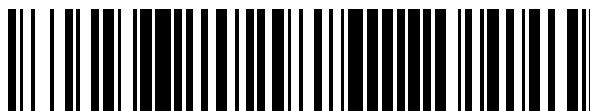


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 622 087**

51 Int. Cl.:

A61K 39/00 (2006.01)
A61K 39/12 (2006.01)
A61K 39/155 (2006.01)
C07K 14/005 (2006.01)
C12N 7/00 (2006.01)
C12N 15/86 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **20.08.2010** **PCT/US2010/046179**

87 Fecha y número de publicación internacional: **24.02.2011** **WO11022656**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **20.08.2010** **E 10747133 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **25.01.2017** **EP 2467158**

54 Título: **Vacuna recombinante contra paramyxovirus aviar y procedimiento de fabricación y utilización de la misma**

30 Prioridad:

21.08.2009 US 235912 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
05.07.2017

73 Titular/es:

MERIAL, INC. (50.0%)
3239 Satellite Blvd.
Duluth, GA 30096, US y
UNIVERSITY OF GEORGIA RESEARCH
FOUNDATION, INC. (50.0%)

72 Inventor/es:

BUBLOT, MICHEL;
MEBATSION, TESHOM;
PRITCHARD, JOYCE y
MUNDT, EGBERT

74 Agente/Representante:

SALVA FERRER, Joan

ES 2 622 087 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

Vacuna recombinante contra paramyxovirus aviar y procedimiento de fabricación y utilización de la misma

[0001] La descripción se refiere a paramyxovirus aviar (APMV) y secuencias de APMV. La descripción se refiere a vectores virales para la inserción y expresión de genes exógenos para su uso como vehículos de inmunización seguros para proteger contra una variedad de patógenos. Se refiere a una vacuna de vector en un sistema de genética inversa para la producción de vacunas vivas atenuadas. También se refiere a polinucleótidos que se pueden utilizar para la producción de subunidades en un vector de expresión *in vitro* o como secuencias para ser integradas en un vector de expresión *in vivo* de tipo viral o plásmido.

[0002] La presente descripción se refiere al virus APMV sin modificar y modificado, a los procedimientos de fabricación y uso del mismo, y a ciertas secuencias de ADN y proteínas. Más en particular, la descripción se refiere a un virus APMV en el que se ha alterado el genoma de origen natural del virus ("mutantes de APMV" o "APMV recombinante") y a los procedimientos de fabricación y uso de tales mutantes de APMV o APMV recombinante.

ANTECEDENTES DE LA INVENCION

[0003] Las vacunas de vectores virales representan una de las áreas de más rápido crecimiento en el desarrollo de vacunas. Muchas vacunas en desarrollo clínico para las principales enfermedades infecciosas a nivel mundial, el VIH, la tuberculosis y la malaria, están basadas en vectores virales. Las vacunas de vectores virales para los animales ya están en el mercado, por ejemplo, las vacunas de vectores de la viruela aviar para animales de compañía y aves de corral, vacunas de vectores del virus del herpes aviar para aves de corral, y vacunas de vectores de virus vaccinia para la vida silvestre. Pero otras vacunas de vector para el ganado están en desarrollo. La ventaja de las vacunas de vectores virales es que pueden administrarse de forma segura debido a la utilización de un esqueleto del vector que está fuertemente atenuada y no causa la enfermedad en el propio animal. La desventaja de los vectores virales utilizados en la actualidad es la existencia de derivados de la madre o anticuerpos adquiridos debido a una infección pasada. Estos anticuerpos neutralizan el virus vector y por lo tanto disminuyen el éxito de la vacuna de vector. Un gran impulso para el desarrollo de vacunas de vectores fue la aparición del virus de la gripe H5N1 altamente patógeno que apareció por primera vez en Asia y más tarde en Europa y África. Se han desarrollado varias vacunas de vectores candidatas incluyendo vacunas de vectores basados en virus de la viruela aviar (Taylor et al, 1988), virus vaccinia (Chambers et al., 1988), virus del sarcoma de Rous (Hunt et al, 1988), adenovirus (Tang et al., 2002, Gao et al, 2006), virus de la encefalitis equina venezolana (Schultz-Cherry et al, 2000), virus de la enfermedad de Newcastle (US6,719,979, Veits et al., 2006, Swayne et al, 2002, Park et al, 2006), virus del herpes de laringotraqueitis infecciosa (Veits et al., 2003), virus del herpes de pavo (Darteil et al., 1995) y adenovirus (Hoelscher y otros, 2008, Toro et al, 2007). La eficacia de estas vacunas de vectores ha sido probada en aves sin tratamiento previo, pero hasta ahora no hay informes publicados sobre la eficacia de estas vacunas de vectores en aves con una inmunidad preexistente al vector viral y/o a la proteína codificada por el inserto.

[0004] La familia de virus *Paramyxoviridae* incluye patógenos humanos (virus de sarampión, paperas, parainfluenza y sincitial respiratorio) y patógenos animales (virus de la enfermedad de Newcastle y el virus de la peste bovina) que causan un impacto significativo en la salud pública, así como la economía global (Lamb et al., 2007). Los miembros de esta familia de virus se definen por tener un genoma de ARN monocatenario, de sentido negativo, "monopartito". La familia *Paramyxoviridae* consiste en dos subfamilias, a saber *Paramyxovirinae* y *Pneumovirinae*. Debido a la reciente reclasificación, la subfamilia *Paramyxovirinae* incluye cinco géneros, es decir, *Morbillivirus*, *Henipavirus*, *Rubulavirus*, *Respirovirus* y *Avulavirus*, mientras que *Pneumovirinae* incluye *Pneumovirus* y *Metapneumovirus* (Mayo, 2002). Los paramyxovirus aviar (APMV) se clasifican en el género *Avulavirus* y comprenden nueve serotipos antigénicamente diferentes que han sido definidos mediante pruebas de inhibición de la hemaglutinación (HI) (Alexander, 1988). De los nueve serotipos, los aislamientos que pertenecen al subtipo APMV-1 pueden causar una enfermedad devastadora en la avicultura comercial y se clasifican como virus de la enfermedad de Newcastle velogénica (NDV). Las formas más leves de NDV se designan como aislamientos mesógenos y lentógenos, en los que la última forma es principalmente asintomática en aves de corral domésticas. Los aislados que pertenecen a APMV-2, 3, 6 y 7 también se han asociado con la enfermedad en las aves de corral. Específicamente, las infecciones por aislados de APMV-2 y 3 pueden causar una enfermedad respiratoria leve y problemas en la calidad y cantidad de los huevos (Bankowski et al, 1981; Redmann et al, 1991; Tumova et al, 1979; Zhang et al, 2007). Se ha conocido que los aislados de APMV-6 y 7 infectan pavos, patos y aves migratorias y pueden inducir la enfermedad respiratoria que puede complicarse por una infección secundaria (Saif et al, 1997; Shortridge et al, 1980). Por otro lado, los aislados de APMV-4, 5, 8 y 9 han sido aislados de patos, aves acuáticas y otras aves salvajes, pero las aves rara vez muestran signos clínicos después de la infección viral (Alexander et al, 1983; Capua et al, 2004; Gough et al, 1984; Maldonado et al, 1995; Shortridge et al, 1980).

[0005] Las secuencias genómicas completas de varios aislados de NDV se han establecido y utilizado para dilucidar los diversos determinantes de virulencia de NDV (de Leeuw et al., 1999; Krishnamurthy et al, 1998; Zou et al, 2005). En los últimos dos años se han publicado varias secuencias de APMV distintas de APMV1, tales como número de acceso GenBank EU338414 para APMV-2, EU403085 para APMV-3, FJ177514 para APMV-4, EU622637 para APMV-6, FJ231524 para APMV-7, FJ215863, FJ215864 y FJ619036 para APMV-8, EU910942 para APMV-9.

Además de la información de la secuencia, no se sabe mucho acerca de los factores de virulencia. Los aislados de APMV 2-9 en su mayoría han sido aislados de aves migratorias. Curiosamente, hay muy pocos informes de infección experimental de pollos con dichos aislados (Saif et al., 1997). Dado que estos APMV circulan ampliamente en aves salvajes y en ciertos casos se han aislado de grupos comerciales (Zhang et al., 2007) que a veces causan la enfermedad en ellos (Saif et al., 1997; Shihmanter et al., 1998; Shihmanter et al., 1998), se necesita conocimiento acerca de su virulencia en aves de corral.

[0006] La mayoría de los aislados de APMV causan una enfermedad relativamente leve que puede ser exacerbada en presencia de infecciones bacterianas o virales concomitantes que podrían dar lugar a un impacto económico. En particular, el APMV-2 fue aislado por primera vez como un patógeno secundario en 1956 de los pollos afectados por la laringotraqueitis aguda en el sur de California (Bankowski et al., 1960). Desde entonces numerosas cepas de este serotipo se han aislado de varias especies de aves, lo que significa que el APMV-2 está ampliamente diseminado en todo el mundo (Andral et al., 1984; Bradshaw et al., 1979; Fleury et al., 1979; Goodman et al., 1988; Lang et al., 1975; Lipkind et al., 1982; Lipkind et al., 1979; Zhang et al., 2006). Bankowski et al. describió que la exposición natural, así como artificial, de las gallinas pavo ponedoras a APMV-2 causó una disminución pronunciada en la capacidad de eclosión y el rendimiento de las aves de corral (Bankowski et al., 1981). Los ejemplos iniciales de aislamiento de APMV-4 eran de patos salvajes cazados en la ruta migratoria del Mississippi en los Estados Unidos (Webster et al., 1976) y de pollos, patos y gansos en Hong Kong durante los programas de vigilancia de la gripe de las aves de corral (Alexander et al., 1979). Además de un aislado de una cerceta anillada que sufría de enteritis hemorrágica (Gough et al., 1984), todos los otros aislados eran aparentemente no patógenos en aves de corral y se encontró que tenían una amplia distribución entre las aves acuáticas en todo el mundo (Stanislawek et al., 2002; Tumova et al., 1989; Yamane et al., 1982). Gough et al. describió que no había signos clínicos y se obtuvieron títulos de HI muy bajos (1:8 o menos) después de la inoculación intranasal de patos de una semana de vida y pollos de dos semanas de vida con el aislado de una cerceta anillada (Gough et al., 1984). Del mismo modo, los primeros aislados de APMV-6 eran también de las aves de corral en Hong Kong como resultado de un programa de vigilancia de la gripe y se indicó que no eran no patógenos en pollos basado en los títulos bajos de HI de pollos infectados experimentalmente (Shortridge et al., 1980). Sin embargo, ha habido informes de infección con APMV-6 de pavos que conducen a problemas de producción de huevos y enfermedad respiratoria leve (Alexander, 2003).

[0007] El APMV-8 (Goose/Delaware/1053/76) se aisló por primera vez en los Estados Unidos de un ganso de Canadá matado por un cazador (*Branta canadensis*) (Rosenberger et al., 1974). Una encuesta serológica (1990-1992) de aves de caza en el sur de España mostró una prevalencia notable de anticuerpos contra APMV-8 en hasta el 43% de los sueros ensayados (Maldonado et al., 1995). Otro estudio serológico para determinar el estado de patos silvestres vivos y sanos en Nueva Zelanda para la infección por APMV reveló la presencia de anticuerpos contra APMV-8 en el 56% de los sueros ensayados (Stanislawek et al., 2002). Warke et al (2008) describió que entre el 16% y el 31% de los sueros de pollo investigados podría haber tenido anticuerpos contra APMV-8. Pero debido a altos títulos existentes contra APMV1 es posible la probabilidad de una prueba de HI de falsos positivos, ya que los sueros no reaccionan muy específicamente en el ensayo de HI. Con la excepción de unas pocas aves acuáticas aisladas de APMV-8 aislado, mientras las poblaciones eran investigadas para encontrar el virus de la gripe aviar (Stallknecht et al., 1991), ha habido una escasez de información sobre la prevalencia y patogenicidad de este virus.

[0008] El desarrollo de sistemas de genética inversa para el genoma de ARN de cadena negativa del NDV ha hecho que sea posible insertar secuencias de genes exógenos en el genoma, por lo que es posible la creación de vectores recombinantes de NDV para la vacunación y la terapia génica (Krishnamurthy et al., 2000; Peeters et al., 1999; Roemer-Oberdoerfer et al., 1999). Se han descrito vectores recombinantes de NDV que expresan las proteínas virales exógenas, tales como la proteína HA del subtipo H1 del virus de la gripe A (Nakaya et al., 2001), la proteína VP2 del virus de la bursitis infecciosa (IBDV) (Huang et al., 2004), la hemaglutinina del virus de la gripe aviar del subtipo H5 (Veits et al., 2006; Ge et al., 2007) y del subtipo H7 (Park et al., 2006). Sin embargo, la eficacia de la mayoría de estas vacunas se ha demostrado sólo en aves SPF. NDV causa una enfermedad devastadora de las aves de corral que conduce a graves pérdidas económicas en la industria avícola. Por lo tanto, los pollos comerciales son vacunados rutinariamente contra el NDV en la mayoría de países del mundo. Debido a esto, los pollos de grupos parentales inmunizados tienen un alto nivel de anticuerpos de origen materno. Las vacunas de NDV vivas convencionales proporcionan protección incluso en presencia de estos anticuerpos. Sin embargo, las vacunas de NDV (con inserciones de genes exógenos) están generalmente más atenuados en comparación con las vacunas vivas de NDV y su eficacia puede verse afectada en presencia de anticuerpos maternos de NDV. Por lo tanto, existe la necesidad de una plataforma de vacunas de vector que pueda proporcionar la base para vacunas seguras para la expresión de antígenos heterólogos. Idealmente, la vacuna recombinante puede inducir una respuesta inmune humoral fuerte, puede ser aplicable mediante la administración en masa, y es barata.

[0009] El documento WO02/36617 da a conocer un mutante de NDV que se adapta como una cepa marcadora. Peeters et al (2001, Vaccine 19: 1616-1627) describen la generación de una vacuna de virus de la enfermedad Newcastle (NDV) recombinante, en la que el gen que codifica la hemaglutinina-neuraminidasa (HN) ha sido reemplazado por un gen HN híbrido que consiste en el dominio citoplasmático, región transmembrana y región tallo de HN de NDV, y el dominio globular inmunogénico de HN de paramixovirus aviar tipo 4 (APMV4). WO2007/104782 describe un procedimiento para producir un vector de virus Mononegavirales recombinante que alberga una unidad de transcripción adicional que comprende un gen exógeno unido operativamente con una secuencia en dirección 5'

de inicio del gen (GS) del virus Mononegavirales y una secuencia en dirección 3' de fin del gen (GE) del virus Mononegavirales, caracterizado porque la secuencia del gen exógeno codifica una proteína, cuya proteína contiene un tramo de al menos tres aminoácidos básicos y la secuencia de nucleótidos de los codones que codifican estos aminoácidos no contiene una secuencia que puede ser reconocida por la polimerasa viral del virus Mononegavirales como una secuencia de fin de gen (GE). Pauldurai et al (2009, Virus Research 142: 144-153) dan a conocer las secuencias del genoma de consenso para cepas de paramixovirus aviar de tipo 8 (APMV-8) de goose/Delaware/1053/76 (cepa prototipo) y pintail/Wakuya/20/78. WO2009/101149 da a conocer paramixovirus del grupo APMV3, APMV4, APMV5, APMV6, APMV7, APMV8, APMV9, Mapueravirus y virus Fer-de-Lance, que puede ser utilizado para la producción de un medicamento para el tratamiento de tumores.

DESCRIPCIÓN RESUMIDA DE LA INVENCION

[0010] La presente invención proporciona una vacuna que comprende (i) un vector viral APMV recombinante y (ii) un portador farmacéutica o veterinariamente aceptable, en el que el vector viral APMV es APMV-8 y en la que el vector viral APMV comprende un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1 o un polinucleótido complementario a un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1; en la que el vector viral APMV comprende además un polinucleótido aislado que codifica un antígeno de un patógeno, en el que el patógeno es un patógeno aviar, felino, canino, equino, bovino, ovino, caprino o porcino, en la que el polinucleótido se inserta en una región no esencial del genoma de APMV, y además en la que la región no esencial se selecciona entre las regiones que consisten en la región no traducida situada en dirección 5' del marco de lectura abierto de NP, las regiones intergénicas entre dos marcos de lectura abiertos del genoma de APMV, y la región no traducida localizada en dirección 3' del marco de lectura abierto de L.

[0011] En otro aspecto, la presente invención proporciona una composición farmacéutica o vacuna que comprende un vector viral APMV recombinante, en la que el vector viral APMV recombinante comprende un polinucleótido heterólogo que codifica y expresa un antígeno de un patógeno para un animal, para usar en la inducción de una respuesta inmunológica en un animal a dicho antígeno, en el que el uso comprende la inoculación del animal con la composición farmacéutica o vacuna,

en la que el vector viral APMV es APMV-8 y en la que el vector viral APMV comprende un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1 o un polinucleótido complementario a un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1, en la que el patógeno es aviar, felino, canino, equino, bovino, ovino, caprino o porcino, y además en la que el polinucleótido heterólogo se inserta en una región no esencial del genoma de APMV seleccionado entre regiones que consisten en la región no traducida situada en dirección 5' del marco de lectura abierto de NP, las regiones intergénicas entre dos marcos de lectura abiertos del genoma de APMV, y la región no traducida localizada en dirección 3' del marco de lectura abierto de L.

[0012] La presente descripción se refiere a una vacuna o composición que comprende (i) un APMV recombinante y (ii) un portador farmacéutica o veterinariamente aceptable. La presente descripción abarca procedimientos para modificar el genoma de APMV para producir un virus APMV o un vector viral APMV recombinante; APMV modificado preparado por tales procedimientos; secuencias de ADN y proteínas; y procedimientos para infectar células y animales huésped con dicho APMV recombinante para provocar la amplificación de ADN exógeno y las proteínas codificadas por el ADN exógeno, incluyendo proteínas antigénicas, por dichas células y animales huésped.

[0013] Un aspecto de la descripción se refiere al virus APMV, secuencias de ADN y proteínas implicadas en la fabricación de un virus modificado o recombinante. Una realización de la descripción se refiere a la secuencia genómica y de proteína de APMV-2, 4, 6 u 8.

[0014] Otro aspecto de la descripción se refiere a un virus APMV recombinante modificado, cuyos virus presentan una seguridad mejorada, una fuerte respuesta inmunitaria humoral, y a un procedimiento de fabricación de dichos virus recombinantes.

[0015] Otro aspecto de la descripción se refiere a una vacuna o composición de virus APMV recombinante que tiene un mayor nivel de seguridad en comparación con APMV conocido o otras vacunas recombinantes.

[0016] En otro aspecto, la presente descripción proporciona un vector viral APMV no modificado y modificado para expresar un producto génico en un huésped.

[0017] Otro aspecto de la descripción se refiere a un virus APMV recombinante modificado por la inserción en el mismo de ADN de cualquier fuente en la región intergénica o la región no esencial del genoma de APMV. Los virus APMV modificados sintéticamente recombinantes que contienen genes heterólogos que codifican y expresan un antígeno, se utilizan de acuerdo con la descripción para crear nuevas composiciones o vacunas.

[0018] Otro aspecto de la descripción se refiere a un vector viral APMV que proporciona un sistema de genética

inversa, en el que el vector se puede utilizar como un esqueleto para vacunas recombinantes o composiciones en diferentes animales huésped.

[0019] En un aspecto, la presente descripción se refiere a una composición farmacéutica o de vacuna para inducir una respuesta inmunológica en un animal huésped inoculado con la composición o vacuna, incluyendo la composición o vacuna un portador farmacéuticamente aceptable y un virus recombinante o vector viral APMV modificado. En aún otro aspecto de la descripción, el virus o vector viral APMV recombinante incluye, dentro de una región no esencial del genoma del virus, un ADN heterólogo que codifica una proteína antigénica derivada de un patógeno en el que la composición o vacuna cuando se administra a un huésped, es capaz de inducir una respuesta inmunológica específica a la proteína codificada por el patógeno.

[0020] Otro aspecto de la descripción se refiere a un procedimiento para inducir una respuesta inmunológica en un animal a un antígeno, cuyo procedimiento comprende inocular al animal con una vacuna o una composición farmacéutica que contiene un virus o vector viral APMV recombinante modificado que comprende y expresa el determinante antigénico de un patógeno para dicho animal. Sin embargo, otro aspecto de la descripción se refiere a un procedimiento para inducir una respuesta inmunológica en un animal para un antígeno en un régimen de sensibilización-refuerzo.

[0021] Otro aspecto de la descripción se refiere a un procedimiento para expresar un producto génico en un cultivo celular in vitro mediante la introducción en la célula de un virus APMV recombinante modificado, en el que el gen puede ser una proteína antigénica derivada de un patógeno.

BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS DIBUJOS

[0022] La siguiente descripción detallada, proporcionada a modo de ejemplo, y que no pretende limitar la invención a realizaciones específicas descritas, puede entenderse conjuntamente con las figuras que se acompañan, en las que: La figura 1 es una tabla que muestra el aislamiento del virus a partir de varios órganos de pollos después de la infección experimental con APMV-2, 4, 6 en huevos de pollo embrionados.

La figura 2 es una tabla que muestra los resultados histológicos de varios órganos de pollos después de la infección experimental con APMV-2, 4, 6.

La figura 3 representa los títulos de anticuerpos HI de pollos SPF inoculados experimentalmente con APMV-2, 4 o 6. Las muestras de suero de pollo recogidas en los días 2, 4, 7, 14 y 28 después de la infección fueron sometidas a la prueba de HI para analizar la presencia de anticuerpos HI.

La figura 4 muestra los títulos de anticuerpo HI en pollos SPF y patos infectados experimentalmente con APMV-8. Los pollos y los patos fueron infectados por vía oronasal con una dosis de 10^6 EID₅₀ de APMV-8. Se recogieron muestras de suero en los días 2, 4, 7, 14, y 28 después de la infección y se analizaron mediante la prueba HI con el antígeno APMV-8. Los títulos séricos de HI (en log 2) se muestran en el eje izquierdo.

La figura 5 muestra el desarrollo de los títulos de anticuerpos HI de pollos SPF durante un esquema de vacunación de sensibilización/refuerzo con APMV-8. Se infectaron pollos SPF de 1 día de vida en el día 1 (sensibilización) y el día 14 (refuerzo) con una dosis de 10^6 EID₅₀ de APMV-8. Las muestras de suero se obtuvieron en el día 7 y 14 después de la primera infección y los días 7 y 14 después de la segunda infección. Los sueros se sometieron a la prueba de HI. Los títulos séricos de HI (en log2) se muestran en el eje izquierdo.

La figura 6 muestra el análisis de los productos de RT-PCR mediante electroforesis en gel de agarosa. Se tomaron tejidos traqueales en el día 2 después de la infección de patos no infectados (C1-C5) y patos infectados con APMV-8 (I1-I5). Los tejidos se homogeneizaron y el ARN se preparó para RT-PCR. Se preparó un control de agua (W) en paralelo. Los productos de reacción se separaron en un gel de agarosa al 1,5%. El tamaño del fragmento se controló mediante el uso de la escalera de 100 pb (New England Biolabs). Los tamaños de los fragmentos de ADN se muestran a la derecha.

La figura 7 es una tabla que muestra el aislamiento del virus de pollos y patos infectados experimentalmente con APMV-8. El aislamiento del virus a partir de tejido de pollo se llevó a cabo en huevos de pollo embrionados y la detección de ARN viral a partir de tejido de pato por RT-PCR.

La figura 8 es una tabla que muestra los resultados del examen histológico de varios órganos después de la infección de pollo y patos Pekín con APMV-8.

La figura 9 muestra el desarrollo de los títulos de anticuerpos HI en pollos SPF después de la infección con diferentes dosis de APMV-8. Se infectaron pollos SPF de 1 día de vida el día 1 con diferentes dosis infecciosas (ID) de APMV-8 o con una simulación con medio de transporte de virus (VTM). Se extrajo sangre en el día 7 y 14 después de la infección y las muestras de suero obtenidas se analizaron por la prueba de HI. Los títulos séricos HI (en log2) se muestran en el eje izquierdo. El título medio geométrico (GMT) de las muestras de suero se muestra en la fila más baja.

La figura 10 muestra el desarrollo de los títulos de anticuerpos HI de patos Pekín después de la infección con diferentes dosis de APMV-8. Se infectaron patos Pekín SPF de 1 día de vida en el día 1 con diferentes dosis infecciosas (ID) de APMV-8 o con una simulación con medio de transporte de virus (VTM). Se extrajo sangre en el día 7 y 14 después de la infección y las muestras de suero obtenidas se analizaron por la prueba de HI. Los títulos séricos HI (en log2) se muestran en el eje izquierdo. El título medio geométrico (GMT) de las muestras de suero se muestra en la fila más baja.

La figura 11 es una tabla que muestra las SEQ ID NOs de las correspondientes secuencias de ADN y proteínas.

La figura 12 representa la secuencia del genoma de longitud completa de la cepa de APMV-8 (APMV-8: SCWDS ID: MA-7, aislado de una Mallard) y un mapa genético del genoma de APMV-8 de longitud completa.

La figura 12 representa la secuencia de ADN (SEQ ID NO: 2) que codifica la nucleoproteína (NP) de APMV-8 y la secuencia de la proteína NP (SEQ ID NO: 3).

La figura 13 representa la secuencia de ADN (SEQ ID NO: 4) que codifica la fosfoproteína (P) de APMV-8 y la secuencia de la proteína P (SEQ ID NO: 5).

La figura 14 representa la secuencia de ADN (SEQ ID NO: 6) que codifica la proteína de matriz (M) de APMV-8 y la secuencia de la proteína M (SEQ ID NO: 7).

La figura 15 representa la secuencia de ADN (SEQ ID NO: 8) que codifica la proteína de fusión (F) de APMV-8 y la secuencia de la proteína F (SEQ ID NO: 9).

La figura 16 representa la secuencia de ADN (SEQ ID NO: 10) que codifica la hemaglutinina/neuraminidasa (HN) de APMV-8 y la secuencia de la proteína HN (SEQ ID NO: 11).

La figura 17 representa la secuencia de ADN (SEQ ID NO: 12) que codifica la polimerasa (L) de APMV-8 y la secuencia de proteína L (SEQ ID NO: 13). Esta proteína L(1) de APMV-8 se traduce a partir del codón ATG situado en las posiciones 8273-8275 de la SEQ ID NO: 1.

La figura 18 representa la secuencia de proteína (2) de la polimerasa (L) de APMV-8 (SEQ ID NO: 14). Esta proteína L(2) de APMV-8 se traduce a partir del codón ATG situado en las posiciones 8297-8299 de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 14 no contiene los primeros 8 aminoácidos de SEQ ID NO: 13.

La figura 19A es un diagrama de flujo del sistema de genética inversa de APMV-8. La figura 19B representa el resultado de la replicación del virus APMV-8 en células MDCK.

La figura 20 representa el resultado de la prueba HI de pollos jóvenes comerciales 2 semanas después de la vacunación de APMV-8.

La figura 21 representa el resultado de la prueba HI de pollos jóvenes comerciales 4 semanas después de la vacunación de APMV-8.

La figura 22 muestra los resultados de la prueba HI después de la vacunación *in ovo* en el día 18 (estudio 1).

La figura 23 representa los resultados de la prueba HI después de la vacunación *in ovo* en el día 19 (estudio 2).

La figura 24 muestra los resultados de la prueba HI después de la vacunación *in ovo* en el día 18 (estudio 3).

La figura 25 representa las secuencias del genoma de longitud completa 5' (5' FLG) y del genoma de longitud completa 3' (3'-FLG), incluyendo las secuencias de franqueo.

La figura 26 representa los mapas plasmídicos de pcNDA-NP, pcNDA-P, pcDNA-L, y pcDNA3-T7.

La figura 27 representa los mapas plasmídicos de pUC18-MG-APMV-8 y pCITE4A-EGFP.

La figura 28 representa el mapa plasmídico de pUC57-FL-APMV-8.

La figura 29 representa la secuencia del minigenoma de APMV-8.

La figura 30 muestra la alineación de secuencias de proteína NP y la identidad de secuencia en los niveles de ADN y proteínas.

La figura 31 muestra la alineación de secuencias de proteína P y la identidad de secuencia en los niveles de ADN y proteínas.

La figura 32 muestra la alineación de secuencias de proteína M y la identidad de secuencia en los niveles de ADN y proteínas.

La figura 33 muestra la alineación de secuencias de proteína F y la identidad de secuencia en los niveles de ADN y proteínas.

La figura 34 muestra la alineación de secuencias de proteína HN y la identidad de secuencia en los niveles de ADN y proteínas.

La figura 35 muestra la alineación de secuencias de proteína L y la identidad de secuencia en los niveles de ADN y proteínas.

DESCRIPCION DETALLADA DE LA INVENCION

[0023] Se observa que en esta descripción y particularmente en las reivindicaciones, términos tales como "comprende", "comprenden", "que comprende" y similares pueden tener el significado que se le atribuye en la ley de Patentes de Estados Unidos; por ejemplo, pueden significar "incluye", "incluyen", "que incluye", y similares; y los términos, tales como "que consiste esencialmente en" y "consisten esencialmente en" tienen el significado que se les atribuye en la ley de patentes de EE.UU., por ejemplo, permiten elementos no citados de manera explícita, pero excluyen elementos que se encuentran en la técnica anterior o que afectan a una característica básica o novedosa de la invención.

[0024] A menos que se indique lo contrario, los términos técnicos se usan de acuerdo con el uso convencional. Las definiciones de términos comunes en biología molecular pueden encontrarse en Benjamin Lewin, Genes V. publicado por Oxford University Press, 1994 (ISBN 0-19-854287-9); Kendrew et al. (eds.), The Encyclopedia of Molecular Biology, publicado por Blackwell Science Ltd., 1994 (ISBN 0-632-02182-9); y Robert A. Meyers (ed.), Molecular Biology and Biotechnology: a Comprehensive Desk Reference, publicado por VCH Publishers, Inc., 1995 (ISBN 1-56081-569-8).

[0025] Los términos singulares "un", "una", y "el/la" incluyen referentes plurales a menos que el contexto indique claramente lo contrario. Del mismo modo, la palabra "o" pretende incluir "y" a menos que el contexto indique claramente lo contrario. La palabra "o" significa cualquier miembro de una lista en particular y también incluye

cualquier combinación de los miembros de esa lista.

[0026] Se observa en esta descripción y en las reivindicaciones y/o párrafos adjuntos, el término "paramixovirus aviar" o "APMV" se usan de forma intercambiable, y se refiere e incluye APMV-1, APMV-2, APMV-3, APMV-4, APMV-5, APMV-6, APMV-7, APMV-8, y APMV-9.

[0027] El término "animal" se utiliza en el presente documento para incluir todos los mamíferos, aves y peces. El animal tal como se usa en el presente documento se puede seleccionar del grupo que consiste en equino (por ejemplo, caballos), canino (por ejemplo, perros, lobos, zorros, coyotes, chacales), felino (por ejemplo, leones, tigres, gatos domésticos, gatos salvajes, otros gatos grandes, y otros felinos incluyendo guepardos y lince), bovino (por ejemplo, ganado), porcino (por ejemplo, de cerdo), ovino (por ejemplo, ovejas, cabras, llamas, bisontes), aviar (por ejemplo, pollo, pato, ganso, pavo, codorniz, faisán, loro, pinzones, halcón, cuervo, avestruz, emu y casuario), primate (por ejemplo, prosimio, tersio, mono, gibbon, simio), seres humanos, y peces. El término "animal" también incluye un animal individual en todas las etapas del desarrollo, incluyendo etapas embrionarias y fetales.

[0028] Los términos "polipéptido" y "proteína" se utilizan indistintamente en este documento para referirse a un polímero de residuos de aminoácidos consecutivos.

[0029] Los términos "ácido nucleico", "nucleótido", y "polinucleótido" se usan indistintamente y se refieren a ARN, ADN, ADNc (ADN complementario), o ARNc (ARN complementario) y sus derivados, tales como los que contienen esqueletos modificados. Se debe entender que la descripción proporciona polinucleótidos que comprenden secuencias complementarias a las descritas en el presente documento. El "polinucleótido" contemplado en la presente descripción incluye tanto la cadena directa (5' a 3') como la cadena complementaria inversa (3' a 5'). Los polinucleótidos de acuerdo con la descripción pueden prepararse de diferentes maneras (por ejemplo, mediante síntesis química, por clonación de genes, etc.) y pueden adoptar diversas formas (por ejemplo, lineal o ramificado, de cadena simple o doble, o un híbrido de los mismos, cebadores, sondas, etc.).

[0030] El término "ADN genómico" o "genoma" se usa de manera intercambiable y se refiere a la información genética heredable de un organismo huésped. El ADN genómico comprende el ADN del núcleo (también denominado como ADN cromosómico), pero también el ADN de los plástidos (por ejemplo, cloroplastos) y otros orgánulos celulares (por ejemplo, las mitocondrias). El ADN genómico o genoma contemplado en la presente descripción también se refiere al ARN de un virus. El ARN puede ser un ARN de cadena positiva o un ARN de cadena negativa. El término "ADN genómico" contemplado en la presente descripción incluye el ADN genómico que contiene secuencias complementarias a las descritas en el presente documento. El término "ADN genómico" también se refiere a ARN mensajero (ARNm), el ADN complementario (ADNc), y el ARN complementario (ARNc). El término "RA genómico (ácido nucleico)" como se usa en este documento incluye ARN, ARNm, ARNc, ADN y ADNc.

[0031] El término "gen" se utiliza ampliamente para referirse a cualquier segmento de polinucleótido asociado con una función biológica. Por lo tanto, los genes o polinucleótidos incluyen intrones y exones como en la secuencia genómica, o sólo las secuencias de codificación como en ADNc, tal como un marco de lectura abierto (ORF), partiendo del codón de iniciación (codón de metionina) y terminando con una señal de terminación (codón de parada). Los genes y polinucleótidos también pueden incluir regiones que regulan su expresión, tales como el inicio de la transcripción, traducción y terminación de la transcripción. Por lo tanto, también se incluyen los promotores y regiones de unión a ribosomas (en general, estos elementos reguladores se encuentran aproximadamente entre 60 y 250 nucleótidos en dirección 5' del codón de inicio de la secuencia codificante o gen; Doree SM et al.; Pandher K et al.; Chung JY et al.), terminadores de la transcripción (en general el terminador se encuentra dentro de aproximadamente 50 nucleótidos en dirección 3' del codón de parada de la secuencia codificante o gen; Ward, CK et al.). Un gen o polinucleótido también se refiere a un fragmento de ácido nucleico que expresa ARNm o ARN funcional, o codifica una proteína específica, y que incluye secuencias reguladoras.

[0032] El término "ADN heterólogo" tal como se utiliza en el presente documento se refiere al ADN derivado de un organismo diferente, tal como un tipo de célula diferente o de una especie diferente al receptor. El término también se refiere a ADN o fragmento del mismo en el mismo genoma del ADN huésped en los que se inserta el ADN heterólogo en una región del genoma que es diferente de su ubicación original.

[0033] Tal como se utiliza en el presente documento, el término "antígeno" o "inmunógeno" significa una sustancia que induce una respuesta inmune específica en un animal huésped. El antígeno puede comprender un organismo completo, muerto, atenuado o vivo; una subunidad o parte de un organismo; un vector recombinante que contiene un inserto con propiedades inmunogénicas; un trozo o fragmento de ADN capaz de inducir una respuesta inmune tras la presentación a un animal huésped; un polipéptido, un epítipo, un hapteno, o cualquier combinación de los mismos. Alternativamente, el inmunógeno o antígeno puede comprender una toxina o antitoxina.

[0034] El término "proteína o péptido inmunogénico", tal como se usa en el presente documento incluye polipéptidos que son inmunológicamente activos en el sentido de que una vez administrados al huésped, son capaces de provocar una respuesta inmune de tipo humoral y/o celular dirigida contra la proteína. Preferiblemente, el fragmento de proteína es tal que tiene sustancialmente la misma actividad inmunológica que la proteína total. Por lo tanto, un

fragmento de proteína de acuerdo con la descripción comprende o consiste esencialmente en o consiste en al menos un epítipo o determinante antigénico. Una proteína o polipéptido "inmunogénico", tal como se usa en el presente documento, incluye la secuencia de longitud completa de la proteína, análogos de la misma, o fragmentos inmunogénicos de la misma. Por "fragmento inmunogénico" se entiende un fragmento de una proteína que incluye uno o más epítopos y de este modo provoca la respuesta inmunológica descrita anteriormente. Tales fragmentos pueden identificarse usando cualquier número de técnicas de mapeo de epítopos bien conocidos en la técnica. Véase, por ejemplo, Epitope Mapping Protocols en Methods in Molecular Biology, Vol. 66 (Glenn E. Morris, Ed., 1996). Por ejemplo, los epítopos lineales pueden determinarse mediante, por ejemplo, la síntesis simultánea de un gran número de péptidos sobre soportes sólidos, los péptidos correspondientes a partes de la molécula de proteína, y la reacción de los péptidos con anticuerpos mientras los péptidos están todavía unidos a los soportes. Tales técnicas se conocen en el sector y se describen en, por ejemplo, la patente de los Estados Unidos. No. 4.708.871; Geysen et al., 1984; Geysen et al., 1986. De manera similar, los epítopos conformacionales son fácilmente identificables mediante la determinación de la conformación espacial de aminoácidos, tales como mediante, por ejemplo, cristalografía de rayos X y resonancia magnética nuclear de 2 dimensiones. Véase, por ejemplo, Epitope Mapping Protocols, supra.

[0035] El término "proteína o péptido inmunogénico" contempla además delecciones, adiciones y sustituciones a la secuencia, siempre que el polipéptido funcione para producir una respuesta inmunológica tal como se define en el presente documento. El término "variación conservativa" se refiere a la sustitución de un residuo de aminoácido por otro residuo biológicamente similar, o la sustitución de un nucleótido en una secuencia de ácido nucleico de tal manera que el residuo de aminoácido codificado no cambia o es otro residuo biológicamente similar. A este respecto, las sustituciones particularmente preferidas serán generalmente de naturaleza conservativa, es decir, aquellas sustituciones que tienen lugar dentro de una familia de aminoácidos. Por ejemplo, los aminoácidos se dividen generalmente en cuatro familias: (1) ácidos - aspartato y glutamato; (2) básicos- lisina, arginina, histidina; (3) no polares - alanina, valina, leucina, isoleucina, prolina, fenilalanina, metionina, triptófano; y (4) polares sin carga - glicina, asparagina, glutamina, cistina, serina, treonina, tirosina. La fenilalanina, el triptófano y la tirosina se clasifican a veces como aminoácidos aromáticos. Los ejemplos de variaciones conservativas incluyen la sustitución de un resto hidrófobo, tal como isoleucina, valina, leucina o metionina por otro residuo hidrófobo, o la sustitución de un residuo polar por otro residuo polar, tal como la sustitución de arginina por lisina, ácido glutámico por ácido aspártico, o glutamina por asparagina, y similares; o una sustitución conservativa similar de un aminoácido por un aminoácido estructuralmente relacionado que no tendrá un efecto importante sobre la actividad biológica. Las proteínas que tienen sustancialmente la misma secuencia de aminoácidos que la molécula de referencia, pero que poseen sustituciones de aminoácidos menores que no afectan sustancialmente a la inmunogenicidad de la proteína están, por lo tanto, dentro de la definición del polipéptido de referencia. Todos los polipéptidos producidos por estas modificaciones se incluyen en el presente documento. El término "variación conservativa" también incluye el uso de un aminoácido sustituido en lugar de un aminoácido parental no sustituido siempre que los anticuerpos producidos contra el polipéptido sustituido también inmunorreacten con el polipéptido no sustituido.

[0036] Una "célula huésped" se refiere a una célula procariota o eucariota que ha sido alterada genéticamente, o es capaz de ser alterada genéticamente mediante la administración de un polinucleótido exógeno, tal como un plásmido o vector recombinante. Cuando se hace referencia a células genéticamente modificadas, el término se refiere tanto a la célula originalmente alterada como a la progenie de la misma. Los polinucleótidos que comprenden una secuencia deseada pueden insertarse en un vector de clonación o de expresión adecuado, y el vector a su vez se puede introducir en una célula huésped adecuada para la replicación y amplificación. Los polinucleótidos pueden introducirse en células huésped mediante cualquier medio conocido en la técnica. Los vectores que contienen los polinucleótidos de interés pueden introducirse en la célula huésped mediante cualquiera de una serie de medios adecuados, incluyendo captación directa, endocitosis, transfección, f-apareamiento, electroporación, transfección con cloruro de calcio, cloruro de rubidio, fosfato de calcio, DEAE dextrano, u otras sustancias; bombardeo con microproyectiles; lipofección; y la infección (donde el vector es infeccioso, por ejemplo, un vector retroviral). La elección de los vectores o polinucleótidos de introducción dependerá a menudo de características de la célula huésped.

[0037] Una "respuesta inmunológica" a una composición o vacuna es el desarrollo en el huésped de una respuesta inmune celular y/o mediada por anticuerpos a una composición o vacuna de interés. Por lo general, una "respuesta inmunológica" incluye, pero no se limita a, uno o más de los siguientes efectos: la producción de anticuerpos, células B, células T auxiliares, y/o células T citotóxicas, dirigidas específicamente a un antígeno o antígenos incluidos en la composición o vacuna de interés. Preferentemente, el huésped mostrará una respuesta inmunológica terapéutica o protectora, tal que la resistencia a una nueva infección se verá reforzada y/o la gravedad clínica de la enfermedad se verá reducida. Dicha protección se demostrará por una reducción o falta de los síntomas normalmente mostrados por un huésped infectado, un tiempo de recuperación más rápido y/o un título viral disminuido en el huésped infectado.

[0038] Una realización de la descripción proporciona la secuencia de ADN genómico y secuencias de proteínas codificadas de APMV-8. La secuencia de ADN genómico complementario (ADNc) de la cepa de APMV-8 de la presente descripción tiene una secuencia de polinucleótido como se expone en SEQ ID NO: 1. La secuencia de ADNc genómico de APMV-8 (SEQ ID NO: 1) tiene un 48% de identidad de secuencia con el ADN genómico de

APMV-1 (SEQ ID NO: 15), un 61% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-2 (SEQ ID NO: 16), un 47,2% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-3 (SEQ ID NO: 17), un 47,6% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-4 (SEQ ID NO: 18), un 52% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-6 (SEQ ID NO: 19), un 53% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-7 (SEQ ID NO: 20), un 99,1% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-8 (SEQ ID NO: 37), un 96,5% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-8 (SEQ ID NO: 38), un 96,4% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-8 (SEQ ID NO: 39), un 48% de identidad de secuencia con el ADN genómico de APMV-9 (SEQ ID NO: 40). En otra realización, la descripción proporciona un polinucleótido que tiene una secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10 o 12, y una variante o fragmento de las mismas. La descripción comprende además una cadena complementaria a un polinucleótido descrito en este documento. En aún otra realización, la descripción proporciona un polipéptido que tiene una secuencia como se expone en SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 11, 13 o 14, y la variante o fragmento de las mismas.

[0039] Además, los homólogos de los polinucleótidos o polipéptidos de APMV, por ejemplo cepas APMV-8, APMV-2, APMV-4, APMV-6, se pretende que estén dentro del alcance de la presente descripción. Como se usa en el presente documento, el término "homólogos" incluye ortólogos, análogos y parálogos. El término "análogos" se refiere a dos polinucleótidos o polipéptidos que tienen la misma o similar función, pero que han evolucionado por separado en organismos no relacionados. El término "ortólogos" se refiere a dos polinucleótidos o polipéptidos de diferentes especies, pero que han evolucionado a partir de un gen ancestral común por especiación. Normalmente, los ortólogos codifican polipéptidos que tienen las mismas o similares funciones. El término "parálogos" se refiere a dos polinucleótidos o polipéptidos que están relacionados por duplicación dentro de un genoma. Los parálogos usualmente tienen diferentes funciones, pero estas funciones pueden estar relacionadas. Los análogos, ortólogos y parálogos de un polipéptido de APMV de tipo salvaje pueden diferir del polipéptido de APMV de tipo salvaje por modificaciones posteriores a la traducción, por diferencias en la secuencia de aminoácidos, o por ambos. En particular, los homólogos de la descripción mostrarán generalmente al menos el 80-85%, 85-90%, 90-95%, o 95%, 96%, 97%, 98%, 99% de identidad de secuencia con todo o parte de la secuencias de polinucleótidos o polipéptidos de APMV-8, y mostrarán una función similar.

[0040] En otro aspecto, la presente descripción proporciona un ADNc genómico de APMV-8 que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1. En aún otra realización, el polinucleótido es una cadena complementaria inversa del polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1. En aún otra realización, el polinucleótido o una cadena complementaria inversa de un polinucleótido de la presente descripción tiene al menos un 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, 96%, 97%, 98% o 99% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1.

[0041] En una realización, la presente descripción proporciona un fragmento de polinucleótido que codifica un polipéptido de APMV-8, tal como un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la expuesta en la SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 11, 13 o 14. En aún otro aspecto, la presente descripción proporciona un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos un 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, 96 %, 97%, 98% o 99% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como se expone en SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 11, 13 o 14, o una variante conservadora, una variante alélica, un homólogo o un fragmento inmunogénico que comprende al menos ocho o al menos diez aminoácidos consecutivos de uno de estos polipéptidos, o una combinación de estos polipéptidos.

[0042] En otro aspecto, la presente descripción proporciona un polinucleótido que tiene una secuencia de nucleótidos como se expone en SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, o 12, o una variante de las mismas. En aún otra realización, el polinucleótido es una cadena complementaria inversa del polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1. En aún otro aspecto, la presente descripción proporciona un polinucleótido o una cadena complementaria inversa de un polinucleótido que tiene al menos un 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, 96%, 97%, 98% o 99% de identidad de secuencia con uno de un polinucleótido que tiene una secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, o 12, o una variante de las mismas.

[0043] En otro aspecto, la presente descripción proporciona un polipéptido que tiene al menos un 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, 96%, 97%, 98% o 99% de identidad de secuencia con un polipéptido que tiene una secuencia como se expone en SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 11, 13 o 14. En aún otro aspecto, la presente descripción proporciona fragmentos y variantes de los polipéptidos de APMV identificados anteriormente (SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 11, 13 o 14) que fácilmente se pueden preparar por un experto en la técnica usando técnicas de biología molecular bien conocidas.

[0044] Las variantes son polipéptidos homólogos que tienen una secuencia de aminoácidos con al menos un 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, o 99% de identidad con la secuencia de aminoácidos como se expone en la SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 11, 13 o 14.

[0045] Las variantes incluyen variantes alélicas. El término "variante alélica" se refiere a un polinucleótido o un polipéptido que contiene polimorfismos que conducen a cambios en las secuencias de aminoácidos de una proteína

y que existen dentro de una población natural (por ejemplo, una especie o variedad de virus). Tales variaciones alélicas naturales pueden dar lugar típicamente al 1-5% de varianza en un polinucleótido o un polipéptido. Las variantes alélicas pueden identificarse por secuenciación de la secuencia de ácido nucleico de interés en un número de diferentes especies, que pueden llevarse a cabo fácilmente utilizando sondas de hibridación para identificar el mismo locus genético en esas especies. Cualquiera y todas dichas variaciones de ácido nucleico y polimorfismos o variaciones de aminoácidos resultantes que son el resultado de la variación alélica natural y que no alteran la actividad funcional de gen de interés, se pretende que estén dentro del alcance de la descripción.

[0046] El término "identidad" con respecto a secuencias puede referirse a, por ejemplo, el número de posiciones con nucleótidos o aminoácidos idénticos dividido por el número de nucleótidos o aminoácidos en la más corta de las dos secuencias en las que se puede determinar la alineación de los dos secuencias de acuerdo con el algoritmo de Wilbur y Lipman (Wilbur y Lipman). La identidad de secuencia o similitud de secuencia de dos secuencias de aminoácidos, o la identidad de secuencia entre dos secuencias de nucleótidos se pueden determinar utilizando el paquete de software Vector NTI (Invitrogen, 1600 Faraday Ave., Carlsbad, CA). Cuando las secuencias de ARN se dice que son similares o tienen un grado de identidad u homología de secuencia con secuencias de ADN, la timidina (T) en la secuencia de ADN se considera igual a uracilo (U) en la secuencia de ARN. Por lo tanto, las secuencias de ARN están dentro del alcance de la descripción y pueden derivarse de secuencias de ADN, considerándose la timidina (T) en la secuencia de ADN igual a uracilo (U) en las secuencias de ARN.

[0047] En un aspecto, la presente descripción se refiere a una composición farmacéutica o vacuna para inducir una respuesta inmunológica en un animal huésped inoculado con la vacuna o composición, incluyendo la vacuna o la composición un portador farmacéuticamente aceptable y un virus o vector viral recombinante de APMV. En aún otro aspecto de la descripción, el virus o vector viral recombinante de APMV incluye, dentro de una región no esencial del genoma del virus, una secuencia de ADN heterólogo que codifica una proteína antigénica derivada de un patógeno en el que la composición o vacuna cuando se administra a un huésped, es capaz de inducir una respuesta inmunológica específica a la proteína codificada por el patógeno.

