATTGTCICCATTCCCATCCCCTGCATTGAAAGCCCTTCAGGCCICGCAITTG  
GGCTCTTGTTCCCTACAAACTGGAGGAGATTGTCAGCAAATATGCGTATTTT  
TTGTGTCCAGACTATTTTCCAGAGGGCCAAAGCTGTTCTTTCCCTTTGAAG  
GCAGGACAATATGGAGGTGAGATCTCTGGTATTGTTCTACCTGACATCCC  
ACCTTCCATTTCCAACCTCGCCAAGGGAACCATTCATGGAACCTCTCTGT  
GACCAGAAACGGGGAAGAAGTTTTCTGTATCAATGGAGATTTGAAAATGA  
CAAATTAATCCTTGTTTCTGTATCC  
ATATTTGAA

## FIG. 14

Proteína SEP 3 SL-1469

&gt;SL1469FLRD

CCATTCAGATGAGAGTCCAGCCCTCCTTTGCTTATTTGTTGCCGCTGTCAGCGGAAGCATATTTGAAGATGGAA  
 AGCAATATGTATTTGATTCAGAGACATCTGTTGTTGTTGGTACGATGGACCATGCTCCACACTCATCTGGATTTGC  
 TTACAAGCACCATACTACCATGCAAGTTC AAGGAGATAACATCAAAGTGAAGCTTTCTGACGTTGAATTCACAA  
 TTC AATGGAAAACATGAGAATGGAGAGTCCCATTTGACCACACTAACTTTGTTGCAACAAAACAGAGACATTCCTG  
 CATTTGAAGTTCAGTTGGACTCCCATGGATTGTTTTATCCCTCAAAGTTGGTCTAAACTGACACTATTTCCAACG  
 TAACATGATCAGAGGATGGGCTCAAAGACTCCAATTGAACATGGATAAAAATCAAACATCATGGACATGGATTCAT  
 TCTGAAGAGCAATCCATCTTTGGAGATTGTGATACTCTTTACACTGTTAGTGATCATAAAATTTGAAAATCTGTAA  
 GTCATACTAAAAGATTGCAAAAACAGAGTACGTGTCCTCATTTGATGATTTGGAGGGCGAACGCTGTGACATTTGACCC  
 AGAGCATCCAGAAAAGCAGAGAAAATCCAAATGGTCTTTACTCTGCTTCCAACACCATTATGTGCTGGACAAGAAG  
 GGAGATCATTTCCACCCTAAGGCCATCATTTGGATCATCTCAGTTGTTGCACAATTTCTATCAAATGGAAGGAGTCT  
 CCTTTATTGCTCACTCTAATTTCAACATCTAATTTGAAATCTGTTGAAGATATCTCAGAACCTATGGTTGTTGTTGG  
 AATCCCAGTCAAGGATCTCAAATACGAATTTGAAGATAAAGAATATCAATGGAAATTTGACAGAGACCTCAAGGCT  
 CGTGAAGAACATTTATCCACTGGTGAATTTTTGAGAGTGACATGCCACTTTGTCAAATATCTTAAGGAAAAGC  
 TCAACAAGTTCCATGACATCATGCAACATCTTTCAAATGACAAAAGATGCCATTGCAGAAAGCTCATGATAATGGAGT  
 AAACAGTATGGTACCCGGTATGTTGGCTATGGACTACAATACATTTGAAGGCTATGCTGAAGAACTTCACTCAGAC  
 AAATCTGATGAAGGTGATTTCAAATACAATCTTTTCAATGAACTTTTGGGAAGTTTAGGAACCAGCGCTTCTGCAC  
 TCCTGGTCCGTGACATGATCATGGAAGACAAAATTTGAAAACCTCAGGGATGCTGTCGGTCTTACTGCCATTCC  
 TTTCCATATTCGTACCCTAGCAAGCAACTTTTGAGTGAATTCGAAGCTTTGTACAACACTACGATGGAGATCAACTC  
 CTCAAAAGATGCCGTCCCAATTTGCTTTGGACACTTAGCACGAGTTACCTGCGAAAGAGCCGGAGTAATGCACTCCC  
 CTGCTTCTAAAGAATGTTTCCACTCTGTTGTCGATGGATACGCCGATAAAAACAAATGAAAAAATTTATGGGTGCATC  
 TGACCACAAAAGAGCAAATTAAGCTTCTTGGAAATGTTGTTCAATCTTCCGCTATGGAACCGTTGCTGAAAAATTAAG  
 CCTCTTATTTATGGAGAAAACCTGAGATCAAATGTGGACATCTCCGTACTCTTGTCTGTTCAAGCTGCTGCTTTGGAG  