[0048] Un "vector" se refiere a un plásmido de ADN o ARN recombinante, bacteriófago, o virus que comprenden un polinucleótido heterólogo para ser liberado a una célula diana, ya sea *in vitro* o *in vivo*. El polinucleótido heterólogo puede comprender una secuencia de interés para los fines de prevención o terapia, y opcionalmente puede estar en la forma de un casete de expresión. Como se usa en este documento, un vector no necesita ser capaz de replicación en la última célula o materia diana. El término incluye vectores para la clonación, así como vectores virales.

[0049] El término "modificado" o "recombinante" significa un polinucleótido de origen semisintético o sintético que, o bien no se produce en la naturaleza o está ligado a otro polinucleótido en una disposición no encontrada en la naturaleza.

[0050] El término "región no esencial" se refiere a una región del genoma de un virus que no es esencial para la replicación y propagación del virus en cultivo tisular y cuya delección o inactivación puede reducir la virulencia en una diversidad de sistemas animales. Cualquier región no esencial o parte de la misma puede eliminarse del genoma de APMV o puede insertarse una secuencia extraña en el mismo, y la viabilidad y estabilidad del APMV recombinante resultante de la delección o inserción se pueden utilizar para determinar si una región eliminada o porción de la misma es de hecho esencial. En una realización, la región no esencial del genoma de APMV es cualquier región del genoma de APMV-2, 4, 6, o 8 que no codifica la polimerasa (L). En aún otra realización, la región no esencial comprende un marco de lectura abierto que codifica una proteína no esencial. En este aspecto, el marco de lectura abierto se selecciona del grupo que consiste en nucleoproteína (NP), fosfoproteína (P), proteína de matriz (M), proteína de fusión (F), y la hemaglutinina/neuraminidasa (HN). En una realización, la región no esencial se encuentra en dirección 5' del gen de NP. En otra realización, la región no esencial está situada en dirección 3' del gen de L. En aún otra realización, la región no esencial es una región no codificante o región intergénica. En este aspecto, la región no codificante o intergénica puede ser una región entre los genes de NP y P, entre los genes de P y M, entre los genes de M y F o entre los genes de F y HN en el genoma de APMV-2, 4, 6, o 8. En aún otra realización, la región no esencial puede estar en la región de las posiciones de nucleótidos 1 - 140, 1526 - 1692, 2910 - 3085, 4195 - 4498, 6130 - 6382, 8116 - 8272, 8116 - 8289, o 15013 - 15342 de la SEQ ID NO: 1.

[0051] En otro aspecto, la descripción incluye quimeras de APMV en las que una parte o el gen completo o varias partes o genes completos del vector de APMV son reemplazados por genes similares de otros virus, en particular los que pertenecen a la familia Paramyxoviridae.

[0052] En una realización de la descripción, la vacuna o composición farmacéutica comprende un antígeno seleccionado del grupo de patógenos aviares que incluyen, pero no se limitan a, *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis*, virus de la bronquitis infecciosa (IBV), virus de la enfermedad de Newcastle (NDV), virus del síndrome de caída del huevo (EDS), o el virus de la bursitis infecciosa (IBDV), el virus de la laringotraqueitis infecciosa (ILT), adenovirus aviares, virus de la enfermedad de Marek (MDV), virus de la viruela aviar, virus de la enteritis de los patos (DEV), parvovirus de pato, virus de la gripe aviar, APMV, tal como APMV-1, y similares, y combinaciones de los mismos.

[0053] En otra realización, la vacuna o composición farmacéutica comprende un antígeno seleccionado entre un patógeno felino, tal como, pero no limitado a, virus de herpes felino (FHV), calicivirus felino (FCV), virus de la leucemia felina (FeLV), virus de la inmunodeficiencia felina (FIV), parvovirus felino (FPV), virus de peritonitis infecciosa felina (FIPV), virus de la rabia, y similares, y combinaciones de los mismos.

[0054] En aún otra realización, la vacuna o composición farmacéutica de la presente descripción comprende un antígeno seleccionado de un patógeno canino incluyendo, pero no limitado a, virus de la rabia, virus del herpes canino (CHV), parvovirus canino (CPV), virus del moquillo canino (CDV), parainfluenza canina 2 (CPI2), coronavirus canino, *Leptospira canicola*, *Leptospira icterohaemorrhagiae*, *Leptospira grippotyphosa*, *Borrelia burgdorferi*, *Bordetella bronchiseptica* y similares, y combinaciones de los mismos.

[0055] En aún otra realización, la vacuna o composición farmacéutica comprende un antígeno seleccionado entre un patógeno equino, tal como virus del herpes equino (tipo 1 o tipo 4), virus de la gripe equina, tétano, virus del Nilo Occidental, arterivirus equino y similares, o combinaciones de los mismos.

[0056] En aún otra realización, la vacuna o composición farmacéutica que comprende un antígeno seleccionado entre un patógeno bovino, ovino o caprino, tales como virus de la rabia, rotavirus bovino, virus parainfluenza bovino tipo 3 (bPIV-3), coronavirus bovino, virus de la diarrea viral bovino (BVDV), virus de la enfermedad de pies y boca (FMDV), virus de la peste bovina (RPV), virus de la peste de pequeños rumiantes (PPRV), virus de la fiebre catarral maligna, virus sincitial respiratorio bovino (BRSV), virus de la rinotraqueitis infecciosa bovina (IBR), *Escherichia coli*, *Pasteurella multocida*, *Pasteurella haemolytica* y similares, y combinaciones de los mismos.

[0057] En aún otra realización, la vacuna o composición farmacéutica comprende un antígeno seleccionado entre un patógeno porcino, tal como, pero no limitado a, virus de la gripe porcina (SIV), circovirus porcino tipo 2 (PCV-2), virus del síndrome respiratorio reproductivo porcino (PRRS), virus de la pseudorrabia (PRV), parvovirus porcino (PPV), FMDV, *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Pasteurella multocida*, *Bordetella bronchiseptica*, *Escherichia coli* y similares, y combinaciones de los mismos.

[0058] La construcción de virus recombinante es bien conocida en la técnica, tal como se describe en, por ejemplo, las patentes de Estados Unidos Nos. 4.769.330, 4.722.848, 4.603.112, 5.174.993, y 5.756.103, 6.719.979. Específicamente, un virus APMV recombinante se puede construir en dos etapas. En primer lugar, el gen de interés a insertar en el virus, tal como un marco de lectura abierto de un antígeno de un APMV-1 (NDV) o virus de la gripe aviar o de otro organismo, se coloca en un constructo de plásmido de *E. coli* en el cual se inserta ADNc homólogo a una sección de ADNc del APMV. Por separado, la secuencia del gen de ADNc para ser insertado está precedido por una región promotora (región de inicio de gen) y seguido por una región final de gen que es específica para el vector de APMV. El fragmento de ADN de inicio de gen/antígeno exógeno/final del gen está flanqueado por un fragmento de ADNc homólogo de ADNc de APMV-8 que contiene sitios de escisión por enzima de restricción única. El constructo de plásmido resultante se amplifica a continuación por crecimiento en bacterias *E. coli* y se aísla. A continuación, el plásmido recombinante se utiliza en un digesto de enzima de restricción para cortar el fragmento de ADN de inicio de gen/antígeno exógeno/final del gen que está flanqueado por ADNc homólogo de ADNc de APMV-8 y este fragmento se ligó en el constructo de longitud completa adecuadamente escindido de APMV-8.

[0059] El constructo de longitud completa que contiene el gen de interés se transfecta en células junto con los plásmidos que contienen polinucleótidos para la expresión de la nucleoproteína (NP) de APMV, la fosfoproteína (P) de APMV y la ARN polimerasa (L) de APMV, así como la T7 ARN polimerasa. Todos los constructos de ADNc de APMV están bajo el control del promotor de T7 polimerasa. El rescate del virus infeccioso se realiza como se describe en Römer-Oberdorfer et al., 1999 y como se muestra en la figura 19A. La expresión de la T7 ARN polimerasa en las células transfectadas se puede obtener por diferentes medios que incluyen la transfección de ADN de plásmido que contiene un casete de expresión de la T7 ARN polimerasa, el virus recombinante (como la viruela aviar o el virus de la viruela del canario) que expresa la T7 ARN polimerasa o en las células que expresan la T7 ARN polimerasa. En otro aspecto, los polinucleótidos para la expresión de la nucleoproteína (NP) de APMV, la fosfoproteína (P) de APMV (P) y la ARN polimerasa (L) de APMV y el ARNc viral de longitud completa están bajo el control del promotor temprano inmediato del citomegalovirus humano. El rescate del virus se lleva a cabo como se describe en Inoue K, et al., 2003.

[0060] La expresión con éxito del ADNc insertado de interés (ADNc exógeno o ADNc heterólogo) por el virus infeccioso modificado requiere dos condiciones. En primer lugar, la inserción debe introducirse en una región del genoma del virus con el fin de que el virus modificado permanezca viable. La segunda condición para la expresión del ADNc insertado es la presencia de secuencias reguladoras que permitan la expresión del gen en la base viral (por ejemplo: regiones de inicio de gen, parada de gen, promotor, potenciador, señales de poliadenilación, intergénica y no traducidas).

[0061] En general, es ventajoso emplear un fuerte promotor funcional en células eucariotas. En una realización, el promotor utilizado para la transcripción de ARNm viral por la ARN polimerasa viral es la "secuencia de inicio del gen". La "secuencia de inicio del gen" es el sitio de unión para que la proteína L se una y transcriba el ARN viral

situado en dirección 3' en el ARNm viral.

[0062] En una realización, la descripción proporciona la administración de una cantidad terapéuticamente eficaz de una vacuna de APMV para la administración y expresión de un antígeno, epítipo o inmunógeno en una célula diana. La determinación de la cantidad terapéuticamente eficaz es experimentación rutinaria para un experto en la materia. En una realización, la formulación de vacuna de APMV comprende un vector de expresión que comprende un polinucleótido que codifica un antígeno, epítipo o inmunógeno y un portador, vehículo o excipiente farmacéutica o veterinariamente aceptable. En otra realización, el portador, vehículo o excipiente farmacéutica o veterinariamente aceptable facilita la transfección y/o mejora la conservación del vector o proteína.

[0063] Los portadores o vehículos o excipientes aceptables farmacéutica o veterinariamente son bien conocidos por los expertos en la materia. Por ejemplo, un portador o vehículo o excipiente farmacéutica o veterinariamente aceptable puede ser una solución de NaCl al 0,9% (por ejemplo, solución salina) o un tampón fosfato. Otros portadores o vehículos o excipientes farmacéutica o veterinariamente aceptables que se pueden utilizar para los procedimientos de esta descripción incluyen, pero no se limitan a, poli-(L-glutamato) o polivinilpirrolidona. El o portador o vehículo o excipiente farmacéutica o veterinariamente aceptable pueden ser cualquier compuesto o combinación de compuestos que facilitan la administración del vector (o proteína expresada a partir de un vector *in vitro*), o facilitar la transfección y/o mejorar la conservación del vector (o proteína). Las dosis y volúmenes de dosis se describen en el presente documento en la descripción general y también pueden determinarse por el experto en la materia a partir de esta descripción en relación con el conocimiento en la técnica, sin experimentación indebida.

[0064] En otra realización, el portador, excipiente o vehículo farmacéutica o veterinariamente aceptable puede ser una emulsión de agua-en-aceite. Ejemplos de emulsiones de agua-en-aceite adecuadas incluyen emulsiones vacunales de agua-en-aceite a base de aceite que son estables y fluidas a 4°C que contienen: de 6 a 50% v/v de una fase acuosa que contiene el antígeno, de 12 a 25% v/v, de 50 a 94% v/v de una fase oleosa que contiene en total o en parte un aceite no metabolizable (por ejemplo, aceite mineral, tal como aceite de parafina) y/o aceite metabolizable (por ejemplo, aceite vegetal, o ácido graso, un poliol o ésteres de alcohol), de 0,2 a 20% p/v de tensioactivos, de 3 a 8% p/v, estando el último en total o en parte, o en una mezcla, ya sea de ésteres de poliglicerol, siendo dichos ésteres de poliglicerol (poli)ricinoleatos de poliglicerol, o aceites de ricino polioxietilenados o aceites de ricino polioxietilenados hidrogenados. Ejemplos de tensioactivos que pueden usarse en una emulsión de agua-en-aceite incluyen ésteres de sorbitán etoxilados (por ejemplo, monooleato de sorbitán con polioxietileno (20) (TWEEN 80®), disponible de AppliChem, Inc., Cheshire, CT) y ésteres de sorbitán (por ejemplo, monooleato de sorbitán (SPAN 80®), disponible de Sigma Aldrich, St. Louis, MO). Además, con respecto a una emulsión de agua-en-aceite, véase también la patente de Estados Unidos Nº 6.919.084. En algunas realizaciones, la fase acuosa que contiene el antígeno comprende una solución salina que comprende uno o más agentes tamponantes. Un ejemplo de una solución tamponante adecuada es solución salina tamponada con fosfato. En una realización, la emulsión de agua-en-aceite puede ser una emulsión triple agua/aceite/agua (W/O/W) (véase, por ejemplo, la patente de Estados Unidos Nº 6.358.500). Se describen ejemplos de otras emulsiones adecuadas en la patente de Estados Unidos Nº 7.371.395.

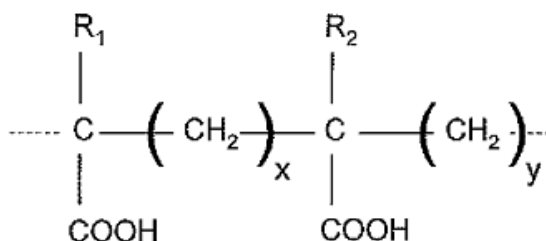
[0065] Las composiciones farmacéuticas y vacunas según la descripción pueden comprender o consistir esencialmente en uno o más adyuvantes. Los adyuvantes adecuados para uso en la práctica de la presente invención son (1) polímeros de ácido acrílico o metacrílico, anhídrido maleico y polímeros de derivados de alquenoil, (2) secuencias inmunostimulantes (ISS), tales como secuencias de oligodesoxirribonucleótidos que tienen una o más unidades de CpG no metiladas (Klinman et al, 1996; WO98 / 16247), (3) una emulsión de aceite en agua, tal como la emulsión SPT descrita en la pág 147 de "Vaccine Design, The Subunit and Adjuvant Approach", publicado por M. Powell, M. Newman, Plenum Press 1995, y la emulsión MF59 descrita en la pág 183 de la misma obra, (4) lípidos catiónicos que contienen una sal de amonio cuaternario, por ejemplo, DDA (5) citocinas, (6) hidróxido de aluminio o fosfato de aluminio, (7) saponina u (8) otros adyuvantes tratados en cualquier documento citado en el presente documento, o (9) cualquier combinación o mezclas de los mismos.

[0066] La emulsión de aceite en agua (3), que es especialmente apropiada para vectores virales, puede basarse en: aceite de parafina líquida ligero (tipo farmacopea europea), aceite de isoprenoide, tales como escualano, escualeno, aceite resultante de la oligomerización de alquenos, por ejemplo, isobuteno o deceno, ésteres de ácidos o alcoholes que tienen un grupo alquilo de cadena lineal, tales como aceites vegetales, oleato de etilo, propilenglicol, di(caprilato/caprato), tri(caprilato/caprato) de glicerol y dioleato de propilenglicol, o ésteres de alcoholes o ácidos grasos ramificados, especialmente ésteres de ácido isoesteárico. El aceite se utiliza en combinación con emulsionantes para formar una emulsión. Los emulsionantes pueden ser tensioactivos no iónicos, tales como: ésteres de, por un lado, sorbitán, manida (por ejemplo, oleato de anhidromanitol), glicerol, poliglicerol o propilenglicol y, por otro lado, ácido oleico, isoesteárico, ricinoleico o hidroxisteárico, estando dichos ésteres opcionalmente etoxilados, o bloques de copolímero de polioxipropileno-polioxietileno, tales como Pluronic, por ejemplo, L121. Entre los polímeros adyuvantes del tipo (1), se da preferencia a polímeros de ácido acrílico o metacrílico reticulado, especialmente reticulado por polialquenoil éteres de azúcares o polialcoholes. Estos compuestos son conocidos bajo el nombre de carbómero (Pharmeuropa, vol. 8, no. 2, junio de 1996). Un experto en la materia también puede hacer referencia a la patente de Estados Unidos Nº 2.909.462, que proporciona tales polímeros acrílicos reticulados por un compuesto polihidroxílico que tiene al menos tres grupos hidroxilo, preferiblemente no más de ocho de dichos

grupos, estando los átomos de hidrógeno de al menos tres grupos hidroxilo sustituidos por radicales alifáticos insaturados que tienen al menos dos átomos de carbono. Los radicales preferidos son aquellos que contienen de 2 a 4 átomos de carbono, por ejemplo vinilos, alilos y otros grupos etilénicamente insaturados. Los radicales insaturados también pueden contener otros sustituyentes, tales como metilo. Los productos vendidos bajo el nombre Carbopol (BF Goodrich, Ohio, Estados Unidos) son especialmente adecuados. Se reticulan mediante alil sacarosa o alil pentaeritritol. Entre éstos, se hace referencia a Carbopol 974P, 934P y 971 P.

[0067] En cuanto a los copolímeros derivados de anhídrido maleico-alqueno, se da preferencia a EMA (Monsanto), que son copolímeros de etileno-anhídrido maleico de cadena lineal o reticulados y están, por ejemplo, reticulados por divinil éter. También se hace referencia a J. Fields et al., 1960.

[0068] Con respecto a la estructura, los polímeros de ácido acrílico o metacrílico y EMA están formados preferentemente por unidades básicas que tienen la siguiente fórmula:



en la que:

-R1 y R2, que pueden ser iguales o diferentes, representan H o CH3

-x = 0 o 1, preferiblemente x = 1

-y = 1 o 2, con x + y = 2.

para EMA, x = 0 y y = 2 y para carbómeros x = y = 1.

[0069] Estos polímeros son solubles en agua o solución salina fisiológica (20 g/l de NaCl) y el pH se puede ajustar a 7,3 a 7,4, por ejemplo, mediante sosa (NaOH), para proporcionar la solución adyuvante en la que se pueden incorporar el vector o vectores de expresión. La concentración de polímero en la composición inmunológica o de vacuna final puede oscilar entre 0,01 y 1,5% p/v, entre 0,05 y 1% p/v, y entre 0,1 y 0,4% p/v.

[0070] Otro aspecto de la descripción se refiere a un procedimiento para inducir una respuesta inmunológica en un animal a un antígeno, cuyo procedimiento comprende inocular al animal con una vacuna o una composición farmacéutica que incluye un virus de APMV modificado recombinante que comprende y codifica el antígeno de un patógeno para dicho animal. Aún otro aspecto de la descripción se refiere a un procedimiento para inducir una respuesta inmunológica en un animal a un antígeno en un régimen de administración de sensibilización-refuerzo, que se compone de al menos una administración de sensibilización o primaria y al menos una administración de refuerzo usando al menos un polipéptido, antígeno, epítipo o inmunógeno común. La composición inmunológica o vacuna utilizada en la administración de sensibilización o primaria puede ser la misma, pueden ser de naturaleza diferente de las utilizadas como refuerzo. En un aspecto del protocolo de sensibilización-refuerzo de la descripción, una composición o vacuna que comprende el virus (vector viral) APMV recombinante de la presente descripción se administra seguido por la administración de una vacuna viral inactivada o composición que comprende un antígeno, o una vacuna o la composición que comprende una subunidad (proteína, antígeno), o una vacuna de ADN plasmídico o composición que contiene o expresa un antígeno. Del mismo modo, un protocolo de sensibilización-refuerzo puede comprender la administración de una vacuna viral inactivada o composición que comprende un antígeno, o una vacuna o composición que comprende una subunidad (proteína, antígeno), o una vacuna de ADN plasmídico o composición que contiene o expresa un antígeno, seguido de la administración de una composición o vacuna que comprende el virus (vector viral) APMV recombinante de la presente descripción. Se observa además que las administraciones primaria y secundaria pueden comprender la composición o vacuna que comprende el virus (vector viral) APMV recombinante de la presente descripción.

[0071] La administración primaria puede comprender una o más administraciones de las mismas composiciones inmunológicas de vacunas basadas en vectores virales. Del mismo modo, la administración de refuerzo puede comprender una o más administraciones de la misma composición de vacuna inmunológica o basada en vector viral. La vía de administración de la sensibilización y el refuerzo puede ser la misma o diferente. Del mismo modo, el origen del gen protector presente en la sensibilización y el refuerzo pueden ser el mismo o diferente (cepa diferente, por ejemplo).

[0072] Las diversas administraciones se realizan preferiblemente con 1 a 6 semanas de diferencia, y más particularmente de aproximadamente 3 semanas de diferencia. Según un modo preferido, también se prevé un refuerzo anual, preferiblemente usando la composición inmunológica basada de la vacuna en vector viral. Los

animales tienen preferiblemente al menos un día de vida en el momento de la primera administración.

[0073] Se pueden usar una variedad de rutas de administración, tales como por vía subcutánea o por vía intramuscular, intradérmica, transdérmica, aerosol, agua potable, gota ocular, intranasal, cebos orales, orales, *in ovo* o una combinación (por ejemplo oculonasal, oronasal).

[0074] La invención se describirá ahora adicionalmente mediante los siguientes ejemplos no limitantes.

EJEMPLOS

Ejemplo 1 APMV-2, APMV-4, y APMV-6

A. Los virus y las aves

[0075] Se colocaron pollos SPF de 1 día de vida (libres de patógenos específicos) (Merial, Gainesville, GA) en unidades de aislamiento Horsfall-Baur con presión positiva. Se proporcionaron alimentación y el agua *ad libitum* y las aves fueron examinados dos veces al día. Los virus (APMV-2, 4, y 6) utilizados para estudios experimentales fueron aislados de aves silvestres y clasificados por el Laboratorio Nacional de Servicios Veterinarios (NVSL, Ames Iowa, Estados Unidos). Los virus se propagaron en huevos de gallina embrionados SPF de 9 días de vida (Sunrise Farms, Catskill, Nueva York, Estados Unidos) mediante la inoculación por vía alantoidea. El fluido alantoideo se recogió en el día 3 después de la inoculación, se dividió en alícuotas y se almacenó a -80°C. El subtipo de APMV fue confirmado por la prueba de HI usando sueros estándar (NVSL, Ames, Iowa, Estados Unidos). El 50% de la dosis infecciosa del huevo (EID₅₀) para cada aislado se determinó mediante la inoculación de diluciones en serie de 10 veces de fluido alantoideo de huevos SPF embrionados. El título se calculó según el procedimiento descrito por Reed y Muench (Reed, LJ et al, 1938, Am J. Epidemiol 27: 493-497).

B. Infección experimental

[0076] Se infectaron veinticinco pollos SPF de un día de vida por grupo con 10⁶ EID₅₀ por pollo por la vía ocular-nasal. Los pollos del grupo de control se inocularon por simulación con PBS (solución salina tamponada con fosfato). En los días 2, 4, 7, 14 y 28 después de la infección se extrajo sangre de cinco aves de cada grupo a través de la vena del ala para recoger muestras de suero, se sacrificaron con CO₂, y se hizo la necropsia. Se recogieron muestras de tejido de la tráquea, pulmón, páncreas e intestino. Para cada órgano, se utilizó un nuevo par de tijeras y pinzas estériles. La mitad de la muestra de tejido se colocó en un tubo de Lysing Matrix D (MP Biomedicals, Solon, OH) que contenía medio de transporte viral (1X medio esencial mínimo, bicarbonato de sodio 7,5%, HEPES 15 mM, suero bovino fetal al 1%, 4.000 U/ml penicilina, 400 µg/ml de gentamicina, 8 µg/ml de anfotericina B, 4.000 µg/ml de estreptomycin, 1.000 µg/ml de sulfato de kanamicina). La segunda mitad de la muestra de tejido se fijó en formalina al 10% tamponada y se embebió en cera de parafina. Las secciones de los tejidos incluidos en parafina se tiñeron con hematoxilina de Mayer y eosina (H & E).

[0077] Los resultados mostraron que la diarrea leve se observó el día cuatro y el siete después de la infección en las aves infectadas con APMV-2 o APMV 4. Durante la necropsia, las aves infectadas con APMV-2 mostraron un páncreas ligeramente agrandado en el día dos y cuatro después de la infección. No se observaron otras lesiones macroscópicas en cualquier otro grupo.

C. Serología

[0078] Las pruebas de hemaglutinación (HA) e inhibición de la hemaglutinación (HI) se utilizaron para detectar el virus en el fluido alantoico y analizar la presencia de anticuerpos HI en muestras de suero recogidas, respectivamente. Las pruebas se realizaron mediante procedimientos estándar utilizando 0,8% de glóbulos rojos de pollo resuspendidos en PBS. La prueba de HI se realizó por el procedimiento de antígeno constante en suero diluido. Se utilizaron ocho unidades HA de antígeno viral para cada dilución de suero.

[0079] Los títulos de anticuerpos HI fueron investigados en el día 2, 4, 7, 14, y 28 después de la infección. Se observaron títulos positivos HI ($\geq 1:16$) en muestras de suero de aves infectadas con APMV-2 en el día 7 (1/5), día 14 (5/5), y el día 28 después de la infección (5/5). Curiosamente, sólo un pollo infectado con APMV-4 desarrolló un título de HI que ha sido considerado como positivo durante el transcurso del experimento en el día 14 después de la infección. De manera similar para APMV-6, dos pollos de cinco desarrollaron un título de HI de 1:16, sólo en el día 28 después de la infección. Las aves inoculadas con simulación permanecieron negativos para anticuerpos HI para los tres APMV utilizados en este experimento. Además, para excluir la contaminación cruzada todos los sueros se ensayaron para anticuerpos HI contra los otros dos antígenos y permanecieron negativos.

D. Aislamiento del virus

[0080] Las muestras de tejido recogidas en los tubos de Lysing Matrix D (MP Biomedicals, Solon, OH, Estados Unidos) se homogeneizaron dos veces usando la Fastprep®-24 (MP Biomedicals, Solon, OH) en una configuración

de 4,0 M/S durante 20 segundos. Después de la incubación durante 15 min a temperatura ambiente, las muestras homogeneizadas se centrifugaron durante 20 min a 2000 g a 4°C. La esterilidad se ensayó después de la inoculación de 50 µl del sobrenadante obtenido en 2 ml de caldo de fosfato de triptosa (TPB) (DIFCO, Becton Dickinson, Sparks, MD, Estados Unidos) suplementado con hidrolactoalbúmina al 10% mediante incubación a 37°C en un agitador orbital durante la noche. Las muestras no estériles se filtraron con filtros de jeringa de 0,45 µm (Whatman Inc., Florham Park, NJ, Estados Unidos). Las muestras se almacenaron a -80°C. El aislamiento del virus se realizó por inoculación de 0,1 ml en la cavidad alantoidea de huevos de pollo SPF embrionados de 9 días de vida. Después de la incubación durante tres días a 37,5°C, se recogió el fluido alantoideo y se ensayó para la presencia de actividad hemaglutinante por HA.

[0081] Para analizar los sitios de la replicación del virus, se analizaron varios órganos (tráquea, pulmón, intestino, páncreas) para el virus infeccioso por aislamiento del virus en huevos embrionados (Figura 1). En general, la replicación del virus sólo se detectó en algunos pollos. Brevemente, se recuperó APMV-4 en el día 2 de la tráquea, pulmón y páncreas mientras APMV-6 se aisló de pulmón y páncreas. En el día 4, se aisló APMV-2 de tráquea y pulmón, mientras que APMV-6 se aisló de todos los órganos analizados, excepto el intestino. En el día 7, APMV-2 se aisló de una sola muestra de intestino, APMV-4 se aisló del páncreas, mientras que APMV-6 se aisló de las muestras de pulmón y el páncreas. Sorprendentemente, en el día 14 después de la infección no se aisló ningún virus, mientras que en el día 28 después de la infección, se pudieron aislar APMV-2, 4 y 6 del páncreas. No se aisló el virus de las aves inoculadas con simulación. La identidad del virus aislado de nuevo se confirmó mediante la prueba de HI usando sueros estándar como los proporcionados por NVSL.

[0082] Para evaluar el potencial patológico de los virus investigados, se analizaron las lesiones microscópicas en los órganos obtenidos (Figura 2). En el día 2 después de la infección, se observó una traqueítis catarral además de la pérdida ciliar del epitelio respiratorio y una enteritis leve en todos los pollos infectados. En el día 4 después de la infección, los pollos infectados con APMV-2 mostraron un mayor número de glándulas mucosas hipertróficas en la tráquea y ulceraciones focales del epitelio respiratorio. Las aves infectadas con APMV-4 mostraron cambios muy sugestivos de una infección respiratoria, tal como traqueítis leve, pancreatitis linfocítica multifocal leve a moderada y también una hiperplasia de BALT (tejido linfoide asociado a los bronquios) focal en el día 4 después de la infección. La investigación sobre los órganos de pollos infectados con APMV-6 revelaron cambios traqueales, tales como traqueítis catarral y ulcerosa y una pancreatitis focal que son consistentes con una estimulación viral. En el día 7 después de la infección, los pollos infectados con APMV-2 mostraron una atenuación traqueal focal o sustitución del epitelio respiratorio como indicativo de curación. Las aves infectadas con APMV-4 mostraron hiperplasia de BALT leve, mientras que las aves infectadas con APMV-6 mostraron enteropatía quística, enteritis focal y la infiltración linfocitaria en el páncreas. Además de enteritis linfocítica leve e hiperplasia de GALT leve, las aves infectadas por APMV-2 también mostraron cambios en la curación, tales como la atenuación de la tráquea en el día 14 después de la infección. Las muestras de órganos de pollos infectados con APMV-4 o 6 mostraron cambios sugestivos de infección viral, tales como la neumonía intersticial leve, traqueítis catarral e hiperplasia de BALT o GALT en el día 14 después de la infección. Todas las muestras investigadas obtenidas a partir de pollos infectados mostraron lesiones, tales como hiperplasia de GALT, pancreatitis linfocítica y bronquitis linfocítica en el día 28 después de la infección. En el día 2, las aves del grupo de control mostraron una traqueítis catarral suave que podría atribuirse a factores ambientales.

[0083] La Figura 3 muestra títulos bajos de HI (hasta 1:32 en el día 14) de pollos SPF infectados con APMV-4 o APMV-6, lo que indica que sólo la infección con APMV-2 provocaba una respuesta de HI que podría ser caracterizada como seropositiva. Sin embargo, los tres virus se recuperaron de la tráquea, los pulmones, el intestino y el páncreas de las aves infectadas hasta el día 7 después de la infección y del páncreas hasta el día 28 después de la infección. La infección con APMV-2, 4, o 6 mostró lesiones histopatológicas características (que se resumen en la figura 2) en todas las aves infectadas, indicativo de la estimulación con un antígeno viral. El aislamiento viral y perfiles histológicos de las aves infectadas representaban claramente el tropismo de los virus en las aves infectadas (la tráquea y los pulmones desde el día 2 hasta el día 7 y el intestino, pulmón y páncreas desde el día 7 en adelante). Se detectaron todos los aislados en el páncreas hasta 28 días después de la infección, pero el aislamiento del virus no fue posible en el día 14 después de la infección. Esto indicó que el APMV investigado probablemente puede persistir y luego reactivarse. Por lo tanto, los portadores del virus pueden estar presentes en los grupos infectados. Sólo APMV-2 indujo anticuerpos de HI, mientras que no se detectaron anticuerpos de HI de pollos infectados con APMV-4 y 6.

Ejemplo 2 APMV-8

A. Los virus y las aves

[0084] Se colocaron pollos SPF de 1 día de vida (Merial, Gainesville, GA, Estados Unidos) y patos Pekín (Metzer Farms, Gonzales, CA, Estados Unidos) en unidades de aislamiento Horsfall-Baur con presión positiva. Se proporcionaron alimentación y el agua *ad libitum* y las aves fueron examinados dos veces al día. El virus APMV-8 (APMV-8: SCWDS ID: MA-7) utilizado para los estudios experimentales se aisló de una Mallard y se clasificó por el Laboratorio Nacional de Servicios Veterinarios (NVSL, Ames Iowa, Estados Unidos). Los virus se propagaron en huevos de gallina embrionados SPF de 9 días de vida mediante la inoculación por vía alantoidea. Los fluidos

alantoideos se recogieron en el día 3 después de la inoculación, se agruparon, se dividieron en alícuotas y se almacenaron a -80°C. El subtipo de APMV-8 fue confirmado por la prueba de HI usando sueros estándar proporcionados por el Laboratorio Nacional de Servicios Veterinarios (Ames IA, Estados Unidos). La EID₅₀ se determinó mediante la inoculación de diluciones en serie de 10 veces de fluido alantoideo en huevos SPF embrionados. El título se calculó según el procedimiento descrito por Reed y Muench (Reed, LJ et al, 1938, Am J. Epidemiol 27: 493-497).

B. Infección experimental

[0085] Se infectaron veinticinco pollos SPF o patos Pekín de un día de vida por grupo por la vía ocular-nasal con 10⁶ EID₅₀ por ave diluido en PBS. Las aves del grupo de pollos o patos de control se inocularon por simulación con PBS. Se extrajo sangre de cinco aves de cada grupo a través de la vena braquial para recoger muestras de suero, se sacrificaron humanamente con CO₂, y se hizo la necropsia a los dos, cuatro, siete, catorce y veintiocho días después de la infección. Se recogieron muestras de tejido de la tráquea, pulmón, páncreas e intestino (duodeno). Para cada órgano, se utilizó un nuevo par de tijeras y pinzas estériles. La mitad de la muestra de tejido se colocó en un tubo de Lysing Matrix D (MP Biomedicals, Solon, OH, Estados Unidos) que contenía medio de transporte viral (1X medio esencial mínimo, bicarbonato de sodio 7,5%, HEPES 15 mM, suero bovino fetal al 1%, 4.000 U/ml penicilina, 400 µg/ml de gentamicina, 8 µg/ml de anfotericina B, 4.000 µg/ml de estreptomycin, 1.000 µg/ml de sulfato de kanamicina). La segunda mitad de la muestra de tejido se fijó en formalina al 10% tamponada y se procesó de forma rutinaria, se embebió, se seccionó y se tiñó con hematoxilina y eosina.

C. Aislamiento de virus

[0086] Las muestras de tejido recogidas en los tubos de Lysing Matrix D se homogeneizaron dos veces usando la Fastprep®-24 (MP Biomedicals) en una configuración de 4,0 M/S durante 20 segundos. Las muestras homogeneizadas se incubaron durante 15 minutos a temperatura ambiente y a continuación se centrifugaron durante 20 min a 2000 g a 4°C. Se inocularon 50 µl del sobrenadante obtenido en 2 ml de TFB suplementado con hidrolactoalbúmina al 10% mediante incubación a 37°C en un agitador orbital durante la noche para ensayar la esterilidad. Las muestras no estériles se filtraron con filtros de jeringa de 0,45 µm (Whatman Inc.). Las muestras se almacenaron a -80°C. El aislamiento del virus se realizó por inoculación de 0,1 ml en la cavidad alantoidea de huevos de pollo SPF embrionados de 9 días de vida. Después de la incubación durante tres días a 37,5°C, se recogió el fluido alantoideo y se ensayó para la presencia de actividad hemaglutinante por HA.

D. Serología

[0087] Las pruebas de hemaglutinación (HA) y de inhibición de la hemaglutinación (HI) se utilizaron para detectar el virus en el fluido alantoico y analizar la presencia de anticuerpos de HI en muestras de suero recogidas, respectivamente. Las pruebas se realizaron mediante procedimientos estándar utilizando 0,8% de glóbulos rojos de pollo resuspendidos en PBS. La prueba de HI se realizó por el procedimiento de antígeno constante en suero diluido. Se utilizaron ocho unidades HA de antígeno viral para cada dilución en suero. Se determinó el título medio geométrica como se ha descrito previamente (Brugh, 1978).

[0088] La figura 4 muestra los títulos de anticuerpos HI de pollos SPF y patos infectados con APMV-8. Los pollos y los patos se infectaron por vía oro-nasal con una dosis de 10⁶ EID₅₀ de APMV-8. Se recogieron muestras de suero en los días 2, 4, 7, 14, y 28 después de la infección y se analizaron mediante la prueba de HI con el antígeno de APMV-8. Los títulos séricos de HI (en log 2) se muestran en el eje izquierdo.

E. Índices de patogenicidad de APMV-8 en pollo

[0089] Para evaluar la virulencia de APMV-8, se determinó el índice de patogenicidad intracerebral (IPIC) según los procedimientos de la Organización Mundial de Salud Animal (OIE, 2008) para el virus de la enfermedad de Newcastle. Se determinó el tiempo muerto medio (MDT) en embriones de pollo como se ha descrito previamente (Swayne et al., 1998) usando una dilución en serie de APMV-8 de 10⁻¹ a 10⁻⁸.

[0090] La determinación del tiempo muerto medio (MDT) en huevos embrionados, así como la evaluación del índice de patogenicidad intracerebral (IPIC) es una medida importante para la patogenicidad del virus. Con respecto al MDT en huevos embrionados, ninguno de los embriones de los huevos inoculados murió después del período de 7 días y por lo tanto el aislado de APMV-8 puede ser clasificado como lentógeno. La presencia de virus se confirmó por la prueba de HA usando el fluido alantoico de huevos inoculados con la dilución de 10⁻⁶. Todos los pollos inoculados por vía intracerebral no mostraron signos clínicos durante el tiempo de observación dando lugar a un valor ICPI de cero, lo que da lugar a un fenotipo lentógeno.

F. Vacunación de refuerzo de APMV-8

[0091] Se infectaron por vía óculo-nasal diez pollos SPF de un día de vida por grupo con 10⁶ EID₅₀ por ave. Las aves del grupo de pollo de control se inocularon por simulación con PBS. Las aves fueron infectadas de nuevo con

la misma dosis 14 días después de la primera infección. La presencia de virus infecciosos se controló en los días 2, 4, 7 y 14 después de la primera infección y los días 2 y 4 después de la segunda infección por aislamiento del virus a partir de frotis traqueales utilizando huevos SPF embrionados de 9 días de vida. La respuesta de los anticuerpos se monitorizó mediante el título de HI de muestras de suero recogidas en los 0, 7, y 14 días después de cada vacunación.

[0092] Con el fin de investigar si una segunda inmunización permitiría el desarrollo de un título de HI más sostenible, se realizó un experimento de esquema de sensibilización/refuerzo (Figura 5). En el día 7 después de la primera infección, todas las diez aves mostraron un HI que variaba de 64 a 1024 (GMT 207). El título se redujo en el día 14 después de la primera infección (GMT 84), pero aumentó después de la infección de refuerzo en el día 14 después de la infección inicial. En el día 7 después de la vacunación de refuerzo, el GMT aumentó a 137 y disminuyó de nuevo a un GMT de 73 en el día 14 después de la segunda infección. El virus infeccioso pudo ser aislado de frotis traqueales en el día 2 (5/10 aves) y el día 4 (4/10 aves) después de la primera infección. Después de la segunda infección ningún virus se aisló de los frotis tomados en el día 2 y 4 después de la infección.

G. Detección de ARN viral por RT-PCR

[0093] La detección de ARN viral a partir de muestras de tejido se realizó después de la homogeneización de muestras de tejido, seguido de aislamiento de ARN usando el kit de aislamiento de ARN muy puro (Roche, Mannheim, Alemania). Se usó un par de cebadores (8NPf1, 8NPr, ver tabla 1) en una RT-PCR usando el kit de RT-PCR Superscript III One Step con Platinum Taq (Invitrogen, Carlsbad, CA, Estados Unidos) siguiendo las instrucciones del fabricante. Los productos de reacción obtenidos se analizaron en un gel de agarosa al 1% (Figura 6). Los tejidos traqueales se recogieron en el día 2 después de la infección de patos no infectados (C1-C5) y patos infectados con APMV-8 (I1-I5). Los tejidos se homogeneizaron y se preparó el ARN para RT-PCR. Se preparó en paralelo un control de agua (W). Los productos de reacción se separaron en un gel de agarosa al 1,5%. El tamaño del fragmento se controló mediante el uso de la escalera de 100 pb (New England Biolabs, Boston, MA, Estados Unidos). Los tamaños de los fragmentos de ADN se muestran a la derecha.

Tabla 1 Oligonucleótidos utilizados para la RT-PCR para la detección de ARN viral en muestras de tejido

Nombre	Secuencia	Orientación	Ubicación ^A	SEQ ID NO
APMV-polIT	TTTTTTTTTTTTTTTTTACCAAACAR	sentido	1-14	21
	RGAA			
8NPf1	CAGGAGACCTGATGTTGCCTCAAC	sentido	200-223	22
8NPr	GCAGGCGATCTATAGTCTCTGATAG	antisentido	618-642	23

H. Determinación de la dosis infecciosa mínima en pollos y patos

[0094] Con el fin de determinar qué título viral sería suficiente en pollos para detectar una seroconversión, se infectaron pollos SPF de un día de vida con diferentes dosis de APMV-8. Las aves fueron colocadas como se describe anteriormente. Diez pollos por grupo se infectaron cada uno con 10^1 , 10^2 , 10^3 , 10^4 , 10^5 , o 10^6 EID₅₀. El virus se diluyó en VTM. Un grupo se inoculó con VTM y sirvió como control. Las aves se hicieron sangrar en el día 7 y 14 después de la infección a través de la vena braquial. Sobre la base de los resultados obtenidos durante el experimento con pollo, se infectaron patos Pekín de tres días de vida con diferente cantidad de virus. La dosis de infección se eligió como 10^3 , 10^4 , 10^5 , o 10^6 EID₅₀ por pato. A un grupo se simuló la infección con VTM. Las aves se hicieron sangrar en el día 7 y 14 después de la infección a través de la vena de la pierna. En la muestra de suero se analizó la presencia de anticuerpos específicos de virus por HI como se describe anteriormente.

I. Determinación de la patogenicidad en patos y pollos

[0095] Durante los experimentos, no se observaron signos clínicos en pollos y patos. Durante la necropsia, tres pollos infectados mostraron ligeramente u páncreas agrandado y el duodeno inflamado en el día dos y cuatro después de la infección. No se observaron otras lesiones macroscópicas en ningún grupo.

[0096] La respuesta serológica se examinó en los días 2, 4, 7, 14, y 28 después de la infección mediante investigación de los títulos de HI en el suero (Figura 4). Las muestras de suero de pollos infectados con APMV-8 mostraron títulos de HI positivos (≥ 16) a partir del día 7 después de la infección (5/5, GMT: 111), 14 días después de la infección (5/5, GMT: 48), y 28 días después de la infección (5/5, GMT: 48). Las muestras de suero de patos infectados con APMV-8 también mostraron títulos de HI positivos (≥ 16) a los 7 (5/5, GMT 21), 14 (5/5, GMT 28), y 28 (4/5, GMT 14) días después de la infección. Los títulos de HI variaron de 32 a 256 para los pollos, mientras que para los patos el rango fue de 16 a 64. Las aves inoculadas con simulación se mantuvieron negativos para anticuerpos de HI para APMV-8 en todos los puntos de tiempo investigados en ambas especies.

[0097] Para determinar los sitios de la replicación del virus en pollos y patos, se analizaron varios órganos (tráquea, pulmón, duodeno y páncreas) para el virus infeccioso mediante aislamiento del virus en huevos embrionados (Figura 7). En los pollos, se recuperó APMV-8 a los 2 días después de la infección de la tráquea, pulmón, y el duodeno. A

los 4 días después de la infección, se aisló APMV-8 de todos los órganos analizados; mientras que a los 7 días después de la infección, se aisló APMV-8 sólo del páncreas. A los 14 y 28 días después de la infección no se aisló ningún virus de ningún órgano. No se aisló el virus de las aves inoculadas con simulación. La identidad del virus aislado de nuevo se confirmó mediante la prueba de HI usando sueros estándar proporcionados por NVSL. Ningún virus fue aislado de ninguno de los tejidos de pato recogidos en cualquier punto en el tiempo, incluso después de dos subpases en huevos de gallina SPF embrionados de 9 días de vida. Por lo tanto, los cebadores de RT-PCR se diseñaron basándose en la información de secuencia de APMV-8 disponible para detectar la presencia de ARN viral en las muestras de tejido recogidas (Figura 7). A los 2 días después de la infección se detectó ARN viral en la tráquea (Figura 6), el intestino y el páncreas, mientras que se detectó ARN viral a los 4 días después de la infección en todos los órganos analizados. A los 7, 14, y 28 días después de la infección, se detectó ARN viral sólo en la tráquea y el pulmón. La RT-PCR utilizando ARN obtenido a partir de órganos de aves inoculadas por simulación no dio como resultado la amplificación de un fragmento de RT-PCR, lo que indica la ausencia de APMV-8 en estas aves.

[0098] Para evaluar el potencial patológico del virus investigado, los órganos se analizaron para la presencia de lesiones microscópicas (Figura 8). A los 2 días después de la infección, se observó una traqueítis proliferativa multifocal leve en todos los pollos infectados. Los órganos restantes no mostraron diferencias con el grupo control. Los pollos infectados con APMV-8 mostraron atenuación focal o regeneración del epitelio respiratorio en la tráquea a los 4 días después de la infección como indicativo de curación. Además, las aves también mostraron pancreatitis linfocítica multifocal suave, lo que indicaba una infección viral. Los pollos infectados mostraron cambios en el pulmón a los 7 días después de la infección, tal como BALT moderada a severa, cambios traqueales, tales como traqueítis catarral y pancreatitis linfocítica multifocal. Estos resultados son consistentes con una estimulación antigénica. A los 14 días después de la infección, se observaron cambios traqueales consistentes con la curación y cambios pancreáticos, tales como la pancreatitis linfocítica, sugestiva de infección viral en los pollos infectados. A los 28 días después de la infección, sólo se observaron una traqueítis catarral leve y una enteritis leve en algunos de los pollos infectados. En patos infectados, se observaron traqueítis multifocal linfocítica leve, cambios en los pulmones (neumonía intersticial) y cambios intestinales (enteritis linfocítica) a los 2 días después de la infección, mientras que los cambios traqueales compatibles con infección respiratoria se observaron a los 4 días después de la infección. A los 7 días después de la infección, los patos infectados mostraron traqueítis linfocítica y pancreatitis consistente con la infección viral, mientras que la traqueítis catarral observada fue sugestivo de curación a los 14 días después de la infección. Además, patos infectados mostraron una pancreatitis linfocítica a los 14 días después de la infección. Más tarde, a los 28 días después de la infección, en el pulmón de los patos infectados se observaron una hiperplasia de BALT y también una traqueítis heterófila multifocal leve. Ambas lesiones microscópicas patológicas eran indicativas de una infección viral. En los controles no infectados no se observaron cambios en los órganos examinados.

J. Determinación de la dosis mínima necesaria para la inducción de una respuesta inmune

[0099] Con el fin de examinar la dosis infecciosa mínima que es necesaria para inducir una seroconversión en el pollo, se utilizaron diluciones de diez veces de APMV-8 para infectar diez pollos SPF de un día de vida (Figura 9). Para la prueba de HI, se utilizaron 4 unidades HA que dan lugar a un umbral de 16 para ser considerado como positivo. Las muestras de suero tomadas en el día 14 después de la infección mostraron que una EID₅₀ de 10³ era suficiente para inducir una respuesta inmune en 4/10 pollos que se consideraba como positiva (GMT 11). En el día 14 después de la infección con una EID₅₀ de 10⁴ nueve de diez aves mostraron un título ≥ 16 (GMT 34). La infección con una EID₅₀ de 10⁵ y 10⁶ indujo un título de HI de ≥ 16 en el día 14 después de la infección en todas las aves con un GMT de 73 y 137, respectivamente.

[0100] Basándose en este resultado, se infectaron 8 patos cada uno con APMV-8 a partir de una dosis EID₅₀ de 10³ por ave hasta una dosis EID₅₀ de 10⁶ por ave (Figura 10). Seis de los ocho patos desarrollaron títulos significativos (≥ 16) 14 días después de la infección con un GMT de 14 después de la infección con una EID₅₀ de 10⁴/ave. En el día 14 después de la infección 6/8 patos infectados con una EID₅₀ de 10⁵/ave y 7/8 patos infectados con una EID₅₀ de 10⁶/ave desarrollaron títulos significativos (≥ 16) con un GMT de 17 y 23, respectivamente.