 CAATCAACAACGGAAAGGGAGCTGAATATTTATGCCCATTTTTGCGGACAGTGA AAAACTCTCATGAACCTAGATT  
 GACAGCTCTCTCATACTTTGATGGATGCTCATCCACCAGCAACTCACTTTAACCACCATCGTTGCTGTACTTTACAGA  
 GAAAAAGATTTAAGGTTATCAACTATGCTTTTACACTCTTGGATAAAAATGCAACCAATATTAACCCCTGCAAGA  
 AATCGGTCTCTGTATTTGGCCAAATACTTCTTGAATATCTTAAGCAATACAGTCAATTTGAAAACCTGACTATGGATT  
 GGGAGTGTCCAAAACCTTATAGTCGTCAAATCCAAACAATCTAAATACGGGTATGGAGGTGAATACAGCTACTGGGTCT  
 ATTTGGATCTCATAGTTCTACCCTTCCCTCTGAGTGTGCAATGTTGATGGACACAACCTGTTTGGAGGATATACCG  
 CTAATGGAATGTGTGTGCAATTAAGAATTTGAAGGATTTGTC AAGGCTCTCATCCGTAATTTCAAGACGATGAGCCC  
 AGATATCTGGAATCTGAAGATCTCAAAGTATCTTAATGGGAGATATGAACATTAAGGAAAGACCTGATCAACCA  
 ATCAACGTTGAGGTTCTCCTTTTCGTCAAGAACTCAGTTGTTGCATTCAGACAATATAACGAAGATTTCAATTAAGG  
 AAGGTGGGAACCTTGAAGAAATTTTCGATCAATTTGAAGGACTTTGGAGGCACCTACTCCATTAATCACCAAAGAGC  
 AATGAGATTTGGAAGCCTCTTGTACCAACAACCTTGGAAAGTCCGTTGCTCCAGTCTCTTACTTAAACTCATTCACC  
 GCGGTTTTTGATGTTCAAGCTACAATTAAGAAGGGAATGCCAGAGGTCTTATGTTTCAAGAGATGTC AAAATATAACA  
 TGAACCTTTTTTGGACATGGATCTCGTATGATGATGGTTCAAACCACAATCAAAGATGTTTTATTTCCATTTCTCA  
 AAACCGCATTTATGGCTCCCATTTCCCAAGAGAAATTTGTCATTTGGAGTTAATCCATTGAAGAAAGAGTTTAAATTA  
 TCTATTTCAACGGCCTTCTTATGAGAATCCACTCGTACTTATGATGCACTCTTTAACA AAAAGTTTACACTGGATCTC  
 AAAATGTTAATGAAAAGCAGGATATTTTCAAGCAACTGTCTGAGTGAAGTCTGATACTCTCTGTATCGTATGGTCC  
 AGATGCTGCTAAAACCAGAGTCTTTTTAAACCATGATTTGCGATAAGACTGGCTCTTATATTTACAGGGGAATACTTT  
 GACTGTGAAATGGAATCCAAATAGGGGAAAGGCTTATAACCATTTTGGAGAGCCATGTTACCTTATAACAAAAC  
 CTAAGACCTTTGGAATGGTATTTGCAATGGGATTTGTCGTAATTCAGAGCTTATTTGTTTCTTCCCAAGAGCTGA  
 AAAATGTTGGAGCAATGCTTCCGCTGGTCACAATCAAAGGAAAATCCAGTTAAAGAGCTTGA AATTTCTATGAGATTC  
 AATGCTAATCCCAATGGCGAGCGTCTTTCTTTAGAGGACGTA AATGGGTAGTCACAACATTTATCAAAGCCAAAG  
 GAGAACCACAAGATAGGGTATACAAAATTTATTTGGGACATGAAATCACTCTGATACATTTGAGAATCGTCTCAA  
 GTTTAGAAATGCAAAGAGCTGCAGTTCCTGGAATTTATGCTGATTATCTATTTGCTTCAAATATGAAAAACAAGTAC  
 CCAGACTTTGGAGAAGAGTTTATGACTTATGACAAGAGCACTCAATTA AAAATGACTGGAAAGGCCAAAACCTTCAAT  
 ATGGTGTGCTGCAGACTGTGACTCTACTCTGGAGAAATGAAAATTAAGCTTCAAACATGAAAACAACTGAAGAAAGC  
 AAGAGAGGCTATGAAACACACTTGGTACTATGAAAAGTGTATGGAACAGAAGAAACAGCCAGAAATGGGCAACAGAA  
 GGTGATAAACCTCCATTCACACAAGCTTGCCACATGACAACATGGGATGCAACTACTGCTCCGTAATAC