Ejemplo 3 Determinación de la secuencia de longitud completa de APMV-8

[0101] Para la determinación de la secuencia de longitud completa de APMV-8, es necesario inicialmente información de la secuencia de ARN viral. Con este fin, se clonó el extremo 3' del genoma viral mediante el uso de un cebador (APMV-polyT, véase la tabla 1), que contenía una secuencia degenerada basada en secuencias 3' de APMV1 (Genbank N° de acceso AF077761), APMV-2 (Genbank n° de acceso EU338414), y APMV-6 (Genbank N° de acceso EF569970). El ARN viral se purificó a partir de fluido alantoideo utilizando el kit de aislamiento de ARN muy puro (Roche, Mannheim, Alemania). La secuencia se amplificó usando el sistema 5' RACE para amplificación rápida de extremos de ADNc Version 2.0 (Invitrogen) siguiendo las instrucciones del fabricante. Se obtuvieron varios fragmentos, se eluyeron en gel y se clonaron en el vector de clonación Topo TA (Invitrogen) y se secuenciaron los clones seleccionados positivos. Las secuencias de nucleótidos obtenidas se analizaron en una búsqueda nblast frente a la base de datos NCBI que dio como resultado ninguna similitud. Una búsqueda tblastx frente a la base de datos NCBI mostró similitudes con la nucleoproteína del 83% de similitud de un paramixovirus aviar 2 (APMV-2/Pollo/California/Yucaipa/56, n° de acceso GenBank EU338414) y de 56% de similitud de una cepa de

paramixovirus aviar 6 (APMV-6/Ganso/Lejano Oriente/4440/2003, N° de acceso GenBank EF569970). Usando este cebador, se empleó el procedimiento de "primer walking" utilizando el sistema 5' RACE para amplificación rápida de extremos de ADNc Version 2.0 (Invitrogen). El 5'-RACE produjo un fragmento de aproximadamente 800 pb. Usando esta técnica, se obtuvo nueva información de secuencia basándose en la información de la secuencia de la secuencia anterior que ha sido usada para el diseño de nuevos oligonucleótidos. El extremo 5' del genoma viral también se determinó por el procedimiento 5'-RACE. Se obtuvo el extremo 3' del genoma viral después de la ligadura del ARN con T4 ARN ligasa1 (New England Biolabs). La reacción de ligación se purificó de nuevo con kit de aislamiento de ARN muy puro (Roche) y se realizó una RT-PCR usando el kit de RT-PCR Superscript III One Step con Platinum Taq (Invitrogen). El fragmento de ADNc obtenido se clonó en el vector pCR2.1 (Invitrogen) y se secuenció. Se secuenciaron tres plásmidos de cada fragmento clonado en ambas direcciones, dando lugar a la secuencia de cobertura 6x por nucleótido.

[0102] La secuencia del genoma de longitud completa de la cepa de APMV-8 analizada tiene 15.342 nucleótidos, esto es de acuerdo a la regla de seis (Calain, P. y Roux, L., 1993) para *Paramyxovirinae*. Se han detectado seis marcos de lectura abierta (ORF) y codifican proteínas. El orden de las proteínas se determinó como 3'-NP-P-M-F-HN-L-5' (la secuencia del genoma SEQ ID NO: 1 está en la orientación antigenómica 5' a 3') usando similitudes de la secuencia de la proteína a las proteínas de otros paramixovirus aviar. Los posibles codones de inicio y parada de los ORF y el peso molecular teórico (página web del Instituto Suizo de Bioinformática ExPASy) de las proteínas se muestran en la tabla 2.

Tabla 2 Parámetro de las proteínas codificadas por la secuencia de APMV-8

Proteína	codón de inicio	Codón de parada	PM teórico (kD)
nucleoproteína (NP)	141-143	1524-1526	51,2
fosfoproteína (P)	1693-1695	2908-2910	43,5
proteína de matriz (M)	3076-3078	4193-4195	40,6
proteína de fusión (F)	4499-4501	6128-6130	58,5
hemaglutinina/neuraminidasa (HN)	6383-6385	8114-8116	63,5
polimerasa (L)	8273-8275 o 8297-8299	15011-15013	254,6 253,6

[0103] Las posibles secuencias genómicas líder y trailer fueron determinadas mediante la determinación de la posible secuencia de inicio de gen del gen de NP (líder) y la posible secuencia del fin del gen de la proteína L (trailer). La secuencia líder se encuentra desde el nucleótido 1 al nucleótido 55. La posible secuencia de inicio del gen (nt 56-63) del gen de NP termina la secuencia líder. La secuencia trailer se localiza detrás de la última secuencia de fin de gen en el genoma viral. Debido a la presencia de dos posibles secuencias de fin de gen para el gen de la ARN polimerasa (nt 15161-15171 o 15288-15297) se han identificado dos secuencias trailer (nt 15172-15342 o nt 15289-15342). La ubicación de la posible secuencia de inicio de gen (secuencias que contienen poli G) y secuencias de fin de gen (secuencia señal para una poliadenilación) y las secuencias intergénicas se resumieron en la Tabla 3.

Tabla 3 Secuencia y ubicación de posible secuencia de inicio de gen, intergénica y fin de gen de APMV-8

Gen	Inicio de gen	Fin de gen	Intergénica
Nucleoproteína	56-63	1615-1625	1626-1627
fosfoproteína	1628-1635	2991-3001	3002-3031
Proteína de matriz	3032-3039	4404-4416	4417-4441
Proteína de fusión	4442-4449	6260-6271	6272-6278
hemaglutinina/neuraminidasa	6279-6287	8261-8273	8274-8275
ARN polimerasa	8275-8283	15161-15171 o 15288-15297	

Tabla 4 SEQ ID NO v secuencias de ADN y de proteínas.

SEQ ID NO	Nombre del gen	Tipo
1	Secuencia del genoma de APMV-8	ADN o ARN
2	Nucleoproteína (NP) de APMV-8	ADN o ARN
3	Nucleoproteína (NP) de APMV-8	Proteína
4	Fosfoproteína (P) de APMV-8	ADN o ARN
5	Fosfoproteína (P) de APMV-8	Proteína
6	Proteína de matriz (M) de APMV-8	ADN o ARN
7	Proteína de matriz (M) de APMV-8	Proteína

8	Proteína de fusión (F) de APMV-8	ADN o ARN
9	Proteína de fusión (F) de APMV-8	Proteína
10	hemaglutinina/neuraminidasa (HN) de APMV-8	ADN o ARN
11	hemaglutinina/neuraminidasa (HN) de APMV-8	Proteína
12	Polimerasa (L) ADN de APMV-8	ADN o ARN
13	Proteína 1 de polimerasa (L) de APMV-8	Proteína
14	Proteína 2 de polimerasa (L) de APMV-8	Proteína

[0104] Las posibles secuencias de inicio de gen para APMV-8 se conservaron conteniendo una secuencia poli(C)₅ seguida de una secuencia 3'-GCU-5'. La única excepción es la posible secuencia de inicio de gen para la ARN polimerasa viral (3'-CUCCCGCU-5'). Las posibles secuencias de fin de gen también se conservaron y contenían una secuencia de poli(U)₅ en la secuencia viral genómica 5' (Tabla 5).

Tabla 5 secuencias de inicio de gen y fin de gen de APMV-8

	Nombre del gen	Secuencias (orientación antigenómica 5-3')	SEQ ID NO
Inicio de gen	Gen de NP	CCCCCGCUUCUGUCA	24
	Gen de P	CCCCCGCUGGAGUUA	25
	Gen de M	CCCCCGCUUCUGUGC	26
	Gen de F	CCCCCGCUUUAGAAC	27
	Gen de HN	CCCCCGCUGGGUAAA	28
	L	CUCCCGCUGGAGAUG	29
Fin de gen	Gen de NP	AACUAAAUUCUUUUUU	30
	Gen de P	UACUAAAUUCUUUUUU	31
	Gen de M	AGGAUUAAUAAUUUUUU	32
	Gen de F	CUAUAAAUUAUUUUUU	33
	Gen de HN	UACUAAAUUCUUUUUU	34
	Gen de L (1)	ACUAAAUUCUUUUUU	35
	Gen de L (2)	UUAUUGAUUUUUUUUU	36

[0105] Estas secuencias se predijeron en base a secuencias que se describieron para otros paramixovirus del género *Avulavirus* (Chang et al., 2001, Nayak et al, 2008, Jeon et al., 2008). Hay dos posibles codones de inicio para el ORF de la ARN polimerasa. El primer codón de inicio (nt 8273 a 8275) se localiza en la región fin de gen-región intergénica-inicio de gen entre el ORF de HN y el ORF de la ARN polimerasa viral. Esto hace que este codón de inicio sea improbable, pero no imposible. El segundo codón de inicio (8297 -8299) está en dirección 3' de la región región fin de gen-región intergénica-inicio de gen y puede actuar como codón de iniciación para el comienzo de la traducción de la ARN polimerasa de APMV-8.

[0106] El genoma de APMV-8 tiene 15342 nt de longitud. Este es mayor que APMV-1 (SQ ID NO: 15, 15186 nt, de Leeuw y Peeters, 1999), APMV-2 (SEQ ID NO: 16, 14904 nt, Subbiah et al, 2008), y APMV-4 (SEQ ID NO: 18, 15054 nt, Nayak et al., 2008), y más pequeño que APMV-3 (SEQ ID NO: 17, 16272 nt, Kumar et al., 2008) y APMV-9 (SEQ ID NO: 20, 15438 nt, Samuel et al., 2009). La longitud de 55 nt de la secuencia líder parecía estar conservadas entre todos los APMV (Krishnamurthy y Samal, 1998, de Leeuw y Peeters, 1999, Subbiah et al., 2008, Nayak et al., 2008, Kumar et al., 2008, Samuel et al., 2009), mientras que la secuencia trailer parecía ser de longitud variable. Las secuencias de inicio de gen y fin de gen de los genes virales también estaban altamente conservados para APMV-8 (tal como se muestra en la Tabla 5). Esto se ha descrito también para las secuencias de APMV-2 (Subbiah et al, 2008), APMV-3 (Kumar et al, 2008), APMV-4 (Jeon et al., 2008, Nayak et al, 2008), APMV- 6 (Chang et al, 2001), y recientemente para APMV-9 (Samuel et al., 2009). El número de los nucleótidos de la secuencia de longitud completa es un múltiplo de seis, que está de acuerdo con el papel de seis para los genomas de paramixovirus (Kolakofsky et al., 1998).

[0107] La identidad de secuencia entre las secuencias del genoma de APMV-1, 2, 3, 4, 6, 8, y 9 se muestran en la Tabla 6.

Tabla 6 Porcentaje de identidad de secuencia entre el genoma de APMV-1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, y 9

APMV		1	2	3	4	6	7	8	8	8	8	9
	SEQ ID NO	15	16	17	18	19	20	1	37	38	39	40
398	1	48	61	47,2	47,6	52	53	100	99,1	96,5	96,4	48

[0108] El porcentaje de identidad de secuencia entre dos secuencias de ácidos nucleicos o de polipéptidos se determina utilizando el paquete de software Vector NTI 11,0 (PC) (Invitrogen, 1600 Faraday Ave., Carlsbad, CA). Se

utilizan Una penalización de apertura de hueco de 15 y una penalización por extensión de hueco de 6,66 para determinar el porcentaje de identidad de dos ácidos nucleicos. Se utilizan una penalización de apertura de hueco de 10 y una penalización por extensión de hueco de 0,1 para determinar el porcentaje de identidad de dos polipéptidos. El porcentaje de identidad se calculó basándose en la secuencia más corta.

Ejemplo 4 Vacunación de pollos jóvenes de un día de vida con la cepa de APMV-8

[0109] Se separaron veinte pollos jóvenes de un día de vida en dos grupos de acuerdo a la tabla 7 que se muestra a continuación.

[0110] En el día 1, se hicieron sangrar pollos jóvenes de un día de vida para determinar el estado de anticuerpos dirigidos contra el virus de la enfermedad de Newcastle (NDV) y APMV-8 utilizando el ensayo de inhibición de la hemaglutinación (prueba de HI). La prueba se realizó utilizando fluido alantoideo de cualquiera de los huevos de SPF infectados con cepa de NDV Lasota o APMV-8. Se utilizaron cuatro unidades HA de la cepa de NDV Lasota o APMV-8 y 1% de glóbulos rojos de pollo y se utilizaron para la prueba de HI. Los títulos de HI resultantes muestran que el suero de los pollos contenía anticuerpos de HI dirigidos contra NDV pero no anticuerpos detectables contra el virus de APMV-8.

Tabla 7. Infección/vacunación de pollos jóvenes de un día de vida

Tratamiento	Grupo 1 (diez pollos de un día de vida)	Grupo 2 (control) (diez pollos de un día de vida)
Día 1: vacunación con cepa de APMV-8	Sí	No
Día 14: Prueba de HI	Sí	Sí
Día 14: segunda vacunación con cepa de APMV-8 (refuerzo)	5 pollos (grupo 1-1): segunda vacunación/primer vacunación 5 pollos (grupo 1-2): no segunda vacunación/primer vacunación	5 pollos (grupo 2-1): segunda vacunación 5 pollos (grupo 2-2): sin vacunación
Día 28: Prueba de HI	Sí	Sí

[0111] En el día 1, el grupo 1 de 10 pollos se infectó por vía nasal con 10^6 EID₅₀ de cepa de APMV-8 cepa, grupo 2 de 10 pollos no se infectó sirviendo como control.

[0112] Catorce días después de la infección (día 14), se extrajo sangre de los pollos y las muestras de suero obtenidas se analizaron de nuevo por la presencia de anticuerpos de HI dirigidos contra NDV y APMV-8 (Figura 20). El resultado mostró que los pollos vacunados con APMV-8 mostraron títulos de HI usando APMV-8 como antígeno. Los títulos de HI específicos de APMV-8 fueron entre 128 y 2048. Los títulos de HI contra NDV se redujeron a un título de HI por debajo de 16, por lo que no se consideraron como NDV positivo. El resultado mostró que los anticuerpos derivados de pollos maternos dirigidos contra NDV no omitían la infección con APMV-8, por lo que la interferencia de tales anticuerpos con la vacunación de APMV-8 es poco probable.

[0113] Catorce días después de la infección (día 14), los pollos en el grupo 1 y el grupo 2 se dividieron. Cinco pollos en cada uno del grupo 1 (grupo 1-1) y del grupo 2 (grupo 2-1) se infectaron de nuevo con EID₅₀ de 10^6 de la cepa de APMV-8 (tabla 7), los cinco pollos restantes en cada grupo (grupo 1-2 y grupo 2-2) no se infectaron. Este experimento se diseñó para investigar si una infección posterior de pollos tendría un efecto sobre la infección y si una segunda infección (vacunación de refuerzo) aumentaría el título de anticuerpos. Catorce días más tarde (día 28), todos los pollos se hicieron sangrar de nuevo y el suero se investigó para la presencia de anticuerpos de NDV y APMV-8. Los títulos de suero (Figura 21) mostraron que una primera vacunación en el día 14 (grupo 2-1) indujo títulos de anticuerpos específicos de APMV-8 que variaban de 32 a 512. En los pollos vacunados solamente en el día 1 (grupo 1-2), los títulos de anticuerpos disminuyeron a títulos en un intervalo de 128 a 512. En los pollos que han sido vacunados en el día 1 y el día 14 (grupo 1-1), el título de anticuerpo específico de APMV-8 no aumentó, lo que sugiere que el virus utilizado para la segunda infección se neutralizó por anticuerpos específicos de APMV-8 inducidos por la primera infección. El suero de los controles no vacunados (grupo 2-2) no contenía anticuerpos de HI específicos de APMV-8. En el día 28, los anticuerpos de NDV disminuyeron aún más, sólo 11 pollos de los 20 pollos mostraron algún título de HI con el antígeno de NDV, mientras que en el día 14 catorce pollos mostraron títulos de anticuerpos bajos contra NDV.

Ejemplo 5 Vacunación *in ovo* de huevos SPF embrionados

[0114] Este estudio se realizó para probar si una vacunación *in ovo* con APMV-8 daría lugar a una respuesta de anticuerpos en los pollos y si la vacunación *in ovo* interferiría con la capacidad de eclosión y la durabilidad.

[0115] En el estudio se vacunaron 1.108 huevos SPF *in ovo* con una cepa del virus APMV-8 utilizando el INOVOJECT (Pfizer Animal Health, Nueva York, EE.UU.) en el día 18 de incubación. El virus se diluyó en una solución salina estéril de NaCl al 0,9%. La titulación por retroceso de virus diluido reveló un título de $10^{5.5}$ de

EID₅₀/100 µl. Como control, 108 huevos se inocularon con solución salina estéril de NaCl al 0,9%. El volumen para la inoculación fue de 100 µl por huevo. Ochenta pollos eclosionaron del grupo control y cuarenta y cinco pollos eclosionaron del grupo vacunado con APMV-8. Diez pollos de cada grupo se transfirieron a una unidad Horsefall-Bauer. Además, los pollos del grupo vacunado con APMV-8 y cinco pollos del grupo de control se comenzaron en una unidad de Horsefall-Bauer para poner a prueba la transmisión de APMV-8 después de la vacunación. Se proporcionaron agua y alimento *ad libitum*. Catorce y veintiocho días después de la eclosión, se tomaron muestras de sangre y se ensayaron para la presencia de anticuerpos de HI dirigidos contra APMV-8 utilizando 4 unidades de HA y 1% de glóbulos rojos de pollo. Los resultados (Figura 22) mostraron que la vacunación *in ovo* el día 18 de incubación dio lugar a una respuesta inmune tal como se indica por la presencia de títulos de HI en las muestras de suero ensayadas. Catorce días después de la eclosión, se observó un título de HI de 256 a 4048 en el grupo vacunado *in ovo*. En el suero de los pollos de contacto, se observó un título de HI de 256 a 2048 14 días después del contacto con los pollos del grupo vacunado, lo que indica un cambio del virus utilizado para la vacunación. El grupo control no mostró ningún título de HI específico para APMV-8. Catorce días más tarde, los pollos se hicieron sangrar de nuevo y mostraron títulos de 256 a 4096 en el grupo vacunado con APMV-8 y de 256 a 1024 en el grupo de contacto de APMV-8. El grupo de control no mostró presencia de anticuerpos de HI de APMV-8.

[0116] En el estudio 2, se vacunaron 88 huevos SPF (libres de patógenos específicos) *in ovo* utilizando el INOVOJECT en el día 19 de incubación. La cepa del virus de APMV-8 se diluyó en una solución salina estéril de NaCl al 0,9%. La titulación de virus diluido reveló un título de 10^{5.75} de EID₅₀/100 µl tal como se observó después de una titulación por retroceso del virus diluido. Como control, 88 huevos se inocularon con solución salina estéril de NaCl al 0,9%. El volumen para la inoculación fue de 100 µl por huevo. Setenta y cuatro pollos eclosionaron del grupo control (NaCl) y setenta y seis pollos eclosionaron del grupo vacunado con APMV-8. Diez pollos de cada grupo se transfirieron a una unidad Horsefall-Bauer. Se proporcionaron agua y alimento *ad libitum*. Catorce días después de la eclosión, se tomaron muestras de sangre y se ensayaron para la presencia de anticuerpos de HI dirigidos contra APMV-8 utilizando 4 unidades de HA y 1% de glóbulos rojos del pollo. Los resultados (Figura 23) mostraron que la vacunación *in ovo* el día 19 de incubación dio lugar a una respuesta inmune con títulos de HI específicos para APMV-8. Catorce días después de la eclosión, se observó un título de HI de 256 a 4048 en el grupo vacunado *in ovo* con APMV-8. El grupo control no mostró ningún título de HI específico para APMV-8. En el día 28 después de la eclosión, los pollos se hicieron sangrar de nuevo. Los títulos de HI para el grupo vacunado con APMV-8 variaba de 512 a 4096 (figura 23), mientras que los sueros de los pollos de control aun eran APMV-8 negativos.

[0117] En un tercer estudio, se vacunaron *in ovo* 108 huevos SPF en el grupo 1 y el grupo 2 usando el INOVOJECT en el día 18 de la incubación con EID₅₀ de 10^{3.5} y EID₅₀ de 10^{4.5}, respectivamente. La cepa de virus APMV-8 se diluyó en solución salina estéril de NaCl al 0,9%. En un tercer grupo, se inocularon 108 huevos SPF con solución salina estéril de NaCl al 0,9% como control. Ochenta y tres pollos eclosionados del grupo 1, setenta y nueve pollos eclosionados del grupo 2, y ochenta y ocho pollos eclosionados en el grupo 3 (véase la tabla 8). Después de la eclosión, diez pollos de cada grupo se transfirieron a una unidad Horsefall-Bauer. El agua y el alimento se proporcionaron *ad libitum*. Después de la eclosión, diez pollos del grupo 3 fueron vacunados por vía subcutánea en la región del cuello con un volumen de 100 µl de EID₅₀ de 10⁶ de virus APMV-8. Catorce días después de la eclosión, se tomaron muestras de sangre y se ensayó la presencia de anticuerpos dirigidos contra APMV-8 utilizando 4 unidades HA y 1% de glóbulos rojos de pollo (CRBS). Los resultados (Figura 24) mostraron que la vacunación *in ovo* el día 18 de incubación dio lugar a una respuesta inmune con títulos de HI específicos para APMV-8. Catorce días después de la eclosión, se observó un título de HI de 4096 a 16384 en los grupos vacunados *in ovo* de APMV-8. El grupo de control no mostró ningún título de HI específico para APMV-8. El grupo vacunado por vía subcutánea con APMV-8 mostró una seroconversión con un título que variaba de 64 a 4096. Los pollos se hicieron sangrar de nuevo en el día 28 después de la eclosión y se ensayaron para la presencia de anticuerpos de HI específicos de APMV-8. El título de HI a las cuatro semanas después de la eclosión se redujo y varió entre 512 y 4096. El grupo de control no mostró ningún título de HI específico para APMV-8. El título de HI en el grupo que fue vacunado por vía subcutánea mostró títulos de HI que oscilaban entre 32 y 256.

Tabla 8

	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3 (control)
Huevos SPF	108	108	108
Pollo eclosionado	83	79	88
Vacunación con APMV-8 en el día 18 después de la incubación	EID ₅₀ de 10 ^{3.5} 100 µl por huevo	EID ₅₀ de 10 ^{4.5} 100 µl por huevo	solución salina estéril de NaCl al 0,9%

Ejemplo 6 Desarrollo de la genética inversa de la cepa de APMV-8 y la generación de APMV-8 mutantes que expresar genes heterólogos

Construcción de los plásmidos de expresión que contienen los genes de NP, P y L de APMV-8

[0118] Para el establecimiento de un sistema de genética inversa para paramixovirus, el establecimiento de

plásmidos que expresan las proteínas implicadas en la replicación del ARN viral es esencial. Los marcos de lectura abierta (ORF) de tres proteínas de APMV-8 (nucleoproteína NP, fosfoproteína P, proteína ARN polimerasa dependiente de ARN o proteína L) se clonaron en el vector de expresión eucariota pcDNA3 (Invitrogen, California, EE.UU.). Con este fin, el ARN de fluido alantoideo que contenía APMV-8 se purificó usando el kit de aislamiento de ARN muy puro (Roche, Basilea, Suiza). El ARN purificado se usó para la reacción en cadena de la polimerasa de transcripción inversa (RT-PCR) utilizando el kit Titan One Tube RT-PCR (Roche). Los ORFs de las proteínas se amplificaron utilizando los pares de cebadores apropiados: [NP (NP-FP, NP-RP), P (P-FP, P-RP), L (L-FP, L-RP), véase la tabla 9]. Los productos de las reacciones se separaron en un gel de agarosa al 0,7% y se eluyeron del gel usando el kit de extracción en gel QIAquick (Qiagen, Hilden, Alemania) siguiendo el protocolo proporcionado por el fabricante. Los fragmentos de RT-PCR se incubaron con las enzimas de restricción apropiadas (NP y P con EcoRI/NotI; L con Kpn I/NotI), se eluyó en gel de nuevo y se ligó en el vector de expresión eucariota pcDNA3 escindido con las enzimas de restricción apropiadas. Las reacciones de ligación se transformaron en células Top10F (Invitrogen) y el ADN plásmido recogido de las células Top10F se digirió con las enzimas de restricción apropiadas (véase más arriba). Se secuenciaron plásmidos que contenían fragmentos de ADN (pcDNA-NP, pcDNA-P, pcDNA-L) con el tamaño apropiado.

Tabla 9. Cebador para amplificación de genes para las proteínas de los complejos de RNP

Nombre del cebador	Secuencia del cebador ^a	Orientación ^b	Posición ^c	SEQ ID NO:
NP-FP-pc3	Eco RI ccGAATTTCATGTCATCTGTGTTCAATGAGTATCAGG	sentido	141-168	41
NP-RP-pc3	Not I ccGCGGCCCGC TTACCATTTCTAGCCCGTTCTCGTATG	antisentido	1501-1526	42
P-FP-pc3	Eco RI ccGAATTTCATGGATTTGCGCCCAATGATGAAG	sentido	1693-1714	43
P-RP-pc3	Not I ccGCGGCCCGC TTACGCATTATATATTGCTTGACTCG	antisentido	2881-2910	44
L-FP-pc3	Kpn I ccGGTACCGGATATAAAACAAGTTGACCTG	sentido	8292-8320	45
L-RP-pc3	Not I ccGCGGCCCGC TTATTTCAACTTGATGACCCG	antisentido	14989-15013	46

^a La secuencia del cebador contiene los sitios de escisión por enzimas de restricción usados para la clonación. Los sitios de restricción están en negrita e identificados. Los codones de inicio y parada se resaltan en cursiva. Las secuencias específicas de virus están subrayadas.

^b La orientación de la secuencia del cebador de acuerdo con el ARN mensajero viral.

^c La posición son las secuencias específicas de virus en el genoma de longitud completa tal como se muestra.

Construcción de un plásmido que contiene el genoma de longitud completa de APMV-8

[0119] Para la generación de un plásmido que contiene el genoma de APMV-8 de longitud total, se sintetizó el genoma de ADNc del virus (Genscript, Nueva York, Estados Unidos) en base a la secuencia consenso generada en dos partes diferentes (5'-FLG, 3'-FLG, ver figura 25). La parte 5' (5'-FLG, SEQ ID NO: 47) de la secuencia viral se sintetizó a partir de nucleótidos 1 a 5564. Antes de la secuencia de APMV-8 está un casete de secuencia que consiste en el promotor CMV-IE, seguido por una secuencia de escisión por enzimas de restricción para XmaI (para posibles procedimientos de clonación posteriores) y la secuencia de ribozima hammerhead. En el extremo 5' y el extremo 3' de la secuencia, se añadieron los sitios de escisión por enzimas de restricción para NotI y SacII, respectivamente. La parte 3' sintetizada (3'-FLG, SEQ ID NO: 48) de la secuencia (nucleótidos 5503-15342) está seguida por la secuencia de ribozima de la hepatitis delta y la secuencia señal de poli A de la hormona de crecimiento bovina. Para el objetivo de clonación, se añadió la secuencia para la enzima de restricción NotI en el extremo 5' de 3'-FLG y se añadió la secuencia para la enzima de restricción SacII en el extremo 3' de la secuencia. Dentro de las partes superpuestas de 5'-FLG y 3'-FLG (nucleótidos 5503-5564), se localizó la secuencia para una enzima de restricción única (BmtI) que escinde en el nucleótido 5541 de la secuencia de longitud completa. Ambas partes del ADN (5'-FLG, 3'-FLG) se ligaron por separado en el plásmido pUC57 (Genscript) dando como resultado los plásmidos pUC57/5'-FLG y pUC57/3'-FLG. Para clonar ambos fragmentos juntos, se escindió pUC57/5'-FLG con BmtI y SacII y el plásmido que contenía 5'-FLG se eluyó en gel. En paralelo, se escindió pUC57/3'-FLG con las mismas enzimas y se eluyó el fragmento 3'-FLG. El 3'-FLG se ligó posteriormente en el plásmido que contenía 5'-FLG para obtener un plásmido que contiene la secuencia de ADNc de longitud completa del genoma de APMV-8 bajo el control del promotor CMV-IE (pUC57-FL-APMV-8).

Construcción del plásmido que contiene el minigenoma de APMV-8

[0120] El plásmido que contiene todos los elementos funcionales de un minigenoma para APMV-8 (pMG-APMV-8) se construyó usando el procedimiento descrito por Conzelmann, et al. (J Virol. 68: 713-719, 1994). El plásmido pMG-APMV-8 contiene la región trailer y líder del genoma de APMV-8 que está flanqueada por el promotor T7 y la secuencia antígeno del ribozima del virus de la hepatitis delta (Collins, et al, PNAS USA. 88: 9663-9667, 1991). La secuencia antígeno del ribozima del virus de la hepatitis delta está seguida por una secuencia de terminación de transcripción de T7. Entre la región trailer y líder está situada la secuencia codificante de la proteína verde fluorescente mejorada en orientación antisentido. Antes de la secuencia trailer y inmediatamente después del promotor T7 se sitúan tres residuos adicionales de G. El inserto está flanqueado por los sitios de escisión de enzimas de restricción EcoRI y NotI y se clonó con extremos romos en el plásmido pUC57. Este constructo se subclonó en el plásmido pUC18. Con este fin, el plásmido pMG-APMV-8 se escindió a continuación con EcoRI y HindIII y el fragmento apropiado se eluyó en gel y se ligó en el plásmido pUC18 escindiendo apropiadamente al pUC18-MG-APMV-8 obtenido. La presencia del inserto se confirmó mediante secuenciación.

Generación de un plásmido de expresión que permite la expresión de la T7 polimerasa

[0121] Para la generación de un plásmido que codifica la ARN polimerasa dependiente de ADN de T7 (T7 polimerasa), se sintetizó la secuencia de codificación (no. de acceso GenBank AY264778) mediante Genscript. La secuencia de la T7 polimerasa (SEQ ID NO: 49) se modificó para la optimización del uso de codones para la expresión en un sistema eucariota y para eliminar posibles sitios de empalme de donantes/aceptores de la secuencia. La secuencia que codifica la T7 polimerasa estaba flanqueada por un sitio EcoRI (5') y NotI (3'). El fragmento sintetizado se clonó con extremos romos en el vector pUC57 (pUC57-T7). Este plásmido se escindió con EcoRI/NotI y el fragmento codificante de T7 polimerasa se eluyó en gel. El fragmento se clonó a continuación en vector de expresión eucariota pcDNA3 (Invitrogen) para obtener pcDNA3-T7. La presencia del fragmento en el vector pcDNA3-T7 se verificó mediante secuenciación.

Generación de un plásmido para la expresión de la proteína fluorescente verde mejorada con el uso de un sitio de entrada ribosomal interno bajo el control de un promotor T7.

[0122] Para probar la funcionalidad de la T7 polimerasa, el marco de lectura abierto de la proteína verde fluorescente mejorada (EGFP) se amplificó por PCR usando el plásmido pEGFP-N1 (Clontech, California, EE.UU.) y el par de cebadores:

EGFP-FP (CCGGATCCATGGTGAGCAAGGGCGAGGAGCTG) SEQ ID NO: 50 y
EGFP-RP (CCGCGGCCGCTTACTTGTACAGCTCGTCCATGCCG) SEQ ID NO: 51

[0123] El fragmento de PCR obtenido se eluyó en gel y se incubó con las enzimas de restricción BamHI y NotI. El producto de reacción se eluyó en gel y se ligó en el vector adecuadamente escindido pCITE 4A (Novagen). Se utilizó el plásmido obtenido (pCITE4A-EGFP) para experimentos posteriores. Los plásmidos pCITE4A-EGFP y pcDNA3-T7 se transfectaron solos o en combinación en la línea celular de pollo DF1 cultivada en placas de 24 pocillos utilizando Lipofectin 2000 (Invitrogen). Veinticuatro horas después de la transfección, se retiró el medio y se añadió solución salina tamponada con fosfato estéril (PBS). Se evaluaron las células utilizando el microscopio de fluorescencia invertido Axiovert 40 CFL (Zeiss, Jena, Alemania). La fluorescencia verde se observó sólo en los pocillos de la placa

de cultivo tisular que fue cotransfectado con ambos plásmidos. Este resultado indica que ambos plásmidos, pCITE4A-EGFP y pcDNA3-T7, eran funcionales.

Validación de la funcionalidad de las proteínas virales expresadas NP, P y L utilizando el plásmido del minigenoma

[0124] Se cotransfectaron células DF1 con pcDNA3-T7, pUC18-MG-APMV-8, pcDNA-NP, pcDNA-P, y pcDNA-L para validar la funcionalidad de las proteínas NP, P y L expresadas. Veinticuatro horas después de la transfección, se retiró el medio y se añadió solución salina tamponada con fosfato estéril (PBS). Se evaluaron las células utilizando el microscopio de fluorescencia invertido Axiovert 40 CFL (Zeiss, Jena, Alemania). La fluorescencia verde se observó sólo en los pocillos de la placa de cultivo tisular que se cotransfectó con los 5 plásmidos. Este resultado indica que las proteínas virales expresadas NP, P y L eran funcionales para transcribir el minigenoma de APMV-8 en ARNm y expresar la proteína EGFP codificada por pUC18-MG-APMV-8.

Rescate del virus APMV8 del plásmido que contiene la secuencia de longitud completa de APMV-8

[0125] Se cotransfectaron células DF1 con pUC57-FL-APMV-8, pcDNA-NP, pcDNA-P, y pcDNA-L. Después de 48 a 96 horas, los sobrenadantes de las células DF1 se inocularon en huevos embrionados de 10 días de vida para propagar el virus. Después de 3 a 5 días, el fluido alantoideo se recogió y se ensayó la actividad de hemaglutinación (HA) utilizando 1% de glóbulos rojos de pollo. El fluido alantoideo que dio positivo para la actividad de HA se utilizó para tres procedimientos. 1) Se infectaron células DF1 con el fluido alantoico y se ensayaron 36 horas después de la infección con un antisuero específico de APMV-8 para la presencia de la expresión de proteínas de APMV-8 en un ensayo de inmunofluorescencia indirecta. 2) El fluido alantoideo se ensayó para la especificidad de APMV-8 utilizando un suero de pollo específico de APMV-8 (proporcionado por el Laboratorio Nacional de Servicios Veterinarios, Ames, Iowa, Estados Unidos) mediante un ensayo de inhibición de la hemaglutinación. 3) El virus de rescate fue identificado por RT-PCR usando oligonucleótidos específicos de APMV-8. La ausencia de ADNc viral se verificó mediante la omisión de la etapa de RT durante la reacción. Las muestras que dieron positivo en los tres ensayos se propagaron posteriormente en huevos de pollo SPF embrionados.

Propagación de APMV-8 en células de origen distinto del pollo

[0126] Se cultivaron células de diferentes especies [hámster (células de riñón de cría de hámster, células BHK-21), mono (células Vero, la línea celular con el origen del riñón de un mono verde africano) y canino (células de riñón canino Madin-Darby, MDCK) y codorniz (línea celular de músculo de codorniz QM7)] en placas de cultivo de tejido de 24 pocillos y se infectaron con una multiplicidad de infección de 0,01. Las células se fijaron con etanol enfriado con hielo 24 horas después de la infección y se analizaron para la presencia de proteínas específicas de APMV-8 mediante inmunofluorescencia indirecta utilizando un antisuero específico de APMV-8 a partir de un pollo SPF infectado con APMV-8. La unión de los anticuerpos se visualizó mediante el uso de un conjugado de FITC con IgY contra pollo de cabra. Las células no infectadas se utilizaron como control negativo. Sólo en las células infectadas con APMV-8 se observó fluorescencia verde. Esto indicó que APMV-8 fue capaz de infectar células de especies distintas de pollo.

[0127] La replicación de APMV-8 se incrementó en presencia de tripsina. Se infectaron células MDCK con APMV-8 como se describe anteriormente. Después de la infección se lavaron las células con medio libre de suero y se recubrieron con medio libre de suero que contenía tripsina en una concentración de 1 ug/ml o con solamente medio libre de suero. Veinticuatro, cuarenta y ocho, noventa y seis horas después de la infección, se extrajeron los sobrenadantes de las células y el se determinó la TCID₅₀ en células DF1 usando inmunofluorescencia indirecta como se describió anteriormente. Los datos obtenidos indicaron que en presencia de tripsina, el APMV-8 se replicó a un título más alto que en ausencia de esta enzima (Figura 19B).

[0128] Los resultados de este ejemplo mostraron que, como APMV-1, APMV-8 es capaz de penetrar en las células de diferentes especies y de iniciar su ciclo de replicación. Es por lo tanto un vector adecuado para múltiples especies.

Producción de virus APMV-8 recombinante que expresa genes exógenos usando el sistema de genética inversa

[0129] Para la generación de un virus (vector viral) APMV-8 recombinante que expresa el gen de la hemaglutinina (HA) de gripe aviar altamente patógena (HPAI), la secuencia codificante para el gen de HA de del virus de HPAI del subtipo H5 o H7 se inserta en las regiones no esenciales, por ejemplo, entre los genes de M y F o entre los genes de P y M del genoma de APMV-8 en el plásmido que contiene el genoma de APMV-8 de longitud total. Para este fin, la secuencia de codificación del marco de lectura abierto hemaglutinina está flanqueado por todas las secuencias reguladoras necesarias del gen de F, que incluye la secuencia de inicio de gen, la secuencia no codificante 5', la secuencia no codificante 3' y la secuencia de parada del gen. El constructo se sintetiza de una manera que los sitios de escisión por enzimas de restricción Bsu 36I y Nhe I se utilizan para la ligación del fragmento apropiado en el plásmido existente que contiene el genoma de APMV-8 de longitud total debido a su singularidad en el constructo de plásmido. El plásmido resultante se denomina plásmido de transcripción que contiene el gen de la hemaglutinina en la región no esencial del genoma de APMV-8 de longitud completa. Usando este enfoque las secuencias

codificantes de una variedad de antígeno viral y bacteriano se pueden clonar en el esqueleto de la secuencia de APMV-8. Otros antígenos posibles que podrían ser insertados en el genoma de APMV-8 son la proteína de fusión del virus de la enfermedad de Newcastle, la proteína S del virus de la bronquitis aviar, otros genes de la hemaglutinina de virus de la gripe aviar que no es H5 ni H7, gen de proteína estructural VP1 del virus de la anemia del pollo, genes de glicoproteínas del virus de la laringotraqueitis infecciosa.

Ejemplo 7 Vacunación de animales

[0130] Los animales se vacunaron con una, dos administraciones o un régimen de sensibilización-refuerzo de la composición o vacuna que contenía el virus (vector viral) APMV-8 recombinante como se describe en el ejemplo 6. Para los pollos/aves, se realizan varias administraciones, por ejemplo, la administración *in ovo* a D18 o D19, por vía subcutánea (SC) a animales de un día de vida, o administración en la mucosa (pulverizador, agua potable, gotas para los ojos) a diferentes edades. La dosis es de entre 3 y 7 log₁₀ (preferiblemente 4-6 log₁₀ de EID₅₀). Para los mamíferos, se usan la ruta mucosal (intranasal, intraocular, oral) o parenteral (IM, SC, sin aguja, transdérmicos o intra-dérmicas). La dosis oscila del 5 al 9 log (preferiblemente 6-8 log). Dos administraciones se realizan generalmente con un intervalo de 3-4 semanas. La sensibilización-refuerzo heteróloga (por ejemplo, refuerzo con proteínas) también sería ventajoso.

[0131] La eficacia protectora inducida por la composición o vacuna se evalúa contra la estimación de patógenos específicos en los animales. El efecto protector se evalúa mediante observaciones clínicas y/o la carga viral del patógeno específico en tejidos, sangre o frotis de la mucosa. Las muestras de sangre de los animales vacunados se toman en varias etapas y se ensayan para serología. Los resultados muestran que la composición o vacuna de la presente invención es inmunogénica y proporciona protección en los animales vacunados.

[0132] Todos los documentos citados o mencionados en este documento ("documentos citados en el presente documento"), y todos los documentos citados o referenciados en los documentos citados en el presente documento, junto con las instrucciones de cualquier fabricante, descripciones, especificaciones de producto, y hojas de productos para cualquiera de los productos mencionados en este documento pueden ser empleados en la práctica de la invención.

Referencias:

[0133]

1. Alexander, 1988. Newcastle disease, p. x, 378 p. In D. J. Alexander (ed.), Developments in veterinary virology. Kluwer Academic, Boston.
2. Alexander, Characterization of viruses which represent further distinct serotypes (PMV-8 and PMV-9) of avian paramyxoviruses. Arch Virol 78:29-36.
3. Alexander, et al., 1979. Properties of a newly isolated, serologically distinct avian paramyxovirus. Arch Virol 60:105-13.
4. Alexander, 2003. Newcastle Disease, other Paramyxoviruses, and Pneumovirus Avian Paramyxoviruses 2-9, p. 63-99. In Y. M. Saif (ed.), Diseases of poultry, 11th ed. Iowa State Press, Ames, Iowa.
5. Andral, et al., 1984. Isolation of avian paramyxovirus 2 and 3 from turkeys in Brittany. Vet Rec 114:570-1.
6. Bankowski, et al., 1981, Effect of paramyxovirus yucaipa on fertility, hatchability, and poult yield of turkeys. Avian Dis 25:517-20.
7. Bankowski, et al., 1960. Isolation of an Unidentified Agent from the Respiratory Tract of Chickens. Science 132:292-293.
8. Bradshaw, et al., 1979. The Epidemiology of Yucaipa Virus in Relationship to the Acute Respiratory Disease Syndrome in Turkeys. Avian Diseases 23:539-542.
9. Capua, et al., 2004. Isolation of an avian paramyxovirus type 9 from migratory waterfowl in Italy. Vet Rec 155:156.
10. Chambers, et al., 1988. Protection of chickens from lethal influenza infection by vaccine-expressed hemagglutinin. Virology 167:414-421.
11. Collins, P. L., et al., 1991. Rescue of synthetic analogs of respiratory syncytial virus genomic RNA and effect of truncations and mutations on the expression of a foreign reporter gene. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 88:9663-9667
12. Conzelmann KK, and Schnell M., 1994. Rescue of synthetic genomic RNA analogs of rabies virus by plasmid encoded proteins. J Virol. 68:713-719
13. Darteil, R., M. Bublot, E. Laplace, J.F. Bouquet, J.C. Audonnet and M. Riviere (1995). Herpesvirus of turkey recombinant viruses expressing infectious bursal disease virus (IBDV) VP2 immunogen induce protection against an IBDV virulent challenge in chickens. Virology, 211, 481-490.
14. de Leeuw, et al., 1999. Complete nucleotide sequence of Newcastle disease virus: evidence for the existence of a new genus within the subfamily Paramyxovirinae. J Gen Virol 80:131-136.
15. Fleury, et al., 1979. Isolation of twenty-three Yucaipa-like viruses from 616 wild birds in Senegal, West Africa. Avian Dis 23:742-4.
16. Gao, et al., (2006). Protection of mice and poultry from lethal H5N1 avian influenza virus through adenovirus-based immunization. J Virol 80:1959-1964.

17. Ge, et al., (2007) Newcastle disease virus-based live attenuated vaccine completely protects chickens and mice from lethal challenge of homologous and heterologous H5N1 avian influenza viruses. *Journal of Virology*, 81(1), 150-158.
18. Goodman, et al., 1988. Isolation of avian paramyxovirus-2 from domestic and wild birds in Costa Rica. *Avian Dis* 32:713-7.
19. Gough, et al., 1984. Avian paramyxovirus type 4 isolated from a ringed teal (*Calonetta leucophrys*). *Vet Rec* 115:653.
20. Hoelscher, et al., (2008). A broadly protective vaccine against globally dispersed clade 1 and clade 2 H5N1 influenza viruses. *J Infect Dis*. 197:1185-1188.
21. Huang, et al., (2004) A recombinant Newcastle Disease Virus (NDV) expressing VP2 protein of Infectious Bursal Disease Virus (IBDV) protects against NDV and IBDV. *Journal of Virology*, 78, 10054-10063.
22. Hunt, et al., (1988). Retrovirus-expressed hemagglutinin protects against lethal influenza virus infections. *J Virol* 62:3014-3019.
23. Inoue K, Shoji Y, Kurane I, Iijima T, Sakai T, Morimoto K. (2003). An improved method for recovering rabies virus from cloned cDNA. *J Virol Methods*. 107:229-236.
24. Krishnamurthy, et al., 1998. Nucleotide sequences of the trailer, nucleocapsid protein gene and intergenic regions of Newcastle disease virus strain Beaudette C and completion of the entire genome sequence. *J Gen Virol* 79:2419-2424.
25. Krishnamurthy, S., Huang, Z. & Samal, S. K. (2000) Recovery of a virulent strain of Newcastle disease virus from cloned cDNA: expression of a foreign gene results in growth retardation and attenuation. *Virology*, 278, 168-182.
26. Lamb, et al., 2007. Paramyxoviridae: The viruses and Their Replication, p. 1449-1496. *In* B. N. Fields, D. M. Knipe, and P. M. Howley (ed.), *Fields' virology* 5th ed. Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia.
27. Lang, G., A. Gagnon, and J. Howell. 1975. The occurrence of Paramyxovirus yucaipa in Canadian poultry. *Can Vet J* 16:233-7.
28. Lipkind, et al., 1982. Isolation of yucaipa-like avian paramyxovirus from a wild mallard duck (*Anas platyrhynchos*) wintering in Israel. *Vet Rec* 110:15-6.
29. Lipkind, et al., 1979. The isolation of yucaipa-like paramyxoviruses from epizootics of a respiratory disease in turkey poultry farms in Israel. *Vet Rec* 105:577-8.
30. Maldonado, et al., (1995) Serological survey for avian paramyxoviruses from wildfowl in aquatic habitats in Andalusia. *Journal of Wildlife Diseases*, 31(1), 66-69.
31. Mayo, et al., 2002. A summary of taxonomic changes recently approved by ICTV. *Arch Virol* 147:1655-63.
32. Nayak B, et al., (2008). Molecular characterization and complete genome sequence of avian paramyxovirus type 4 prototype strain duck/Hong Kong/D3/75. *Virol J*. 20;5:124.
33. Park, et al., (2006) Engineered viral vaccine constructs with dual specificity: Avian influenza and Newcastle disease. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(21), 8203-8208.
34. Peeters, et al., (1999) Rescue of Newcastle disease virus from cloned cDNA: evidence that cleavability of the fusion protein is a major determinant for virulence. *Journal of Virology*, 73(6), 5001-5009.
35. Redmann, et al., 1991. [Isolation of a paramyxovirus-3 from turkeys with respiratory tract disease in Germany]. *Dtsch Tierarztl Wochenschr* 98:138-41.
36. Reed, et al., 1938. A SIMPLE METHOD OF ESTIMATING FIFTY PER CENT ENDPOINTS. *Am. J. Epidemiol.* 27:493-497.
37. Römer-Oberdörfer, et al., (1999) Generation of recombinant lentogenic Newcastle disease virus from cDNA. *Journal of General Virology*, 80,2987-2995.
38. Rosenberger, et al., (1974) Isolation of Newcastle disease and type-A influenza viruses from migratory waterfowl in the Atlantic flyway. *Avian Diseases*, 18(4), 610-613.
39. Saif, et al., 1997. Natural and Experimental Infection of Turkeys with Avian Paramyxovirus-7. *Avian Diseases* 41:326-329.
40. Shihmanter, et al., 1998. Isolation of avian serotype 3 paramyxoviruses from imported caged birds in Israel. *Avian Dis* 42:829-31.
41. Shihmanter, et al., 1998. Avian paramyxoviruses serotype 3 isolated from captive birds in Israel: clinical signs, pathology, and antigenic characterization. *Avian Dis* 42:418-22.
42. Shortridge, et al., 1980. Isolation and properties of viruses from poultry in Hong Kong which represent a new (sixth) distinct group of avian paramyxoviruses. *J Gen Virol* 49:255-262.
43. Schultz-Cherry, et al., (2000). Influenza virus (A/HK/156/97) hemagglutinin expressed by an alphavirus replicon system protects chickens against lethal infection with Hong Kong-origin H5N1 viruses. *Virology* 278:55-59.
44. Stallknecht, et al., (1991) Avian paramyxoviruses from migrating and resident ducks in coastal Louisiana. *Journal of Wildlife Diseases*. 27:123-128.
45. Stanislawek, et al., (2002) Avian paramyxoviruses and influenza viruses isolated from mallard ducks (*Anas platyrhynchos*) in New Zealand. *Archives of Virology*, V147, 1287-1302.
46. Tang M, et al., 2002. Recombinant adenovirus encoding the HA gene from swine H3N2 influenza virus partially protects mice from challenge with heterologous virus: A/HK/II/68 (H3N2). *Arch Virol* 147:2125-2141.
47. Taylor, et al., (1998). Protective immunity against avian influenza induced by a fowlpox virus recombinant. *Vaccine* 6:504-508.
48. Toro, et al., (2007). Protective avian influenza in ovo vaccination with non-replicating human adenovirus vector. *Vaccine* 25:2886-2891.