## FIG. 15

(proteína adhesiva de mejillón) SL-0927)  
>SL0927R61

CCAATTCTAGCTAGTCACTATGAACTAGTCAAATAATTTATATACTGTTTTATA  
TTGATTTTTATTTATATATTATTACATCCTTGAAGGACTTTTGAACAAAGGTGTTTCGT  
AGTAAACTTTTGAGTCATTATTACATAGTTGTCATACCTATTTCAAGGATAATAAG  
GACGATCATCATGAAAACATCTATTATTTTCTCACTGTATGTTCTGCCTTCTATAC  
TGCACCTTGCTGTAAGTGAAGATAAACTATTATAGCTGAAGACCTGACAGCTGT  
AGAGTCACGCTATAAAGTAGATGCAAAACCTCACCTTATGTTCCCTCCACAACCA  
GCACCAGATTTTGATTACTTTGCACCCACTGTATCTCCTTCTTTCTCCCAATCGC  
ATCTCCCTCTCCTTCTTCCCCTGTTACATCCTACTTTACACCCACAACCATTCTCC  
AGTGACTCCCTCGACCACAACGACCACTGTTACAACAACAACCCCTGCCACATCT  
ACTTACAGAAAGTTATTCTTTCCAACGCTTTTCAAACCATCTTTTCTTTCTTCTCGA  
AAAAAGTTAACCAACTACAACAACGCGGCTACAACATCCTCAACAACAACA  
ACAATAACCTTCACCCCAACTACTTCACCCCCTCCATCTGCTAATGAAGTTCGAA  
CAACATTAAACCCATCCAAAGTAGCCTCAAAAACAAGTCATATACCCGCCCTCT  
TTACTCCAAAAAGAACTTCTTACGCAAGAAACCTCTGTATATTACAAAGTTAAG  
AAAAATCCCGTCAAGTTAAGAAAAGTTAAGAAAATTCTGAGACCTGTGAGTTACT  
CAACTCCTCAGACTCATCCGAGCAGCAGACTGTTTCAACCACAAGAGACTATCC  
AAGTAAATCTCTTGAAAGTTTAAACGCAAACTAAGAGTCCAGAAATAGTATCGGCC  
TTTACTCCGGTCTCAGTCTCAAAAAAGTCTATTAAATCATTGAATGCTCGAAAAT  
CCATTTATGCAAGTCCATCTACCCCATCTTTTAGATATTCACCAACAACACCTTCT  
TCATATCAAAGTCTTAAGCCATTTGAGCCAAACCTATTCATAGATTCAGATCTA  
AGCCAGGCTACAAGTCTACCAGATCCAAACCTACTTATGTTTCGTCACGACCAC  
CCACCCAGCGTATGTATCATCTACTATTAGTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTA  
GTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTAGCCCAGCCTATGCATCCACAACAGTTAA  
ACCTGTCTTTGTTTCTACGACAGCAAATGAAATATACTATACGCCGAACCAAAA  
AGGGTACGAAGTCTTCCACTTACACGAGAACAAGCACATCTCTATTTCATCTATTC  
CTTATGATTCAACAACACTACATCAAGGCAGCCTCCAGCTCCTGTTTCTTACAGTAC  
ACCTAAGCCCCACTCGAAACAACATAGCCAATATCGCGAATTGCCATTGACTAGA  
GAGCAAAGTGAACAACATTGAGTTTAGTACTCCCGTAAAGGCTAATACGAAGCCTT  
ACAATAATAATATACAATTTAATCCTGTAAGACGGATTCTTCTCATTATAGAAA  
TCATCAAGCGTTGAATGAAATACGTCGGGAGGAAAAGTATCCTGCACAACCCAT  
TCCTTCAGCTATGATATCAAAGATGAGACAAGTGGAACGGATTTTTTCCGCTCTG  
AAGAAAGCTCAGGCCCTGTGACGAAGGGAAGTTATAAGGTGGCTTTCCTGATG  
GTCGTATTCAAATTGTTGAATATATTGCAGATGAAAATGGCTATAAGGCCACAGT  
TTCCTATGAGGGAGAAGCTGTTTTCCCAAATCCAGATGATTTTGAAGAAGAACCA  
ACTCGGAGAACTTTTAGACACTCAAGAAAAGTCGATATTGACTCTGTACCCAATA  
ACAACACTACTTTTTTGCGGAATAGAGTCCGTGGTGCAGGGACTACAGAAAAAG  
CTCCTTCTCCTCAAGACACAACCATTCGTCCAGTCAGTCTTCCATTAAGACATCGA  
TTATCTCGTGCCGAAGTCTCAAAATCACTTCNTACGAGTCCGTTTCTTATGCTGT  
GAGTAGTACGTCACCAGCTCCATTACCTTCTAGTCAAGGCCACAACGTTTTTCGT  
GTTTCATCATTCTTACCAAATGTTGAGGGACGAGTATTACATCACTCAACACCTC  
CAGTCAGCTATTCCCAAACCTCCCCAAATCGCGACAACCTCAAAAACCCAGATTCT  
TCATAACGCCAATTACGAAGAAGCATTACGAGACTATGGAATTAAGGTTGATTAT  
TAATACCTTTACTTTTTTGTGATCCATTTAATATGGGTTATAAATATATTTATTAGT  
ACTCATTGTTTATTATTGTAAAAGCCGTTTGTAGTTGTTTCAGATGAAAGTG