49. Tumova, et al., 1979. A hitherto unreported paramyxovirus of turkeys. Res Vet Sci 27:135-40.
50. Tumova, et al., 1989. Further evidence of the circulation of PMV-4 and influenza viruses with N2-1957 enzyme in the migratory waterfowls. Acta Virol 33:573-6.
51. Veits, et al., (2003). Deletion of the non-essential UL0 gene of infectious laryngotracheitis (ILT) virus leads to attenuation in chickens, and UL0 mutants expressing influenza virus haemagglutinin (H7) protect against ILT and fowl plague. J Gen Virol 84:3343-3352.
52. Veits, et al., (2006) Newcastle disease virus expressing H5 hemagglutinin gene protects chickens against Newcastle disease and avian influenza. Proceedings of the National Academy of Sciences, 103(21), 8197-8202.
53. Webster, et al., 1976. Ortho- and paramyxoviruses from migrating feral ducks: characterization of a new group of influenza A viruses. J Gen Virol 32:217-25.
54. Yamane, et al., 1982. Characterization of avian paramyxoviruses isolated from feral ducks in northern Japan: the presence of three distinct viruses in nature. Microbiol Immunol 26:557-68.
55. Zhang, et al., 2007. Serological survey on prevalence of antibodies to avian paramyxovirus serotype 2 in China. Avian Dis 51:137-9.
56. Zhang, et al., 2006. Isolation, identification, and comparison of four isolates of avian paramyxovirus serotype 2 in China. Avian Dis 50:386-90.
57. Zou, et al., 2005. Complete Genome Sequence and Biological Characterizations of A Novel Goose Paramyxovirus-SF02 Isolated in China. Virus Genes 30:13-21.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Merial Limited
University of Georgia
Bublot, Michel
Mundt, Egbert
Mebatsion, Teshome
Pritchard, Joyce

<120> VACUNA RECOMBINANTE CONTRA PARAMYXOVIRUS AVIAR Y PROCEDIMIENTO DE FABRICACIÓN Y UTILIZACIÓN DE LA MISMA

<130> MER 09-133

<150> US 61/235,912

<151> 2009-08-21

<160> 88

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 15342

<212> ADN

<213> secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de genoma de APMV8

<400> 1

accaaacaag gaatgcaaga ccaacgggaa ctttaaataa aacaatcgaa ttattggggg 60

cgaagcaagt ggatctcgag ctcgaggccg aaaccctgaa ttctactgga ggttttgaat 120

aggtcgctat aggactcaat atgtcatctg tgttcaatga gtatcaggcg cttcaagaac 180

aacttgtgaa gccggctgtc aggagacctg atgttgccctc aacgggttta ctcagagcgg 240

aaataacctgt ctgtgtttaca ttatctcaag accccgggtga gagatggagc cttgcttgct 300

tgaatattag atggcttgcg agtgattcat caaccacacc aatgaagcaa ggagcaatat 360

tgtcactgct gagtctacat tcagacaata tgcgagctca cgcaacatta gcagcaaggt 420

ctgcagatgc ttactcacc atacttgagg tagatgaagt agatattagc aactcactaa 480

tcaaattcaa cgccagaagt ggtgtatctg acaaacgctc aatcaattg cttgcaattg 540

ES 2 622 087 T3

	cggatgacat	ccccaaaagt	tgcagtaatg	ggcatccatt	tcttgacaca	gacattgaga	600
5	ccagagaccc	gctcgatcta	tcagagacta	tagatcgcct	gcaggggtatt	gcagctcaga	660
	tatgggtgtc	agccataaag	agcatgacag	cgcctgacac	cgcatcagag	tcagaaaagta	720
	agaggctggc	caaatatcaa	caacaaggcc	gactgggttaa	gcaagtactc	ttgcattctg	780
10	tagtcaggac	agaatttatg	agagttattc	ggggcagctt	ggtactgcgc	cagtttatgg	840
	ttagcgagtg	caagagggct	tcagccatgg	gcggagacac	atctaggtac	tatgctatgg	900
	tgggtgacat	cagtctttac	atcaagaatg	caggattgac	tgcatTTTTc	ctcacctga	960
15	agttcggagt	tggtacccag	tatccaacct	tagcaatgag	tgTTTTctcc	agtgacctta	1020
	aaaggcttgc	tgactcatc	aggctataca	aaaccaaggg	agacaatgca	ccatacatgg	1080
20	cattcctgga	ggactccgat	atgggaaatt	ttgctccagc	aaattatagc	acaatgtact	1140
	cttatgccat	gggcattggg	acaattctgg	aagcatctgt	atctcgatac	cagtatgcca	1200
	gagactttac	cagtgagaat	tatttccgtc	ttggagttga	gacagcccaa	agccagcagg	1260
25	gagcatttga	cgagagaaca	gcccagaaaa	tgggcttgac	tgaggaatca	aaacagcagg	1320
	ttagatcact	gctaattgtca	gtagacatgg	gtcccagttc	aattcatgag	ccatctcgcc	1380
30	ctgcatttat	cagtcaagaa	gaaaataggc	agcctgcccc	gaacttgtca	gatactcagg	1440
	gtcagaccaa	gccagtcccc	aagcagcccc	caccaagggc	cgactcagat	gacattgatc	1500
	catacgagaa	cgggctagaa	tggttaattca	accacccccga	cacatccacc	tatacaccaa	1560
35	ttccgtgaca	tattaaccca	atcaaacatt	tcataaacta	tagtagtcat	tgatttaaga	1620
	aaaaattggg	ggcgacctca	attgtgaaac	ataccagatc	cgtccacaac	accactcaac	1680
40	aaccacaca	caatggattt	cgccaatgat	gaagaaattg	cagaactttt	gaatctcagc	1740
	accaatgtaa	tcaaggagat	tcagaaatcc	gaactcaagc	ctccccaaac	caccggacga	1800
	ccacctgtca	gtcaagggaa	cacaagaaat	ctaactgatc	tatgggaaaa	ggagactgca	1860
45	agtcagacca	agacaccggc	ccaatctaca	caaaccacac	aagttcagtc	tgatgaaaat	1920
	gaggagggag	aaatcaagtc	cgagtcaact	gatggccaca	tcagaggaac	tgттаатcaa	1980
50	tcagagcaag	tcccagaaca	aaaccagagc	agatcttcac	caggtgatga	tctcgacaga	2040
	gctctcaaca	agcttgaagg	gagaatcaat	ttaatcagct	caatggacaa	agaaattaaa	2100
	aagggccctc	gcatccagaa	tctccctggg	tcccaggcgg	caactcaaca	ggcgaccac	2160
55	ccattggcag	gggacacccc	gaacatgcaa	gcacagacaa	aagccctggc	gaagccacat	2220
	caagaggcaa	tcaatcctgg	caaccaggac	acaggagaga	gtattcattt	accaccttcc	2280
60	atggcaccac	cagagtcatt	agttggtgca	atccgcaatg	caccccaatt	cgtgccagac	2340
	caatctatga	cgaatgtaga	tgcggggagt	gtccaactac	atgcatcatg	tcagagatg	2400
	ataagtagaa	tgtttgtaga	agttatatcc	aagcttgata	aactcgagtc	gagactgaat	2460
65	gatatagcaa	aagttgtgaa	cactaccccc	cttattagga	atgatattaa	ccaacttaag	2520
	gccacaaccg	cactgatgtc	taaccaaatt	gcctccatac	aaattcttga	cccagggaat	2580

ES 2 622 087 T3

	gcaggggtga	ggtccctctc	tgaaatgaaa	tctgtgacga	agaaagctgc	tgttgtaatt	2640
5	gcaggggttg	gagacgaccc	aactcaaatt	attgaagaag	gcattatggc	caaagatgct	2700
	cttgaaaaac	ctgtgcctcc	aacatctggt	atctcagcca	aagctcagac	ttcttccggt	2760
	gtgagtaagg	gtgaaataga	aggattgatt	gcattggtgg	aaacattagt	tgacaatgac	2820
10	aagaaggcag	caaaactgat	taaaatgatt	gatcaagtta	aatcccatgc	cgattacgcc	2880
	cgagtcaagc	aggcaatata	taatgcgtaa	tactgtaact	acacaaacaa	tcaatactgc	2940
15	tgtcggttgc	accacactca	gcaaataaat	aatcttttag	aattttattga	tttaagaaaaa	3000
	attgactact	ataagaaaag	aacaccaagt	tgggggcgaa	gacacgattg	accacagtcg	3060
	ctatctgtaa	ggctcctcac	caaaaatggc	atatacaaca	ttgaaactgt	gggtggatga	3120
20	gggtgacatg	tcgtcttcgc	tcctatcatt	cccgttggtg	ctaaaagaga	cagacagagg	3180
	cacaaaggag	cttcaaccac	aggtaagggt	agattcaatt	ggcgatgtgc	agaacgccaa	3240
25	agagtcctcg	atattcgtga	ctctatatgg	tttcatccaa	gcaattaagg	agagttcaga	3300
	tcgatcgaag	ttcttccatc	caaaagatga	cttcaaacct	gagacagtca	ctgcaggact	3360
	ggtagtggtg	ggtgcatcc	gaatgatggc	tgatgttaat	accatctcta	atgacgcact	3420
30	agcgtggag	atcactgtta	agaaatctgc	aacttctcaa	gagaaaatga	cggtgatgtt	3480
	ccacaatagc	cccccttcat	tgagaactgc	aataactatc	cgagcaggag	gtttcatctc	3540
35	gaatgcagac	gagaatataa	aatgtgccag	caaattgact	gcaggagtgc	agtacatatt	3600
	ccgcccgaatg	tttgtttcaa	tcactaaatt	acacaatggc	aaactatata	gggtgcccga	3660
	aagcatccac	agcatctcat	ccactctact	gtatagtgtg	atgttggagg	taggattcaa	3720
40	agtggatatt	gggaaggatc	atccccaggc	aaagatgctg	aagaagggtca	caatcggcga	3780
	tgcagacaca	tactgggggt	ttgcatgggt	ccacctgtgc	aatttcaaaa	agacatcctc	3840
45	taagggaaag	ccaagaacgc	tagacgaact	aaagacaaaa	gtcaaaaata	tgggggttgaa	3900
	attggagtta	catgacctgt	gggggccgac	tattgtgggtc	caaatcactg	gcaagagcag	3960
	caaatatgct	caaggatttt	tttcttccaa	tggtacttgt	tgtctcccaa	tcagcagatc	4020
50	tgcaccagag	cttgggaagc	ttctgtgggtc	ttgttcagca	actatagggtg	acgcaacagt	4080
	tgttatccaa	tcaagcgaga	aaggggaact	cctaagggtct	gatgacctcg	agatacgagg	4140
55	tgctgtggcc	tccaagaaag	gtagactggg	ctcatttcac	cccttcaaaa	aatgatgcag	4200
	gacatagtac	agagaattag	agagccatta	gatgtgcgca	aaaaacataa	tctgcgatga	4260
	actgcccaga	ctccacttta	atctagggtg	cagggaaata	gtacacgaca	tgcgaaatac	4320
60	tatcacggtc	accagcaatc	aataaagctg	atcaatcact	atattaggaa	tcaaataagga	4380
	taacaattat	taatccaatt	tcctaattat	aaaaaattgc	tttaaagggtt	attgacgagt	4440
65	cgggggcgaa	atcttgccac	ttagtctgca	gtcaatctta	gaatctacat	attgaactat	4500
	gggtcaaata	tcagtatatc	taattaatag	cgtgctatta	ttgctgggtat	atcctgtgaa	4560
	ttcgattgac	aatacactca	ttgccccaat	cggagttgcc	agcgcaaatg	aatggcagct	4620

	tgctgcatat	acaacatcac	tttcagggac	aattgccgtg	cgattcctac	ctgtgctccc	4680
5	ggataatatg	actacctgtc	ttaaagaaac	aatcactaca	tacaataata	ctgtcaacaa	4740
	catcttaggc	ccactcaaat	ccaatctgga	tgcactgctc	tcatctgaga	cttatcccca	4800
	gacaagatta	attggggcag	ttatagggtt	aattgctctc	ggtgttgcaa	catcgggtca	4860
10	aatcactgct	gcagttgctc	tcaagcaagc	gcaagacaat	gcaaggaaca	tactagcact	4920
	caaagaagca	ctgtccaaaa	ccaatgaggc	ggtcaaggag	cttagtagtg	ggttacaaca	4980
	aacagctatt	gcacttggtg	agatacagag	ttttgtgaat	gaggaaattc	tgccatctat	5040
15	caaccaactg	agctgcgagg	tgacagccaa	taaacttggg	gtgtatttat	ctctgtatct	5100
	cacagaactg	accaccatat	tcggtgcaca	gctgaccaac	cctgcattga	cttcattatc	5160
20	atatcaagca	ctgtacaacc	tgtgtggtgg	caacatggca	atgcttactc	agaagattgg	5220
	aattaaacag	caagacgtta	attcgctata	tgaagccgga	ctaatacacag	gacaagtcac	5280
	tggttatgac	tctcattacc	agctgctggt	catccagggtc	aattatccaa	gcattttctga	5340
25	ggtcactggt	gtacgtgcga	cagaattagt	cactgttagt	gtaacaacag	acaaggggtga	5400
	agggaaagca	attgtacccc	aatttgtagc	tgaaagtcgg	gtgactattg	aagagcttga	5460
30	tgtcgcacat	tgtaaattca	gcagcacgac	cctatatattg	aggcagggtca	acacaagggc	5520
	acttcccccg	ctagtagcta	gctgtcttcg	aggtaactat	gatgattgtc	aataataccac	5580
	agagattgga	gcattatcat	cccgggtatat	aacactagat	gggggggtct	tagttaattg	5640
35	caagtcaatt	gtttgtaggt	gccttaatcc	aagtaagatc	atctctcaaa	atacaaacgc	5700
	tgcagtaaca	tatgtttgatg	ccacaatctg	caaaacaatt	caattgggatg	atatacaact	5760
40	ccagctggaa	gggtcactat	catcagttta	tgcaagaaac	atctcaattg	agatcagtca	5820
	ggtgaccaca	tccgggtctt	tagatatcag	cagtgcagata	ggaaacatca	ataatacggg	5880
	gaatcggtg	gaggatttta	ttcaccaatc	agaggaatgg	ctggcaaagg	ttaaccaca	5940
45	cattgttaat	aatacaacac	taattgtact	ctgtgtgtta	agtgcgcttg	ctgtgatctg	6000
	gctggcagta	ttaacggcta	ttataatata	cttgagaaca	aagttgaaga	ctatatcggc	6060
50	attagctgta	accaatacaa	tacagtctaa	cccctatggt	aaccaaacga	aacatgaatc	6120
	taagttttga	tcattcaagc	caaaacagag	gatctagggt	caggttaata	atagttcaat	6180
	caatatttga	tttattaggt	ttttttcact	aattattaat	atactcgtga	ttagatgata	6240
55	acgttaaaaag	tcttagatat	ttaataaaaa	atgtaacctg	ggggcgaccc	atttataggt	6300
	gagtatatat	taggaagtcc	ttatatgtga	ctgtgatttc	aaacaattat	attacctcat	6360
60	atctaccttg	tctaaagaca	tcatgagtaa	cattgcatcc	agtttagaaa	acattgtaga	6420
	gcaggatagt	cgaaaaacaa	cttgaggggc	catctttaga	tgggtccgttc	ttcttattac	6480
	aacaggatgc	ttagccttat	ccattgttag	catagttcaa	attggaaatt	tgaaaattcc	6540
65	ttctgtaggg	gatctggctg	atgaagtggg	gacacccttg	aaaaccactc	tgtcagatac	6600
	actcaggaat	ccaattaacc	agataaatga	tatatattagg	attgttgccc	ttgatattcc	6660

ES 2 622 087 T3

	attgcaagtg	accagtatcc	aaaaagacct	tgcaagtcaa	tttaacatgt	tgatagatag	6720
5	tttaaatgct	atcaaattag	gcaacgggac	caaccttatc	atacctacat	cagacaagga	6780
	gtatgcagga	ggaattggaa	accctgtatt	tactgtcgat	gctggagggt	ctataggatt	6840
	caaacagttt	agcttaatat	aacatccgag	ctttattgct	ggacctacaa	cgacccgagg	6900
10	ctgtacaaga	atacccactt	ttcacatgtc	agaaagtcac	tggtgctact	cacacaacat	6960
	catcgctgct	ggctgtcaag	atgccagtgc	atccagtatg	tatatctcaa	tgggagttct	7020
	ccatgtgtcc	tcattctggca	ctcccatatt	tcttactact	gcaagtgagc	tgatagacga	7080
15	tggagttaac	cgtaagtcac	gcagcattgt	agcaacccaa	tttggctgtg	acattttgtg	7140
	cagtattgtc	acagagaagg	agggagatga	ttactgggtc	gatactccga	ctccaatgcg	7200
20	ccacggccgt	ttttcattca	atggtagttt	tgtagaagcc	gaactaccag	tgtccagtat	7260
	gttctcatca	ttctctgcca	actaccctgc	tgtgggatca	ggcgaaattg	taaaagatag	7320
	aatattattc	ccaattttac	gaggtataaa	gcagacttca	ccagagttta	ccgaattagt	7380
25	gaaatacggg	ctctttgtat	caacacctac	aactgtgtgc	cagagtagct	ggacttatga	7440
	ccaggtaaaa	gctgcgtata	ggccagatta	catatcaggc	cggttctggg	cacaagtgat	7500
30	actcagctgc	gctcttgatg	cagtcgactt	atcaagttgt	attgtaaaga	ttatgaatag	7560
	cagcacagtg	atgatggcag	cggaaggaag	gataatgaag	atagggattg	attactttta	7620
	ctatcagcgg	tcattcttct	ggtggccatt	ggcatttgtc	acaaaactag	acccgcaaga	7680
35	gttggcagac	acaaactcaa	tatggctgac	caattccata	ccaatcccgc	aatcaaagtt	7740
	ccctcggcct	tcataattcag	aaaattattg	cacaaagcca	gcagtttgcc	ctgctacttg	7800
40	tgtcactggt	gtgtactctg	atatttggcc	cctgacctca	tcttcatcac	tcccagacat	7860
	aatttgatc	ggccagtacc	ttgatgctcc	tgttggaagg	acttatccta	gatttggaat	7920
	tgcaaatcag	tcacactggt	acctccaaga	agatattcta	cccacttcca	ccgcaagtgc	7980
45	gtattcaacc	actacatggt	ttaagaatac	tgccaggaat	agagtgttct	gcgtcaccat	8040
	tgccgaattt	gcagatgggt	tgtttggaga	gtacaggata	acacctcagt	tgtacgaatt	8100
50	agtgagaaat	aattgaataa	caataatttt	gggactcatt	ttgtcgcaaa	gtgaaattgt	8160
	catcttttaa	aataatcaat	tcgatgattt	ttattgaaca	tgattaagca	atcatgtggg	8220
	aaattttatta	tctcataaat	tctaatagtt	gtaaatgatg	aattaagaaa	aatggagggg	8280
55	cgacctctac	acaaacatgg	atataaaaca	agttgacctg	ataatacaac	ccgaggttca	8340
	tctcgattca	cccatcatat	tgaataaact	ggcactatta	tggcgcttga	gtggtttacc	8400
60	catgcctgca	gacctacgac	aaaaatccgt	agtgatgcac	atcccggacc	acatcttaga	8460
	aaaatcagaa	tatcggatca	agcaccgtct	agggaaaatc	aagagtgaca	taacacatta	8520
	ctgtcagtat	tttaatatata	atgttgcaaa	tattgatccg	ataaccacc	ccaaaagttt	8580
65	gtattgggtta	tccagactaa	caatagctag	tgctggaact	tttaggcata	tgaaagatag	8640
	aatcttgtgt	acagttggct	ctgaatttgg	acacaaaatt	caagatttat	tttactgct	8700

ES 2 622 087 T3

	gagccataaa	ctagtaggta	acggggattt	atttaaatcaa	agtctctcag	gtacacgttt	8760
5	gactgcaagt	ccgttatccc	ctttatgcaa	tcaatttgtc	tctgacatca	agtctgcagt	8820
	cacgacaccc	tggtcagaag	ctcgttggtc	ttggcttcat	atcaaacaaa	caatgagata	8880
	tctgataaaa	caatcacgca	ctacaaattc	ggctcattta	acagaaatca	taaaagaaga	8940
10	atggggttta	gtaggtatta	ctccagatct	tgtcattctt	tttgacagag	tcaataatag	9000
	tctgactgca	ttaacatttg	agatggttct	aatgtattca	gatgtattag	aatcccgtga	9060
	caatattgtg	ttagtggggc	gactatctac	ctttctacag	ccagtagtta	gtagactgga	9120
15	gggtgttgtt	gatctagtag	attcattggc	aaaaatctta	ggtgacacaa	tatatgagat	9180
	tattgcagtg	ttagagagct	tgtcttatgg	gtcagttcaa	ctacatgatg	caagtcactc	9240
20	tcatgcaggg	tctttttttt	catttaacat	gaatgaactt	gataacacac	tatcaaagag	9300
	ggtagatccg	aaacacaaga	acactataat	gagcattata	agacaatgct	tttctaattct	9360
	agatgttgat	caagctgcag	agatgctatg	cctgatgaga	ttattcggac	acccaatgtt	9420
25	aactgcaccg	gatgcagcag	ccaaagtgag	gaaagcaatg	tgtgctccaa	aacttgttga	9480
	acacgacacc	atcttgcaga	cattatcttt	cttcaagggg	ataattataa	atgggtacag	9540
30	aagatcacac	tctggcctgt	ggcccaatgt	agagccgtct	tcaatttatg	atgatgatct	9600
	cagacagctg	tacttagagt	cagcagagat	ttcccatcat	tttatgctta	aaaactacaa	9660
	gagtttaagc	atgatagaat	tcaagaagag	catagactac	gatcttcatg	atgacctaa	9720
35	tactttctta	aaggatagag	caatttgccg	gccgaaatcc	cagtgggatg	tcatatttcg	9780
	taagtcttta	cgcagatctc	atacgagtc	ccagtatctg	gacgaaatta	agagcaaccg	9840
40	attgctaatt	gattttcttg	attctgctga	atttgaccct	ggaaaagaat	ttgcatatgt	9900
	aaccacaatg	gattatttgc	acgataatga	attttgtgct	tcatattctc	taaaggaaaa	9960
	ggagatcaaa	actactggga	ggatatttgc	aaaaatgaca	cgcaatatga	gaagttgcca	10020
45	agtaataactt	gaatctttgt	tatcaaagca	tatatgcaag	ttcttcaaag	agaatggcgt	10080
	ttcgatggag	caattgtcat	tgaccaagag	tctacttgca	atgtctcaac	tctcaccaaa	10140
50	agtctcgact	ttgcaggaca	ctgcatcacg	tcatgtaggt	aactcaaaat	ctcagattgc	10200
	aaccagcaac	ccatctcggc	atcactcgac	acccaatcag	atgtcactct	caaatcgaaa	10260
	aacggttgta	gcaactttct	taacaactga	cttggaaaaa	tactgcctgc	agtggcgata	10320
55	ttcaactatt	aaattgtttg	cacaagctct	aaatcaactc	tttgggattg	atcacggatt	10380
	tgaatggata	catttaagac	ttatgaacag	caccttattt	gttggcgatc	cttactcgcc	10440
60	tcctgaagat	ccaacactag	aagatataga	taaagcacca	aatgatgata	tcttcatagt	10500
	ttctccaagg	ggaggcatag	agggtttatg	tcagaaaatg	tggaccatga	tatcaattag	10560
	tgctatacac	tgtgtagcag	agaaaattgg	tgcacgagtg	gcagcaatgg	tgcaggggtga	10620
65	taatcaagta	atagctatca	ccaaagaatt	attcagagga	gagaaaagctt	gtgatgtcag	10680
	agatgagtta	gacgagcttg	gtcaagtgtt	ttttgatgag	ttcaagagac	acaattatgc	10740

	aattggacac aatcttaagc taaatgagac aatacaaagc caatcctttt ttgtatatctc	10800
5	caaacgaata ttctttgaag ggcgattgct tagtcaagtc ctcaaaaatg ctgccaagtt	10860
	atgtatgggt gctgaccatc taggtgaaaa cactgtatct tcctgtagca acctgagctc	10920
	gacaattgcc cgcttagtg gaaaatgggtt tgagaaggac actgcttttg tgttgaacct	10980
10	agtctacatc atgactcaga ttctttttga tgagcattac tcgattgtat gcgatcacca	11040
	tagtgtcaaa agcttgattg gatcaaaaaa ccatcggaat ttattgtatt catctctaatt	11100
15	accaggctcag ctcggcgggtt tcaacttcct caatataagt cggttggtca ctaggaatat	11160
	agggtgacca gtaacatgta gtctgtctga tctcaaatgc ttcatagccg cagggtctcct	11220
	tccaccctat gtcctaaaaa atgtgggttct gcgtgagcct ggtcctggga catggttgac	11280
20	gttgtgtctc gatccttaca cccttaacat accatacaca cagcttccaa ccacatatct	11340
	caaaaagcac acccagcgat cattgctttc acgtgcagta aatcctttat tagccgggtgt	11400
25	acaagtgcc aatcagcatg aggaagaaga gatgttggct cgctttctcc ttgatcgtga	11460
	atatgtgatg ccccgcggtt ctcatgtaat actagaatca tcagtccttg gcaaacggaa	11520
	acaaatccaa ggcttaattg atacaactcc aaccatcatt agaacatctc tagttaatct	11580
30	gccagtgtct agaaagaaat gcgaaaaaat aatcaattac tctctcaatt atattgctga	11640
	gtgtcatgac tccttactta gccagggtctg cttcagtgat aataaggaat acttgtggtc	11700
35	aacctcctta atatcagttg agacctgtag tgtgacaatt gcggactatc tgagagctgt	11760
	cagctgggtc aatatattag ggggaagaaa catatccggg gtgactacac ctgatactat	11820
	tgaattaatt caagggtgtt taatagggtga aaattctagt tgtactctt gtgaatcgca	11880
40	tgatgacgca ttcacgtgga tgcacttgcc tggccactt tacatccctg aaccatcagt	11940
	tactaactct aaaatgcgtg tgccatatct ggggtcaaaa acagaggagc ggaaaacagc	12000
45	ctcaatggca gcaataaaag gaatgtcaca tcacctgcgt gcagtcttaa gaggcacatc	12060
	cgtattttatt tgggcatttg gggatacaga tatcaattgg gataatgcat tgcagattgc	12120
	ccaatcacgg tgtaacatca cattggatca aatgagatta cttacaccaa ttcctagcag	12180
50	ttcaaatatt caacatagac tcgatgacgg aatcagcacg cagaaattta ctctgcaag	12240
	ccttgctcga atcacatcct tcgttcacat ctgtaatgac agccagaggt tagagaagga	12300
55	tgggtcatct gtcgactcaa acttgattta ccagcaaatt atgttacttg gactcagcat	12360
	ctttgaaaca atgtactcaa tggaccaaaa gtgggtattc aataaccata ccttgcatctt	12420
	gcacactgga cactcctgtt gtccaaggga actagacata agtttggtga acccgccgag	12480
60	acatcagacc ccggagctga ctagcacaac aaccaacccg ttcctatatg atcagctccc	12540
	attaaatcaa gaaaacttga caacacttga gattaagaca tttaaattca atgagctcaa	12600
65	cattgatggt ttagattttg gtgaaggaat acaattattg agtcgttgta ctgcaagatt	12660
	aatggcagaa tgtattctag aggagggaat aggctcgtca gttaaaaaatg aagcaattgt	12720
	caattttgat aattcagtca attggatttc agagtgccta atgtgtgata ttcgctcact	12780

	ttgtgttaat	ttaggtcaag	agatactatg	tagcctggca	taccaaattgt	attacttgcg	12840
5	aatcaggggt	agacggggcca	ttcttaatta	cttggacaca	actttgcaaa	ggatccctgt	12900
	gatacaatta	gccaacattg	cactcaccat	ttcgcaccct	gagatatttc	gcagaattgt	12960
	caacaccggg	atccataacc	agattaaggg	cccatatgtg	gcaacaacgg	atttcatagc	13020
10	tgcaagtaga	gatatcatat	tatcaggtgc	aagggagtat	ctatcttatt	taagcagtg	13080
	gcaggaagac	tgttacacat	tcttcaactg	tcaagatggg	gatcttactc	caaaaatgga	13140
	acagtatctt	gcaaggaggg	catgcctttt	aacattattg	tataataactg	ggcaccagat	13200
15	ccccgttatt	cgatcactga	cgccaataga	gaagtgcaag	gtgctcacag	aatacaatca	13260
	acaaattgag	tacgcagatc	aagagtttag	ctctgtacta	aaagtgggtca	atgcactact	13320
20	acaaaatcct	aagatagatg	cattagtttc	aaatctctac	ttcaccacca	gacgtgttct	13380
	atcaaacctc	agatcatgtg	ataaggctag	atcatatatt	gaatatttgt	acactgagga	13440
25	cttcggagag	aaagaggata	cagtacaata	tgacatcatg	acaacaaacg	atatcatact	13500
	tactcatggt	ctattcacac	agatcgaaat	atcttatcaa	gggaatagtc	tccataagtt	13560
	ccttactccg	gataacgcgc	ctggatcttt	gatcccattc	tctatttcac	caaattcact	13620
30	tgcatgtgac	cctcttcatc	acttgctcaa	gtcggtcggt	acatcaagca	caagttggta	13680
	caagtatgca	atcgccatg	cagtgtctga	aaagagggtca	gctcgattag	gaggagactt	13740
35	gtacattggt	gaagggagcg	gaagtgtgat	gactttactc	gagtatcttg	agccatctgt	13800
	tgacatatatt	tacaattcac	tcttctcaaa	tggtatgaac	ccaccacaac	gaaattatgg	13860
	gcttatgcc	ctacaatttg	tgaattcggg	ggtttataag	aacttaacgg	ctaaatcaga	13920
40	atgtaagcta	gggtttgtcc	agcaatttaa	accgttgtgg	agagacatag	acattgagac	13980
	taatgttaca	gatccatcat	ttatcaattt	tgcatatgaat	gaaatcccaa	tgcaatcatt	14040
45	aaaacgagta	aattgtgatg	tgggaatttg	ccgtgggtatg	ccgattgaac	gggttattca	14100
	gggttacacc	catatcttac	ttgttgccac	ttacggatta	cagcaagatt	caatactgtg	14160
	gggtgaaggta	tataggacat	ctgaaaaagt	atttcaattc	ttactgagtg	ccatgatcat	14220
50	gatctttggt	tatgtaaaaa	tccacaggaa	tggttatatg	tcgacaaagg	atgaagagta	14280
	catattgatg	tctgactgca	aggaacctgt	aaactataca	gctgtcccta	acattcttac	14340
55	acgtgtaagt	gatttagtgt	cgaagaatct	gagtcttatc	catccagaag	acctcagaaa	14400
	agtaagggtgt	gaaacagatt	ccctgaattt	gaagtgcaat	catatttatg	agaaaataat	14460
	tgccagaaaa	attccattac	aggtatcatc	aactgactct	ttgctcctcc	aattaggcgg	14520
60	tgttatcaac	tcggtgggct	caactgatcc	tagagagggt	gcaacattat	cttctattga	14580
	gtgtatggac	tatgttgtct	catcaattga	tttggtctata	ttggaggcaa	atattgtaat	14640
65	ctcagagagt	gctgggtctg	acctcgcttt	aatgttaggc	ccattcaact	taaataagct	14700
	taagaaaatt	gacacaatcc	ttaagtcaag	cacctatcag	ctaattcccgt	actggttgcg	14760
	ctatgagtac	tctattaatc	cgagatcttt	gtcattttcta	atcactaaat	tacaacaatg	14820

ES 2 622 087 T3

	ccgaatttca	tggtcagata	tgatcacgat	ttctgaattt	cgtaagaaat	ccaagcggcc	14880
5	tatatattatc	aaacgagtaa	tagggaatca	acagctaaaa	tcattcttta	atgaaagctc	14940
	aagtattgtt	ttgactcggg	ctgaagttaa	agtctgtata	aagttcctcg	gtgcaatcat	15000
	caagttgaaa	taatttctgc	gatttttaaag	gggtgtaatg	ttctaatttg	cacttgaagt	15060
10	aatatagctt	gtaatcattc	gctaggggat	aggataattt	ctctaaccctc	tgaatctata	15120
	ttcctagagt	ataacaaata	tatacataat	aaaaatgatt	ttaagaaaaa	atccgacact	15180
	caaagaaaaat	tggtgcctgt	aatattcttc	ttgccaaatg	attgtgaagt	gtctagccta	15240
15	acttaaaaca	atcgtattcg	ataggggaaga	atgatataata	aaataactaa	taaaaaattg	15300
	tattagtaaa	aattaccgta	tttcctgtat	tccatttctg	gt		15342
20	<210>	2					
	<211>	1386					
	<212>	ADN					
	<213>	secuencia artificial					
25	<220>						
	<223>	Gen de NP de APMV8					
	<400>	2					
30	atgtcatctg	tggtcaatga	gtatcaggcg	cttcaagaac	aacttggtgaa	gccggctgtc	60
	aggagacctg	atgttgacctc	aacgggttta	ctcagagcgg	aaataacctgt	ctgtgtttaca	120
	ttatctcaag	accccggtga	gagatggagc	cttgcttgct	tgaatattag	atggcttgcg	180
35	agtgattcat	caaccacacc	aatgaagcaa	ggagcaatat	tgctactgct	gagtctacat	240
	tcagacaata	tgcgagctca	cgcaacatta	gcagcaagggt	ctgcagatgc	ttcactcacc	300
40	atacttgagg	tagatgaagt	agatattagc	aactcactaa	tcaaattcaa	cgccagaagt	360
	gggtgtatctg	acaaacgctc	aatcaattg	cttgcaattg	cggatgacat	ccccaaaagt	420
	tgcagtaatg	ggcatccatt	tcttgacaca	gacattgaga	ccagagaccc	gctcgatcta	480
45	tcagagacta	tagatcgctt	gcaggggtatt	gcagctcaga	tatgggtgtc	agccataaag	540
	agcatgacag	cgcttgacac	cgcatcagag	tcagaaaagta	agaggctggc	caaatatcaa	600
50	caacaaggcc	gactgggttaa	gcaagtactc	ttgcattctg	tagtcaggac	agaatttatg	660
	agagttattc	ggggcagctt	ggtactgcgc	cagtttatgg	ttagcgagt	caagagggct	720
	tcagccatgg	gcggagacac	atctaggtac	tatgctatgg	tgggtgacat	cagtctttac	780
55	atcaagaatg	caggattgac	tgcatttttc	ctcaccctga	agttcggagt	tggtaccag	840
	tatccaacct	tagcaatgag	tgttttctcc	agtgacctta	aaaggcttgc	tgcactcatc	900
60	aggctataca	aaaccaagg	agacaatgca	ccatacatgg	cattcctgga	ggactccgat	960
	atgggaaatt	ttgctccagc	aaattatagc	acaatgtact	cttatgccat	gggcattggg	1020
	acaattctgg	aagcatctgt	atctcgatac	cagtatgcca	gagactttac	cagtgagaat	1080
65	tattttccgtc	ttggagttga	gacagcccaa	agccagcagg	gagcatttga	cgagagaaca	1140
	gcccagaaaa	tgggcttgac	tgaggaatca	aaacagcagg	ttagatcact	gctaattgtca	1200

gtagacatgg gtcccagttc aattcatgag ccatctcgcc ctgcatttat cagtcaagaa 1260
 5 gaaaataggg agcctgcccc gaacttgcca gatactcagg gtcagaccaa gccagtcccg 1320
 aagcagcccg caccaagggc cgactcagat gacattgatc catacgagaa cgggctagaa 1380
 tggtaa 1386

10 <210> 3
 <211> 461
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

15 <220>
 <223> Proteína NP de APMV8

20 <400> 3

25 Met Ser Ser Val Phe Asn Glu Tyr Gln Ala Leu Gln Glu Gln Leu Val
 1 5 10 15

30 Lys Pro Ala Val Arg Arg Pro Asp Val Ala Ser Thr Gly Leu Leu Arg
 20 25 30

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

40 Trp Ser Leu Ala Cys Leu Asn Ile Arg Trp Leu Ala Ser Asp Ser Ser
 50 55 60

45 Thr Thr Pro Met Lys Gln Gly Ala Ile Leu Ser Leu Leu Ser Leu His
 65 70 75 80

50 Ser Asp Asn Met Arg Ala His Ala Thr Leu Ala Ala Arg Ser Ala Asp
 85 90 95

55 Ala Ser Leu Thr Ile Leu Glu Val Asp Glu Val Asp Ile Ser Asn Ser
 100 105 110

60 Leu Ile Lys Phe Asn Ala Arg Ser Gly Val Ser Asp Lys Arg Ser Asn
 115 120 125

65 Gln Leu Leu Ala Ile Ala Asp Asp Ile Pro Lys Ser Cys Ser Asn Gly
 130 135 140

70 His Pro Phe Leu Asp Thr Asp Ile Glu Thr Arg Asp Pro Leu Asp Leu
 145 150 155 160

75 Ser Glu Thr Ile Asp Arg Leu Gln Gly Ile Ala Ala Gln Ile Trp Val
 165 170 175

80 Ser Ala Ile Lys Ser Met Thr Ala Pro Asp Thr Ala Ser Glu Ser Glu
 180 185 190

ES 2 622 087 T3

	Ser	Lys	Arg 195	Leu	Ala	Lys	Tyr	Gln 200	Gln	Gln	Gly	Arg	Leu 205	Val	Lys	Gln
5	Val	Leu 210	Leu	His	Ser	Val	Val 215	Arg	Thr	Glu	Phe	Met 220	Arg	Val	Ile	Arg
10	Gly 225	Ser	Leu	Val	Leu	Arg 230	Gln	Phe	Met	Val	Ser 235	Glu	Cys	Lys	Arg	Ala 240
15	Ser	Ala	Met	Gly	Gly 245	Asp	Thr	Ser	Arg	Tyr 250	Tyr	Ala	Met	Val	Gly 255	Asp
20	Ile	Ser	Leu	Tyr 260	Ile	Lys	Asn	Ala	Gly 265	Leu	Thr	Ala	Phe	Phe 270	Leu	Thr
25	Leu	Lys	Phe 275	Gly	Val	Gly	Thr	Gln 280	Tyr	Pro	Thr	Leu	Ala 285	Met	Ser	Val
30	Phe 290	Ser	Ser	Asp	Leu	Lys	Arg 295	Leu	Ala	Ala	Leu	Ile 300	Arg	Leu	Tyr	Lys
35	Thr 305	Lys	Gly	Asp	Asn	Ala 310	Pro	Tyr	Met	Ala	Phe 315	Leu	Glu	Asp	Ser	Asp 320
40	Met	Gly	Asn	Phe	Ala 325	Pro	Ala	Asn	Tyr	Ser 330	Thr	Met	Tyr	Ser	Tyr 335	Ala
45	Met	Gly	Ile	Gly 340	Thr	Ile	Leu	Glu	Ala 345	Ser	Val	Ser	Arg	Tyr 350	Gln	Tyr
50	Ala	Arg	Asp 355	Phe	Thr	Ser	Glu	Asn 360	Tyr	Phe	Arg	Leu	Gly 365	Val	Glu	Thr
55	Ala	Gln 370	Ser	Gln	Gln	Gly	Ala 375	Phe	Asp	Glu	Arg	Thr 380	Ala	Arg	Glu	Met
60	Gly 385	Leu	Thr	Glu	Glu	Ser 390	Lys	Gln	Gln	Val	Arg 395	Ser	Leu	Leu	Met	Ser 400
65	Val	Asp	Met	Gly	Pro 405	Ser	Ser	Ile	His	Glu 410	Pro	Ser	Arg	Pro	Ala 415	Phe
70	Ile	Ser	Gln	Glu 420	Glu	Asn	Arg	Gln	Pro 425	Ala	Gln	Asn	Leu	Ser 430	Asp	Thr
75	Gln	Gly	Gln 435	Thr	Lys	Pro	Val	Pro 440	Lys	Gln	Pro	Ala	Pro 445	Arg	Ala	Asp
80	Ser	Asp 450	Asp	Ile	Asp	Pro	Tyr 455	Glu	Asn	Gly	Leu	Glu 460	Trp			

<210> 4
 <211> 1218
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 5
 <220>
 <223> Gen de P de APMV8
 <400> 4
 10 atggatttcg ccaatgatga agaaattgca gaacttttga atctcagcac caatgtaatc 60
 aaggagattc agaaatccga actcaagcct ccccaaacca ccggacgacc acctgtcagt 120
 caagggaaca caagaaatct aactgatcta tgggaaaagg agactgcaag tcagaccaag 180
 15 acaccggccc aatctacaca aaccacacaa gttcagtctg atgaaaatga ggagggagaa 240
 atcaagtccg agtcaactga tggccacatc agaggaactg ttaatcaatc agagcaagtc 300
 20 ccagaacaaa accagagcag atcttcacca ggtgatgatc tcgacagagc tctcaacaag 360
 cttgaaggga gaatcaattt aatcagctca atggacaaaag aaattaaaaa gggccctcgc 420
 atccagaatc tccctgggtc ccaggcggca actcaacagg cgacccaccc attggcaggg 480
 25 gacaccccga acatgcaagc acagacaaaa gccctggcga agccacatca agaggcaatc 540
 aatcctggca accaggacac aggagagagt attcatttac caccttccat ggcaccacca 600
 30 gagtcattag ttggtgcaat ccgcaatgca cccaatttcg tgccagacca atctatgacg 660
 aatgtagatg cggggagtgt ccaactacat gcatcatgtg cagagatgat aagtagaatg 720
 35 tttgtagaag ttatatccaa gcttgataaa ctcgagtcga gactgaatga tatagcaaaa 780
 gttgtgaaca ctacccccct tattaggaat gatattaacc aacttaaggc cacaaccgca 840
 ctgatgtcta accaaattgc ctccatacaa attccttgacc caggggaatgc aggggtgagg 900
 40 tccctctctg aaatgaaatc tgtgacgaag aaagctgctg ttgtaattgc agggtttgga 960
 gacgacccaa ctcaaattat tgaagaaggc attatggcca aagatgctct tggaaaacct 1020
 gtgcctccaa catctgttat ctcagccaaa gctcagactt cttccggtgt gagtaagggt 1080
 45 gaaatagaag gattgattgc attggtggaa acattagttg acaatgacaa gaaggcagca 1140
 aaactgatta aaatgattga tcaagttaaa tcccatgccg attacgcccg agtcaagcag 1200
 50 gcaatatata atgcgtaa 1218

<210> 5
 <211> 405
 55 <212> PRT
 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Proteína P de APMV8
 60
 <400> 5
 Met Asp Phe Ala Asn Asp Glu Glu Ile Ala Glu Leu Leu Asn Leu Ser
 1 5 10 15
 65 Thr Asn Val Ile Lys Glu Ile Gln Lys Ser Glu Leu Lys Pro Pro Gln
 20 25 30

ES 2 622 087 T3

Thr Thr Gly Arg Pro Pro Val Ser Gln Gly Asn Thr Arg Asn Leu Thr
 5 35 40 45
 Asp Leu Trp Glu Lys Glu Thr Ala Ser Gln Thr Lys Thr Pro Ala Gln
 10 50 55 60
 Ser Thr Gln Thr Thr Gln Val Gln Ser Asp Glu Asn Glu Glu Gly Glu
 15 65 70 75 80
 Ile Lys Ser Glu Ser Thr Asp Gly His Ile Arg Gly Thr Val Asn Gln
 20 85 90 95
 Ser Glu Gln Val Pro Glu Gln Asn Gln Ser Arg Ser Ser Pro Gly Asp
 25 100 105 110
 Asp Leu Asp Arg Ala Leu Asn Lys Leu Glu Gly Arg Ile Asn Leu Ile
 30 115 120 125
 Ser Ser Met Asp Lys Glu Ile Lys Lys Gly Pro Arg Ile Gln Asn Leu
 35 130 135 140
 Pro Gly Ser Gln Ala Ala Thr Gln Gln Ala Thr His Pro Leu Ala Gly
 40 145 150 155 160
 Asp Thr Pro Asn Met Gln Ala Gln Thr Lys Ala Leu Ala Lys Pro His
 45 165 170 175
 Gln Glu Ala Ile Asn Pro Gly Asn Gln Asp Thr Gly Glu Ser Ile His
 50 180 185 190
 Leu Pro Pro Ser Met Ala Pro Pro Glu Ser Leu Val Gly Ala Ile Arg
 55 195 200 205
 Asn Ala Pro Gln Phe Val Pro Asp Gln Ser Met Thr Asn Val Asp Ala
 60 210 215 220
 Gly Ser Val Gln Leu His Ala Ser Cys Ala Glu Met Ile Ser Arg Met
 65 225 230 235 240
 Phe Val Glu Val Ile Ser Lys Leu Asp Lys Leu Glu Ser Arg Leu Asn
 245 250 255
 Asp Ile Ala Lys Val Val Asn Thr Thr Pro Leu Ile Arg Asn Asp Ile
 260 265 270
 Asn Gln Leu Lys Ala Thr Thr Ala Leu Met Ser Asn Gln Ile Ala Ser
 275 280 285
 Ile Gln Ile Leu Asp Pro Gly Asn Ala Gly Val Arg Ser Leu Ser Glu
 290 295 300

ES 2 622 087 T3

5 Met Lys Ser Val Thr Lys Lys Ala Ala Val Val Ile Ala Gly Phe Gly
 305 310 315 320
 Asp Asp Pro Thr Gln Ile Ile Glu Glu Gly Ile Met Ala Lys Asp Ala
 325 330 335
 10 Leu Gly Lys Pro Val Pro Pro Thr Ser Val Ile Ser Ala Lys Ala Gln
 340 345 350
 15 Thr Ser Ser Gly Val Ser Lys Gly Glu Ile Glu Gly Leu Ile Ala Leu
 355 360 365
 20 Val Glu Thr Leu Val Asp Asn Asp Lys Lys Ala Ala Lys Leu Ile Lys
 370 375 380
 25 Met Ile Asp Gln Val Lys Ser His Ala Asp Tyr Ala Arg Val Lys Gln
 385 390 395 400
 Ala Ile Tyr Asn Ala
 405
 30 <210> 6
 <211> 1110
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 35 <220>
 <223> Gen de M de APMV8
 <400> 6
 40 atggcatata caacattgaa actgtgggtg gatgaggggtg acatgtcgtc ttcgctccta 60
 tcattcccgt tggtactaaa agagacagac agaggcacia aggagcttca accacaggta 120
 agggtagatt caattggcga tgtgcagaac gccaaagagt cctcgatatt cgtgactcta 180
 45 tatggttttca tccaagcaat taaggagagt tcagatcgat cgaaattctt ccatccaaaa 240
 gatgacttca aacctgagac agtcactgca ggactggtag tggtaggtgc gatccgaatg 300
 50 atggctgatg ttaataccat ctctaatac gactagcgc tggagatcac tgtaagaaa 360
 tctgcaactt ctcaagagaa aatgacggtg atgttcaca atagcccccc ttcattgaga 420
 actgcaataa ctatccgagc aggaggtttc atctcgaatg cagacgagaa tataaaatgt 480
 55 gccagcaaat tgactgcagg agtgcagtag atattccgcc caatgtttgt ttcaatcact 540
 aaattacaca atggcaaact atataggggtg cccaaaagca tccacagcat ctcatccact 600
 60 ctactgtata gtgtgatgtt ggaggtagga ttcaaagtgg atattgggaa ggatcatccc 660
 caggcaaaga tgctgaagaa ggtcacaatc ggcgatgcag acacatactg ggggtttgca 720
 tggttccacc tgtgcaattt caaaaagaca tcctctaagg gaaagccaag aacgctagac 780
 65 gaactaaaga caaagtcaa aaatatgggg ttgaaattgg agttacatga cctgtgggggt 840
 ccgactattg tgggtccaaat cactggcaag agcagcaaat atgctcaagg atttttttcc 900

tccaatggta cttgttgtct cccaatcagc agatctgcac cagagcttgg gaagcttctg 960
 5 tgggtcttgtt cagcaactat aggtgacgca acagttgtta tccaatcaag cgagaaaggg 1020
 gaactcctaa ggtctgatga cctcgagata cgagggtgctg tggcctccaa gaaaggtaga 1080
 ctgggctcat ttcacccctt caaaaaatga 1110

10 <210> 7
 <211> 369
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

15 <220>
 <223> Protéina M de APMV8

20 <400> 7

Met Ala Tyr Thr Thr Leu Lys Leu Trp Val Asp Glu Gly Asp Met Ser
 1 5 10 15

25 Ser Ser Leu Leu Ser Phe Pro Leu Val Leu Lys Glu Thr Asp Arg Gly
 20 25 30

30 Thr Lys Glu Leu Gln Pro Gln Val Arg Val Asp Ser Ile Gly Asp Val
 35 40 45

Gln Asn Ala Lys Glu Ser Ser Ile Phe Val Thr Leu Tyr Gly Phe Ile
 50 55 60

35 Gln Ala Ile Lys Glu Ser Ser Asp Arg Ser Lys Phe Phe His Pro Lys
 65 70 75 80

40 Asp Asp Phe Lys Pro Glu Thr Val Thr Ala Gly Leu Val Val Val Gly
 85 90 95

45 Ala Ile Arg Met Met Ala Asp Val Asn Thr Ile Ser Asn Asp Ala Leu
 100 105 110

50 Ala Leu Glu Ile Thr Val Lys Lys Ser Ala Thr Ser Gln Glu Lys Met
 115 120 125

55 Thr Val Met Phe His Asn Ser Pro Pro Ser Leu Arg Thr Ala Ile Thr
 130 135 140

Ile Arg Ala Gly Gly Phe Ile Ser Asn Ala Asp Glu Asn Ile Lys Cys
 145 150 155 160

60 Ala Ser Lys Leu Thr Ala Gly Val Gln Tyr Ile Phe Arg Pro Met Phe
 165 170 175

65 Val Ser Ile Thr Lys Leu His Asn Gly Lys Leu Tyr Arg Val Pro Lys
 180 185 190

ES 2 622 087 T3

Ser Ile His Ser Ile Ser Ser Thr Leu Leu Tyr Ser Val Met Leu Glu
195 200 205

5 Val Gly Phe Lys Val Asp Ile Gly Lys Asp His Pro Gln Ala Lys Met
210 215 220

10 Leu Lys Lys Val Thr Ile Gly Asp Ala Asp Thr Tyr Trp Gly Phe Ala
225 230 235 240

15 Trp Phe His Leu Cys Asn Phe Lys Lys Thr Ser Ser Lys Gly Lys Pro
245 250 255

Arg Thr Leu Asp Glu Leu Lys Thr Lys Val Lys Asn Met Gly Leu Lys
260 265 270

20 Leu Glu Leu His Asp Leu Trp Gly Pro Thr Ile Val Val Gln Ile Thr
275 280 285

25 Gly Lys Ser Ser Lys Tyr Ala Gln Gly Phe Phe Ser Ser Asn Gly Thr
290 295 300

30 Cys Cys Leu Pro Ile Ser Arg Ser Ala Pro Glu Leu Gly Lys Leu Leu
305 310 315 320

35 Trp Ser Cys Ser Ala Thr Ile Gly Asp Ala Thr Val Val Ile Gln Ser
325 330 335

Ser Glu Lys Gly Glu Leu Leu Arg Ser Asp Asp Leu Glu Ile Arg Gly
340 345 350

40 Ala Val Ala Ser Lys Lys Gly Arg Leu Gly Ser Phe His Pro Phe Lys
355 360 365

45 Lys

50 <210> 8
<211> 1632
<212> ADN
<213> secuencia artificial

55 <220>
<223> Gen de F de APMV8

<400> 8
atgggtcaaa tatcagtata tctaattaat agcgtgctat tattgctggt atatcctgtg 60
60 aattcgattg acaatacact cattgccccca atcggagttg ccagcgcaaa tgaatggcag 120
cttgctgcat atacaacatc actttcaggg acaattgccg tgcgattcct acctgtgctc 180
ccggataata tgactacctg tcttaaagaa acaatcacta catacaataa tactgtcaac 240
65 aacatcttag gccactcaa atccaatctg gatgcactgc tctcatctga gacttatccc 300
cagacaagat taattggggc agttataggt tcaattgctc tcggtgttg aacatcggct 360

caaatcactg ctgcagttgc tctcaagcaa gcgcaagaca atgcaaggaa catactagca 420
 5 ctcaaagaag cactgtccaa aaccaatgag gcggtcaagg agcttagtag tgggttacaa 480
 caaacagcta ttgcacttgg taagatacag agttttgtga atgaggaaat tctgccatct 540
 atcaaccaac tgagctgcga ggtgacagcc aataaacttg ggggtgtattt atctctgtat 600
 10 ctcacagaac tgaccacat attcgggtgca cagctgacca accctgcatt gacttcatta 660
 tcatatcaag cactgtacaa cctgtgtggt ggcaacatgg caatgcttac tcagaagatt 720
 ggaattaaac agcaagacgt taattcgcta tatgaagccg gactaatcac aggacaagtc 780
 15 attggttatg actctcatta ccagctgctg gtcattccagg tcaattatcc aagcatttct 840
 gaggtcactg gtgtacgtgc gacagaatta gtcactgtta gtgtaacaac agacaagggt 900
 20 gaagggaaag caattgtacc ccaatttgta gctgaaagtc ggggtgactat tgaagagctt 960
 gatgtcgcatt cttgttaaatt cagcagcacg accctatatatt gcaggcaggt caacacaagg 1020
 gcacttcccc cgctagtagc tagctgtctt cgaggtaact atgatgattg tcaatatacc 1080
 25 acagagattg gagcattatc atcccggtat ataactactag atgggggggt cttagttaat 1140
 tgcaagtcaa ttgtttgtag gtgccttaat ccaagtaaga tcatctctca aaatacaaac 1200
 30 gctgcagtaa catatgttga tgccacaatc tgcaaaacaa ttcaattgga tgatatacaa 1260
 ctccagctgg aaggggtcact atcatcagtt tatgcaagaa acatctcaat tgagatcagt 1320
 caggtgacca catccgggtc tttagatatc agcagtgaga taggaaacat caataatacg 1380
 35 gtgaatcgtg tggaggattt aattcaccaa tcagaggaat ggctggcaaa ggttaacca 1440
 cacattgtta ataatacaac actaattgta ctctgtgtgt taagtgcgct tgctgtgatc 1500
 40 tggctggcag tattaacggc tattataata tacttgagaa caaagttgaa gactatatcg 1560
 gcattagctg taaccaatac aatacagtct aaccctatg ttaaccaaac gaaacatgaa 1620
 tctaagtttt ga 1632

45
 <210> 9
 <211> 543
 <212> PRT
 50 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Proteína F de APMV8

55 <400> 9

Met Gly Gln Ile Ser Val Tyr Leu Ile Asn Ser Val Leu Leu Leu Leu
 1 5 10 15

60 Val Tyr Pro Val Asn Ser Ile Asp Asn Thr Leu Ile Ala Pro Ile Gly
 20 25 30

65 Val Ala Ser Ala Asn Glu Trp Gln Leu Ala Ala Tyr Thr Thr Ser Leu
 35 40 45

ES 2 622 087 T3

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

ES 2 622 087 T3

	Asp	Val	Ala	Ser	Cys 325	Lys	Phe	Ser	Ser	Thr 330	Thr	Leu	Tyr	Cys	Arg 335	Gln
5	Val	Asn	Thr	Arg 340	Ala	Leu	Pro	Pro	Leu 345	Val	Ala	Ser	Cys	Leu 350	Arg	Gly
10	Asn	Tyr	Asp 355	Asp	Cys	Gln	Tyr	Thr 360	Thr	Glu	Ile	Gly	Ala 365	Leu	Ser	Ser
15	Arg	Tyr 370	Ile	Thr	Leu	Asp	Gly 375	Gly	Val	Leu	Val	Asn 380	Cys	Lys	Ser	Ile
20	Val 385	Cys	Arg	Cys	Leu	Asn 390	Pro	Ser	Lys	Ile	Ile 395	Ser	Gln	Asn	Thr	Asn 400
25	Ala	Ala	Val	Thr	Tyr 405	Val	Asp	Ala	Thr	Ile 410	Cys	Lys	Thr	Ile	Gln 415	Leu
30	Asp	Asp	Ile	Gln 420	Leu	Gln	Leu	Glu	Gly 425	Ser	Leu	Ser	Ser	Val 430	Tyr	Ala
35	Arg	Asn	Ile 435	Ser	Ile	Glu	Ile	Ser	Gln 440	Val	Thr	Thr	Ser 445	Gly	Ser	Leu
40	Asp	Ile 450	Ser	Ser	Glu	Ile	Gly 455	Asn	Ile	Asn	Asn	Thr 460	Val	Asn	Arg	Val
45	Glu 465	Asp	Leu	Ile	His	Gln 470	Ser	Glu	Glu	Trp	Leu 475	Ala	Lys	Val	Asn	Pro 480
50	His	Ile	Val	Asn	Asn 485	Thr	Thr	Leu	Ile	Val 490	Leu	Cys	Val	Leu	Ser 495	Ala
55	Leu	Ala	Val	Ile 500	Trp	Leu	Ala	Val	Leu 505	Thr	Ala	Ile	Ile	Ile 510	Tyr	Leu
60	Arg	Thr	Lys 515	Leu	Lys	Thr	Ile	Ser 520	Ala	Leu	Ala	Val	Thr 525	Asn	Thr	Ile
65	Gln	Ser 530	Asn	Pro	Tyr	Val	Asn 535	Gln	Thr	Lys	His	Glu 540	Ser	Lys	Phe	
	<210>	10														
	<211>	1734														
	<212>	ADN														
	<213>	secuencia artificial														
	<220>															
	<223>	Gen de HN de APMV8														
	<400>	10														
	atgagtaaca	ttgcatccag	tttagaaaac	attgtagagc	aggatagtcg	aaaaacaact										60
	tggagggcca	tcttttagatg	gtccgttctt	cttattacaa	caggatgctt	agccttatcc										120

ES 2 622 087 T3

attgttagca tagttcaaatt tggaaatttg aaaatttcctt ctgtagggga tctggctgat 180
 5 gaagtgggtga cacccttgaa aaccactctg tcagatacac tcaggaatcc aattaaccag 240
 ataaatgata tatttaggat tgttgccctt gatattccat tgcaagtgc cagtatccaa 300
 aaagaccttg caagtcaatt taacatgttg atagatagtt taaatgctat caaattaggc 360
 10 aacgggacca accttatcat acctacatca gacaaggagt atgcaggagg aattggaaac 420
 cctgtattta ctgtcgatgc tggagggttct ataggattca aacagtttag cttaatagaa 480
 catccgagct ttattgctgg acctacaacg acccgaggct gtacaagaat acccactttt 540
 15 cacatgtcag aaagtcattg gtgctactca cacaacatca tcgctgctgg ctgtcaagat 600
 gccagtgcac ccagtatgta tatctcaatg ggagtctctc atgtgtcctc atctggcact 660
 20 cccattttttc ttactactgc aagtgcagctg atagacgatg gagttaaccg taagtcatgc 720
 agcattgtag caaccaatt tggctgtgac attttgtgca gtattgtcac agagaaggag 780
 ggagatgatt actgggtctga tactccgact ccaatgcgcc acggccgttt ttcattcaat 840
 25 ggtagttttg tagaagccga actaccagtg tccagtatgt tctcatcatt ctctgccaac 900
 taccctgctg tgggatcagg cgaaattgta aaagatagaa tattattccc aatttacgga 960
 30 ggtataaagc agacttcacc agagtctacc gaattagtga aatacggact ctttgtatca 1020
 acacctacaa ctgtgtgcca gagtagctgg acttatgacc aggtaaaagc tgcgtatagg 1080
 ccagattaca tatcaggccg gttctgggca caagtgcac tcagctgcgc tcttgatgca 1140
 35 gtcgacttat caagttgtat tgtaaagatt atgaatagca gcacagtgat gatggcagcg 1200
 gaaggaagga taatgaagat agggattgat tacttttact atcagcggtc atcttcttgg 1260
 40 tggccatttg catttgtcac aaaactagac ccgcaagagt tggcagacac aaactcaata 1320
 tggctgacca attccatacc aatcccgcga tcaaagttcc ctcggccttc atattcagaa 1380
 aattattgca caaagccagc agtttgccct gctacttggtg tctactggtg gtactctgat 1440
 45 atttggcccc tgacctcatc ttcactactc ccgagcataa tttggatcgg ccagtacctt 1500
 gatgctcctg ttggaaggac ttatcctaga tttggaattg caaatcagtc aactgggtac 1560
 50 ctccaagaag atattctacc cacttccacc gcaagtgcgt attcaaccac tacatgtttt 1620
 aagaatactg ccaggaatag agtggtctgc gtcaccattg ccgaatttgc agatggggtg 1680
 55 tttggagagt acaggataac acctcagttg tacgaattag tgagaaataa ttga 1734

<210> 11
 <211> 577
 <212> PRT
 60 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Proteína HN de APMV8

65 <400> 11

Met Ser Asn Ile Ala Ser Ser Leu Glu Asn Ile Val Glu Gln Asp Ser
 1 5 10 15

ES 2 622 087 T3

Arg Lys Thr Thr Trp Arg Ala Ile Phe Arg Trp Ser Val Leu Leu Ile
 5 20 25 30
 Thr Thr Gly Cys Leu Ala Leu Ser Ile Val Ser Ile Val Gln Ile Gly
 10 35 40 45
 Asn Leu Lys Ile Pro Ser Val Gly Asp Leu Ala Asp Glu Val Val Thr
 15 50 55 60
 Pro Leu Lys Thr Thr Leu Ser Asp Thr Leu Arg Asn Pro Ile Asn Gln
 20 65 70 75 80
 Ile Asn Asp Ile Phe Arg Ile Val Ala Leu Asp Ile Pro Leu Gln Val
 25 85 90 95
 Thr Ser Ile Gln Lys Asp Leu Ala Ser Gln Phe Asn Met Leu Ile Asp
 30 100 105 110
 Ser Leu Asn Ala Ile Lys Leu Gly Asn Gly Thr Asn Leu Ile Ile Pro
 35 115 120 125
 Thr Ser Asp Lys Glu Tyr Ala Gly Gly Ile Gly Asn Pro Val Phe Thr
 40 130 135 140
 Val Asp Ala Gly Gly Ser Ile Gly Phe Lys Gln Phe Ser Leu Ile Glu
 45 145 150 155 160
 His Pro Ser Phe Ile Ala Gly Pro Thr Thr Thr Arg Gly Cys Thr Arg
 50 165 170 175
 Ile Pro Thr Phe His Met Ser Glu Ser His Trp Cys Tyr Ser His Asn
 55 180 185 190
 Ile Ile Ala Ala Gly Cys Gln Asp Ala Ser Ala Ser Ser Met Tyr Ile
 60 195 200 205
 Ser Met Gly Val Leu His Val Ser Ser Ser Gly Thr Pro Ile Phe Leu
 65 210 215 220
 Thr Thr Ala Ser Glu Leu Ile Asp Asp Gly Val Asn Arg Lys Ser Cys
 70 225 230 235 240
 Ser Ile Val Ala Thr Gln Phe Gly Cys Asp Ile Leu Cys Ser Ile Val
 75 245 250 255
 Thr Glu Lys Glu Gly Asp Asp Tyr Trp Ser Asp Thr Pro Thr Pro Met
 80 260 265 270
 Arg His Gly Arg Phe Ser Phe Asn Gly Ser Phe Val Glu Ala Glu Leu
 85 275 280 285

ES 2 622 087 T3

5 Pro Val Ser Ser Met Phe Ser Ser Phe Ser Ala Asn Tyr Pro Ala Val
 290 295 300
 Gly Ser Gly Glu Ile Val Lys Asp Arg Ile Leu Phe Pro Ile Tyr Gly
 305 310 315 320
 10 Gly Ile Lys Gln Thr Ser Pro Glu Phe Thr Glu Leu Val Lys Tyr Gly
 325 330 335
 15 Leu Phe Val Ser Thr Pro Thr Thr Val Cys Gln Ser Ser Trp Thr Tyr
 340 345 350
 20 Asp Gln Val Lys Ala Ala Tyr Arg Pro Asp Tyr Ile Ser Gly Arg Phe
 355 360 365
 25 Trp Ala Gln Val Ile Leu Ser Cys Ala Leu Asp Ala Val Asp Leu Ser
 370 375 380
 Ser Cys Ile Val Lys Ile Met Asn Ser Ser Thr Val Met Met Ala Ala
 385 390 395 400
 30 Glu Gly Arg Ile Met Lys Ile Gly Ile Asp Tyr Phe Tyr Tyr Gln Arg
 405 410 415
 35 Ser Ser Ser Trp Trp Pro Leu Ala Phe Val Thr Lys Leu Asp Pro Gln
 420 425 430
 40 Glu Leu Ala Asp Thr Asn Ser Ile Trp Leu Thr Asn Ser Ile Pro Ile
 435 440 445
 45 Pro Gln Ser Lys Phe Pro Arg Pro Ser Tyr Ser Glu Asn Tyr Cys Thr
 450 455 460
 Lys Pro Ala Val Cys Pro Ala Thr Cys Val Thr Gly Val Tyr Ser Asp
 465 470 475 480
 50 Ile Trp Pro Leu Thr Ser Ser Ser Ser Leu Pro Ser Ile Ile Trp Ile
 485 490 495
 55 Gly Gln Tyr Leu Asp Ala Pro Val Gly Arg Thr Tyr Pro Arg Phe Gly
 500 505 510
 60 Ile Ala Asn Gln Ser His Trp Tyr Leu Gln Glu Asp Ile Leu Pro Thr
 515 520 525
 Ser Thr Ala Ser Ala Tyr Ser Thr Thr Thr Cys Phe Lys Asn Thr Ala
 530 535 540
 65 Arg Asn Arg Val Phe Cys Val Thr Ile Ala Glu Phe Ala Asp Gly Leu
 545 550 555 560

Phe Gly Glu Tyr Arg Ile Thr Pro Gln Leu Tyr Glu Leu Val Arg Asn
565 570 575

5

Asn

10

<210> 12
<211> 6741
<212> ADN
<213> secuencia artificial

15

<220>
<223> Gen de L de APMV8

<400> 12

20	atggagggcg acctctacac aaacatggat ataaaacaag ttgacctgat aatacaaccc	60
	gaggttcatc tcgattcacc catcatattg aataaactgg cactattatg gcgcttgagt	120
	ggttttaccca tgcctgcaga cctacgacaa aaatccgtag tgatgcacat cccggaccac	180
25	atcttagaaa aatcagaata tcggatcaag caccgtctag ggaaaatcaa gagtgacata	240
	acacattact gtcagtatct taatattaat ttggcaaata ttgatccgat aaccacccc	300
30	aaaagtttgt attggttatc cagactaaca atagctagtg ctggaacttt taggcatatg	360
	aaagatagaa tcttgtgtac agttggctct gaatttggac acaaaattca agatttattt	420
	tcactgctga gccataaact agtaggtaac ggggatttat ttaatcaaag tctctcaggt	480
35	acacgtttga ctgcaagtcc gttatccccct ttatgcaatc aatttgtctc tgacatcaag	540
	tctgcagtca cgacaccctg gtcagaagct cgttggctct ggcttcatat caaacaaca	600
40	atgagatatc tgataaaaca atcacgcact acaaattcgg ctcatTTaac agaaatcata	660
	aaagaagaat ggggttttagt aggtattact ccagatcttg tcattctttt tgacagagtc	720
	aataatagtc tgactgcatt aacatttgag atggttctaa tgtattcaga tgtattagaa	780
45	tcccgtgaca atattgtgtt agtggggcga ctatctacct ttctacagcc agtagttagt	840
	agactggagg tgttgtttga tctagtagat tcattggcaa aaatcttagg tgacacaata	900
50	tatgagatta ttgcagtgtt agagagcttg tcttatgggt cagttcaact acatgatgca	960
	agtcactctc atgcaggggtc ttttttttca tttaacatga atgaacttga taacacacta	1020
	tcaaagaggg tagatccgaa acacaagaac actataatga gcattataag acaatgcttt	1080
55	tctaattctag atgttgatca agctgcagag atgctatgcc tgatgagatt attcggacac	1140
	ccaatgttaa ctgcaccgga tgcagcagcc aaagtgagga aagcaatgtg tgctccaaaa	1200
60	cttggttgaa acgacaccat cttgcagaca ttatctttct tcaaggggat aattataaat	1260
	gggtacagaa gatcacactc tggcctgttg cccaatgtag agccgtcttc aatttatgat	1320
	gatgatctca gacagctgta cttagagtca gcagagattt cccatcattt tatgcttaaa	1380
65	aactacaaga gtttaagcat gatagaattc aagaagagca tagactacga tcttcatgat	1440
	gacctaagta ctttcttaaa ggatagagca atttgccggc cgaaatccca gtgggatgtc	1500

	atatttcgta	agtcctttacg	cagatctcat	acgcagtccc	agtatctgga	cgaaattaag	1560
5	agcaaccgat	tgctaattga	ttttcttgat	tctgctgaat	ttgaccctgg	aaaagaattt	1620
	gcatatgtaa	ccacaatgga	ttatttgcac	gataatgaat	tttgtgcttc	atattctcta	1680
	aaggaaaagg	agatcaaaac	tactgggagg	atatttgcaa	aaatgacacg	caatatgaga	1740
10	agttgccaa	g	taatacttga	atctttgtta	tcaaagcata	tatgcaagtt	1800
	aatggcgttt	cgatggagca	attgtcattg	accaagagtc	tacttgcaat	gtctcaactc	1860
	tcaccaaag	tctcgacttt	gcaggacact	gcatcacgtc	atgtaggtaa	ctcaaaatct	1920
15	cagattgcaa	ccagcaaccc	atctcggcat	cactcgacac	ccaatcagat	gtcactctca	1980
	aatcgaaaaa	cggttgtagc	aactttctta	acaactgact	tggaaaaata	ctgcctgcag	2040
20	tggcgatatt	caactattaa	attgtttgca	caagctctaa	atcaactctt	tgggattgat	2100
	cacggatttg	aatggataca	tttaagactt	atgaacagca	ccttatttgt	tggcgatcct	2160
	tactcgcttc	ctgaagatcc	aacactagaa	gatatagata	aagcaccaaa	tgatgatatc	2220
25	ttcatagttt	ctccaagggg	aggcatagag	ggtttatgtc	agaaaatgtg	gaccatgata	2280
	tcaattagtg	ctatacactg	tgtagcagag	aaaattgggtg	cacgagtggc	agcaatgggtg	2340
30	cagggtgata	atcaagtaat	agctatcacc	aaagaattat	tcagaggaga	gaaagcttgt	2400
	gatgtcagag	atgagttaga	cgagcttggt	caagtgtttt	ttgatgagtt	caagagacac	2460
	aattatgcaa	ttggacacaa	tcttaagcta	aatgagacaa	tacaaagcca	atcctttttt	2520
35	gtatatcca	aacgaatatt	ctttgaaggg	cgattgctta	gtcaagtcct	caaaaatgct	2580
	gccaagttat	gtatggttgc	tgaccatcta	ggtgaaaaca	ctgtatcttc	ctgtagcaac	2640
40	ctgagctcga	caattgccc	cttagtgga	aatgggtttg	agaaggacac	tgcttttggtg	2700
	ttgaacctag	tctacatcat	gactcagatt	ctttttgatg	agcattactc	gattgtatgc	2760
	gatcaccata	gtgtcaaaag	cttgattgga	tcaaaaaacc	atcggaattt	attgtattca	2820
45	tctctaatac	caggtcagct	cggcggtttc	aacttcctca	atataagtcg	gttggttcaact	2880
	aggaatatag	gtgaccagct	aacatgtagt	ctgtctgatc	tcaaatgctt	catagccgca	2940
50	ggtctccttc	caccctatgt	cctaaaaaat	gtggttctgc	gtgagcctgg	tcctgggaca	3000
	tggttgacgt	tgtgctctga	tccttacacc	cttaacatac	catacacaca	gcttccaacc	3060
55	acatatctca	aaaagcacac	ccagcgatca	ttgctttcac	gtgcagtaaa	tcctttatta	3120
	gccggtgtac	aagtgccaaa	tcagcatgag	gaagaagaga	tggtggctcg	ctttctcctt	3180
	gatcgtgaat	atgtgatgcc	ccgcgttgct	catgtaatac	tagaatcatc	agtccttggc	3240
60	aaacggaaac	aaatccaagg	cttaattgat	acaactccaa	ccatcattag	aacatctcta	3300
	gttaatctgc	cagtgtctag	aaagaaatgc	gaaaaaataa	tcaattactc	tctcaattat	3360
65	attgctgagt	gtcatgactc	cttacttagc	caggtctgct	tcagtgataa	taaggaatac	3420
	ttgtgggtcaa	cctccttaat	atcagttgag	acctgtagtg	tgacaattgc	ggactatctg	3480
	agagctgtca	gctgggtctaa	tatattaggg	ggaagaaaca	tatccgggggt	gactacacct	3540

	gatactattg	aattaattca	aggttgttta	atagggtgaaa	attctagttg	tactctttgt	3600
5	gaatcgcatg	atgacgcatt	cacgtggatg	cacttgcctg	gcccacttta	catccctgaa	3660
	ccatcagtta	ctaactctaa	aatgcgtgtg	ccatatctgg	gttcaaaaac	agaggagcgg	3720
	aaaacagcct	caatggcagc	aataaaaagga	atgtcacatc	acctgcgtgc	agtcttaaga	3780
10	ggcacatccg	tattttatttg	ggcatttggg	gatacagata	tcaattggga	taatgcattg	3840
	cagattgccc	aatcacggtg	taacatcaca	ttggatcaaa	tgagattact	tacaccaatt	3900
	cctagcagtt	caaataattca	acatagactc	gatgacggaa	tcagcacgca	gaaatttact	3960
15	cctgcaagcc	ttgctcgaat	cacatccttc	gttcacatct	gtaatgacag	ccagagggtta	4020
	gagaaggatg	gctcatctgt	cgactcaaac	ttgattttacc	agcaaattat	gttacttgga	4080
20	ctcagcatct	ttgaaacaat	gtactcaatg	gaccaaaggt	gggtattcaa	taaccatacc	4140
	ttgcatttgc	acactggaca	ctcctgttgt	ccaagggaaac	tagacataag	tttgggtgaac	4200
	ccgccgagac	atcagacccc	ggagctgact	agcacaacaa	ccaacccgtt	cctatatgat	4260
25	cagctcccat	taaatcaaga	aaacttgaca	acacttgaga	ttaagacatt	taaattcaat	4320
	gagctcaaca	ttgatgggtt	agattttggt	gaaggaatac	aattattgag	tcgttgtact	4380
30	gcaagattaa	tggcagaatg	tattctagag	gagggaaatag	gctcgtcagt	taaaaatgaa	4440
	gcaattgtca	atgttgataa	ttcagtcagt	tggttttcag	agtgccctaat	gtgtgatatt	4500
	cgctcacttt	gtgttaattt	agggtcaagag	atactatgta	gcctggcata	ccaaatgtat	4560
35	tactttgcga	tcaggggtag	acggggccatt	cttaattact	tggaacacaa	tttgcaaagg	4620
	atccctgtga	tacaattagc	caacattgca	ctcaccattt	cgcaccctga	gatatttcgc	4680
40	agaattgtca	acaccgggat	ccataaccag	attaagggcc	catatgtggc	aacaacggat	4740
	ttcatagctg	caagtagaga	tatcatatta	tcagggtgcaa	gggagtatct	atcttattta	4800
	agcagtgggc	aggaagactg	ttacacattc	ttcaactgtc	aagatgggga	tcttactcca	4860
45	aaaatggaac	agtatcttgc	aaggagggca	tgcccttttaa	cattattgta	taatactggg	4920
	caccagatcc	ccgttatccg	atcactgacg	ccaatagaga	agtgcaagggt	gctcacagaa	4980
50	tacaatcaac	aaattgagta	cgcagatcaa	gagtttagct	ctgtactaaa	agtgggtcaat	5040
	gcactactac	aaaatcctaa	gatagatgca	ttagtttcaa	atctctactt	caccaccaga	5100
	cgtgtttctat	caaacctcag	atcatgtgat	aaggctagat	catatatattga	atattttgtac	5160
55	actgaggact	tcggagagaa	agaggatata	gtacaatatg	acatcatgac	aacaaacgat	5220
	atcatactta	ctcatggtct	attcacacag	atcgaaatat	cttatcaagg	gaatagtctc	5280
60	cataagttcc	ttactccgga	taacgcgcct	ggatctttga	tcccattctc	tatttcacca	5340
	aattcacttg	catgtgaccc	tcttcatcac	ttgctcaagt	cggtcggtac	atcaagcaca	5400
	agttggtaca	agtatgcaat	cgcctatgca	gtgtctgaaa	agagggtcagc	tcgattagga	5460
65	gggagcttgt	acattgggtga	agggagcgga	agtgtgatga	ctttactcga	gtatcttgag	5520
	ccatctgttg	acataatttta	caattcactc	ttctcaaagt	gtatgaaccc	accacaacga	5580

aattatgggc ttatgccact acaatttgtg aattcgggtg tttataagaa cttaacggct 5640
 5 aaatcagaat gtaagctagg gtttgtccag caatttaaac cgttgtggag agacatagac 5700
 attgagacta atgttacaga tccatcattt atcaattttg cattgaatga aatcccaatg 5760
 caatcattaa aacgagtaaa ttgtgatgtg gaatttgacc gtggtatgcc gattgaacgg 5820
 10 gttattcagg gttacaccca tatcttactt gttgccactt acggattaca gcaagattca 5880
 atactgtggg tgaagggtata taggacatct gaaaaagtat ttcaattctt actgagtgcc 5940
 atgatcatga tctttgggta tgtaaaaatc cacaggaatg gttatatgtc gacaaaggat 6000
 15 gaagagtaca tattgatgtc tgactgcaag gaacctgtaa actatacagc tgtccctaac 6060
 attcttacac gtgtaagtga tttagtgtcg aagaatctga gtcttatcca tccagaagac 6120
 20 ctcagaaaag taagggtgtga aacagattcc ctgaatttga agtgcaatca tatttatgag 6180
 aaaataattg ccagaaaaat tccattacag gtatcatcaa ctgactcttt gtcctccaa 6240
 ttaggcggtg ttatcaactc ggtgggctca actgatccta gagagggtgc aacattatct 6300
 25 tctattgagt gtatggacta tgttgtctca tcaattgatt tggctatatt ggaggcaaat 6360
 attgtaatct cagagagtgc tggctctgac ctcgctttaa tgtaggccc attcaactta 6420
 30 aataagctta agaaaattga cacaatcctt aagtcaagca cctatcagct aatcccgtac 6480
 tggttgcgct atgagtactc tattaatccg agatctttgt catttctaata cactaaatta 6540
 35 caacaatgcc gaatttcatg gtcagatatg atcacgattt ctgaatttcg taagaaatcc 6600
 aagcggccta tatttatcaa acgagtaata gggaatcaac agctaaaatc attctttaat 6660
 gaaagctcaa gtattgtttt gactcgggct gaagttaaag tctgtataaa gttcctcggt 6720
 40 gcaatcatca agttgaaata a 6741

<210> 13
 <211> 2246
 45 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Proteína 1 de L de APMV8
 50 <400> 13

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

ES 2 622 087 T3

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

ES 2 622 087 T3

	Asp	Asn	Thr	Leu	Ser	Lys	Arg	Val	Asp	Pro	Lys	His	Lys	Asn	Thr	Ile	
				340					345					350			
5	Met	Ser	Ile	Ile	Arg	Gln	Cys	Phe	Ser	Asn	Leu	Asp	Val	Asp	Gln	Ala	
			355					360					365				
10	Ala	Glu	Met	Leu	Cys	Leu	Met	Arg	Leu	Phe	Gly	His	Pro	Met	Leu	Thr	
		370					375					380					
15	Ala	Pro	Asp	Ala	Ala	Ala	Lys	Val	Arg	Lys	Ala	Met	Cys	Ala	Pro	Lys	
	385					390					395					400	
20	Leu	Val	Glu	His	Asp	Thr	Ile	Leu	Gln	Thr	Leu	Ser	Phe	Phe	Lys	Gly	
					405					410					415		
25	Ile	Ile	Ile	Asn	Gly	Tyr	Arg	Arg	Ser	His	Ser	Gly	Leu	Trp	Pro	Asn	
				420					425					430			
30	Val	Glu	Pro	Ser	Ser	Ile	Tyr	Asp	Asp	Asp	Leu	Arg	Gln	Leu	Tyr	Leu	
			435					440					445				
35	Glu	Ser	Ala	Glu	Ile	Ser	His	His	Phe	Met	Leu	Lys	Asn	Tyr	Lys	Ser	
	450						455					460					
40	Leu	Ser	Met	Ile	Glu	Phe	Lys	Lys	Ser	Ile	Asp	Tyr	Asp	Leu	His	Asp	
	465					470					475					480	
45	Asp	Leu	Ser	Thr	Phe	Leu	Lys	Asp	Arg	Ala	Ile	Cys	Arg	Pro	Lys	Ser	
					485					490					495		
50	Gln	Trp	Asp	Val	Ile	Phe	Arg	Lys	Ser	Leu	Arg	Arg	Ser	His	Thr	Gln	
				500					505					510			
55	Ser	Gln	Tyr	Leu	Asp	Glu	Ile	Lys	Ser	Asn	Arg	Leu	Leu	Ile	Asp	Phe	
			515					520					525				
60	Leu	Asp	Ser	Ala	Glu	Phe	Asp	Pro	Gly	Lys	Glu	Phe	Ala	Tyr	Val	Thr	
	530						535					540					
65	Thr	Met	Asp	Tyr	Leu	His	Asp	Asn	Glu	Phe	Cys	Ala	Ser	Tyr	Ser	Leu	
	545					550					555					560	
70	Lys	Glu	Lys	Glu	Ile	Lys	Thr	Thr	Gly	Arg	Ile	Phe	Ala	Lys	Met	Thr	
					565					570					575		
75	Arg	Asn	Met	Arg	Ser	Cys	Gln	Val	Ile	Leu	Glu	Ser	Leu	Leu	Ser	Lys	
				580					585					590			
80	His	Ile	Cys	Lys	Phe	Phe	Lys	Glu	Asn	Gly	Val	Ser	Met	Glu	Gln	Leu	
			595					600					605				

ES 2 622 087 T3

	Ser	Leu	Thr	Lys	Ser	Leu	Leu	Ala	Met	Ser	Gln	Leu	Ser	Pro	Lys	Val
	610					615					620					
5	Ser	Thr	Leu	Gln	Asp	Thr	Ala	Ser	Arg	His	Val	Gly	Asn	Ser	Lys	Ser
	625					630					635					640
10	Gln	Ile	Ala	Thr	Ser	Asn	Pro	Ser	Arg	His	His	Ser	Thr	Pro	Asn	Gln
					645					650					655	
15	Met	Ser	Leu	Ser	Asn	Arg	Lys	Thr	Val	Val	Ala	Thr	Phe	Leu	Thr	Thr
				660					665					670		
20	Asp	Leu	Glu	Lys	Tyr	Cys	Leu	Gln	Trp	Arg	Tyr	Ser	Thr	Ile	Lys	Leu
			675					680					685			
25	Phe	Ala	Gln	Ala	Leu	Asn	Gln	Leu	Phe	Gly	Ile	Asp	His	Gly	Phe	Glu
		690					695					700				
30	Trp	Ile	His	Leu	Arg	Leu	Met	Asn	Ser	Thr	Leu	Phe	Val	Gly	Asp	Pro
	705					710					715					720
35	Tyr	Ser	Pro	Pro	Glu	Asp	Pro	Thr	Leu	Glu	Asp	Ile	Asp	Lys	Ala	Pro
					725					730					735	
40	Asn	Asp	Asp	Ile	Phe	Ile	Val	Ser	Pro	Arg	Gly	Gly	Ile	Glu	Gly	Leu
				740					745					750		
45	Cys	Gln	Lys	Met	Trp	Thr	Met	Ile	Ser	Ile	Ser	Ala	Ile	His	Cys	Val
			755					760					765			
50	Ala	Glu	Lys	Ile	Gly	Ala	Arg	Val	Ala	Ala	Met	Val	Gln	Gly	Asp	Asn
		770					775					780				
55	Gln	Val	Ile	Ala	Ile	Thr	Lys	Glu	Leu	Phe	Arg	Gly	Glu	Lys	Ala	Cys
	785					790					795					800
60	Asp	Val	Arg	Asp	Glu	Leu	Asp	Glu	Leu	Gly	Gln	Val	Phe	Phe	Asp	Glu
					805					810					815	
65	Phe	Lys	Arg	His	Asn	Tyr	Ala	Ile	Gly	His	Asn	Leu	Lys	Leu	Asn	Glu
				820					825					830		
70	Thr	Ile	Gln	Ser	Gln	Ser	Phe	Phe	Val	Tyr	Ser	Lys	Arg	Ile	Phe	Phe
			835					840					845			
75	Glu	Gly	Arg	Leu	Leu	Ser	Gln	Val	Leu	Lys	Asn	Ala	Ala	Lys	Leu	Cys
		850					855					860				
80	Met	Val	Ala	Asp	His	Leu	Gly	Glu	Asn	Thr	Val	Ser	Ser	Cys	Ser	Asn
	865					870					875					880

ES 2 622 087 T3

Leu Ser Ser Thr Ile Ala Arg Leu Val Glu Asn Gly Phe Glu Lys Asp
 885 890 895
 5 Thr Ala Phe Val Leu Asn Leu Val Tyr Ile Met Thr Gln Ile Leu Phe
 900 905 910
 10 Asp Glu His Tyr Ser Ile Val Cys Asp His His Ser Val Lys Ser Leu
 915 920 925
 15 Ile Gly Ser Lys Asn His Arg Asn Leu Leu Tyr Ser Ser Leu Ile Pro
 930 935 940
 20 Gly Gln Leu Gly Gly Phe Asn Phe Leu Asn Ile Ser Arg Leu Phe Thr
 945 950 955 960
 25 Arg Asn Ile Gly Asp Pro Val Thr Cys Ser Leu Ser Asp Leu Lys Cys
 965 970 975
 30 Phe Ile Ala Ala Gly Leu Leu Pro Pro Tyr Val Leu Lys Asn Val Val
 980 985 990
 35 Leu Arg Glu Pro Gly Pro Gly Thr Trp Leu Thr Leu Cys Ser Asp Pro
 995 1000 1005
 40 Tyr Thr Leu Asn Ile Pro Tyr Thr Gln Leu Pro Thr Thr Tyr Leu
 1010 1015 1020
 45 Lys Lys His Thr Gln Arg Ser Leu Leu Ser Arg Ala Val Asn Pro
 1025 1030 1035
 50 Leu Leu Ala Gly Val Gln Val Pro Asn Gln His Glu Glu Glu Glu
 1040 1045 1050
 55 Met Leu Ala Arg Phe Leu Leu Asp Arg Glu Tyr Val Met Pro Arg
 1055 1060 1065
 60 Val Ala His Val Ile Leu Glu Ser Ser Val Leu Gly Lys Arg Lys
 1070 1075 1080
 65 Gln Ile Gln Gly Leu Ile Asp Thr Thr Pro Thr Ile Ile Arg Thr
 1085 1090 1095
 70 Ser Leu Val Asn Leu Pro Val Ser Arg Lys Lys Cys Glu Lys Ile
 1100 1105 1110
 75 Ile Asn Tyr Ser Leu Asn Tyr Ile Ala Glu Cys His Asp Ser Leu
 1115 1120 1125
 80 Leu Ser Gln Val Cys Phe Ser Asp Asn Lys Glu Tyr Leu Trp Ser
 1130 1135 1140

ES 2 622 087 T3

	Thr	Ser	Leu	Ile	Ser	Val	Glu	Thr	Cys	Ser	Val	Thr	Ile	Ala	Asp
		1145					1150					1155			
5	Tyr	Leu	Arg	Ala	Val	Ser	Trp	Ser	Asn	Ile	Leu	Gly	Gly	Arg	Asn
		1160					1165					1170			
10	Ile	Ser	Gly	Val	Thr	Thr	Pro	Asp	Thr	Ile	Glu	Leu	Ile	Gln	Gly
		1175					1180					1185			
15	Cys	Leu	Ile	Gly	Glu	Asn	Ser	Ser	Cys	Thr	Leu	Cys	Glu	Ser	His
		1190					1195					1200			
20	Asp	Asp	Ala	Phe	Thr	Trp	Met	His	Leu	Pro	Gly	Pro	Leu	Tyr	Ile
		1205					1210					1215			
25	Pro	Glu	Pro	Ser	Val	Thr	Asn	Ser	Lys	Met	Arg	Val	Pro	Tyr	Leu
		1220					1225					1230			
30	Gly	Ser	Lys	Thr	Glu	Glu	Arg	Lys	Thr	Ala	Ser	Met	Ala	Ala	Ile
		1235					1240					1245			
35	Lys	Gly	Met	Ser	His	His	Leu	Arg	Ala	Val	Leu	Arg	Gly	Thr	Ser
		1250					1255					1260			
40	Val	Phe	Ile	Trp	Ala	Phe	Gly	Asp	Thr	Asp	Ile	Asn	Trp	Asp	Asn
		1265					1270					1275			
45	Ala	Leu	Gln	Ile	Ala	Gln	Ser	Arg	Cys	Asn	Ile	Thr	Leu	Asp	Gln
		1280					1285					1290			
50	Met	Arg	Leu	Leu	Thr	Pro	Ile	Pro	Ser	Ser	Ser	Asn	Ile	Gln	His
		1295					1300					1305			
55	Arg	Leu	Asp	Asp	Gly	Ile	Ser	Thr	Gln	Lys	Phe	Thr	Pro	Ala	Ser
		1310					1315					1320			
60	Leu	Ala	Arg	Ile	Thr	Ser	Phe	Val	His	Ile	Cys	Asn	Asp	Ser	Gln
		1325					1330					1335			
65	Arg	Leu	Glu	Lys	Asp	Gly	Ser	Ser	Val	Asp	Ser	Asn	Leu	Ile	Tyr
		1340					1345					1350			
70	Gln	Gln	Ile	Met	Leu	Leu	Gly	Leu	Ser	Ile	Phe	Glu	Thr	Met	Tyr
		1355					1360					1365			
75	Ser	Met	Asp	Gln	Lys	Trp	Val	Phe	Asn	Asn	His	Thr	Leu	His	Leu
		1370					1375					1380			
80	His	Thr	Gly	His	Ser	Cys	Cys	Pro	Arg	Glu	Leu	Asp	Ile	Ser	Leu
		1385					1390					1395			

ES 2 622 087 T3

	Val	Asn 1400	Pro	Pro	Arg	His	Gln 1405	Thr	Pro	Glu	Leu	Thr 1410	Ser	Thr	Thr
5	Thr	Asn 1415	Pro	Phe	Leu	Tyr	Asp 1420	Gln	Leu	Pro	Leu	Asn 1425	Gln	Glu	Asn
10	Leu	Thr 1430	Thr	Leu	Glu	Ile	Lys 1435	Thr	Phe	Lys	Phe	Asn 1440	Glu	Leu	Asn
15	Ile	Asp 1445	Gly	Leu	Asp	Phe	Gly 1450	Glu	Gly	Ile	Gln	Leu 1455	Leu	Ser	Arg
20	Cys	Thr 1460	Ala	Arg	Leu	Met	Ala 1465	Glu	Cys	Ile	Leu	Glu 1470	Glu	Gly	Ile
25	Gly	Ser 1475	Ser	Val	Lys	Asn	Glu 1480	Ala	Ile	Val	Asn	Phe 1485	Asp	Asn	Ser
30	Val	Asn 1490	Trp	Ile	Ser	Glu	Cys 1495	Leu	Met	Cys	Asp	Ile 1500	Arg	Ser	Leu
35	Cys	Val 1505	Asn	Leu	Gly	Gln	Glu 1510	Ile	Leu	Cys	Ser	Leu 1515	Ala	Tyr	Gln
40	Met	Tyr 1520	Tyr	Leu	Arg	Ile	Arg 1525	Gly	Arg	Arg	Ala	Ile 1530	Leu	Asn	Tyr
45	Leu	Asp 1535	Thr	Thr	Leu	Gln	Arg 1540	Ile	Pro	Val	Ile	Gln 1545	Leu	Ala	Asn
50	Ile	Ala 1550	Leu	Thr	Ile	Ser	His 1555	Pro	Glu	Ile	Phe	Arg 1560	Arg	Ile	Val
55	Asn	Thr 1565	Gly	Ile	His	Asn	Gln 1570	Ile	Lys	Gly	Pro	Tyr 1575	Val	Ala	Thr
60	Thr	Asp 1580	Phe	Ile	Ala	Ala	Ser 1585	Arg	Asp	Ile	Ile	Leu 1590	Ser	Gly	Ala
65	Arg	Glu 1595	Tyr	Leu	Ser	Tyr	Leu 1600	Ser	Ser	Gly	Gln	Glu 1605	Asp	Cys	Tyr
	Thr	Phe 1610	Phe	Asn	Cys	Gln	Asp 1615	Gly	Asp	Leu	Thr	Pro 1620	Lys	Met	Glu
	Gln	Tyr 1625	Leu	Ala	Arg	Arg	Ala 1630	Cys	Leu	Leu	Thr	Leu 1635	Leu	Tyr	Asn
	Thr	Gly 1640	His	Gln	Ile	Pro	Val 1645	Ile	Arg	Ser	Leu	Thr 1650	Pro	Ile	Glu

ES 2 622 087 T3

	Lys	Cys 1655	Lys	Val	Leu	Thr	Glu 1660	Tyr	Asn	Gln	Gln	Ile 1665	Glu	Tyr	Ala
5	Asp	Gln 1670	Glu	Phe	Ser	Ser	Val 1675	Leu	Lys	Val	Val	Asn 1680	Ala	Leu	Leu
10	Gln	Asn 1685	Pro	Lys	Ile	Asp	Ala 1690	Leu	Val	Ser	Asn	Leu 1695	Tyr	Phe	Thr
15	Thr	Arg 1700	Arg	Val	Leu	Ser	Asn 1705	Leu	Arg	Ser	Cys	Asp 1710	Lys	Ala	Arg
	Ser	Tyr 1715	Ile	Glu	Tyr	Leu	Tyr 1720	Thr	Glu	Asp	Phe	Gly 1725	Glu	Lys	Glu
20	Asp	Thr 1730	Val	Gln	Tyr	Asp	Ile 1735	Met	Thr	Thr	Asn	Asp 1740	Ile	Ile	Leu
25	Thr	His 1745	Gly	Leu	Phe	Thr	Gln 1750	Ile	Glu	Ile	Ser	Tyr 1755	Gln	Gly	Asn
30	Ser	Leu 1760	His	Lys	Phe	Leu	Thr 1765	Pro	Asp	Asn	Ala	Pro 1770	Gly	Ser	Leu
35	Ile	Pro 1775	Phe	Ser	Ile	Ser	Pro 1780	Asn	Ser	Leu	Ala	Cys 1785	Asp	Pro	Leu
	His	His 1790	Leu	Leu	Lys	Ser	Val 1795	Gly	Thr	Ser	Ser	Thr 1800	Ser	Trp	Tyr
40	Lys	Tyr 1805	Ala	Ile	Ala	Tyr	Ala 1810	Val	Ser	Glu	Lys	Arg 1815	Ser	Ala	Arg
45	Leu	Gly 1820	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ile 1825	Gly	Glu	Gly	Ser	Gly 1830	Ser	Val	Met
50	Thr	Leu 1835	Leu	Glu	Tyr	Leu	Glu 1840	Pro	Ser	Val	Asp	Ile 1845	Phe	Tyr	Asn
55	Ser	Leu 1850	Phe	Ser	Asn	Gly	Met 1855	Asn	Pro	Pro	Gln	Arg 1860	Asn	Tyr	Gly
	Leu	Met 1865	Pro	Leu	Gln	Phe	Val 1870	Asn	Ser	Val	Val	Tyr 1875	Lys	Asn	Leu
60	Thr	Ala 1880	Lys	Ser	Glu	Cys	Lys 1885	Leu	Gly	Phe	Val	Gln 1890	Gln	Phe	Lys
65	Pro	Leu 1895	Trp	Arg	Asp	Ile	Asp 1900	Ile	Glu	Thr	Asn	Val 1905	Thr	Asp	Pro