# FIG. 16

**Tipo vitelogenina SL-0903**

FQRNMIRGWAQRLQLNMDKINNHHGHGFHSEEQSIFGDCDTLYTVSDHKIVKSVSHTKDCKNRVHVLIDD  
 WRGERCDIDPEHPESRENPNGLYSASNTIYVVDDKKGDFHPKAIIGSSSVVAQFYQMEGVSFIAHSNST  
 SILKSVEDISEPMVVVGI PVKDLKYE FEDKEYQWNSDRDLKAREEHLSTGEFFESDMSTLSKYVKEKLN  
 KFHDIMQHLSNDKDAIAEAHDNGVNSMVPGLAMDYNTLKAMSEELHSDKSDEGVFKYNLFNELLGSLG  
 TSASALLVRDMIMEDKFENFRDAVRALTAIPFHIRHPSKQLLSEFEALYNDGDQLLKDAVPIVLGHLLA  
 RVT CERAGVMHSPASKECFHSSVVDGYADKTIEKIMGASDHKEQIKLLGMLFNLRVGNVAEKLP LIYGE  
 TEIKCGHLRTLAVQAAAFGTINNGKGAEYLLPIFADSENSHELRLTALSYLMDAHP TATHFNTIVAVLY  
 REKDYEVINIYAFTLLDKYATNINPCKKSVSVLAKYFLKYLKQYSHFETDYGLGVSKTYSRQFQQSKYGY  
 GGEYSYWVIGSHSSTLPLSVAMCMDTTLFGGYTANGMCVQLRIEGLSKALIRKFKTMSPD IWKSEDLKS  
 ILMGDMNIKERPDQPINVEVLLFVKNSVVAFRQYNEDSIKEGGNLKEIFDQLKGLGDTYSINHQRAMRF  
 GSLLYQQPLEVGAPVSYLNSFTGVFDVQATI KKG NARGLMFRDVKYNMNF FGHGSRMMM VQNPQSKMFY  
 SISOQRNIYGSHFPREFVIGVNPLKKEFKLSIQRPSYENPLVLMHSLTKVYTG SQNVNEKQDI SANCPE  
 CKSDTPVSYGPDAAKTRVFLNHDCDKTGSYIHGEYFDCEMESNRGKVLVHLWRAML PYNKNPKTFGNGI  
 RMGIRQIRAYFVFFPRAEKCGAMLRWSQSKENPVKELEISLRFNANPNGERLFFRGRKWWVVTI IKAKG  
 EPQDRVYKIILGHEFTPGYIENRLKFRMQRAAVPGIMSDYSICFNMENKYPDFGEEFMTYDKSTQLKMT  
 GKAKLQYGAAADCSTPGEMKLSFKHETTEEAREAMKHTWYYEKCMEQKKQPEWANRGDKLPFTQACHM  
 TTWDATTARKYSWKMNFKMTDRMNAIVSQFQSIMKTGLLPYWDIDPEIIPAT SADPHMNIKATLKNHD  
 KNVDMYMETSQGGQRFNDIPLSLNWRPMLRNKFTSTTRRLMQYKIIHGCTTTIDHVYTLDNVTPYPTP  
 TSCWTLASGHCSPHPTYAVFVKKSAGSHLDAKIYLGHSIEFQTS GPKKINVLINGE AIDVGEEEHVHE  
 QDQGEIFKVLKKGSSYSVY SFLKIWVVYDGHAVSLI PAPSVTGQHCGLCGNFNRNQYDEFESKDAHQLK  
 TSEDELVEDYKWKK

**Coincidencias 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 SEP 1 SL-0547**

MAKNKNVVGKPRNYKLAGVVVRFGKSKMYHKKAIYKFLKKTTPKKVEASKPAFVEK  
KVGGAKNNGTRMVRVKLKNDFPTMERRAHRIAKKPEKLSRRVRPTLTPGTIAVILA  
GIHKGKRIVILKELSSGMLLISGPFKLNNCPIRRINQRYLLATSTKLDVSSIKMPENIND  
DYFRRLRAAKKPAGSVFEGKKEEYKPSEQRKKDQVEVDKQLLNVIMKHPEASLLKQ  
YLKKSFGLSKGQYPHNMKF

**Coincidencias BLAST:**

tr Q5UAT5\_BOMMO Proteina ribosomal L6 [RpL6] [Bombyx mori (Silk m... 242 6e-63



## FIG. 18

**Proteína SEP 2 SL-0858**

**M**KI I A I F A L L F I A V S G E D L E W E S C N P D N L G E G D I A L S P Y P L P V V S G T S L D L K A L F D L  
H K D L D G D V D V E L K L V K K G I V S I P I P C I E S P S G L H L G S C S Y K L E E I V S K Y A Y F L C P D Y  
F P E G Q S C S F P L K A G Q Y G G E I S G I V L P D I P P S I S N L A K G T I H G T L S V T R N G E E V F C I N  
G D L K M T N