ES 2 622 087 T3

	Ser	Phe	Ile	Asn	Phe	Ala	Leu	Asn	Glu	Ile	Pro	Met	Gln	Ser	Leu
		1910					1915					1920			
5	Lys	Arg	Val	Asn	Cys	Asp	Val	Glu	Phe	Asp	Arg	Gly	Met	Pro	Ile
		1925					1930					1935			
10	Glu	Arg	Val	Ile	Gln	Gly	Tyr	Thr	His	Ile	Leu	Leu	Val	Ala	Thr
		1940					1945					1950			
15	Tyr	Gly	Leu	Gln	Gln	Asp	Ser	Ile	Leu	Trp	Val	Lys	Val	Tyr	Arg
		1955					1960					1965			
20	Thr	Ser	Glu	Lys	Val	Phe	Gln	Phe	Leu	Leu	Ser	Ala	Met	Ile	Met
		1970					1975					1980			
25	Ile	Phe	Gly	Tyr	Val	Lys	Ile	His	Arg	Asn	Gly	Tyr	Met	Ser	Thr
		1985					1990					1995			
30	Lys	Asp	Glu	Glu	Tyr	Ile	Leu	Met	Ser	Asp	Cys	Lys	Glu	Pro	Val
		2000					2005					2010			
35	Asn	Tyr	Thr	Ala	Val	Pro	Asn	Ile	Leu	Thr	Arg	Val	Ser	Asp	Leu
		2015					2020					2025			
40	Val	Ser	Lys	Asn	Leu	Ser	Leu	Ile	His	Pro	Glu	Asp	Leu	Arg	Lys
		2030					2035					2040			
45	Val	Arg	Cys	Glu	Thr	Asp	Ser	Leu	Asn	Leu	Lys	Cys	Asn	His	Ile
		2045					2050					2055			
50	Tyr	Glu	Lys	Ile	Ile	Ala	Arg	Lys	Ile	Pro	Leu	Gln	Val	Ser	Ser
		2060					2065					2070			
55	Thr	Asp	Ser	Leu	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Gly	Val	Ile	Asn	Ser	Val
		2075					2080					2085			
60	Gly	Ser	Thr	Asp	Pro	Arg	Glu	Val	Ala	Thr	Leu	Ser	Ser	Ile	Glu
		2090					2095					2100			
65	Cys	Met	Asp	Tyr	Val	Val	Ser	Ser	Ile	Asp	Leu	Ala	Ile	Leu	Glu
		2105					2110					2115			
70	Ala	Asn	Ile	Val	Ile	Ser	Glu	Ser	Ala	Gly	Leu	Asp	Leu	Ala	Leu
		2120					2125					2130			
75	Met	Leu	Gly	Pro	Phe	Asn	Leu	Asn	Lys	Leu	Lys	Lys	Ile	Asp	Thr
		2135					2140					2145			
80	Ile	Leu	Lys	Ser	Ser	Thr	Tyr	Gln	Leu	Ile	Pro	Tyr	Trp	Leu	Arg
		2150					2155					2160			

ES 2 622 087 T3

Tyr Glu Tyr Ser Ile Asn Pro Arg Ser Leu Ser Phe Leu Ile Thr
 2165 2170 2175
 5 Lys Leu Gln Gln Cys Arg Ile Ser Trp Ser Asp Met Ile Thr Ile
 2180 2185 2190
 10 Ser Glu Phe Arg Lys Lys Ser Lys Arg Pro Ile Phe Ile Lys Arg
 2195 2200 2205
 15 Val Ile Gly Asn Gln Gln Leu Lys Ser Phe Phe Asn Glu Ser Ser
 2210 2215 2220
 Ser Ile Val Leu Thr Arg Ala Glu Val Lys Val Cys Ile Lys Phe
 2225 2230 2235
 20 Leu Gly Ala Ile Ile Lys Leu Lys
 2240 2245
 25 <210> 14
 <211> 2238
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial
 30 <220>
 <223> Proteína 2 de L de APMV8
 <400> 14
 35 Met Asp Ile Lys Gln Val Asp Leu Ile Ile Gln Pro Glu Val His Leu
 1 5 10 15
 40 Asp Ser Pro Ile Ile Leu Asn Lys Leu Ala Leu Leu Trp Arg Leu Ser
 20 25 30
 Gly Leu Pro Met Pro Ala Asp Leu Arg Gln Lys Ser Val Val Met His
 35 40 45
 45 Ile Pro Asp His Ile Leu Glu Lys Ser Glu Tyr Arg Ile Lys His Arg
 50 55 60
 50 Leu Gly Lys Ile Lys Ser Asp Ile Thr His Tyr Cys Gln Tyr Phe Asn
 65 70 75 80
 55 Ile Asn Leu Ala Asn Ile Asp Pro Ile Thr His Pro Lys Ser Leu Tyr
 85 90 95
 60 Trp Leu Ser Arg Leu Thr Ile Ala Ser Ala Gly Thr Phe Arg His Met
 100 105 110
 Lys Asp Arg Ile Leu Cys Thr Val Gly Ser Glu Phe Gly His Lys Ile
 115 120 125
 65 Gln Asp Leu Phe Ser Leu Leu Ser His Lys Leu Val Gly Asn Gly Asp
 130 135 140

ES 2 622 087 T3

5 Leu Phe Asn Gln Ser Leu Ser Gly Thr Arg Leu Thr Ala Ser Pro Leu
 145 150 155 160
 Ser Pro Leu Cys Asn Gln Phe Val Ser Asp Ile Lys Ser Ala Val Thr
 165 170 175
 10 Thr Pro Trp Ser Glu Ala Arg Trp Ser Trp Leu His Ile Lys Gln Thr
 180 185 190
 15 Met Arg Tyr Leu Ile Lys Gln Ser Arg Thr Thr Asn Ser Ala His Leu
 195 200 205
 20 Thr Glu Ile Ile Lys Glu Glu Trp Gly Leu Val Gly Ile Thr Pro Asp
 210 215 220
 25 Leu Val Ile Leu Phe Asp Arg Val Asn Asn Ser Leu Thr Ala Leu Thr
 225 230 235 240
 Phe Glu Met Val Leu Met Tyr Ser Asp Val Leu Glu Ser Arg Asp Asn
 245 250 255
 30 Ile Val Leu Val Gly Arg Leu Ser Thr Phe Leu Gln Pro Val Val Ser
 260 265 270
 35 Arg Leu Glu Val Leu Phe Asp Leu Val Asp Ser Leu Ala Lys Ile Leu
 275 280 285
 40 Gly Asp Thr Ile Tyr Glu Ile Ile Ala Val Leu Glu Ser Leu Ser Tyr
 290 295 300
 45 Gly Ser Val Gln Leu His Asp Ala Ser His Ser His Ala Gly Ser Phe
 305 310 315 320
 Phe Ser Phe Asn Met Asn Glu Leu Asp Asn Thr Leu Ser Lys Arg Val
 325 330 335
 50 Asp Pro Lys His Lys Asn Thr Ile Met Ser Ile Ile Arg Gln Cys Phe
 340 345 350
 55 Ser Asn Leu Asp Val Asp Gln Ala Ala Glu Met Leu Cys Leu Met Arg
 355 360 365
 60 Leu Phe Gly His Pro Met Leu Thr Ala Pro Asp Ala Ala Ala Lys Val
 370 375 380
 65 Arg Lys Ala Met Cys Ala Pro Lys Leu Val Glu His Asp Thr Ile Leu
 385 390 395 400
 Gln Thr Leu Ser Phe Phe Lys Gly Ile Ile Ile Asn Gly Tyr Arg Arg
 405 410 415

ES 2 622 087 T3

5 Ser His Ser Gly₄₂₀ Leu Trp Pro Asn Val₄₂₅ Glu Pro Ser Ser Ile₄₃₀ Tyr Asp
 Asp Asp Leu₄₃₅ Arg Gln Leu Tyr Leu₄₄₀ Glu Ser Ala Glu Ile₄₄₅ Ser His His
 10 Phe Met₄₅₀ Leu Lys Asn Tyr Lys₄₅₅ Ser Leu Ser Met Ile₄₆₀ Glu Phe Lys Lys
 15 Ser Ile₄₆₅ Asp Tyr Asp Leu₄₇₀ His Asp Asp Leu Ser₄₇₅ Thr Phe Leu Lys Asp₄₈₀
 20 Arg Ala Ile Cys Arg₄₈₅ Pro Lys Ser Gln Trp₄₉₀ Asp Val Ile Phe Arg₄₉₅ Lys
 25 Ser Leu Arg Arg₅₀₀ Ser His Thr Gln Ser₅₀₅ Gln Tyr Leu Asp Glu₅₁₀ Ile Lys
 Ser Asn Arg₅₁₅ Leu Leu Ile Asp Phe₅₂₀ Leu Asp Ser Ala Glu₅₂₅ Phe Asp Pro
 30 Gly Lys₅₃₀ Glu Phe Ala Tyr Val₅₃₅ Thr Thr Met Asp Tyr₅₄₀ Leu His Asp Asn
 35 Glu Phe₅₄₅ Cys Ala Ser Tyr₅₅₀ Ser Leu Lys Glu Lys₅₅₅ Glu Ile Lys Thr Thr₅₆₀
 40 Gly Arg Ile Phe Ala₅₆₅ Lys Met Thr Arg Asn₅₇₀ Met Arg Ser Cys Gln Val₅₇₅
 45 Ile Leu Glu Ser₅₈₀ Leu Leu Ser Lys His₅₈₅ Ile Cys Lys Phe Phe₅₉₀ Lys Glu
 Asn Gly Val₅₉₅ Ser Met Glu Gln Leu₆₀₀ Ser Leu Thr Lys Ser₆₀₅ Leu Leu Ala
 50 Met Ser₆₁₀ Gln Leu Ser Pro Lys₆₁₅ Val Ser Thr Leu Gln₆₂₀ Asp Thr Ala Ser
 55 Arg His Val Gly Asn Ser₆₃₀ Lys Ser Gln Ile Ala₆₃₅ Thr Ser Asn Pro Ser₆₄₀
 60 Arg His His Ser Thr₆₄₅ Pro Asn Gln Met Ser₆₅₀ Leu Ser Asn Arg Lys₆₅₅ Thr
 65 Val Val Ala Thr₆₆₀ Phe Leu Thr Thr Asp₆₆₅ Leu Glu Lys Tyr Cys₆₇₀ Leu Gln
 Trp Arg Tyr₆₇₅ Ser Thr Ile Lys Leu₆₈₀ Phe Ala Gln Ala Leu₆₈₅ Asn Gln Leu

ES 2 622 087 T3

5 Phe Gly Ile Asp His Gly Phe Glu Trp Ile His Leu Arg Leu Met Asn
 690 695 700
 Ser Thr Leu Phe Val Gly Asp Pro Tyr Ser Pro Pro Glu Asp Pro Thr
 705 710 715 720
 10 Leu Glu Asp Ile Asp Lys Ala Pro Asn Asp Asp Ile Phe Ile Val Ser
 725 730 735
 15 Pro Arg Gly Gly Ile Glu Gly Leu Cys Gln Lys Met Trp Thr Met Ile
 740 745 750
 20 Ser Ile Ser Ala Ile His Cys Val Ala Glu Lys Ile Gly Ala Arg Val
 755 760 765
 25 Ala Ala Met Val Gln Gly Asp Asn Gln Val Ile Ala Ile Thr Lys Glu
 770 775 780
 Leu Phe Arg Gly Glu Lys Ala Cys Asp Val Arg Asp Glu Leu Asp Glu
 785 790 795 800
 30 Leu Gly Gln Val Phe Phe Asp Glu Phe Lys Arg His Asn Tyr Ala Ile
 805 810 815
 35 Gly His Asn Leu Lys Leu Asn Glu Thr Ile Gln Ser Gln Ser Phe Phe
 820 825 830
 40 Val Tyr Ser Lys Arg Ile Phe Phe Glu Gly Arg Leu Leu Ser Gln Val
 835 840 845
 45 Leu Lys Asn Ala Ala Lys Leu Cys Met Val Ala Asp His Leu Gly Glu
 850 855 860
 Asn Thr Val Ser Ser Cys Ser Asn Leu Ser Ser Thr Ile Ala Arg Leu
 865 870 875 880
 50 Val Glu Asn Gly Phe Glu Lys Asp Thr Ala Phe Val Leu Asn Leu Val
 885 890 895
 55 Tyr Ile Met Thr Gln Ile Leu Phe Asp Glu His Tyr Ser Ile Val Cys
 900 905 910
 60 Asp His His Ser Val Lys Ser Leu Ile Gly Ser Lys Asn His Arg Asn
 915 920 925
 65 Leu Leu Tyr Ser Ser Leu Ile Pro Gly Gln Leu Gly Gly Phe Asn Phe
 930 935 940
 Leu Asn Ile Ser Arg Leu Phe Thr Arg Asn Ile Gly Asp Pro Val Thr
 945 950 955 960

5 Cys Ser Leu Ser Asp₉₆₅ Leu Lys Cys Phe Ile₉₇₀ Ala Ala Gly Leu Leu₉₇₅ Pro
 Pro Tyr Val₉₈₀ Leu Lys Asn Val₉₈₅ Val₉₈₅ Leu Arg Glu Pro Gly₉₉₀ Pro Gly Thr
 10 Trp Leu Thr₉₉₅ Leu Cys Ser Asp₁₀₀₀ Tyr Thr Leu Asn Ile₁₀₀₅ Pro Tyr Thr
 15 Gln Leu₁₀₁₀ Pro Thr Thr Tyr Leu₁₀₁₅ Lys Lys His Thr Gln₁₀₂₀ Arg Ser Leu
 20 Leu Ser₁₀₂₅ Arg Ala Val₁₀₃₀ Asn Pro₁₀₃₀ Leu Leu Ala Gly Val₁₀₃₅ Gln Val₁₀₃₅ Pro
 25 Asn Gln₁₀₄₀ His Glu Glu Glu Glu₁₀₄₅ Met Leu Ala Arg Phe₁₀₅₀ Leu Leu Asp
 Arg Glu₁₀₅₅ Tyr Val₁₀₆₀ Met Pro Arg₁₀₆₀ Val₁₀₆₅ Ala His Val₁₀₆₅ Ile₁₀₆₅ Leu Glu Ser
 30 Ser Val₁₀₇₀ Leu Gly Lys Arg Lys₁₀₇₅ Gln Ile Gln Gly Leu₁₀₈₀ Ile Asp Thr
 35 Thr Pro₁₀₈₅ Thr Ile Ile Arg Thr₁₀₉₀ Ser Leu Val₁₀₉₅ Asn Leu₁₀₉₅ Pro Val₁₀₉₅ Ser
 40 Arg Lys₁₁₀₀ Lys Cys Glu Lys Ile₁₁₀₅ Ile Asn Tyr Ser Leu₁₁₁₀ Asn Tyr Ile
 45 Ala Glu₁₁₁₅ Cys His Asp Ser Leu₁₁₂₀ Leu Ser Gln Val₁₁₂₅ Cys₁₁₂₅ Phe Ser Asp
 50 Asn Lys₁₁₃₀ Glu Tyr Leu Trp Ser₁₁₃₅ Thr Ser Leu Ile Ser₁₁₄₀ Val₁₁₄₀ Glu Thr
 Cys Ser₁₁₄₅ Val₁₁₄₅ Thr Ile Ala Asp₁₁₅₀ Tyr Leu Arg Ala Val₁₁₅₅ Ser Trp Ser
 55 Asn Ile₁₁₆₀ Leu Gly Gly Arg Asn₁₁₆₅ Ile Ser Gly Val₁₁₇₀ Thr₁₁₇₀ Thr Pro Asp
 60 Thr Ile₁₁₇₅ Glu Leu Ile Gln Gly₁₁₈₀ Cys Leu Ile Gly Glu₁₁₈₅ Asn Ser Ser
 65 Cys Thr₁₁₉₀ Leu Cys Glu Ser His₁₁₉₅ Asp Asp Ala Phe Thr₁₂₀₀ Trp Met His
 Leu Pro₁₂₀₅ Gly Pro Leu Tyr Ile₁₂₁₀ Pro Glu Pro Ser Val₁₂₁₅ Thr Asn Ser

ES 2 622 087 T3

5	Lys 1220	Met	Arg	Val	Pro	Tyr	Leu 1225	Gly	Ser	Lys	Thr	Glu 1230	Glu	Arg	Lys
	Thr	Ala 1235	Ser	Met	Ala	Ala	Ile 1240	Lys	Gly	Met	Ser	His 1245	His	Leu	Arg
10	Ala	Val 1250	Leu	Arg	Gly	Thr	Ser 1255	Val	Phe	Ile	Trp	Ala 1260	Phe	Gly	Asp
15	Thr	Asp 1265	Ile	Asn	Trp	Asp	Asn 1270	Ala	Leu	Gln	Ile	Ala 1275	Gln	Ser	Arg
20	Cys	Asn 1280	Ile	Thr	Leu	Asp	Gln 1285	Met	Arg	Leu	Leu	Thr 1290	Pro	Ile	Pro
25	Ser	Ser 1295	Ser	Asn	Ile	Gln	His 1300	Arg	Leu	Asp	Asp	Gly 1305	Ile	Ser	Thr
	Gln	Lys 1310	Phe	Thr	Pro	Ala	Ser 1315	Leu	Ala	Arg	Ile	Thr 1320	Ser	Phe	Val
30	His	Ile 1325	Cys	Asn	Asp	Ser	Gln 1330	Arg	Leu	Glu	Lys	Asp 1335	Gly	Ser	Ser
35	Val	Asp 1340	Ser	Asn	Leu	Ile	Tyr 1345	Gln	Gln	Ile	Met	Leu 1350	Leu	Gly	Leu
40	Ser	Ile 1355	Phe	Glu	Thr	Met	Tyr 1360	Ser	Met	Asp	Gln	Lys 1365	Trp	Val	Phe
45	Asn	Asn 1370	His	Thr	Leu	His	Leu 1375	His	Thr	Gly	His	Ser 1380	Cys	Cys	Pro
	Arg	Glu 1385	Leu	Asp	Ile	Ser	Leu 1390	Val	Asn	Pro	Pro	Arg 1395	His	Gln	Thr
50	Pro	Glu 1400	Leu	Thr	Ser	Thr	Thr 1405	Thr	Asn	Pro	Phe	Leu 1410	Tyr	Asp	Gln
55	Leu	Pro 1415	Leu	Asn	Gln	Glu	Asn 1420	Leu	Thr	Thr	Leu	Glu 1425	Ile	Lys	Thr
60	Phe	Lys 1430	Phe	Asn	Glu	Leu	Asn 1435	Ile	Asp	Gly	Leu	Asp 1440	Phe	Gly	Glu
65	Gly	Ile 1445	Gln	Leu	Leu	Ser	Arg 1450	Cys	Thr	Ala	Arg	Leu 1455	Met	Ala	Glu
	Cys	Ile 1460	Leu	Glu	Glu	Gly	Ile 1465	Gly	Ser	Ser	Val	Lys 1470	Asn	Glu	Ala

5	Ile Val 1475	Asn Phe Asp Asn Ser 1480	Val Asn Trp Ile Ser 1485	Glu Cys Leu
10	Met Cys 1490	Asp Ile Arg Ser Leu 1495	Cys Val Asn Leu Gly 1500	Gln Glu Ile
15	Leu Cys 1505	Ser Leu Ala Tyr Gln 1510	Met Tyr Tyr Leu Arg 1515	Ile Arg Gly
20	Arg Arg 1520	Ala Ile Leu Asn Tyr 1525	Leu Asp Thr Thr Leu 1530	Gln Arg Ile
25	Pro Val 1535	Ile Gln Leu Ala Asn 1540	Ile Ala Leu Thr Ile 1545	Ser His Pro
30	Glu Ile 1550	Phe Arg Arg Ile Val 1555	Asn Thr Gly Ile His 1560	Asn Gln Ile
35	Lys Gly 1565	Pro Tyr Val Ala Thr 1570	Thr Asp Phe Ile Ala 1575	Ala Ser Arg
40	Asp Ile 1580	Ile Leu Ser Gly Ala 1585	Arg Glu Tyr Leu Ser 1590	Tyr Leu Ser
45	Ser Gly 1595	Gln Glu Asp Cys Tyr 1600	Thr Phe Phe Asn Cys 1605	Gln Asp Gly
50	Asp Leu 1610	Thr Pro Lys Met Glu 1615	Gln Tyr Leu Ala Arg 1620	Arg Ala Cys
55	Leu Leu 1625	Thr Leu Leu Tyr Asn 1630	Thr Gly His Gln Ile 1635	Pro Val Ile
60	Arg Ser 1640	Leu Thr Pro Ile Glu 1645	Lys Cys Lys Val Leu 1650	Thr Glu Tyr
65	Asn Gln 1655	Gln Ile Glu Tyr Ala 1660	Asp Gln Glu Phe Ser 1665	Ser Val Leu
	Lys Val 1670	Val Asn Ala Leu Leu 1675	Gln Asn Pro Lys Ile 1680	Asp Ala Leu
	Val Ser 1685	Asn Leu Tyr Phe Thr 1690	Thr Arg Arg Val Leu 1695	Ser Asn Leu
	Arg Ser 1700	Cys Asp Lys Ala Arg 1705	Ser Tyr Ile Glu Tyr 1710	Leu Tyr Thr
	Glu Asp 1715	Phe Gly Glu Lys Glu 1720	Asp Thr Val Gln Tyr 1725	Asp Ile Met

5	Thr	Thr 1730	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu 1735	Thr	His	Gly	Leu	Phe 1740	Thr	Gln	Ile
	Glu	Ile 1745	Ser	Tyr	Gln	Gly	Asn 1750	Ser	Leu	His	Lys	Phe 1755	Leu	Thr	Pro
10	Asp	Asn 1760	Ala	Pro	Gly	Ser	Leu 1765	Ile	Pro	Phe	Ser	Ile 1770	Ser	Pro	Asn
15	Ser	Leu 1775	Ala	Cys	Asp	Pro	Leu 1780	His	His	Leu	Leu	Lys 1785	Ser	Val	Gly
20	Thr	Ser 1790	Ser	Thr	Ser	Trp	Tyr 1795	Lys	Tyr	Ala	Ile	Ala 1800	Tyr	Ala	Val
25	Ser	Glu 1805	Lys	Arg	Ser	Ala	Arg 1810	Leu	Gly	Gly	Ser	Leu 1815	Tyr	Ile	Gly
	Glu	Gly 1820	Ser	Gly	Ser	Val	Met 1825	Thr	Leu	Leu	Glu	Tyr 1830	Leu	Glu	Pro
30	Ser	Val 1835	Asp	Ile	Phe	Tyr	Asn 1840	Ser	Leu	Phe	Ser	Asn 1845	Gly	Met	Asn
35	Pro	Pro 1850	Gln	Arg	Asn	Tyr	Gly 1855	Leu	Met	Pro	Leu	Gln 1860	Phe	Val	Asn
40	Ser	Val 1865	Val	Tyr	Lys	Asn	Leu 1870	Thr	Ala	Lys	Ser	Glu 1875	Cys	Lys	Leu
45	Gly	Phe 1880	Val	Gln	Gln	Phe	Lys 1885	Pro	Leu	Trp	Arg	Asp 1890	Ile	Asp	Ile
	Glu	Thr 1895	Asn	Val	Thr	Asp	Pro 1900	Ser	Phe	Ile	Asn	Phe 1905	Ala	Leu	Asn
50	Glu	Ile 1910	Pro	Met	Gln	Ser	Leu 1915	Lys	Arg	Val	Asn	Cys 1920	Asp	Val	Glu
55	Phe	Asp 1925	Arg	Gly	Met	Pro	Ile 1930	Glu	Arg	Val	Ile	Gln 1935	Gly	Tyr	Thr
60	His	Ile 1940	Leu	Leu	Val	Ala	Thr 1945	Tyr	Gly	Leu	Gln	Gln 1950	Asp	Ser	Ile
	Leu	Trp 1955	Val	Lys	Val	Tyr	Arg 1960	Thr	Ser	Glu	Lys	Val 1965	Phe	Gln	Phe
65	Leu	Leu 1970	Ser	Ala	Met	Ile	Met 1975	Ile	Phe	Gly	Tyr	Val 1980	Lys	Ile	His

ES 2 622 087 T3

5	Arg	Asn 1985	Gly	Tyr	Met	Ser	Thr 1990	Lys	Asp	Glu	Glu	Tyr 1995	Ile	Leu	Met
	Ser	Asp 2000	Cys	Lys	Glu	Pro	Val 2005	Asn	Tyr	Thr	Ala	Val 2010	Pro	Asn	Ile
10	Leu	Thr 2015	Arg	Val	Ser	Asp	Leu 2020	Val	Ser	Lys	Asn	Leu 2025	Ser	Leu	Ile
15	His	Pro 2030	Glu	Asp	Leu	Arg	Lys 2035	Val	Arg	Cys	Glu	Thr 2040	Asp	Ser	Leu
20	Asn	Leu 2045	Lys	Cys	Asn	His	Ile 2050	Tyr	Glu	Lys	Ile	Ile 2055	Ala	Arg	Lys
25	Ile	Pro 2060	Leu	Gln	Val	Ser	Ser 2065	Thr	Asp	Ser	Leu	Leu 2070	Leu	Gln	Leu
	Gly	Gly 2075	Val	Ile	Asn	Ser	Val 2080	Gly	Ser	Thr	Asp	Pro 2085	Arg	Glu	Val
30	Ala	Thr 2090	Leu	Ser	Ser	Ile	Glu 2095	Cys	Met	Asp	Tyr	Val 2100	Val	Ser	Ser
35	Ile	Asp 2105	Leu	Ala	Ile	Leu	Glu 2110	Ala	Asn	Ile	Val	Ile 2115	Ser	Glu	Ser
40	Ala	Gly 2120	Leu	Asp	Leu	Ala	Leu 2125	Met	Leu	Gly	Pro	Phe 2130	Asn	Leu	Asn
45	Lys	Leu 2135	Lys	Lys	Ile	Asp	Thr 2140	Ile	Leu	Lys	Ser	Ser 2145	Thr	Tyr	Gln
	Leu	Ile 2150	Pro	Tyr	Trp	Leu	Arg 2155	Tyr	Glu	Tyr	Ser	Ile 2160	Asn	Pro	Arg
50	Ser	Leu 2165	Ser	Phe	Leu	Ile	Thr 2170	Lys	Leu	Gln	Gln	Cys 2175	Arg	Ile	Ser
55	Trp	Ser 2180	Asp	Met	Ile	Thr	Ile 2185	Ser	Glu	Phe	Arg	Lys 2190	Lys	Ser	Lys
60	Arg	Pro 2195	Ile	Phe	Ile	Lys	Arg 2200	Val	Ile	Gly	Asn	Gln 2205	Gln	Leu	Lys
65	Ser	Phe 2210	Phe	Asn	Glu	Ser	Ser 2215	Ser	Ile	Val	Leu	Thr 2220	Arg	Ala	Glu
	Val	Lys 2225	Val	Cys	Ile	Lys	Phe 2230	Leu	Gly	Ala	Ile	Ile 2235	Lys	Leu	Lys

5 <210> 15
 <211> 15186
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

 10 <220>
 <223> Secuencia de genoma de APMV1

 15 <400> 15
 accaaacaga gaatccgtga gttacgataa aaggcgaagg agcaattgaa gtcgcacggg 60
 tagaaggtgt gaatctcgag tgcgagcccg aagcacaac tcgagaaagc cttctgccaa 120
 15 catgtcttcc gtatttgatg agtacgaaca gtcctcgcg gtcagactc gccccaatgg 180
 agctcatgga gggggagaaa aaggagtagc cttaaaagta gacgtcccgg tattcactct 240
 20 taacagtgat gaccagaag atagatggag ctttggtgta ttctgcctcc ggattgctgt 300
 tagcgaagat gccacaac cactcaggca aggtgctctc atatctcttt tatgctcca 360
 ctcacaggta atgaggaacc atgttgccat tgcagggaaa cagaatgaag ccacattggc 420
 25 cgtgcttgag attgatggct ttgccaacgg cagccccag ttcaacaata ggagtggagt 480
 gtctgaagag agagcacaga gatttgcgat gatagcagga tctctccctc gggcatgcag 540
 30 caacggaacc ccgttcgtca cagccggggc agaagatgat gcaccagaag acatcaccga 600
 taccctggag aggatcctct ctatccaggc tcaagtatgg gtcacagtag caaaagccat 660
 gactgcgtat gagactgcag atgagtcgga aacaaggcga atcaataagt atatgcagca 720
 35 aggcagggtc caaaagaaat acatcctcta ccccgatatgc aggagcaca tccaactcac 780
 gatcagacag tctcttgag tccgcatctt tttggtagc gagtcaaga gaggccgcaa 840
 40 cacggcagggt ggtacctcta cttattataa cctggtaggg gacgtagact catacatcag 900
 gaataccggg cttactgcat tcttcttgac actcaagtac ggaatcaaca ccaagacatc 960
 agcccttgca cttagtagcc tctcaggcga catccagaag atgaagcagc tcatgcgttt 1020
 45 gtatcggatg aaaggagata atgcgccgta catgacatta cttggtgata gtgaccagat 1080
 gagctttgcg cctgccgagt atgcacaact ttactccttt gccatgggta tggcatcagt 1140
 50 cctagataaa ggtactggga aataccaatt tgccagggac tttatgagca catcattctg 1200
 gagacttgga gtagagtacg ctcaggctca gggaagtagc attaacgagg atatggctgc 1260
 cgagctaaag ctaaccccag cagcaatgaa gggcctggca gctgctgccc aacgggtctc 1320
 55 cgacgatacc agcagcatat acatgcctac tcaacaagtc ggagtcctca ctgggcttag 1380
 cgaggggggg tccaagctc tacaaggcgg atcgaataga tcgcaagggc aaccagaagc 1440
 60 cgggggatggg gagacccaat tcctggatct gatgagagcg gtagcaaata gcatgaggga 1500
 ggcgccaac tctgcacagg gcaactccca atcggggcct ccccaactc ctgggccatc 1560
 ccaagataac gacaccgact gggggtattg atggacaaaa cccagcctgc ttccacaaaa 1620
 65 acatcccaat gccctcacc gtagtcgacc cctcgatttg cggctctata tgaccacacc 1680
 ctcaaaaaa catccccctc tttcctcct cccctgctg tacaactccg cagccctag 1740

	ataccacagg	cacaatgcgg	ctcactaaca	atcaaaacag	agccgagggg	attagaaaaa	1800
5	agtacgggta	gaagagggat	attcagagat	cagggcaagt	ctcccagagtc	tctgctctct	1860
	cctctacctg	atagaccagg	acaaacatgg	ccacctttac	agatgcagag	atcgacgagc	1920
	tatttgagac	aagtggaaact	gtcattgaca	acataattac	agcccagggg	aaaccagcag	1980
10	agactgttgg	aaggagtgca	atcccacaag	gcaagaccaa	ggtgctgagc	gcagcatggg	2040
	agaagcatgg	gagcatccag	ccaccggcca	gtcaagacaa	ccccgatcga	caggacagat	2100
	ctgacaaaca	accatccaca	cccagagcaa	cgaccccgca	tgacagcccg	ccggccacat	2160
15	ccgccgacca	gccccccacc	caggccacag	acgaagccgt	cgacacacag	ttcaggaccg	2220
	gagcaagcaa	ctctctgctg	ttgatgcttg	acaagctcag	caataaatcg	tccaatgcta	2280
20	aaaagggccc	atggctgagc	ccccaagagg	ggaatcacca	acgtccgact	caacagcagg	2340
	ggagtcaacc	cagtcgcgga	aacagtcagg	aaagaccgca	gaaccaagtc	aaggccgccc	2400
	ctggaaacca	gggcacagac	gtgaacacag	catatcatgg	acaatgggag	gagtcacaac	2460
25	tatcagctgg	tgcaaccctt	catgctctcc	gatcaaggca	gagccaagac	aatacccttg	2520
	tatctgcgga	tcattgtccag	ccacctgtag	actttgtgca	agcgatgatg	tctatgatgg	2580
30	aggcgatatc	acagagagta	agtaagggtg	actatcagct	agatcttgct	ttgaaacaga	2640
	catcctccat	ccctatgatg	cgggtccgaa	tccaacagct	gaaaacatct	gttgtagtca	2700
	tggaagccaa	cttgggaatg	atgaagattc	tggtccccgg	ttgtgccaac	atttcattct	2760
35	tgagtgatct	acgggcagtt	gcccgatctc	acccggtttt	agtttcaggc	cctggagacc	2820
	cctctcccta	tgtgacacaa	ggaggcgaaa	tggcacttaa	taaactttcg	caaccagtgc	2880
40	cacatccatc	tgaattgatt	aaaccgcgca	ctgcatgcgg	gcctgatata	ggagtggaaa	2940
	aggacactgt	ccgtgcattg	atcatgtcac	gccaatgca	cccagattct	tcagccaagc	3000
	tcctaagcaa	gttagatgca	gccgggtcga	tcgaggaaat	caggaaaatc	aagcgccttg	3060
45	ctctaaatgg	ctaattacta	ctgccacacg	tagcgggtcc	ctgtccactc	ggcatcacac	3120
	ggaatctgca	ccgagttccc	ccccgcagac	ccaaggtcca	actctccaag	cggcaatcct	3180
50	ctctcgcttc	ctcagcccca	ctgaatggtc	gcgtaaccgt	aattaatcta	gctacattta	3240
	agattaagaa	aaaatacggg	tagaattgga	gtgccccaat	tgtgccaaga	tggactcatc	3300
	taggacaatt	gggctgtact	ttgattctgc	ccattcttct	agcaacctgt	tagcatttcc	3360
55	gatcgtccta	caaggcacag	gagatgggaa	gaagcaaatc	gccccgcaat	ataggatcca	3420
	gcgccttgac	ttgtggactg	atagtaagga	ggactcagta	ttcatcacca	cctatggatt	3480
60	catctttcaa	gttgggaatg	aagaagccac	tgctcggcatg	atcgatgata	aaccaagcgc	3540
	cgagttactt	tccgctgcga	tgctctgcct	aggaagcgtc	ccaaataccg	gagaccttat	3600
	tgagctggca	agggcctgtc	tcactatgat	agtcacatgc	aagaagagtg	caactaatac	3660
65	tgagagaatg	gttttctcag	tagtgcaggc	accccaagtg	ctgcaaagct	gtaggggttg	3720
	ggcaaacaaa	tactcatcag	tgaatgcagt	caagcacgtg	aaagcgccag	agaagattcc	3780

ES 2 622 087 T3

	cgggagtgga	accctagaat	acaaggtgaa	ctttgtctcc	ttgactgtgg	taccgaagaa	3840
5	ggatgtctac	aagatcccag	ctgcagtatt	gaagggtttct	ggctcgagtc	tgtacaatct	3900
	tgcgctcaat	gtcactatta	atgtggaggt	agacccgagg	agtccttttg	ttaaattctt	3960
	gtctaagtct	gacagcggat	actatgctaa	cctcttcttg	catattggac	ttatgaccac	4020
10	cgtagatagg	aaggggaaga	aagtgcatt	tgacaagctg	gaaaagaaaa	taaggagcct	4080
	tgatctatct	gtcgggctca	gtgatgtgct	cgggccttcc	gtgttggtaa	aagcaagagg	4140
	tgcacggact	aagctttttg	cacctttctt	ctctagcagt	gggacagcct	gctatcccat	4200
15	agcaaattgct	tctcctcagg	tggccaagat	actctggagt	caaaccgcgt	gcctgcggag	4260
	cgttaaaatc	attatccaag	caggtaccca	acgcgctgtc	gcagtgaccg	ccgaccacga	4320
20	ggttacctct	actaagctgg	agaaggggca	cacccttgcc	aaataacaatc	cttttaagaa	4380
	ataagctgcg	tctctgagat	tgcgctccgc	ccactcacc	agatcatcat	gacacaaaaa	4440
	actaatctgt	cttgattatt	tacagttagt	ttacctgtct	atcaagttag	aaaaaacacg	4500
25	ggtagaagat	tctggatccc	ggttggcgcc	ctccagggtgc	aagatgggct	ccagaccttc	4560
	taccaagaac	ccagcaccta	tgatgctgac	tatccgggtt	gcgctggtac	tgagttgcat	4620
30	ctgtccggca	aactccattg	atggcaggcc	tcttgcagct	gcaggaattg	tggttacagg	4680
	agacaaagcc	gtcaacatat	acacctcatc	ccagacagga	tcaatcatag	ttaagctcct	4740
	cccgaatctg	cccaaggata	aggaggcatg	tgcgaaagcc	cccttggatg	catacaacag	4800
35	gacattgacc	actttgtctca	cccccttgg	tgactctatc	cgtaggatac	aagagtctgt	4860
	gactacatct	ggagggggga	gacaggggcg	ccttataggc	gccattattg	gcggtgtggc	4920
40	tcttgggggt	gcaactgccg	cacaaataac	agcgcccgca	gctctgatac	aagccaaaca	4980
	aatgctgcc	aacatcctcc	gacttaaaga	gagcattgcc	gcaaccaatg	aggctgtgca	5040
	tgaggtcact	gacggattat	cgcaactagc	agtggcagtt	gggaagatgc	agcagtttgt	5100
45	taatgaccaa	tttaataaaa	cagctcagga	attagactgc	atcaaaattg	cacagcaagt	5160
	tggtgtagag	ctcaacctgt	acctaaccga	attgactaca	gtattcggac	cacaaatcac	5220
50	ttcacctgct	ttaaacaagc	tgactattca	ggcactttac	aatctagctg	gtggaaatat	5280
	ggattactta	ttgactaagt	taggtgtagg	gaacaatcaa	ctcagctcat	taatcggtag	5340
	cggcttaatc	accggtaacc	ctattctata	cgactcacag	actcaactct	tgggtataca	5400
55	ggtaactcta	ccttcagtcg	ggaacctaaa	taatatgcgt	gccacctact	tggaaacctt	5460
	atccgtaagc	acaaccaggg	gatttgccct	ggcacttgtc	cccaaagtgg	tgacacaggt	5520
60	cggttctgtg	atagaagaac	ttgacacctc	atactgtata	gaaactgact	tagattttata	5580
	ttgtacaaga	atagtaacgt	tccctatgtc	ccctgggtatt	tattcctgct	tgagcggcaa	5640
	tacgtcggcc	tgtatgtact	caaagaccga	aggcgcaact	actacaccat	acatgactat	5700
65	caaagggttca	gtcatcgcca	actgcaagat	gacaacatgt	agatgtgtaa	acccccggg	5760
	tatcatatcg	caaaactatg	gagaagccgt	gtctctaata	gataaacaat	catgcaatgt	5820

	tttatcctta	ggcgggataa	ctttaaggct	cagtggggaa	ttc gat gtaa	cttatcagaa	5880
5	gaatatctca	atacaagatt	ctcaagtaat	aataacaggc	aatcttgata	tctcaactga	5940
	gcttgggaa	gtcaacaact	cgatcagtaa	tgctttgaat	aagttagagg	aaagcaacag	6000
	aaaactagac	aaagtcaatg	tcaaactgac	tagcacatct	gctctcatta	cctatatcgt	6060
10	tttgactatc	atatctcttg	tttttggtat	acttagcctg	attctagcat	gctaccta	6120
	gtacaagcaa	aaggcgcaac	aaaagacctt	attatggcctt	gggaataata	ctctagatca	6180
	gatgagagcc	actacaaaaa	tgtgaacaca	gatgaggaac	gaagggttcc	ctaatagtaa	6240
15	tttgtgtgaa	agttctggta	gtctgtcagt	tcagagagtt	aagaaaaaac	taccggttgt	6300
	agatgaccaa	aggacgatat	acgggtagaa	cggtaaagaga	ggccgcccct	caattgcgag	6360
20	ccaggcttca	caacctccgt	tctaccgctt	caccgacaac	agtcctcaat	catggaccgc	6420
	gccgttagcc	aagttgcgtt	agagaatgat	gaaagagagg	caaaaaatac	atggcgcttg	6480
	atattccgga	ttgcaatctt	attcttaaca	gtagtgcctt	tggctatatc	tgtagcctcc	6540
25	cttttatata	gcatgggggc	tagcacacct	agcgatcttg	taggcatacc	gactaggatt	6600
	tccagggcag	aagaaaagat	tacatctaca	cttggttcca	atcaagatgt	agtagatagg	6660
30	atatataagc	aagtggccct	tgagtctccg	ttggcattgt	taaatactga	gaccacaatt	6720
	atgaacgcaa	taacatctct	ctcttatcag	attaatggag	ctgcaaacaa	cagtgggtgg	6780
	ggggcaccta	tccatgaccc	agattatata	ggggggatag	gcaaagaact	cattgtagat	6840
35	gatgctagtg	atgtcacatc	attctatccc	tctgcatttc	aagaacatct	gaattttatc	6900
	ccggcgcccta	ctacaggatc	aggttgcact	cgaataaccct	catttgacat	gagtgtctacc	6960
40	cattactgct	acacccataa	tgtaatatgt	tctggatgca	gagatcactc	acattcatat	7020
	cagtatttag	cacttggtgt	gctccggaca	tctgcaacag	ggaggggtatt	cttttctact	7080
	ctgcgttcca	tcaacctgga	cgacacccaa	aatcggaagt	cttgcaagtgt	gagtgcact	7140
45	cccctgggtt	gtgatatgct	gtgctcgaaa	gtcacggaga	cagaggaaga	agattataac	7200
	tcagctgtcc	ctacgcggat	gggtacatggg	aggttagggg	tcgacggcca	gtaccacgaa	7260
50	aaggacctag	atgtcacac	attattcggg	gactgggtgg	ccaactaccc	aggagtaggg	7320
	ggtggatctt	ttattgacag	ccgcgtatgg	ttctcagtct	acggaggggt	aaaaccaat	7380
	tcaccagtg	acactgtaca	ggaagggaaa	tatgtgatat	acaagcgata	caatgacaca	7440
55	tgcccagatg	agcaagacta	ccagattcga	atggccaagt	cttcgtataa	gcctggacgg	7500
	tttggtggga	aacgcataca	gcaggctatc	ttatctatca	agggtgtcaac	atccttaggc	7560
60	gaagaccg	tactgactgt	accgcccac	acagtcacac	tcatgggggc	cgaaggcaga	7620
	attctcacag	tagggacatc	tcatttcttg	tatcaacgag	ggcatcata	cttctctccc	7680
	gcgttattat	atcctatgac	agtcagcaac	aaaacagcca	ctcttcatag	tccttataca	7740
65	ttcaatgcct	tactcggcc	aggtagtatc	ccttgccagg	cttcagcaag	atgcccac	7800
	tcgtgtgtta	ctggagtcta	tacagatcca	tatcccctaa	tcttctatag	aaaccacacc	7860

	ttgcgagggg	tattcgggac	aatgcttgat	ggtgtacaag	caagacttaa	ccctgcgtct	7920
5	gcagtattcg	atagcacatc	ccgcagtcgc	attactcgag	tgagttcaag	cagtaccaa	7980
	gcagcataca	caacatcaac	ttgttttaaa	gtgggtcaaga	ctaataagac	ctattgtctc	8040
	agcattgctg	aaatatctaa	tactctcttc	ggagaattca	gaatcgcccc	gttactagtt	8100
10	gagatcctca	aagatgacgg	ggttagagaa	gccaggctctg	gctagttgag	tcaattataa	8160
	aggagttgga	aagatggcat	tgtatcacct	atcttctgcg	acatcaagaa	tcaaaccgaa	8220
	tgccggcgcg	tgctcgaatt	ccatgttgcc	agttgaccac	aatcagccag	tgctcatgcg	8280
15	atcagattaa	gccttgtcat	taatctcttg	attaagaaaa	aatgtaagtg	gcaatgagat	8340
	acaaggcaaa	acagctcatg	gtaaataata	cgggtaggac	atggcgagct	ccggtcctga	8400
20	aagggcagag	catcagatta	tcctaccaga	gccacacctg	tcttcaccat	tggtcaagca	8460
	caaactactc	tattactgga	aattaactgg	gctaccgctt	cctgatgaat	gtgacttcga	8520
	ccacctcatt	ctcagccgac	aatggaaaaa	aatacttgaa	tcggcctctc	ctgatactga	8580
25	gagaatgata	aaactcggaa	gggcagtaca	caaactctt	aaccacaatt	ccagaataac	8640
	cggagtgtct	caccccggt	gtttagaaca	actggcta	attgaggtcc	cagattcaac	8700
30	caacaaat	cggaagattg	agaagaagat	ccaaattcac	aacacgagat	atggagaact	8760
	gttcacaagg	ctgtgtacgc	atatagagaa	gaaactgctg	gggtcatctt	ggtctaacia	8820
	tgtcccccg	tcagaggagt	tcagcagcat	tcgtacggat	ccggcattct	ggtttcactc	8880
35	aaaatgggtcc	acagccaagt	ttgcatggct	ccatataaaa	cagatccaga	ggcatctgat	8940
	ggtggcagct	aagacaagg	ctgcggccaa	caaattgggtg	atgctaacc	ataaggtagg	9000
40	ccaagtcttt	gtcactcctg	aacttgtcgt	tgtgacgcat	acgaatgaga	acaagttcac	9060
	atgtcttacc	caggaacttg	tattgatgta	tgcagatatg	atggagggca	gagatatggt	9120
	caacataata	tcaaccacgg	cgggtgcatct	cagaagctta	tcagagaaaa	ttgatgacat	9180
45	tttgcggtta	atagacgctc	tggcaaaaga	cttgggta	caagtctacg	atgttgtatc	9240
	actaatggag	ggatttgc	acggagctgt	ccagctactc	gagccgtcag	gtacatttgc	9300
50	aggagatttc	ttcgcattca	acctgcagga	gcttaaagac	attctaattg	gcctcctccc	9360
	caatgatata	gcagaatccg	tgactcatgc	aatcgctact	gtattctctg	gtttagaaca	9420
	gaatcaagca	gctgagatgt	tgtgtctgtt	gcgtctgtgg	ggtcacccac	tgcttgagtc	9480
55	ccgtattgca	gcaaaggcag	tcaggagcca	aatgtgcgca	ccgaaaatgg	tagactttga	9540
	tatgatcctt	cagggtactgt	ctttcttcaa	gggaacaatc	atcaacgggt	acagaaagaa	9600
60	gaatgcagg	gtgtggccgc	gagtcaaagt	ggatacaata	tatgggaagg	tcattgggca	9660
	actacatgca	gattcagcag	agatttcaca	cgatatcatg	ttgagagagt	ataagagttt	9720
	atctgcactt	gaatttgagc	catgtataga	atatgaccct	gtcaccaacc	tgagcatgtt	9780
65	cctaaaagac	aaggcaatcg	cacaccccaa	cgataattgg	cttgccctcg	ttaggcggaa	9840
	ccttctctcc	gaagaccaga	agaaacatgt	aaaagaagca	acttcgacta	atcgccctctt	9900

	gatagagttt	ttagagtcaa	atgattttga	tccatataaa	gagatggaat	atctgacgac	9960
5	ccttgagtac	cttagagatg	acaatgtggc	agtatcatac	tcgctcaagg	agaaggaagt	10020
	gaaagttaat	ggacggatct	tcgctaagct	gacaaagaag	ttaaggaact	gtcaggtgat	10080
	ggcgggaagg	atcctagccg	atcagattgc	acctttcttt	cagggaaatg	gagtcattca	10140
10	ggatagcata	tccttgacca	agagtatgct	agcgatgagt	caactgtctt	ttaacagcaa	10200
	taagaaacgt	atcactgact	gtaaagaaag	agtatcttca	aaccgcaatc	atgatccgaa	10260
15	aagcaagaac	cgctcgagag	ttgcaacctt	cataacaact	gacctgcaaa	agtactgtct	10320
	taattggaga	tatcagacaa	tcaaattggt	cgctcatgcc	atcaatcagt	tgatgggcct	10380
	acctcacttc	ttcgaatgga	ttcacctaag	actgatggac	actacgatgt	tcgtaggaga	10440
20	ccctttcaat	cctccaagtg	accctactga	ctgtgacctc	tcaagagtcc	ctaatgatga	10500
	catatatatt	gtcagtgcc	gagggggtat	cgaaggatta	tgccagaagc	tatggacaat	10560
25	gatctcaatt	gctgcaatcc	aacttgctgc	agctagatcg	cattgtcgtg	ttgcctgtat	10620
	ggtacagggt	gataatcaag	taatagcagt	aacgagagag	gtaagatcag	acgactctcc	10680
	ggagatggtg	ttgacacagt	tgcatcaagc	cagtgataat	ttcttcaagg	aattaattca	10740
30	tgtcaatcat	ttgattggcc	ataatttgaa	ggatcgtgaa	accatcaggt	cagacacatt	10800
	cttcatatac	agcaaacgaa	tcttcaaaga	tgagcaatc	ctcagtcaag	tcctcaaaaa	10860
35	ttcatctaaa	ttagtgctag	tgtcaggtga	tctcagtga	aacaccgtaa	tgtcctgtgc	10920
	caacattgcc	tctactgtag	cacggctatg	cgagaacggg	cttcccaaag	acttctgtta	10980
	ctatttaaac	tatataatga	gttgtgtgca	gacatacttt	gactctgagt	tctccatcac	11040
40	caacaattcg	caccccgatc	ttaatcagtc	gtggattgag	gacatctctt	ttgtgcactc	11100
	atatgttctg	actcctgccc	aattaggggg	actgagtaac	cttcaatact	caaggctcta	11160
45	cactagaaat	atcggtgacc	cggggactac	tgcttttgca	gagatcaagc	gactagaagc	11220
	agtgggatta	ctgagtccta	acattatgac	taatattcta	actaggccgc	ctgggaatgg	11280
	agattggggc	agtctgtgca	acgaccata	ctctttcaat	tttgagactg	ttgcaagccc	11340
50	aaatattggt	cttaagaaac	atacgcaaag	agtcctattt	gaaacttggt	caaatccctt	11400
	attgtctgga	gtgcacacag	aggataatga	ggcagaagag	aaggcattgg	ctgaattctt	11460
55	gcttaatcaa	gaggtgattc	atccccgcgt	tgcgcatgcc	atcatggagg	caagctctgt	11520
	aggtaggaga	aagcaaattc	aagggttgt	tgacacaaca	aacaccgtaa	ttaagattgc	11580
	gcttactagg	aggccattag	gcatcaagag	gctgatgcgg	atagtcaatt	attctagcat	11640
60	gcatgcaatg	ctgttttagag	acgatgtttt	ttcctccagt	agatccaacc	acccttagt	11700
	ctcttcta	atgtgttctc	tgacactggc	agactatgca	cggaatagaa	gctggtcacc	11760
65	tttgacggga	ggcaggaaaa	tactgggtgt	atctaatacct	gatacgatag	aactcgtaga	11820
	gggtgagatt	cttagtgtaa	gcggaggggtg	tacaagatgt	gacagcggag	atgaacaatt	11880
	tacttggttc	catcttccaa	gcaatataga	attgaccgat	gacaccagca	agaatcctcc	11940

ES 2 622 087 T3

	gatgagggta	ccatatctcg	ggtcaaagac	acaggagagg	agagctgcct	cacttgcaaa	12000
5	aatagctcat	atgtcgccac	atgtaaaggc	tgccctaagg	gcatcatccg	tgttgatctg	12060
	ggcttatggg	gataatgaag	taaattggac	tgctgctctt	acgattgcaa	aatctcggtg	12120
	taatgtaaac	ttagagtatc	ttcggttact	gtccccctta	cccacggctg	ggaatcttca	12180
10	acatagacta	gatgatggta	taactcagat	gacattcacc	cctgcatctc	tctacagggtg	12240
	tcaccttaca	ttcacatatc	caatgattct	caaaggctgt	tactgaaga	aggagtcaaa	12300
	gaggggaatg	tggtttacca	acagagtcac	gctcttgggt	ttatctctaa	tcgaatcgat	12360
15	ctttccaatg	acaacaacca	ggacatatga	tgagatcaca	ctgcacctac	atagtaaatt	12420
	tagttgctgt	atcagagaag	cacctgttgc	ggttcctttc	gagctacttg	gggtggtacc	12480
20	ggaactgagg	acagtgcact	caaataagtt	tatgtatgat	cctagccctg	tatcggaggg	12540
	agactttgcg	agacttgact	tagctatctt	caagagttat	gagcttaatc	tggagtcata	12600
	tcccacgata	gagctaata	acattctttc	aatatccagc	gggaagttga	ttggccagtc	12660
25	tgtgggtttct	tatgatgaag	atacctccat	aaagaatgac	gccataatag	tgtatgacaa	12720
	taccgaaat	tggatcagtg	aagctcagaa	ttcagatgtg	gtccgcctat	ttgaatatgc	12780
30	agcacttgaa	gtgctcctcg	actgttctta	ccaactctat	tacctgagag	taagaggcct	12840
	agacaatatt	gtcttatata	tgggtgattt	atacaagaat	atgccaggaa	ttctactttc	12900
	caacattgca	gctacaatat	ctcatcccgt	cattcattca	aggttacatg	cagtgggcct	12960
35	ggtcaaccat	gacggatcac	accaacttgc	agatacggat	tttatcgaaa	tgtctgcaaa	13020
	actattagta	tcttgacacc	gacgtgtgat	ctccggctta	tattcaggaa	ataagtatga	13080
40	tctgctgttc	ccatctgtct	tagatgataa	cctgaatgag	aagatgcttc	agctgatatc	13140
	ccggttatgc	tgtctgtaca	cgggtactctt	tgctacaaca	agagaaatcc	cgaaaataag	13200
	aggcttaact	gcagaagaga	aatgttcaat	actcactgag	tatttactgt	cggatgctgt	13260
45	gaaaccatta	cttagccccg	atcaagtgag	ctctatcatg	tctcctaaca	taattacatt	13320
	cccagctaata	ctgtactaca	tgtctcggaa	gagcctcaat	ttgatcaggg	aaagggagga	13380
50	cagggatact	atcctggcgt	tgttggtccc	ccaagagcca	ttattagagt	tcccttctgt	13440
	gcaagatatt	ggtgctcgag	tgaaagatcc	attcaccgga	caacctgcgg	catttttgca	13500
	agagttagat	ttgagtgttc	cagcaaggta	tgacgcattc	acacttagtc	agattcatcc	13560
55	tgaactcaca	tctccaaatc	cggaggaaga	ctacttagta	cgatacttgt	tcagagggat	13620
	agggactgca	tcttcctctt	ggtataaggc	atctcatctc	ctttctgtac	ccgaggtgag	13680
60	atgtgcaaga	cacgggaact	ccttataact	agctgaaggg	agcggagcca	tcatgagtct	13740
	tctcgaactg	catgtaccac	atgaaactat	ctattacaat	acgctctttt	caaatagagat	13800
	gaaccccccg	caacgacatt	tcgggccgac	cccaactcag	tttttgaatt	cgggtgttta	13860
65	taggaatcta	caggcggagg	taacatgcaa	agatggattt	gtccaagagt	tccgtccatt	13920
	atggagagaa	aatacagagg	aaagtgcact	gacctcagat	aaagcagtgg	ggtatattac	13980

	atctgcagtg	ccctacagat	ctgtatcatt	gctgcattgt	gacattgaaa	ttcctccagg	14040
5	gtccaatcaa	agcttactag	atcaactagc	tatcaattta	tctctgattg	ccatgcattc	14100
	tgtaagggag	ggcggggtag	taatcatcaa	agtgttgat	gcaatgggat	actactttca	14160
	tctactcatg	aacttgtttg	ctccgtgttc	cacaaaagga	tatattctct	ctaattggta	14220
10	tgcattgtcg	ggagatatgg	agtgttacct	ggatattgtc	atgggttacc	tgggcgggccc	14280
	tacattttgta	catgagggtg	tgaggatggc	aaaaactctg	gtgcagcggc	acggtacgct	14340
	cttgtctaaa	tcagatgaga	tcacactgac	caggttattc	acctcacagc	ggcagcgtgt	14400
15	gacagacatc	ctatccagtc	ctttaccaag	attaataaag	tacttgagga	agaatattga	14460
	cactgcgctg	attgaagccg	ggggacagcc	cgtccgtcca	ttctgtgcgg	agagtctggt	14520
20	gagcacgcta	gcgaacataa	ctcagataac	ccagattatc	gctagtcaca	ttgacacagt	14580
	tatccggtct	gtgatataata	tggaagctga	gggtgatctc	gctgacacag	tattttctatt	14640
	taccctttac	aattctctcta	ctgacgggaa	aaagaggaca	tcacttatac	agtgcacgag	14700
25	acagatccta	gaggttacaa	tactaggtct	tagagtcgaa	aattctcaata	aaataggcga	14760
	tataatcagc	ctagtgttta	aaggcatgat	ctccatggag	gaccttatcc	cactaaggac	14820
30	atacttgaag	catagtacct	gccctaaata	tttgaaggct	gtcctaggta	ttaccaaact	14880
	caaagaaatg	tttacagaca	cttctgtatt	gtacttgact	cgtgctcaac	aaaaattcta	14940
	catgaaaact	ataggcaatg	cagtcaaagg	atattacagt	aactgtgact	cttaacgaaa	15000
35	atcacatatt	aataggctcc	ttttttggcc	aattgtattc	ttgttgattt	aatcatatta	15060
	tgttagaaaa	aagttgaacc	ctgactcctt	aggactcgaa	ttcgaactca	aataaatgtc	15120
40	ttaaaaaaaag	gttgccgcaca	attattcttg	agtgtagtct	cgtcattcac	caaattcttg	15180
	tttggt						15186
45	<210>	16					
	<211>	14904					
	<212>	ADN					
	<213>	secuencia artificial					
50	<220>						
	<223>	Secuencia de genoma de APMV8					
	<400>	16					
55	accaaacaag	gaataggtaa	gcaacgtaaa	tcttagataa	aaccatagaa	tccgtggggg	60
	cgacatcgcc	tgaagccgat	ctcgagatcg	ataactccgg	ttaattggtc	tcagcgtgag	120
	gagcttatct	gtctgtggca	atgtcttctg	tgttttcaga	ataccaggct	cttcaggacc	180
60	aactgggtcaa	gcctgccact	cgaagggtcg	atgtggcatc	gactggattg	ttgagagcgg	240
	agataccagt	ttgtgtgaacc	ttgtctcagg	acccaactga	tagatggaac	ctcgcatgtc	300
	tcaatctgcg	atggctgata	agtgagtcct	ctactactcc	catgagacaa	ggggcgatcc	360
65	tgctactgct	gagcttgac	tctgacaaca	tgcgagctca	cgcaaccctt	gcagcgagat	420
	ccgctgatgc	tgccatcact	gtgcttgagg	ttgacgccat	agacatggcg	gatggcacia	480

ES 2 622 087 T3

	tcacttttaa	tgccagaagt	ggagtatccg	agaggcgag	cacacagctc	atggcaatcg	540
5	caaaagatct	gccccgctct	tgttccaatg	actcaccatt	caaagatgac	actatcgagg	600
	atcgcgaccc	ccttgacctg	tccgagacta	tcgatagact	gcaggggatt	gctgccc aaa	660
	tctggatagc	ggccatcaag	agcatgactg	ccccggatac	tgctgcggag	tcagaaggca	720
10	agaggcttgc	aaagtaccaa	caacaaggcc	gcttgggtgcg	acaggtgtta	gtgcatgatg	780
	cgggtgcgtgc	ggaattccta	cgtgtcatca	gaggcagcct	ggctttacgg	caattcatgg	840
	tatcagaatg	taagagggca	gcatccatgg	gtagcgagac	atctaggtac	tatgccatgg	900
15	tgggtgacat	cagcctctac	atcaagaatg	caggacttac	cgccttcttc	ttgacactca	960
	gatttggtat	tgggacacac	tacccccactc	ttgccatgag	tgtgttctct	ggagaactga	1020
20	agaagatgtc	gtccttgatc	aggctgtata	agtcaaaagg	ggaaaatgct	gcatacatgg	1080
	cattcctgga	ggatgcggac	atgggaaact	ttgcgcctgc	taactttagt	actctctact	1140
	cctatgcaat	gggggtaggt	acagtgcctg	aagcatcagt	tgcgaaatac	cagttcgctc	1200
25	gagagttcac	cagtgcagaca	tacttcaggc	ttgggggtga	gaccgcacag	aaccaacagt	1260
	gcgctctaga	tgaaaagacc	gccaaggaga	tggggcttac	tgatgaagcc	agaaagcagg	1320
30	tgcaagcatt	ggctagcaac	atcgagcagg	ggcaacattc	aatgcccattg	caacaacagc	1380
	ccacattcat	gagtcagccc	taccaggatg	acgatcgtga	ccagccaagc	accagcagac	1440
	cagagccaag	accatcgcaa	ttgacaagcc	aatcagcagc	acaggacaat	gatgcggcct	1500
35	cattagattg	gtgaccgcaa	tcagctcagc	caagccattg	ttggacgcag	gacattcaaa	1560
	tcatacattg	ccctaagagt	attaaagtga	tttaagaaaa	aaggaccctg	ggggcgaggt	1620
40	tgtcccaatc	caggcaggcg	ctgaaaccga	atccctccaa	cctccgagcc	ccaggcgacc	1680
	atggagttca	ccgatgatgc	cgaaattgct	gagctgttgg	acctcgggac	ctcagtgatc	1740
	caagagctgc	agcgagccga	agtcaagggc	ccgcaaaaa	ccggaaagcc	caaagttccc	1800
45	ccggggaaca	ctaagagcct	ggctactctc	tgggagcatg	agactagcac	ccaagggagt	1860
	gcattgggca	cacccgagaa	caacacccag	gcacccgatg	acaacaacgc	aggtgcagat	1920
50	acgccagcga	ctaccgacgt	ccatcgcact	ctggatacca	tagacaccga	cacaccaccg	1980
	gaaggagca	agcccagctc	cactaactcc	caacccggtg	atgaccttga	caaggctctt	2040
	tcgaagctag	aggcgcgcg	caagctcgga	ccagataggg	ccagacaggt	taaaaagggg	2100
55	aaggagatcg	ggctgcagcac	agggacgagg	gaggcagcca	gtcaccacat	ggaagggagc	2160
	cgacagtcgg	agccaggagc	gggcagccga	gcacagccac	aaggccatgg	cgaccgggac	2220
60	acaggaggga	gtactcattc	atctctcgag	atgggagact	ggaagtcaca	agctgggtgca	2280
	accagctctg	ctctcccatt	agaagcgagc	ccaggagaga	aaagtcaca	tgtggaactt	2340
	gcccagaatc	ctgcatttta	tgcaggcaac	ccaactgatg	caattatggg	gttgacaaaag	2400
65	aaagtcaatg	atctagagac	aaaattggct	gaggtattgc	gtctgttagg	aatactcccc	2460
	ggaataaaga	atgagattag	tcagctgaaa	gcaaccgtgg	ctctgatgtc	aatcagatt	2520

	gcctccattc agattcttga tcctgggaat gccggagtca aatccccttaa tgagatgaaa	2580
5	gccctgtcaa aagcagccag catagttgtg gcagggtccag gagtccttcc tcctgaggtc	2640
	acagaaggag gactgatcgc gaaagatgag ctagcaaggc ccatcccat ccaaccgcaa	2700
	cgagactcca aacccaaaga cgacccgcac acatcaccaa atgatgtcct tgctgtacgc	2760
10	gctatgatcg acacccttgt ggatgatgag aagaagagaa agagattaaa ccaggccctt	2820
	gacaaggcaa agaccaagga tgacgtctta aggggtcaagc ggcagatata caatgcctag	2880
15	gagtccattt gtctaaagaa cctccaatca tatcaccagt ttcgtgccac atgcttcctt	2940
	gccgagaatc tagccgacac aaaaactaaa tcatagttta acaaaaaaga agtttggggg	3000
	cgaagtctca catcatagag cacccttgca ttctaaaatg gctcaaacaa ccgtcaggct	3060
20	gtatatcgat gaagctagtc ccgacattga actgttgtct taccactga taatgaaaga	3120
	cacaggacat gggaccaaag agttgcagca gcaaatcaga gttgcagaga tcggtgcatt	3180
25	gcagggaggg aagaatgaat cagttttcat caatgcatat ggctttgttc agcaatgcaa	3240
	agttaaaccg ggggcaacc aattcttcca ggtagatgca gctacaaagc cagaagtggg	3300
	cactgcaggg atgattataa tcggtgcagt caaggggggtg gcaggcatca ctaagctggc	3360
30	agaagaggtg ttcgagctgg acatctccat caagaagtcc gcatcattcc atgagaaggt	3420
	tgcggtgtcc ttttaatactg tgccactatc actcatgaat tcgaccgcat gcagaaatct	3480
35	gggttatgtc acaaacgctg aggaggcgat caaatgcccg agcaaaatac aagcgggtgt	3540
	gacgtacaaa ttttaagataa tgtttgtctc cttgacacga ctgcataacg ggaaattgta	3600
	ccgtgtcccc aaggcagtg atgctgtaga ggcacagct ctatataaag tgcaactgga	3660
40	agtcgggttc aagcttgacg tggccaagga tcacccacac gttaagatgt tgaagaaagt	3720
	ggaacggaat ggtgagactc tgtatcttgg ttatgcatgg ttccacctgt gcaacttcaa	3780
45	gaagacaaat gccaaagggtg agtcccggac aatctccaac ctagaaggga aagtcagagc	3840
	tatggggatc aagggttcct tgtacgactt atgggggcct actttggtgg tgcaaatcac	3900
	aggtaagacc agcaagtatg cacaagggtt cttttcaacc acagggtacct gctgcctccc	3960
50	agtgtcgaag gctgcccctg agctggccaa acttatgtgg tcctgcaatg caacaatcgt	4020
	tgaagctgca gtgattatcc aaggagtgta taggagggca gtcgtgacct cagaggactt	4080
55	ggaagtatac ggggcagttg caaaagagaa gcaggctgca aaaggatttc acccgttccg	4140
	caagtgacac gtggggccgc acacctcatt accccagaag cccgggcaac tgcaaattca	4200
	cgcttatata atccaattac catgatctag aactgcaatc gataactaat gctcattgat	4260
60	cgtattaaga aaaaacttaa ctacataact tcaacattgg gggcgacagc tccagactaa	4320
	gtgggtggct aagctctgac tgataaggaa tcatgaatca agcactcgtg attttgttgg	4380
65	tatctttcca gctcggcggt gccttagata actcagtgtt ggctccaata ggagtagcta	4440
	gcgcacagga gtggcaactg gcggcatata caacgaccct cacagggacc atcgcagtga	4500
	gatttatccc ggtcctgcct gggaaacctat caacatgtgc acaggagacg ctgcaggaat	4560

	ataatagaac	tgtgactaat	atcttaggcc	cgttgagaga	gaacttggat	gctctcctat	4620
5	ctgacttcga	taaacctgca	tcgaggttcg	tgggcgccat	cattgggtcg	gtggccttgg	4680
	gggtagcaac	agctgcacaa	atcacagccg	ccgtggctct	caatcaagca	caagagaatg	4740
	cccggaatat	atggcgtctc	aaggaatcga	taaagaaaac	caatgcggct	gtgttggaat	4800
10	tgaaggatgg	acttgcaacg	actgctatag	ctttggacaa	agtgcaaaag	tttatcaatg	4860
	atgatattat	accacagatt	aaggacattg	actgccaggt	agttgcaa	aaattaggcg	4920
15	tctacctctc	cttatactta	acagagctta	caactgtatt	tggttctcag	atcactaatc	4980
	ctgcattatc	aacgctctct	taccaggcgc	tgtacagctt	atgtggaggg	gatatgggaa	5040
	agctaactga	gctgatcgg	gtcaatgcaa	aggatgtggg	atccctctac	gaggctaacc	5100
20	tcataaccgg	ccaaatcg	ggatatgacc	ctgaactaca	gataatcctc	atacaagtat	5160
	cttaccgaag	tgtgtctgaa	gtgacaggag	tccgggctac	tgagttagtc	actgtcagtg	5220
25	tcactacacc	aaaaggagaa	gggcaggcaa	ttgttccgag	atatgtggca	cagagtagag	5280
	tgctgacaga	ggagttggat	gtctcgactt	gtaggtttag	caaaacaact	ctttattgta	5340
	ggtcgattct	cacacggccc	ctaccaactt	tgatcgccag	ctgcctgtca	gggaagtacg	5400
30	acgattgtca	gtacacaaca	gagataggag	cgctatcttc	gagattcatc	acagtcaatg	5460
	gtggagtcct	tgcaaactgc	agagcaattg	tgtgtaagt	tgtctcacc	ccgcatataa	5520
35	taccacaaaa	cgacattggc	tccgtaacag	ttattgactc	aagtatatgc	aaggaagttg	5580
	tcttagagag	tgtgcagctt	aggttagaag	gaaagctgtc	atccaatac	ttctccaacg	5640
	tgacaattga	cttttcccaa	atcacacagt	cagggtcgct	ggatataagc	agtgaattg	5700
40	gtagcattaa	caacacagtt	aatcgggtcg	acgagttaat	caaggaatcc	aacgagtggc	5760
	tgaacgctgt	gaacccccgc	cttgtgaaca	atacgagcat	catagtcctc	tgtgtccttg	5820
45	ccgccctgat	tattgtcttg	ctaatagcgc	tgacagtatg	cttctgttac	tccgcaagat	5880
	actcagctaa	gtcaaaacag	atgagggg	ctatgacagg	gatcgataat	ccatatgtaa	5940
	tacagagtgc	aactaagatg	tagagagg	gaataagcct	aaacatgata	tgatttaaga	6000
50	aaaaattgga	aggtgggggc	gacagcccat	tcaatgaagg	gtgtacactc	caacttgatc	6060
	ttgtgacttg	atcatcatac	tcgaggcacc	atggatttcc	catctaggga	gaacctggca	6120
55	gcagggtgaca	tatcggggcg	gaagacttgg	agattactgt	tccggatcct	cacattgagc	6180
	ataggtgtgg	tctgtcttgc	catcaatatt	gccacaattg	caaaattgga	tcacctggat	6240
	aacatggctt	cgaacacatg	gacaacaact	gaggctgacc	gtgtgatatc	tagcatcacg	6300
60	actccgctca	aagtccctgt	caaccagatt	aatgacatgt	ttcggattgt	agcgcttgac	6360
	ctacctctgc	agatgacatc	attacagaaa	gaaataacat	cccaagtcgg	gttcttggct	6420
65	gaaagtatca	acaatgtttt	atccaagaat	ggatctgcag	gcctggttct	tgттаatgac	6480
	cctgaatatg	caggggggat	cgctgtcagc	ttgtaccaag	gagatgcac	tgacaggccta	6540
	aatttccagc	ccatttcttt	aatagaacat	ccaagttttg	tccctgggtcc	tactactgct	6600

	aagggctgta taaggatccc gaccttccat atgggccctt cacattggtg ttactcacat	6660
5	aacatcattg catcaggttg ccaggatgcg agccactcca gtatgtatat ctctctgggg	6720
	gtgctgaaag catcgcagac cgggtcgcct atcttcttga caacggccag ccatctcgtg	6780
	gatgacaaca tcaaccggaa gtcatgcagc atcgtagcct caaaatacgg ttgtgatatc	6840
10	ctatgcagta ttgtgattga aacagagaat gaggattata ggtctgatcc ggctactagc	6900
	atgattatag gtaggctggt cttcaacggg tcatacacag agagcaagat taacacaggg	6960
15	tccatcttca gtctattctc tgctaactac cctgcggtgg ggtcgggtat tgtagtcggg	7020
	gatgaagccg cattcccaat atatggtggg gtcaagcaga acacatgggt gttcaaccag	7080
	ctcaaggatt ttggttactt cacccataat gatgtgtaca agtgcaatcg gactgatata	7140
20	cagcaaacta tcctggatgc atacaggcca cctaaaatct caggaagggt atgggtacaa	7200
	ggcatcctat tgtgcccagt ttactgaga cctgatcctg gctgtcgctt aaagggtgtc	7260
25	aataccagca atgtgatgat gggggcagaa gcgagggtga tccaagtagg ctcaaccgtg	7320
	tatctatacc aacgctcatc ctcatggtgg gtggtaggac tgacttacia attagatgtg	7380
	tcagaaataa cttcacagac aggtaacaca ctcaaccatg tagaccccat tgcccataca	7440
30	aagttcccaa gaccatcttt caggcgagat gcgtgtgcga ggccaaacat atgccctgct	7500
	gtctgtgtct ccggagttta tcaggacatt tggccgatca gtacagccac caataacagc	7560
35	aacattgtgt gggttggaca gtacttagaa gcattctatt ccaggaaaga cccaagaata	7620
	gggatagcaa ccagtatga gtggaaagtc accaaccagc tgttcaattc gaatactgag	7680
	ggagggtact caaccacaac atgcttccgg aacaccaaac gggacaaggc atattgtgta	7740
40	gtgatatcag agtacgctga tgggggtgtt ggatcataca ggatcgttcc tcagcttata	7800
	gagattagaa caaccaccgg taaatctgag tgatgcatca atcctaaatt ggaatgacca	7860
45	atcaaaagct acgtagtgtc taacagcatt gcgaagcctg gtttaagaaa aaacttgggg	7920
	gcgaatgcc atcaaccatg gatcaaaact aagctgacac tataatacaa cctgaagtcc	7980
	atctgaattc accacttggt cgcgcaaaat tggttcttct atggaaattg actgggttac	8040
50	ctttgccgtc tgatttgaga tcatttgtag taactacaca tgcagctgat gaccaaactg	8100
	caaaaaatga gactaggatc aaggccaaaa ttaattccct aatcgataac ttaatcaaac	8160
55	actgcaaggc aaggcaagtg gcactttcag ggttgacacc tgtcgtacat ccaacaactc	8220
	tacagtgggt gctatccatc acatgtgaac gagcagacca ccttgcaaaa gtacgcgaga	8280
	aatcagttaa gcaagcaatg tcagagaagc aacacgggtt tagacatctc ttttcggcag	8340
60	taagtcatca gttagtggga aacgccacac tgttctgtgc acaagactct agcaccgtga	8400
	atgtcgactc tccttgctca tcaggttgtg agaggctgat aatagactct attggagcct	8460
65	tacaaacacg atggacaaga tgtaggtggg cttggcttca cattaaacag gtaatgagat	8520
	accagggtgct tcagagtcgc ctacacgctc atgccaatc tgtagcaca tgggtctgagg	8580
	cgtggggggt cattgggatc acaccagata tagtccttat tgtagactat aagagcaaaa	8640

	tgtttactat	cctgaccttc	gaaatgatgc	tgatgtattc	agatgtcata	gagggctcgtg	8700
5	ataatgtggt	agctgtagga	agtatgtcac	caaacctaca	gcctgtgggtg	gagaggattg	8760
	aggtgctgtt	tgatgtagtg	gacaccttgg	cgaggaggat	tcatgatcct	atttatgatc	8820
	tggttgctgc	cttagaaagc	atggcatacg	ctgccgtcca	attgcacgat	gctagtgaga	8880
10	cacacgcagg	ggaattcttt	tcgttcaatt	tgacagaaat	agagtccact	cttgccccct	8940
	tgctggatcc	tggccaagtc	ctatcgggtga	tgaggactat	cagttattgt	tacagtgggc	9000
	tatcgcctga	ccaagctgca	gagttgctct	gtgtgatgcg	cttatttgga	caccctctgc	9060
15	tctccgcaca	acaagcagcc	aaaaaagtcc	gggagtctat	gtgtgcccct	aaactgttag	9120
	agcatgatgc	aatactgcaa	actctatctt	tcttcaaggg	aatcataatc	aatggctaca	9180
20	ggaaaagtca	ttctggagta	tggcctgcaa	ttgaccaga	ttctatagtg	gacgatgacc	9240
	ttagacagct	gtattacgag	tcggcagaaa	tttcacatgc	tttcatgctt	aagaaatata	9300
	ggtaccttag	tatgattgag	ttccgcaaga	gcatagagtt	tgacttaaat	gatgacctga	9360
25	gcacattcct	taaagacaaa	gcaatctgca	ggccaaaaga	tcaatgggca	cgcattcttc	9420
	ggaaatcatt	gttcccttgc	aaaacgaacc	ttggcactag	tatagatggt	aaaagtaatc	9480
30	gactgttgat	agatTTTTTg	gagtcacatg	acttcaatcc	tgaggaagaa	atgaagtatg	9540
	tgactacgct	agcatacctg	gcagataatc	aattctcagc	atcatattca	ctgaaggaga	9600
	aagagatcaa	gactactggc	cggatcttcg	ccaaaatgac	caggaaaatg	aggagctgtc	9660
35	aagtaatat	ggaatcacta	ttgtccagtc	acgtctgcaa	attctttaag	gagaacgggtg	9720
	tgtcaatgga	acaactgtct	ttgacaaaga	gcttgcttgc	aatgtcacag	ttagcaccca	9780
40	ggatatcttc	agttcgccag	gcgacagcac	gtagacagga	cccaggactc	agccactcta	9840
	atggttgtaa	tcacattgta	ggagacttag	gcccacacca	gcaggacaga	ccggcccggga	9900
	agagtgtagt	cgcaaccttc	cttacaacag	atcttcaaaa	atattgcttg	aattggcgat	9960
45	atgggagtat	caagcttttc	gcccagcct	taaaccagct	attcggaatc	gagcatgggt	10020
	ttgaatggat	acacctgaga	ctgatgaata	gcaccctgtt	tgtcggggac	ccattctcgc	10080
50	ctcctgaaag	caaagtgtctg	agtgatcttg	atgatgcgcc	caattcagac	atatttatcg	10140
	tgtccgccag	aggggggatt	gaaggggttat	gccagaagct	gtggaccatg	atttcaataa	10200
	gcataatcca	ttgcgtggct	gagaagatag	gagcaagggt	tgcggcgatg	gttcaggagg	10260
55	ataatcaggt	aattgcaatc	acgagagagc	tgtataaggg	agagacttac	acgcagattc	10320
	agccggagtt	agatcgatta	ggcaatgcat	tttttgctga	attcaaaaaga	cacaactatg	10380
60	caatgggaca	taatctgaag	cccaaagaga	caatccaaag	tcaatcattc	tttgtgtatt	10440
	cgaacggat	tttctgggaa	gggagaattc	ttagtcaagc	actgaagaat	gctaccaaac	10500
65	tatgcttcat	tgcagatcac	ctcggggata	atactgtctc	atcatgcagc	aatctagcct	10560
	ctacgataac	ccgcttgggt	gagaatgggt	atgaaaagga	cacagcattc	attctgaata	10620
	tcattctcagc	aatgactcag	ttgctgattg	atgagcaata	ttccctacaa	ggagactact	10680

ES 2 622 087 T3

	cagctgtgag	aaaactgatt	gggtcatcaa	attaccgtaa	tctcttagtg	gcgtcgctca	10740
5	tgcctgggtca	ggttggcggc	tataatttct	tgaatatcag	tcgcctattc	acacgcaata	10800
	ttggtgatcc	agtaacatgc	gccatagcag	atctgaagtg	gttcattagg	agcggggttaa	10860
	tcccagagtt	catcctgaag	aatatattac	tacgagatcc	cggagacgat	atgtggagta	10920
10	ctctatgtgc	tgacccttac	gcattaaata	tcccctacac	tcagctaccc	acaacatacc	10980
	tgaagaagca	tactcagagg	gcattactat	ccgatttctaa	taatccgctt	cttgcaagggg	11040
	tgcaattgga	caatcaatac	attgaagagg	aggagtttgc	acgattcctt	ttggatcggg	11100
15	aatccgtgat	gcctcgagt	gcacacacaa	tcatggagtc	aagtatacta	gggaagagaa	11160
	agaacatcca	gggtttaatc	gacactaccc	ctacaatcat	taagactgca	ctcatgaggc	11220
20	agcccatatc	tcgtagaaag	tgtgataaaa	tagttaatta	ctcgattaac	tacctgactg	11280
	agtgccacga	ttcattattg	tcctgtagga	cattcgagcc	aaggaaggaa	ataatatggg	11340
	agtcagctat	gatctcagta	gaaacttgca	gtgtcacaa	tgaggagttc	ctgcgcgcca	11400
25	ccagctggtc	caacatcctg	aacggtagga	ctatttcggg	tgtaacatct	ccagacacta	11460
	tagagctgct	caaggggtca	ttaattggag	agaatgcccc	ttgtattctt	tgtgagcagg	11520
30	gagacgagac	attcacgtgg	atgcacttag	ccgggccccat	ctatatacca	gacccggggg	11580
	tgaccgcatc	caagatgaga	gtgccgtatc	ttgggtcaaa	gacagaggaa	aggcgtacgg	11640
	catccatggc	caccattaag	ggcatgtctc	accacctaaa	ggccgctttg	cgaggagcct	11700
35	ctgtgatggt	gtgggccttt	ggtgatactg	aagaaagttg	ggaacatgcc	tgccctgtgg	11760
	ccaatacaag	gtgcaagatt	aatcttccgc	agctacgcct	gctgaccccg	acaccaagca	11820
40	gctctaacat	ccaacatcga	ctaaatgatg	gtatcagcgt	gcaaaaattt	acacctgcta	11880
	gcttatcccg	agtggcgta	tttgttcaca	tttgcaacga	tttccaaaag	ctagagagag	11940
	atggatcttc	cgtagactct	aacttgatat	atcagcaaat	catgctgact	ggtctaagta	12000
45	ttatggagac	acttcacct	atgcacgtct	catgggtata	caacaatcag	acaattcact	12060
	tacataccgg	aacatcgtgt	tgtcctaggg	aaatagagac	aagcattggt	aatcccgccta	12120
50	ggggagaatt	cccaacaata	actctcaca	ctaacaatca	gtttctgttt	gattgtaatc	12180
	ccatacatga	tgaggcactt	acaaaactgt	cagtaagtga	gttcaagttc	caggagctta	12240
	atatagactc	aatgcagggt	tacagtgtctg	tgaacctgct	gagcagatgt	gtggctaagc	12300
55	tgatagggga	atgcattctg	gaagacggta	tcggatcgtc	aatcaagaat	gaagcaatga	12360
	tatcatttga	taactctatc	aactggattt	ctgaagcact	caatagtgac	ctgcgttttg	12420
60	tattcctcca	gctggggcaa	gaactacttt	gtgacctggc	gtaccaaagt	tactatctga	12480
	gggtcatcgg	ctatcattcc	atcgtggcat	atctgcagaa	tactctagaa	agaattcctg	12540
	ttatccaact	cgcaaacatg	gcactcacca	tatcccaccc	agaagtatgg	aggagagtga	12600
65	cagtgagcgg	attcaaccaa	ggttaccgga	gtccctatct	ggccactgtc	gactttatcg	12660
	ccgcatgtcg	tgatatcatt	gtgcaagggtg	cccagcatta	tatggctgat	ttgtgtgcag	12720

5	gagtagagtg	ccaatataca	ttctttaatg	ttcaagacgg	cgatctgaca	ccgaagatgg	12780	
	aacaatTTTT	agcccggcgc	atgtgcttgt	ttgtattgtt	aactgggacg	atccgaccac	12840	
	tcccaatcat	acgatccctt	aatgcgattg	agaaatgtgc	aattctcact	cagttcttgt	12900	
	attacctacc	gtcagtcgac	atggcagtag	cagacaaggc	tcgtgtgtta	tatcaactgt	12960	
10	caataaatcc	gaaaatagat	gctttagtct	ccaaccttta	tttcaccaca	aggagggttg	13020	
	tttcaaatat	caggggagat	tcttcttcac	gagcgcaa	at	tgatttcctc	tacgaggagg	13080
15	aagtaatcgt	tgatgtgcct	gcatctaata	aatttgatca	gtaccatcgt	gaccccatcc	13140	
	taagaggagg	tctatTTTTc	tctctctcct	taaaaatgga	aaggatgtct	ctgaaccgat	13200	
	ttgcagtaca	gaccctgcc	acccaggggt	ctaactcgca	gggttcacga	cagaccttgt	13260	
20	ggcgtgcctc	accgttagca	cactgcctta	aatcagtagg	gcaggtaagt	accagctggg	13320	
	acaagtatgc	tgtagtgggg	gcgtctgtag	agaaagtcca	accaacaaga	tcaacaagcc	13380	
25	tctacatcgg	ggagggcagt	gggagtgtca	tgacattatt	agagtatctg	gaccctgcta	13440	
	caattatctt	ctacaactcg	ctattcagca	atagcatgaa	ccctccacaa	aggaatttcg	13500	
	gactgatgcc	cacacagttt	caggactcag	tcgtgtataa	aaacatatca	gcaggagttg	13560	
30	actgcaagta	cgggtttaag	caagtctttc	aaccattatg	gcgtgatgta	gatcaagaaa	13620	
	caaatgtggt	agagacggcg	ttcctaaact	atgtgatgga	agtagtgcca	gtccactctt	13680	
35	cgaagcgtgt	cgtatgtgaa	gttgagtttg	acagggggat	gcctgacgag	atagtaataa	13740	
	caggggtacat	acacgtgctg	atggtgaccg	catacagtct	gcatcgagga	gggctgctaa	13800	
	taatcaaggt	ctatcgtcac	tccgaggctg	tattccaatt	cgtactctct	gcgatagtca	13860	
40	tgatgttttg	ggggcttgat	atacaccgga	actcgtacat	gtcaactaac	aaagaggagt	13920	
	acatcatcat	agctgcggcg	ccggaggcat	taaactattc	ctctgtacca	gcaatattgc	13980	
45	agaggggtgaa	gtctgttatt	gaccagcagc	ttacattaat	ctctcctata	gatctagaaa	14040	
	gattgcgcca	tgagactgag	tctctccgtg	agaaggagaa	taatctagta	atatctctga	14100	
	cgagagggaa	gtatcaactc	cggccgacac	agactgatat	gcttctatca	tacctagggtg	14160	
50	ggagattcat	caccctattc	ggacagtctg	ctagggattt	gatggccact	gatgttgctg	14220	
	accttgatgc	taggaagatt	gcattagttg	atctactgat	ggtggaatcc	aacattatTT	14280	
55	taagtgagag	cacagacttg	gaccttgcac	tgttgctgag	cccgtttaac	ttagacaaa	14340	
	ggcggaagat	agttacccta	gcaaaggcta	ctacccgcca	attgctgccc	gtgtatatcg	14400	
	catcagagat	aatgtgcaat	cggcaggcat	tcacacacct	gacatcaatt	atacagcgtg	14460	
60	gtgtcataag	aatagaaaac	atgcttgcta	caacggaatt	tgcccgacag	tcagttcgcc	14520	
	cccagttcat	aaaggagggtg	ataactatag	cccaagtcaa	ccacctTTTT	tcagatctat	14580	
65	ccaaactcgt	gctttctcga	tctgaagtca	agcaagcact	taaatttgtc	ggttgctgta	14640	
	tgaagttcag	aaatgcaagc	aattaaacag	gattgttatt	gtcaaatcac	cggttactat	14700	
	agtcaaatta	atatgtaaa	ttccctcttt	caagagtgat	taagaaaaaa	cgcgtcaaa	14760	

ES 2 622 087 T3

	gtggcggttt cactgatttg ctcttggaag ttgggcatcc tccagccaat atatcggtgc	14820
5	cgaaatcgaa agtctgacag ctgatttgga atataagcac tgcataatca ctgagttacg	14880
	ttgctttgct attccatgtc tgggt	14904
10	<210> 17 <211> 16272 <212> ADN <213> secuencia artificial	
15	<220> <223> Secuencia de genoma de APMV3	
	<400> 17	
	actaaacaga aaattaatac ttgttagtag tcgccgatta atccgctaata atattaggag	60
20	cggaagtcct acactccgcc tccgaccacg aattgaaatc atcatggctg gaatttttaa	120
	tacttatgag ctctttgtta aggatcagac atgtatgcac aagagggctg caagcctaata	180
25	atcgggaggt cagcttaaaa gcaatatacc agtcttcac accacaaaag atgatccagc	240
	tgtccgatgg gaccttgat gttttaatct ccgacttggt gttagtgaat catctacctc	300
	ggtgatccgg cagggggctc ttatatcatt gctttccatt actgctagca atatgagggc	360
30	tcttgacagca attgctgggc agactgatga atcgatgatt aatattatag aagttgtgga	420
	ctttgatgga cttgagcccc agtgtgacac tcgcagtggc ttagacgctc agaagcagga	480
35	gatgtttaag gatattgccc gtgatatgcc gagggcacta tccagcggga ccccgttcca	540
	gcacggaaat gcggaagcga atgggcctga agacacacac atgttcctcc gatccgcaat	600
	tagcgttctg acacagatct ggatcctggg tgcaaaagcc atgactaaca ttgatggcag	660
40	caacgaggca agcgatcgcc gccttgccaa gtatattcaa cagaatagaa ttgacaggcg	720
	attcatgctt gctcaagcta ccaggactgt atgtcagcag gtcataaagg attctttgac	780
45	cttgagaagg ttccttgtaa ctgagcttcg aaagtcgcgg ggggcattgc atagcgggtc	840
	atcttactat gctatgattg gagacatgca ggcatacata tttaatgcag gccttacacc	900
	attcctcact accctcaggt acgggatcgg gactaaatac catgcccttg caattagctc	960
50	acttgacaggt gacctgaata agattaaggg gttactgact ctatacaaag agaaagggag	1020
	tgatgcgggc tatatggcac ttctagagga tgctgactgc atgcaatttg cgccaggtaa	1080
55	ttactcacta ttatattcat atgcgatggg agtagcaagt gtacatgatg aaggcatgag	1140
	gaattaccaa tacgcccggc gcttcctcca taaggggatg taccaatttg gacgtgatat	1200
	cgcaacacaa cagcaacatg cacttgatga atccctcgcc caggagatga gaatcacaga	1260
60	ggctgacagg gcaaatctca aggtaatgat ggcaaacatt ggggaagcat caagcttcag	1320
	tgatatgcct aatccaggag ctacggcat tcctgccttc aatgaccgcc ctgatgagat	1380
65	cttctctgag ccaggctatc gcaagcccc tcaagatcag ccgctgataa agctcccaga	1440
	tctcgaggaa gaagagcagg acgaattcga catgtagaga gccgcccacc acccagagcc	1500
	agcgacaaac ccaggcaaaa caaccacca tctccgacct ggaacacaac gcaacatcga	1560

ES 2 622 087 T3

	ggaccccg	gagccgacac	cgcagccgca	agacctccgc	atcatgaacg	accagcatcc	1620
5	aaacatctgt	cctccctatt	ctatcagttt	aataaaaaag	gctttcgtgc	acagacagag	1680
	atcctgacat	aattcagccg	gggggattca	acttaggagc	ggaagtatcc	ctcctaacct	1740
	gcacctgcat	ttcaatatgg	atcttgagtt	tagtagtgag	gaagcagtcg	cagccctctt	1800
10	ggatgtgagt	tcctcaacca	taaccgaggt	tctgagcaag	caaagtattc	ctgaccctag	1860
	ctttctcacg	tccacggagg	catccggtga	gcaagttcca	gattcgaagg	tcgccaatca	1920
	caaagccagt	gtcgataaga	ccccagatca	aggccaacca	tcggcaacgc	cttcggctcc	1980
15	tcctgagact	gccgaaaaca	tcaatacacc	atcttgcgag	gacggtttac	cccctaactt	2040
	cttcatccca	agggtagaga	gttaccacac	taaccttttt	aaagggggcc	cccaattgga	2100
20	ctcaacggag	cggccgcctg	gtcaccaa	agtttgcgga	gatcaagacg	cggacctctc	2160
	ccgagccggg	atagcgagaa	agaagaagaa	gcagaagcat	tgcaaagcgc	tcaacttttc	2220
	ggaatcccca	ctcacagaca	atcaggccat	agaagggagt	attcaatctc	atggagccct	2280
25	ggatcaggaa	ccttcagac	agagacctgg	tgcaaccag	cctgctctcc	agtcaccgcc	2340
	ttcccaaac	aatacaagt	tgcatgcaga	cagtgcccaa	gattctgcga	tctctgtttc	2400
30	aatcccgtg	actatggtg	aatcattgat	ctctcaagt	tcaaagttgt	cggaccaagt	2460
	ctcgagata	cagaagttg	tgagtaccct	tcctcaaatt	aagactgata	ttgcttcgat	2520
	tcggaacatg	caagcagctt	tggaaggaca	gctcagtatg	attcgtatat	tggatccagg	2580
35	aaactgttcg	gaatcatcac	tcaatgcgct	gagaggggtt	agtggttaagg	cacctgttat	2640
	tgtgagtgg	ccaggaaatc	ccaatcaatg	catcagccaa	ggctcatcca	ccacaatttg	2700
40	cctggatgag	ttagcccggc	ctgtgccaaa	tcctatacag	gtgaaacttc	aagatgatca	2760
	gaaggacct	tctgcacagc	gacatgctgt	cattgcatta	ctcgaaacca	gaatcccccc	2820
	gggacaaaa	cgtgacaaat	tactgtcatt	ggttgcaatt	gcaaagactg	caagtgattt	2880
45	aatcaagatt	aagagaatgg	cagtcctcgg	ccagtgat	caccctatgg	caaccaggct	2940
	acaaatgtaa	gcagtttccg	atatgtaccg	aatcaataac	acgaccctt	ccgcaaaagc	3000
50	aagcgcgagc	atgacacact	cagcttcagc	caattctagc	ttcactaagc	aggtgatctg	3060
	accatctggc	tttacttccg	ctttataaaa	aactcctaga	tctaactatg	aggcagaccg	3120
	agctaattgcg	gagggagtac	acaaggggaa	tcaaaggagc	ggaagggtact	aagtcactcc	3180
55	accgcctgcc	ctcgcccatc	cgcagcctcc	cccaaccgc	ggcccaggct	ccattcaaaa	3240
	accatggccg	ctgctctcgg	gaacatgcac	ccgtcatcgt	cgattactct	tatgcatgat	3300
60	gacctgtcca	tccagacgca	gttgctagcc	ttccctctga	taagtgagaa	gacagagaca	3360
	gggacgacaa	agctgcagcc	tcaagtgaga	atgcaatctt	tcctatcaac	cgatagccag	3420
	aagtatcatc	tggtctttat	caacacatat	ggtttcattg	cggaggattt	taattgtagt	3480
65	ccagcaaacg	gatttgtgcc	tgactat	caacccaagt	ctaaagtctt	atcgtcagcg	3540
	atggttacac	ttggggctgt	ccctgctgac	actgttctcc	aggacctaca	acgggactta	3600

	atcgcaatga gattttaaagt ccgaaagagt gcgtcacgaa tggagctaatt attattctcc	3660
5	acagacaatg tccctgcaac attaacaggg tcatcagtct ggaagaataa aggagtaata	3720
	gctgatacag caactgcagt taaagcgccc ggtcgcattct catgcgatgc ggtatgcagt	3780
	tattgcatta cattcatctc tttttgcttc ttccactcat ctgctctttt taagggtccc	3840
10	aagcctctgc tgaatttcga gacggccata gcatattccc ttgtactcca ggtcgagctt	3900
	gagttcccaa atatcaaaga taccttacac gagaagtatc tcaaagttaa agactcgaag	3960
15	tggtattgta caattgacat ccatattggg aatcttttaa agagaaccgc caagcaacga	4020
	aggaggacac cttcagagat aatgcagaaa gtccgtaaga tgggtttcag gattgggtta	4080
	tacgatttgt ggggtccaac aattgtggtt gaattaactg ggtcctcaag taagtcccta	4140
20	cacggattct tctcgagtga gcggctggcc tgccaccgg tatcacagta taatcctcat	4200
	gttggacagc ttatctgggc acacgatgta tccatcacgg ggtgccacat gattatatct	4260
25	gaacttgaga aaaagaaggc acttgcaatg gctgacctga ccgtgagtga tgcagtagct	4320
	gtcaacacga gcatcaagag cttatcgctt ttccagactgt tcaaaaaata taagggcaag	4380
	acaactccaa ggggtgtgtgc ttataatttg catattctag attataatca ttaaccgcgt	4440
30	ccaaatgatc agaccgcata attaacagct cagccaggac tcgcaaatcc tgcataaggct	4500
	caaataacaa gacgacatat atactcacac aacaagggtg aatatctaga aggaatcaga	4560
35	attgagacaa tatctagggt atcagcgcta ctgccctgca actcactatg tatgcttggc	4620
	attaataaaa aacattgtga gaatgcaatt taaggacgaa agtaggagcg gaacacgctc	4680
	aactgaaccc aagcgcacac cagcccccg gcaccgcacc ggaaggacgc acaacagccg	4740
40	accgccccca ccagggcaga ggccatgcaa ccaggctcgg cactccacct cccgcacctg	4800
	tacataataa ttgccttagt cagcgatggc actttaggcc aaacagctaa aattgatagg	4860
45	ctgatacagg cagggattgt cttgggtagt ggaaaggagc tccatatctc acaagattca	4920
	gggacactgg atttattcgt gaggttggtta ccagtactcc cttcgaattt gtcccattgc	4980
	cagcttgaag caataacaca gtataataag acggtgacta ggttattggc cccaataggg	5040
50	aagaacctag aacagggtact acaagcgaga ccgcgtggga ggctgttcgg tccaataata	5100
	gggtccatcg cgcttggtgt tgccacatca gcacagatta ccgctgctat tgcactcgtc	5160
55	cgtgcacagc aaaatgctaa tgatatatta gcacttaaaa acgctctcca atccagcaat	5220
	gaggcaatcc gtcaactcac gtatggccag gacaaacagt tacttgcaat ttctaaaata	5280
	caaaaagctg tgaatgagca gatcctccct gcactcgatc agctggactg tgctgtcctt	5340
60	ggaaccaaac tagctgtgca gcttaatctg tatctcattg agatgactac ctttttcggc	5400
	gagcaaatca ataatccagt cttggcgacc atcccattaa gttacatttt acgcctgacc	5460
65	ggtgcggagt tgaacaacgt cctcatgaag caagcccgat cgtccttaag cttgttacag	5520
	ttagtttcaa aaggcttact tagtggacaa gtaattggct atgacccatc tgttcaagg	5580
	ctgataataa ggggtgaatct gatgcgaacg cagaagatcg atagagcact agtttatcag	5640