**Coincidencias BLAST:**

tr Q5EN79\_9CNID Proteína de tipo activador M2 de gangliósido [Aurelia a... 44 0.001

## FIG. 19

### Proteína SEP 3 SL-1469

**MRVTALLCLFVAAVSGSIFEDGKQYVFDSETSVVVGTMDHAPHSSGFAYKHHTTMQV**  
**QGDNIKVKLSDFEFSQFNGKHENGEFPFDHTNFVATNRDIPAFEVQLDSHGLFSSLK**  
**VGPKLTLFQRNMIRGWAQRLQLNMDKINNHGHGFHSEEQSIGDCDTLYTVSDHKIV**  
**KSVSHTKDCKNRVHVLIDDWRGERCDIDPEHPESRENPNGLYSASNTIYVVDKKGDH**  
**FHPKAIIGSSSVVAQFYQMEGVSFIAHSNSTSILKSVEDISEPMVVVGI PVKDLKYE**  
**FEDKEYQWNSDRDLKAREEHLSTGEFFESDMSTLSKYVKEKLNKFHDIMQHLSNDKD**  
**AIAEAHDNEVNSMVPGLMAMDYNTSKAMSEELHSDKSDEGVFKYNLNFNELLGSLGTS**  
**ASALLVRDMIMEDKFENFRDAVRALTAIPFHIRHPSKQLLSEFEALYNYDGDQLLKD**  
**AVPIVLGHLARVTCERAGVMHSPASKECFHSVVDGYADKTIEKIMGASDHKEQIKLL**  
**GMLFNLRGYNVAEKLKPLIYGETEIKCGHLRTLAVQAAAFGAINNGKGAEYLLPIFA**  
**DSENSHELRLTALSYLMDAHPATHFNTIVAVLYREKDYEVINYAFTLLDKYATNIN**  
**PCKKSVSVLAKYFLKYLKQYSHFETDYGLGVSKTYSRQFQQSKYGYGGEYSYVWIGS**  
**HSSTLPLSVAMCMDTTLFGGYTANGMCVQLRIEGLSKALIRKFKTMS PDIWKSEDLK**  
**SILMGDMNIKERPDQPINVEVLLFVKNSVVAFRQYNEDS IKEGGNLKEIFDQLKGLG**  
**DTYSINHQRAMRFGSLLYQQPLEVGAPVSYLNSFTGVFDVQATIKKGNARGLMFRDV**  
**KYNMNFVGHGSRMMMVQNPQSKMFYSISQNR IYGSHPREFVIGVNPLKKEFKLSIQ**  
**RPSYENPLVLMHSLTKVYTGSQNVNEKQDISANCPECKSDTPVSYGPDAAKTRVFL**  
**NHDCDKTGSYIHGEYFDCEMESNRGKVLYLWRAML PYNKNPKTFGNGXRMGIRQIR**  
**AYFVFFPRAEKCGAMLRWSQSKENPVKELEISMRFNANPNGERLFFRGRKWVTTII**  
**KAKGEPQDRVYKIIILGHEFTPGYIENRLKFRMQRAAVPGIMSDYSICFNMENKYPDF**  
**GEEFMTYDKSTQLKMTGKAKLQYGAAADCSTPGEMKLSFKHETTEEAREAMKHTWY**  
**YEKCMEQKQPEWANRGDKLPFTQACHMTTWDATTAP**

### Coincidencias BLAST:

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

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

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

tr Q7KPP7\_CAEEEL Genes estructurales de vitelogenina (gen de proteína de yema... 67 2e-09

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

## FIG. 20

### Proteína adhesiva de mejillón SL-0927

MKTSIIIFSLYVLP SILHLAVSEDKTIIAEDLTAVESRYKVD AKPSPYVPPQPAPDFD  
 YFAPT VSPSFSPIAS PPSPPVTSYFTPTTIPPVTPSTTTTTVT TTTTPATSTYRKL F  
 FPTSFKPSEFLSSRKKLTTTTTTPATTSSTTTTITFTPTTSP PPSANEVRTTLNPSKV  
 ASKTKSYTRPLYSKKNFLRKKPSVYYKVKKNPVKLRKVKKILRPVSYSTPQTHPSST  
 TVSTTRDYPSKSLES LTQTKSPEIVSAFTPVSVSKKSIKSLNARKSSYASPSTPSFR  
 YSPTTPSSYQSLKPFEPKPIHRFRSKPGYKSTRSKPTYVSSTTTHPAYVSS TISPAY  
 ASSSVSPAYASSSVSPAYASTTVKPVFVSTTANEIYYTPEPKRVRSLPLTREQAHL Y  
 SSI PYDSTTTSRQPPAPVSYSTPKPHSKQHSQYRELPLTREQSENI EFSTPVKANTK  
 PYN NNIQFNPVRRIPSHYRNHQALNEIRREEKYP AQPY SFSYDIKDETS G TDFFRSE  
 ESSGPVTKGSYKVALPDGRIQIVEYIADENGYKATVSYEGEAVFPNPDD FEEEPTRR  
 TFRHSRKVDIDSV PNNNYSFLRNVRGAGTTEKAPSPQDTTIRPVSLPLRHRLSRTE  
 VSKSLPTSPFPYAVSSTSPAPLPSSQGPQRF RVHSSPNVEGRVLHHS TPPVSYSQL  
 PQIATTQKPRFLHNANYEEALRDYGIKVDY

### Coincidencias 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 (Percebe)] 61 8e-08

FIG. 21

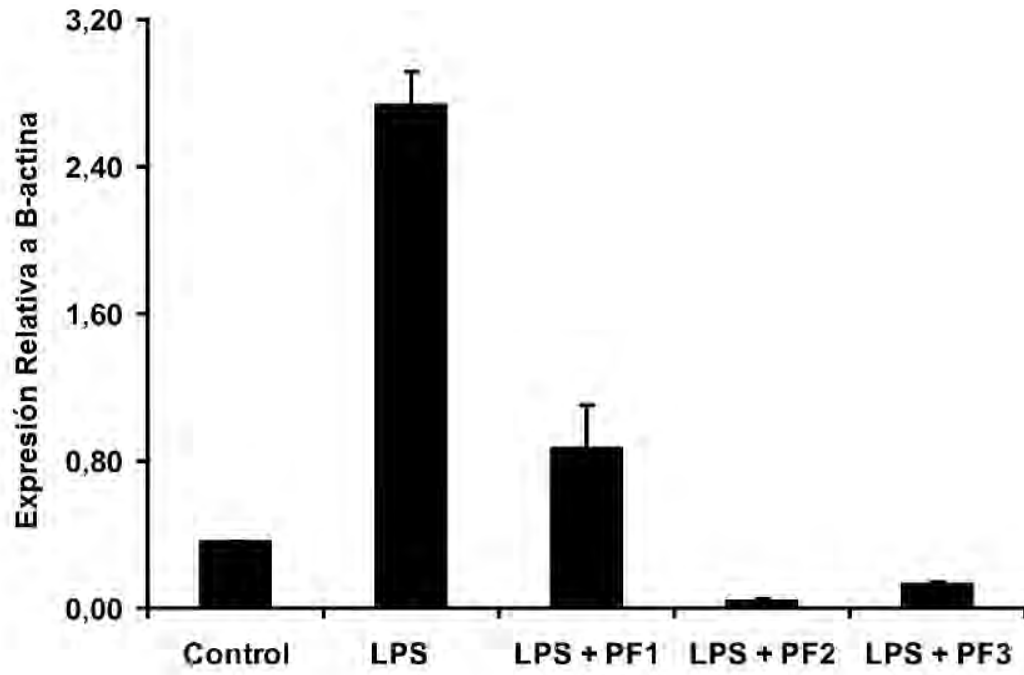


FIG. 22