	ccgtatgtat	taccaatcac	tcttaactct	aacatagtaa	caccaatagc	cccagaatgc	5700
5	gtaattcaga	aagggacgat	catagagggg	atgtcacgga	aggattgtac	agagttggag	5760
	caagacataa	tttgtaggac	agttacgaca	tacacgcttg	ccagagacac	cagatttgtt	5820
	ttacaaggca	atatctcttc	ttgtaggtat	caacagtcag	gcacccaact	acacaccca	5880
10	tttattacgt	acaacggggc	agttatcgca	aactgtgatt	tagtctcttg	tcggtgtctc	5940
	cgtcctccta	tgattatcac	ccaagtaaaa	gggtaccctc	ttaccataat	cacaaggtcc	6000
	gtatgtcaag	aattatccgt	tgacaactta	gtcctgaata	ttgagacaca	ccataatttc	6060
15	tcccttaatc	caacaattat	cgaccctcta	acaagagtaa	tagccactac	accgttagag	6120
	atagattcct	taatccaaga	ggcacaagat	catgcgaatg	cagcgctagc	taaagtggaa	6180
20	gagagtgata	aatatctcag	ggcagttact	ggcggttaatt	attcgaattg	gtatatcggt	6240
	cttgtcatcg	tcttactatt	tgggaatttg	ggctggctgc	tgttgtaaac	agtacttcta	6300
	tgtaggtcac	ggaaacaaca	gcgacgttat	caacaagatg	attccgctcg	gtcagaaaga	6360
25	gggtgttgggg	ttgggaccat	ccagtatatg	tcataagtgg	tgtcagacat	cacaatccaa	6420
	gtcactcagt	tatctactcc	gctggctcgg	agccatcgac	aacggggggg	agccctcatc	6480
30	cggggacaat	ccacaacctg	atactaccag	acagtggctc	cgcacgatgg	cagcagccca	6540
	caacgtcctg	catgtaaata	tcattgcgtt	actttaatta	aaaaacctca	aggtgacca	6600
	tcctggccca	tccgattgga	ggagcggaag	gttttaagg	aatcaggcaa	attgtttcca	6660
35	acatggaatc	ccctccttct	ggcaaggatg	cgccagcctt	ccgcgagcct	aagcgaactt	6720
	gcagactctg	ttacagggcg	acgactctct	cccttaatct	caccatcggt	gtattatcaa	6780
40	ttataagcat	ttatgtatca	actcaaactg	gggcaaacaa	ctcttggtgc	aatcccacaa	6840
	tcgtaactcc	tgattattta	actggcagca	cgacaggctc	agttgaagat	cttgctgact	6900
	tagagagtca	actccgggag	atacgtagag	acacagggat	taatctcca	gttcagatcg	6960
45	ataatacaga	aaatctaata	ctgacaactc	tggcgagtat	caactcgaat	ttacgctttc	7020
	tgcaaaatgc	aacaactgag	agccagacct	gcctatctcc	tgtcaatgac	cctcgctttg	7080
50	tagctggcat	aaataggatc	ccagcagggg	cgatggcata	taatgacttc	agcaacctca	7140
	ttgagcacgt	aaatttcata	ccgtcgccga	caacgttggtc	aggctgcacc	aggataccat	7200
	cattttcact	ctctaagacg	cactgggtgtt	ataccacaaa	tgttatatca	aacgggtgcc	7260
55	ttgaccatgc	tgcaagttca	caatacatct	caatagggat	cggtgatacc	ggcctaaata	7320
	atgagcccta	ttttagaaca	atgtcttcaa	agtcactgaa	tgacggatta	aatagaaaga	7380
60	gttgctctgt	gaccgcagcc	gctaattgcat	gttggttact	ctgtagcgta	gtaacagaat	7440
	acgaagctgc	ggactatcga	tcacgaactc	ctactgctat	ggttctgggg	cgattcgatt	7500
	ttaatggtga	atacacagaa	atagctgtcc	cctcctcact	attcgatggc	cggtttgcat	7560
65	ctaactatcc	aggtgtggga	tcgggaactc	aagtcaatgg	aacattatat	ttccctttat	7620
	atggaggggt	ccttaatggg	tcagatatag	aaacggcaaa	caaggggaaa	tccttcaggc	7680

	ctcagaatcc taagaatagg tgtccagact cggaggcgat ccaaagcttt agagcgcaag	7740
5	atagctatta cccgacgaga tttgggaagg tgctgatcca acaggcaatc attgcatgta	7800
	ggatcagtaa caaaagttgt actgatttct atctcctgta cttcgacaac aacagagtga	7860
	tgatgggtgc agaggcacgg ctatatattc ttaataacca attatatcta tatcaacgct	7920
10	cgtcgagctg gtggccgcat cctttgttct atagcatctc attaccgtca tgtcaagccc	7980
	ttgctgtctg tcaaattaca gaggcccatc tgacactgac ttacgccacg tcgaggccag	8040
	gaatgtctat ctgtacagga gcatcaagggt gtccaaataa ttgcgtagac ggtgtatata	8100
15	ctgatgtatg gccattgaca aagaacgatg ctcaggaccc caatctcttc tacactgtat	8160
	acttaaataa ttcaactcgg cggattagcc caaccataag tctatacact tatgaccgca	8220
20	ggatcaaadc taagctggca gtgggtagtg atataggagc agcttatacc acgagtacct	8280
	gtttcggccg atcagataca ggggcggttt attgcttaac tataatggag accgttaaca	8340
	caatatttgg tcagtaccgg atcgtgcca tattacttag agtgacaagc cggtaatgga	8400
25	ttgttcctag tgaagtgggg cctatgggta ctccgtaacg gagatgacct gatttatgct	8460
	atgtaactaa ttttgctcaa tcgggaggggt gatcggccgg gtatgtccac aatgacaatg	8520
30	actcctattc ccttgctaga gctagcttcc tctttaatcc aatacaatcc ctacctgtag	8580
	tttaataaaa aaatcctcta tataagatcc agacgaaggc tatataagct aatagcttag	8640
	gatggaaacg acaggagcgg aacatatccc tcctaccatg tcttctcata atattatcct	8700
35	ccctgaccac cacttaaatt cccctattgt actaaataaa ttgatgtact attgtaaact	8760
	ccttaataata ttgcctgacc ctaagtcgcc atgggtacgag aagattaagt cttggactaa	8820
40	ttgctgcata cgtgtgtcag acagcaatcg catgactttg tcacgcgcct ccaagctacg	8880
	agaactattg gcaacgtacg gcgtatatcc gaagaaccac cagcaatgtt ataccaccat	8940
45	aatccatccc caatccctat caccatcat gcagactgtc tctcaactgg gacgctcaat	9000
	cccgacctgg gccaggatcc gaaaggagat cacacacagt atcatagccc aaacgaataa	9060
	atttgaatcc ttattccaca acatctcaa ggacctgaca gggaaaacca acttgtttgg	9120
50	cggattctgt gatttacatg ggagcataag cactgctgca aagcgcttaa tgaatcaacc	9180
	gggtctctac ttggattcac ctgatgcca tgcatgtcaa tttttgttcc agcttaaaac	9240
55	ctgtcaacgg gaattgattc tacttatgag gcagaatgcc acaacagagc tgattaggggt	9300
	ttttgactat cctgagctac gggttcttgt gacacctgaa tattcgggtct gggtttttac	9360
	acggaccaa caagttacat tactaacatt cgattgcttg ttaatgtact gcgatctttc	9420
60	agacggccgg cacaacatcc tattcacttg taagcttttg tctcacttaa accacctcgg	9480
	gtgtcggata agggacctgc tgggtgctaatt tgattcactt gccgagaaac accccttaat	9540
65	agtttatgat gtagttgcaa gtctggagtc gttatcatat ggtgctatac agctacatga	9600
	caaggtagct ggttatgctg gaacatTTTT ctcatttatc cttgcagaaa tacaggattc	9660
	cttagaaaca gtgttggtac aaggtaatag tgaatctatc atatcccaa taaggaacat	9720

	atactcaggt	ctcacagtaa	acgaggctgc	agaattgcta	tgtgttatga	ggctttgggg	9780
5	ccaccctgcc	ctaaacagtg	tagacgctgc	aagcaagggtg	agacagagta	tgtgcgctgg	9840
	caagctgctt	aaatttgata	cgatccagtt	agtccttgca	ttcttcaata	cactaataat	9900
	taatggatat	aggagaaagc	accatgggcg	atggccgaat	gtttgtagtg	actctataat	9960
10	tgggaatgaa	ctcaagcgga	tgtattttga	tcaatgtgag	atcccccacg	acttcacatt	10020
	aaagaactac	cgggaattaa	gtcttcttga	attcgagtg	acatttccca	tagaattatc	10080
	agataaactg	aacatatttt	taaaagataa	ggcaatagca	ttcccgaagt	ccaggtggac	10140
15	atctcctttc	aaagcagata	tcacaccg	ccatttgctg	caagcgctg	agtttaaaac	10200
	ccgtgccaac	agactactgc	tatcattctt	acaactcgag	gaattctcca	tcgaatcaga	10260
20	actagaatat	gtgactaccc	tggcttacct	ggatgatgat	gagttcaacg	tatcttactc	10320
	cctcaaagag	aaggaggtaa	agacagatgg	tcgaatcttc	gctaagctca	caaggaaaat	10380
	gcggagctgt	caggtgatat	tcgaagaatt	gctagcagag	catgtctctc	cattatttaa	10440
25	agacaacggc	gttactatgg	ccgaattgtc	acttactaag	agcctactcg	ctattagcaa	10500
	cctaagctcc	accttatttg	agacgcaaac	aaggcaaggc	gatcggaatg	caagattcac	10560
30	gcatgcgcac	ttcataacaa	ctgacctgca	aaagtactgt	ttaaactgga	ggtaccagag	10620
	tgtaaaactg	ttcgcacg	aattgaaccg	gttatttggt	ctgcagcatg	ggtttgaatg	10680
	gatccattgc	atactaata	agtcactat	gtatgtcgca	gaccccttta	accctccaca	10740
35	tagcaatgca	cgtgaggcac	tcgatgacaa	cttaaatagc	gacatattca	ttgtatcacc	10800
	tagggggggc	atcgagggac	tatgccaaaa	aatgtggaca	atcatctcaa	tctcggcgat	10860
40	ccatgcatcc	gctgctgtgg	ctgggctacg	gggtggcatct	atggtccaag	gtgataacca	10920
	agttattggg	gtaacacg	agttcctagc	tgggcatgat	caaacttttg	tagacgatca	10980
	attgacggtt	tcacttgaga	acttcactca	gatattcaag	gaagtcaact	acgggctagg	11040
45	tcataatctc	aagctgaggg	aaacaatcaa	gtcgagccac	atgttcatct	actcaaagag	11100
	gatcttctac	gacggccgag	tgcttccaca	acttctaaag	aacattcgta	agttaaccct	11160
50	atcagctaca	actacagggg	agaactgttt	aacgagttgc	ggggacctat	catcatgcat	11220
	cacacgatgt	atagagaatg	ggttccctaa	agatgcagca	ttcgttttga	atcaattagt	11280
	gattaggatc	cagatacttg	ccgatcactt	ttattccatc	cttggaggat	gtttctctgg	11340
55	gttgaaccag	gcggatatcc	gtctccttct	atatgagggg	gcaattttac	cggcacaatt	11400
	aggaggggtt	aacaacctca	acatgtcacg	gctattctgt	cggaatattg	gtgaccatt	11460
60	agtcgctcc	atcgagacaa	ccaagagatt	tgtgaagtgc	caactgctcg	ttcctcacat	11520
	tttagactct	gtcgttgcta	ttaccgatag	gaaggggtct	tttacgacac	tgatgatgga	11580
	tccatattca	ataaacttgg	attatatcca	gcaaccagag	acacgattga	agcgacatgt	11640
65	gcaaaagggt	ttactacaag	agtcagtgaa	tccgctactc	caaggggtct	tcctagagtc	11700
	tcaacaagag	gaagaggaac	aacttgacg	gttcttgctg	gaccgagaag	tcgtaatgcc	11760

ES 2 622 087 T3

	aaggggttgcg	cacgctatat	ttgagtgtac	cagcttaggt	aggcgccgac	atatccaggg	11820
5	cctcatcgac	acgacaaaga	ccattattgc	acttgcgttg	gatacacagc	agttaagtta	11880
	tactaaacgt	gaacagattg	tgacgtacaa	tgcaacttat	atgaggtcct	tagcaagcat	11940
	gctcagttca	agccataatc	agacacgtcg	gtctgtgatt	ggtcacgcat	ccttcaatat	12000
10	caccgactgc	tcgggtcatcc	tggtcaaca	agtgagacgt	gcaagctggg	cgcccttgct	12060
	gaattggcgg	tcattagaag	gcttagaagt	acccgaccct	attgagtcag	tagccggcta	12120
	cctggggttg	gattctaaca	actgtttctt	atgctgccac	gagcagaaca	gctattcctg	12180
15	gtttttcctt	ccccgaatgt	gccatthtga	tgattcgaga	caatctaact	ccatacaaag	12240
	ggtagcttac	attggttcta	agactgacga	gcgccagatg	tctacgataa	atctacttga	12300
20	gaaaactacc	tgtcatgcta	gagcagctac	gaggcttgca	tcattataca	tttgggcctt	12360
	tggggactca	gacgatagtt	gggatgcagt	cgagactcta	tctaacagtc	gatgccagat	12420
	cacccgagag	cacttgcaag	ctctgtgccc	tatgccctct	tcagtgaatc	tccaccatcg	12480
25	attgaacgac	ggaataacac	aagtgaagtt	tatgccatcg	accaatagca	gggtctctcg	12540
	atttgttcat	atttccaatg	accggcagaa	ttacgtattg	gatgactccg	ttactgacag	12600
30	taatctgatt	taccaacaag	tcattgttgc	aggacttagt	atacttgaaa	catatttcag	12660
	agaacctaca	gcgacgaact	tatcaagctt	gggtctgcac	cttcacactg	atgtatcttg	12720
	ttgcttacga	gaatgcccga	tgacacaata	tgcgcccccc	ctgcgagaca	tcccagagtt	12780
35	aactataact	gcgtcaaata	ctttcttatt	tgatcaagaa	cctattagcg	aagcagacct	12840
	gtgtagactc	tcaaagatag	cattccgtag	agcaggagac	aactacgatg	catacgacca	12900
40	gtttcaacta	agagcaacac	tggccgcaac	tacaggtaag	gatgtggcag	caacaatctt	12960
	tggctcctcta	gctgcagtat	cagcaaaaaa	tgatgcaata	gtcacaaatg	actatagcgg	13020
	gaattggatt	tccgagttta	ggtagatgta	tctctatctt	ttgagtgtta	gcctgggcta	13080
45	cgagatcctt	ttgattttcg	cgtatcaact	ttactaccta	cggatacggg	accggcaaaa	13140
	tattgtatgc	tatatggaat	ctgtattccg	acgttgtcat	tctttatgct	tgggcgactt	13200
50	aatccagact	atttcgcact	ctgaaatact	ggttgggtta	aatgcagcgg	gctttaatct	13260
	taccttggat	cgaagtgatt	tgaaggagaa	tcaactctcg	cggcttgctg	tgaaatacct	13320
	cacattgtgt	gtccagactg	caataagtaa	tttggaggta	ggatcagaac	ccctttgtat	13380
55	tattggaggt	caattagatg	atgacatatc	attccaagtt	gcccacttcc	tctgtcgacg	13440
	actgtgcata	atcagcttgg	tccactcaaa	tgtacagaac	ttacccccga	ttagggataa	13500
60	tgaagttgat	gtaaaatcca	agttgatcta	cgaccatctt	aagctagttg	ctaccacact	13560
	caataatagg	gaccagtcgt	atctgctaac	actactgaat	aagcctaaca	tcgagcttca	13620
	tactccacag	gtttacttca	ttatgaggaa	gtgtctggga	ttattaaaag	tctatggacc	13680
65	tgtacctcaa	aagcaaccac	ttccaacctc	cccagtagta	tcactaccaa	ataagtgcaa	13740
	atcgaaatgg	aagcttgagg	aggtaattga	cagcattgag	tcacctaagt	cttttaactg	13800

	ggttcctgat	acgacgattc	cattggatgc	tgagcaaaat	cccccaaatc	ctaacagggt	13860
5	catcgataag	ataaacattc	taagatctct	gagcccgct	cactcagtct	ggtaccgtaa	13920
	ccggcaatac	cggtacgtgt	tgagccagtt	agggcatgac	cagctagggt	gtgcaaccct	13980
	atatcttggt	gaagggagcg	gctccacaat	cttgaacata	gagccaaaag	tcaggagtga	14040
10	taagatatat	tatcatacct	atttctctgc	agacaaaagc	cctgcacagc	gcaatttcat	14100
	ccccagcca	actacttttc	tgcgatctaa	cttttatcac	tacgaattag	agccgtctgg	14160
	atgtgagttc	atcaattggt	gggtccgagga	tgtaaattgca	acgaatctta	cggaactgcg	14220
15	ttgcataaat	cacatattaa	ctgtgattcc	agtcggatct	ctaacacgta	ttattttgtga	14280
	cgtggaattg	gcaaatgaca	cgtcaatata	atcagtggcc	accgcataca	tgaacttaag	14340
20	cattcttgca	catgctctcc	tcaaccaggg	aggcgtytgc	atctgtaggt	gccacctgtt	14400
	agacacgtcc	catcttgcca	ttgtttcggt	tgtacttaaa	acattatcaa	gccagctggc	14460
25	gatttcgttt	tcaggatatt	gtggaaccaa	tgacctatct	tgtgtcatag	gagtcacgaa	14520
	agagtgtctc	attagcctgg	atgtcttaag	ttcgattgca	gctgcattta	taaatgaatt	14580
	gccctcaa	gagctgccgg	tccctcaatc	attattaacg	ctactagggt	gttatcaaga	14640
30	ccagttagag	agccttagtg	cactcattga	aaaaacatgg	atccaggaga	tccgggaggc	14700
	ctcatttaat	gcatgtgaga	tggagtggat	aggacttttg	ggaacagatg	cgctgggcga	14760
35	tgtcgacaca	tttatcagtt	atcgcaatga	ttcgtgtaat	tccatccctg	atctactgac	14820
	gccagctgtg	agtgcctct	tatttgaatt	aatcagcctg	acacctgagc	ttcctggtac	14880
	ggaggaccag	ccgagtaggc	gtgtaatcag	cattggccaa	gcttttaacc	tgactatttc	14940
40	gggaaaagtt	aatacgaatga	tcagatcatg	ctgtgagcag	tgcattaagt	tattagctgc	15000
	caatgtctcc	atccttagtg	atgtagattt	gtcgtatttt	gtgaggggga	ttagagatgg	15060
45	ttcttttgct	ttgggggtgt	taatcaccca	gcgtcaaata	ctcaaggcat	cgagagcacc	15120
	aaagtacctc	aaaacgcata	aggtccagaa	ctggattgcg	ttgttactgg	aggtcaaact	15180
	agaggaaatc	ttctctcgcc	actaccggaa	agtgtatttg	agaactctac	ggctgttatc	15240
50	cctctacggg	ctcctgcagc	agaaggaaag	ttgatcatga	tagatgtctc	tctgatttcg	15300
	cctcagccct	atatacagat	acctgtact	gctgttgtaa	ctatgcaa	ataggctaac	15360
55	ctcgggtccg	agtattgagg	taatggggag	actcgtaatt	ggagaaagaa	gaagaacggg	15420
	gcagatacca	gaccccgga	tacactacta	taagctactt	gggtgactca	ggacgtcact	15480
	aataagagta	cactggtttt	aacaataaca	ctgatagtgt	aacactgaat	attgtaaaca	15540
60	gtctcaggga	ttattttaatt	aaaaagacat	tgcggatcat	catgtcaggc	ctgaaccaat	15600
	cagaaacca	tcctacaggc	atgagtcgat	taatccagtt	taatttagtc	caagatgatt	15660
65	agtactctta	gatgttacta	agtatcagga	tttagcgta	tagattaaac	gtctttgaaa	15720
	gtcatttttac	cctgcaagggt	gcataagcat	atgcagggga	atacccacca	ctggttcggt	15780
	agtctaattt	attcaaagat	gccaccaact	gagtgcaactg	ggagtctgat	tgagctgaat	15840

	caacctaag ctcaagcttt cctgtgatgt agcatgcagt gtgctactgc tgcataagagc	15900
5	caatcagggg cgtcttgaag gcctccacct tcctcaggca acgataaagc agctcactgc	15960
	tacaccacc atgcaaatac aaggatatgt aggtccatca ccctgcttgc taatgtggtc	16020
	ggctccagga ccatggccat agcgctatcc gtctaattca atccgcctca tcatatgcgt	16080
10	atacaatcct cactgagaa atgcacctgc tcaatccaat gacaaactac aacaacacga	16140
	gatcattatg gggtcgattc ccttgaatca gaaaggtaaa aacggcagcg gagatggaga	16200
15	ataccagacc taatcggcaa agaacaaaag gttgaagact gatttaaaaa tcattataac	16260
	tttttgttta gt	16272
20	<210> 18 <211> 15054 <212> ADN <213> secuencia artificial	
25	<220> <223> Secuencia de genoma de APMV4	
	<400> 18 acgaaaaaga agaataaaag gcagaagcct tttaaaagga accctgggct gtcgtaggtg	60
30	tgggaagggt gtattccgag tgcgcctccg aggcattctac tctacaccta tcacaatggc	120
	tggtgtcttc tcccagtatg agaggtttgt ggacaatcaa tcccaagtgt caaggaagga	180
35	tcatcggtcc ttagcaggag gatgccttaa agttaacatc cctatgcttg tcatgcatc	240
	tgaagacccc accactcgtt ggcaactagc atgcttatct ctaaggctcc tgatctcaa	300
	ctcatcaacc agtgctatcc gtcagggggc aatactgact ctcatgtcat taccatcaca	360
40	aaacatgaga gcaacagcag ctattgctgg ttccacaaat gcagctgtta tcaacaccat	420
	ggaagtctta agtgtcaacg actggacccc atccttcgac ctaggagcg gtctttctga	480
45	ggaagatgct caagttttca gagacatggc aagagatctg cccctcagt tcacctctgg	540
	atcaccttc acatcagcat tggcggaggg gttcactcct gaagatactc atgacctgat	600
	ggaggccttg accagtgtgc tgatacagat ctggatcctg gtggctaagg ccatgaccaa	660
50	cattgacggc tctggggagg ccaatgaaag acgtcttgca aagtacatcc aaaaaggaca	720
	gcttaatcgt cagtttgcaa ttggtaatcc tgcccgtctg ataatccaac agacaatcaa	780
55	aagctcctta actgtccgta ggttcttgggt ctctgagctt cgtgcgtcac gaggtgcagt	840
	aaaagaagga tccccttact atgcagctgt tggggatatc cacgcttaca tctttaatgc	900
	gggattgaca ccattcttga ccaccttaag atacgggata ggcaccaagt acgccgctgt	960
60	tgcactcagt gtgttcgctg cagatatgtc aaagttgaag agcctactta ccctgtacca	1020
	ggacaagggt gtagaagctg gatacatggc actccttgag gatccagact ccatgcactt	1080
65	tgcacctgga aacttcccac acatgtactc ctatgcaatg ggggtagctt cttaccatga	1140
	tcctagcatg cgccaatacc aatacgccag gaggttcctc agccgtcctt tctacttact	1200
	aggaagggac atggccgcca agaacacagg cacgctggat gagcaactgg cgaaggaact	1260

	gcaagtatca	gagagagatc	gcgccgcatt	atccgctgcg	attcaatcag	cgatggaggg	1320
5	gggagagtcc	gacgacttcc	cactgtcggg	atccatgccg	gctctctctg	agaatgcgca	1380
	accagttacc	cccagacctc	aacagtccca	gctctctccc	ccccaatcat	caaacatgcc	1440
	ccaatcagca	cccaggaccc	cagactatca	acccgacttt	gaactgtagg	cttcatcacc	1500
10	gcaccaaaaa	cagcccaaga	agaccacccc	tccccccaca	catctcacc	agccacccat	1560
	aaagactcag	tcccacgccc	cagcatctcc	ttcattttaat	taaaaaccga	ccaacagggt	1620
	ggggaaggag	agtcattggc	tactgccaat	tgtgtgcagc	aatggatttt	actgacattg	1680
15	atgtgtgtaa	ctcattgatc	gaatcatcat	cggcaatcat	agactccata	cagcatggag	1740
	ggctgcaacc	agcgggcacc	gtcggcctat	cgcagatccc	aaaagggata	accagcgcac	1800
20	taaccaaggc	ctgggaggct	gaggcggaac	ctgccggtac	tggggacacc	caacacaaat	1860
	ctgacagtcc	ggaggatcat	caggccaacg	acacagattc	ccctgaagac	acagggtactg	1920
	accagaccac	ccaggaggcc	aacatcggtg	agacacccca	ccccgagggtg	ctgtcagcag	1980
25	ccaaagccag	actcaagagg	cccaaagcag	ggaggggacac	ccgcgacaac	tcccctgcgc	2040
	aacccgatca	tcttttaaa	gggggcctcc	tgagcccaca	accagcagca	tcatgggtgc	2100
30	aaaatccacc	cagtcatgga	ggtcccggca	ccgccgatcc	ccgcccatca	caaactcagg	2160
	atcattcccc	caccggagag	aaatggcgat	tgtaaccgac	aaagcaaccg	gagacattga	2220
	actggtggag	tggtgcaacc	cggggtgcac	agcagtccga	attgaacca	ccagactcga	2280
35	ctgtgtatgc	ggacactgcc	ccaccatctg	tagcctctgc	atgtatgacg	actgatcagg	2340
	tacaactact	aatgaaggag	gttgctgaca	taaaatcact	ccttcaggcg	ttagtgagga	2400
40	acctcgctgt	cttgcccca	ttgaggaatg	aggttgacgc	aatcagaaca	tcacaggcca	2460
	tgatagaggg	gacactcaat	tcgatcaaga	ttcttgaccc	tgggaattat	caggaatcat	2520
	cactaaacag	ttggttcaaa	cctcgccaag	atcacactgt	tggtgtgtct	ggaccaggga	2580
45	atccattggc	catgccaacc	ccagtccaag	acaacaccat	attcctggac	gagctagcca	2640
	gacctcatcc	tagtgtgggtc	aatccttccc	cacccatcac	caacaccaat	gttgaccttg	2700
50	gccacagaa	gcaggctgca	atagcctata	tctccgctaa	atgcaaggat	ccggggaaac	2760
	gagatcagct	atcaaggctc	attgagcgag	caaccacccc	aagtgagatc	aacaaagtta	2820
	aaagacaagc	ccttggggtc	tagatcactc	gatcacccct	catgggtgatc	acaacaataa	2880
55	tcagaaccct	tccgaaccac	atgaccaacc	cagcccaccg	cccacaccgt	ccatcgacat	2940
	cccttgccaa	acatcctgcc	gtagctgatt	tattcaaaa	agctcatttg	atatgacctg	3000
60	gtaatcataa	aataggggtg	ggaagggtgt	ttgcctgtaa	gggggctccc	tcattcttcag	3060
	acacgtgccc	gccatctcac	caacagtgca	atggcagaca	tggacacggg	gtatatcaat	3120
	ctgatggcag	atgacccaac	ccaccaaaaa	gaactgctgt	cctttcctct	catccctgtg	3180
65	accggctctg	acgggaagaa	ggaactccaa	caccagatcc	ggacccaatc	cttgctcgcc	3240
	tcagacaaac	aaactgaacg	gttcatcttc	ctcaacactt	acggattcat	ctatgacacc	3300

	acaccggaca	agacaacttt	ttccacccca	gagcatatta	atcagcctaa	gaggacgacg	3360
5	gtgagtgccg	cgatgatgac	cattggcctg	gttcccgccca	atatacccct	gaacgaacta	3420
	acggctactg	tgttcagcct	taaagtaaga	gtgaggaaaa	gtgcgaggta	tcgggaagtg	3480
	gtctggtatc	aatgcaatcc	agtaccggcc	ctgcttgag	ccaccagggt	tggtcgccaa	3540
10	ggagggtctcg	agtcgagcac	tggagtcagt	gtaaaggctc	ccgagaagat	agattgtgag	3600
	aaggattata	cctactaccc	ttattttctta	tctgtgtgct	acatcgccac	ctccaacctg	3660
	ttcaagggtac	cgaggatggt	tgctaatagca	accaacagtc	aattatacca	ccttaccatg	3720
15	caggtcacat	ttgcctttcc	aaaaaacatc	cctccagcca	accagaaaact	cctgacacag	3780
	gtggatgagg	gattcgaggg	cactgtggat	tgccattttg	ggaacatgct	gaaaaaggat	3840
20	cggaaaggga	acatgaggac	actgtcccag	gcggcagata	aggtcagacg	aatgaatatt	3900
	cttggttgta	tctttgactt	gcatgggccca	acgctcttcc	tggagtatac	cgggaaactg	3960
	acaaaggctc	tgctaggggt	catgtccacc	agccgaacag	caatcatccc	catactctcag	4020
25	ctcaatccca	tgctgagtca	actcatgtgg	agcagtgatg	cccagatagt	aaagttaagg	4080
	gttgtcataa	ctacatccaa	acgcggccccg	tgcggggggtg	agcaggagta	tgtgctggat	4140
30	cccaaattca	cagttaagaa	agaaaaggct	cgactcaacc	ctttcgagaa	ggcagcctaa	4200
	tgatttaatc	cgcaagatcc	cagaaatcag	accactctat	actatccact	gatcactgga	4260
	aatgtaattg	tacagttgat	gaatctgtga	agaatcaatt	aaaaaaccgg	atccttatta	4320
35	gggtggggaa	gtagttgatt	gggtgtctaa	acaaaagcat	ttcttcacac	ctccccgccca	4380
	cgaacaacc	acaatgaggc	tatcaaacac	aatcttgacc	ttgattctca	tcatacttac	4440
40	cggctatttg	ataggtgtcc	actccaccga	tgtgaatgag	aaaccaaagt	ccgaagggat	4500
	taggggtgat	cttacaccag	gtgcgggtat	tttcgtaact	caagtccgac	agctccagat	4560
	ctaccaacag	tctgggtacc	atgatcttgt	catcagattg	ttacctcttc	taccaacaga	4620
45	gcttaatgat	tgtcaaaggg	aagttgtcac	agagtacaat	aacactgtat	cacagctgtt	4680
	gcagcctatc	aaaaccaacc	tggatacttt	gttggcagat	ggtagcacia	gggatgttga	4740
50	tatacagccg	cgattcattg	gggcaataat	agccacagggt	gccctggctg	tagcaacggt	4800
	agctgaggta	actgcagctc	aagcactatc	tcagtcaaaa	acgaatgctc	aaaatattct	4860
	caagttgaga	gatagtattc	aggccaccaa	ccaagcagtt	tttgaaattt	cacagggact	4920
55	cgaagcaact	gcaaccgtgc	tatcaaaact	gcaaaactgag	ctcaatgaga	atatcatccc	4980
	aagtctgaac	aacttgtcct	gtgctgccat	ggggaatcgc	cttggtgtat	cactctcact	5040
60	ctatttgacc	ttaatgacca	ctctatttgg	ggaccagatc	acaaaccag	tgctgacgcc	5100
	aatctcttac	agcaccctat	cggcaatggc	gggtgggtcac	attgggtccag	tgatgagtaa	5160
	gatattagcc	ggatctgtca	caagtcagtt	gggggcagaa	caactgattg	ctagtggctt	5220
65	aatacagtca	caggtagtag	gttatgattc	ccagtatcag	ctgttggtta	tcagggtcaa	5280
	ccttgtagcg	attcaggaag	tccagaatac	taggggttga	tcactaagaa	cactagcagt	5340

	caatagggat	ggtggacttt	acagagccca	ggtgccaccc	gaggtagttg	agcgatctgg	5400
5	cattgcagag	cggttttatg	cagatgattg	tgttctaact	acaactgatt	acatctgctc	5460
	atcgatccga	tcttctcggc	ttaatccaga	gttagtcaag	tgtctcagtg	gggcacttga	5520
	ttcatgcaca	tttgagaggg	aaagtgcatt	actgtcaact	cccttctttg	tatacaacaa	5580
10	ggcagtcgtc	gcaaattgta	aagcagcgac	atgtagatgt	aataaaccgc	catctatcat	5640
	tgcccaatac	tctgcatcag	ctctagtaac	catcaccacc	gacacttggt	ctgaccttga	5700
	aattgagggg	tatcgtttca	acatacagac	tgaatccaac	tcatgggttg	caccaaactt	5760
15	cacgggtctca	acctcacaaa	tagtatcggg	tgatccaata	gacatatcct	ctgacattgc	5820
	caaaattaac	aattctatcg	aggctgcgcg	agagcagctg	gaactgagca	accagatcct	5880
20	ttcccgaatc	aaccacgga	ttgtgaacga	cgaatcacta	atagctatta	tcgtgacaat	5940
	tgttgtgctt	agtctccttg	taattgggtc	tattattggt	ctcgggtgtga	tgtacaagaa	6000
	tcttaagaaa	gtccaacgag	ctcaagctgc	tatgatgatg	cagcaaatga	gctcatcaca	6060
25	gcctgtgacc	accaaattgg	ggacaccctt	ctagggtgaat	aatcatatca	atccattcaa	6120
	taatgagcgg	gacataccaa	tcaccaacga	ctgtgtcaca	aggccgggta	ggaatgcacc	6180
30	ggatctctct	ccttcctttt	taattaaaaa	cggttgaact	gaggggtgagg	ggggggggtg	6240
	gcatggtagg	gtggggaagg	tagccaattc	ctgcccattg	ggccgaccgt	accaagagaa	6300
	gtcaacagaa	gtatagatgc	agggcgacat	ggagggtagc	cgtgataacc	tcacagtaga	6360
35	tgatgaatta	aagacaacat	ggaggttagc	ttatagagtt	gtatccctcc	tattgatggg	6420
	gagtgccttg	ataatctcta	tagtaatcct	gacgagagat	aacagccaaa	gcataatcac	6480
40	ggcgatcaac	cagtcgtatg	acgcagactc	aaagtggcaa	acagggatag	aagggaaaat	6540
	cacctcaatc	atgactgata	cgctcgatac	caggaatgca	gctcttctcc	acattccact	6600
	ccagctcaat	acacttgagg	caaacctggt	gtccgccctc	ggaggttaca	cgggaattgg	6660
45	ccccggagat	ctagagcact	gtcgttatcc	ggttcatgac	tccgcttacc	tgcatggagt	6720
	caatcgatta	ctcatcaatc	aaacagctga	ctacacagca	gaaggccccc	tggatcatgt	6780
50	gaacttcatt	ccggcaccag	ttacgactac	tggatgcaca	aggatcccat	ccttttctgt	6840
	atcatcatcc	atttggtgct	atacacacaa	tgtgattgaa	acaggttgca	atgaccactc	6900
	aggtagtaat	caatatatca	gtatgggggt	gattaagagg	gctggcaacg	gcttacctta	6960
55	cttctcaaca	gtcgtgagta	agtatctgac	cgatggggtg	aatagaaaaa	gctgttccgt	7020
	agctgcggga	tccgggcatt	gttacctcct	ttgtagccta	gtgtcagagc	ccgaacctga	7080
60	tgactatgtg	tcaccagatc	ccacaccgat	gaggttaggg	gtgctaacaa	gggatgggtc	7140
	ttacactgaa	caggtggtac	ccgaaagaat	atttaagaac	atatggagcg	caaactaccc	7200
	tggggtaggg	tcaggtgcta	tagcaggaaa	taaggtgtta	ttcccatttt	acggcggagt	7260
65	gaagaatgga	tcaacccttg	agggtgatgaa	taggggaaga	tattactaca	tccaggatcc	7320
	aaatgactat	tgccctgacc	cgctgcaaga	tcagatctta	agggcagaac	aatcgtatta	7380

ES 2 622 087 T3

	tcctactcga	tttggttagga	ggatggtaat	gcagggagtc	ctaactgtc	cagtatccaa	7440
5	caattcaaca	atagccagcc	aatgccaatc	ttactatttc	aacaactcat	taggattcat	7500
	cggggcggaa	tctaggatct	attacctcaa	tggtaacatt	tacctttatc	aaagaagctc	7560
	gagctggtgg	cctcaccccc	aaattttacct	acttgattcc	aggattgcaa	gtccgggtac	7620
10	gcagaacatt	gactcaggcg	ttaacctcaa	gatgttaa	gttactgtca	ttacacgacc	7680
	atcatctggc	ttttgtaata	gtcagtcaag	atgcccta	gactgcttat	tcgggggtta	7740
	ttcagatgtc	tggcctctta	gccttacctc	agacagcata	tttgcattha	caatgtactt	7800
15	acaaggggaag	acgacacgta	ttgaccagc	ttgggcgcta	ttctccaatc	atgtaattgg	7860
	gcatgaggct	cgtttgttca	acaaggaggt	tagtgctgct	tattctacca	ccacttgttt	7920
20	ttcggacacc	atccaaaacc	aggtgtattg	tctgagtata	cttgaagtca	gaagtgaagt	7980
	cttgggggca	ttcaagatag	tgccattcct	ctatcgtgtc	ttataggcac	ctgcttggtc	8040
	aagaaccctg	agcagccata	aaattaacac	ttgatcttcc	ttaaaaacac	ctatctaaat	8100
25	tactgtctga	gatccctgat	tagttaccct	ttcaatcaat	caattaattt	tttaataaaa	8160
	acggaaaaat	gggcctagtt	ccaaggaaag	gatgggaccc	attaggggtg	ggaaggatta	8220
30	ctttgttcct	tgactcgcac	ccacgtacac	ccaatcccat	tcctgtcaag	aaggaaccct	8280
	tcccaaactc	accttgcaat	gtccaatcag	gcagctgaga	ttatactacc	caccttccat	8340
	cttttatcac	ccttgatcga	gaataagtgc	ttctactaca	tgcaattact	tggtctcgtg	8400
35	ttaccacatg	atcactggag	atggagggca	ttcgtcaatt	ttacagtgga	tcaagcacac	8460
	cttaaaaatc	gtaatccccg	cttaatggcc	cacatcgatc	acactaagga	tagactaagg	8520
40	gctcatggtg	tcttgggttt	ccaccagact	cagacaagtg	agagccgttt	ccgtgtcttg	8580
	ctccatcctg	aaactttacc	ttggctatca	gcaatgggag	gatgcatcaa	ccagggttccc	8640
	aaggcatggc	ggaacactct	gaaatctatc	gagcacagtg	tgaagcagga	ggcgactcaa	8700
45	ctgaagtta	tcattggaaa	aacctcacta	aagctaacag	gagtatctta	cttattctcc	8760
	aattgcaatc	ccgggaaaac	tgacgcggga	actatgccc	tactaagtga	gatggcatca	8820
50	gaactcttgt	caaatcccat	ctcccaattc	caatcaacat	gggggtgtgc	tgcttcagg	8880
	tggcaccatg	tagtcagcat	catgaggctc	caacagtatc	aaagaaggac	aggtaaggaa	8940
	gagaaagcaa	tactgaagt	tcagtatggc	tcggacacct	gtctcattaa	tgagactac	9000
55	accgtcgttt	tttccgcaca	ggaccgtgtc	atagcagtct	tgcttttcga	tggtgtctc	9060
	atgatgcaag	acctgcttga	atcccgacgg	aatgtcttgt	tctgtgccc	ctttatgtat	9120
60	cccagaagcc	aactacatga	gaggataagt	acaatactgg	cccttgagga	ccaactcggg	9180
	agaaaagcac	cccaagtcct	gtatgatttc	gtagctaccc	tcgaatcatt	tgcatagct	9240
	gctgtccaac	ttcatgacaa	caaccctatc	tacgggtggg	ctttctttga	gttcaatatc	9300
65	caagaactgg	aagctatttt	gtcccttgca	cttaataagg	atcaagtcaa	cttctacata	9360
	agtcaagtgt	tctcagcata	cagtaacctt	cccccatctg	aatcagcaga	attgctatgc	9420

	ttactacgcc	tgtgggggtca	tccttgcta	aacagtcttg	atgcagcaaa	gaaagtcaga	9480
5	gaatctatgt	gtgctgggaa	ggttcttgat	tataatgcta	ttcgactagt	tttgtctttt	9540
	tatcatcagt	tattaatcaa	tgggtatcgg	aagaaacata	agggtcgctg	gccaaatgtg	9600
	aatcaacatt	cactactcaa	cccgatagtg	aagcagcttt	actttgatca	ggaggagatc	9660
10	ccacactctg	ttgcccttga	gcactattta	gatatctcga	tgatagaatt	tgagaagact	9720
	tttgaagtgg	aactatctga	tagtctaagc	atctttctga	aggataagtc	gatagctttg	9780
	gataaacaag	aatggcacag	tggttttgtc	tcagaagtga	ctccaaagca	cctacgaatg	9840
15	tctcgtcatg	atcgcaagtc	taccaatagg	ctattgttag	cctttattaa	ctcccctgaa	9900
	ttcgatgtta	aggaagagct	taaatatttg	actacagggtg	agtatgccac	tgacccaaat	9960
20	ttcaatgtct	cttactcact	gaaagagaag	gaagttaaga	aagaagggcg	catttttcgca	10020
	aagatgtcac	agaaaatgag	agcatgccag	gttattttgtg	aagagttact	agcacatcat	10080
	gtggctcctt	tgtttaaaga	gaatgggtgtt	acacaatcgg	agctatccct	gacaaagaat	10140
25	ttgtttggcta	ttagccaact	gagttacaac	tcgatggccg	ctaagggtcg	attgctgagg	10200
	ccaggggaca	agttcaccgc	tgcacactat	atgaccacag	acctaataaaa	gtactgcctt	10260
30	aactggcggc	accagtcagt	caaattgttc	gccagaagcc	tggatcgact	atttgggtta	10320
	gaccatgctt	tttcttggat	acacgtccgt	ctcaccaata	gcactatgta	cgttgctgac	10380
	ccattcaatc	caccagactc	agatgcatgc	acaaatttag	acgacaataa	gaacactggg	10440
35	atTTTTatta	taagtgtctg	aggtgggtata	gaaggccttc	aacagaaact	atggactggc	10500
	atatcaattg	caatcgccca	ggcggcagca	gccctcgagg	gcttacgaat	tgctgccact	10560
40	ttgcaggggg	ataaccaggt	tttagcgatt	acgaaagaat	tcatgacccc	agtctcggag	10620
	gatgtaatcc	acgagcagct	atctgaagcg	atgtcgcgat	acaagaggac	tttcacatac	10680
	cttaattatt	taatggggca	ccaattgaag	gataaagaaa	ccatccaatc	cagtgacttc	10740
45	ttcgtttact	ccaaaaggat	cttcttcaat	gggtcaatcc	taagtcaatg	cctcaagaac	10800
	ttcagtaaac	tcactaccaa	tgccactacc	cttgctgaga	acactgtagc	cggctgcagt	10860
50	gacatctcct	catgcatagc	ccgttgtgtg	gaaaacgggt	tgccctaagga	tgctgcatat	10920
	gttcagaata	taatcatgac	tcggcttcaa	ctgttgctag	atcactacta	ttctatgcat	10980
	gggtggcataa	actcagagtt	agagcagcca	actctaagta	tccctgtccg	aaacgcaacc	11040
55	tattttaccat	ctcaattagg	cggttacaat	catttgaata	tgacccgact	attctgtcgc	11100
	aatatcggtg	acccgcttac	tagttcttgg	gcagagtcaa	aaagactaat	ggatgttggc	11160
60	cttctcagtc	gtaagtctct	agaggggata	ttatggagac	ccccgggaag	tgggacattt	11220
	tcaacactca	tgcttgatcc	gttcgcactt	aacattgatt	acttaaggcc	accagagaca	11280
	ataatccgaa	aacacaccca	aaaagtcttg	ttgcaggatt	gtcctaatac	tctattagca	11340
65	gggtgtagttg	acccgaacta	caaccaggaa	ttagaattat	tagctcagtt	cctgcttgat	11400
	cgggaaaccg	ttattcccag	ggctgcccac	gccatctttg	aactgtctgt	cttggggaagg	11460

	aaaaaacata	tacaaggatt	ggttgatact	acaaaaacaa	ttattcagtg	ctcattagaa	11520
5	agacagccac	tgtcctggag	gaaagttgag	aacattgtaa	cctacaatgc	gcagtatttc	11580
	ctcggggcca	cccagcaggt	tgacaccaat	atctcagaaa	ggcagtgggt	gatgccaggt	11640
	aatttcaaga	agcttgtatc	tcttgacgat	tgctcagtca	cgttgtccac	tgtgtcacgg	11700
10	cgcatttctt	gggccaatct	acttaactgg	agggctatag	atggtttgga	aactccagat	11760
	gtgatagaga	gtattgatgg	ccgccttggt	caatcatcca	atcaatgcgg	cctatgtaat	11820
	caaggattgg	gctcctactc	ctgggttctt	ttgccctccg	ggtgtgtgtt	cgaccgtcca	11880
15	caagattctc	gagtggttcc	aaagatgcca	tacgtgggat	ccaaaacgga	tgagagacag	11940
	actgcgtcag	tgacggctat	acagggatcc	acatgtcacc	ttagagcagc	attgagactt	12000
20	gtatcactct	acctttgggc	ctatggagat	tctgacatat	catgggctaga	agccgcgaca	12060
	ttggctcaaa	cacggtgcaa	tatttctctt	gatgacctgc	ggatcctgag	ccctcttcct	12120
	tcctcggcaa	atttacacca	cagattgaat	gacggggtaa	cacaagtga	attcatgccc	12180
25	gccacatcga	gccgggtgtc	aaagttcgtc	caaatttgca	atgacaacca	gaatcttatc	12240
	cgtgatgatg	ggagtgttga	ttccaatatg	atctatcagc	aggttatgat	attagggctt	12300
30	ggagagattg	aatgtttgtt	agctgaccca	atcgatacaa	accagaaca	actgattctt	12360
	cacctacact	ctgataattc	ttgctgtctc	cgggagatgc	caacgaccgg	ttttgtacct	12420
	gctttaggat	tgaccccatg	cttaactgtc	ccaaagcaca	atccgtatat	ttatgatgat	12480
35	agcccaatac	ccggtgattt	ggatcagagg	ctcattcaaa	ccaaattctt	tatgggttct	12540
	gacaatctag	ataatcttga	tatctaccag	cagcgagctt	tactgagtcg	gtgtgtggct	12600
40	tatgacatta	tccaatcagt	attcgcttgc	gatgcaccag	tatctcagaa	gaatgatgca	12660
	atccttcaca	ctgactacca	tgaaaattgg	atctcagagt	tccgatgggg	tgaccctcgc	12720
	ataatccaag	taacagcagg	ttacgagtta	attctgttcc	ttgcatacca	gctttattat	12780
45	ctcagagtga	ggggtgaccg	tgcaatcctg	tgttatatattg	ataggatact	caacaggatg	12840
	gtatctttcca	atctaggcag	tctcatccag	acgctctctc	atccggagat	taggaggaga	12900
50	ttttcattga	gtgatcaagg	gttccttgtc	gaaagggagc	tagagccagg	taagccactg	12960
	gtaaaacaag	cggttatgtt	cctaagggac	tcagtccgct	gcgctttagc	aactatcaag	13020
	gcaggaattg	agcctgagat	ctcccagagg	ggctgtaccc	aggatgagct	gagctttacc	13080
55	cttaagcact	tactatgtcg	gcgtctctgt	ataattgctc	tcattgcattc	ggaagcaaag	13140
	aacttgggtca	aagttagaaa	ccttccagta	gaggaaaaaa	ccgccttact	ataccagatg	13200
60	ttgatcactg	aggccaatgc	caggagatca	gggtctgcta	gtatcatcat	aagcttagtt	13260
	tcagcacccc	agtgggacat	tcatacacca	gcgttgattt	ttgtatcaaa	gaaaatgctg	13320
	gggatgctca	aaaggtcaac	cacacccttg	gatataagtg	acctttctga	gagccagaac	13380
65	ctcacaccaa	cagaattgaa	tgatgttcct	ggtcacatgg	cagaggaatt	tccctgtttg	13440
	tttagcagtt	ataacgctac	atatgaagac	acaattactt	acaatccaat	gactgaaaaa	13500

	ctcgcagtg	acttggacaa	tggttccacc	ccttccagag	cgcttggtcg	tcactacatc	13560
5	ctgcgacccc	ttgggcttta	ctcgtctgca	tggtaccggt	ctgcagcact	attagcgtca	13620
	ggggccctca	gtgggttgcc	tgaggggtca	agcctgtact	tgggagaggg	gtatgggacc	13680
	accatgactc	tacttgagcc	cgttgtcaag	tcctcaactg	tttactacca	tacattgttt	13740
10	gaccaaaccc	ggaatccttc	acagcgggaa	tacaaaccag	aaccgcgggt	attcactgat	13800
	tccatttggt	acaaggatga	tttcacacga	ccacctgggtg	gcattgtaaa	tctatgggggt	13860
	gaagacgtac	gtcagagtga	tattacacag	aaagacacgg	ttaatttcat	attatctcgg	13920
15	gtcccgccaa	aatcactcaa	attgatacac	gttgatattg	agttctcccc	agactctgat	13980
	gtacggacgc	tactatctgg	ctattcccat	tgtgcactat	tggcctactg	gctactgcaa	14040
20	cctggagggc	gatttgcggt	tagagttttc	ttaagtgacc	atatcatagt	caacttggtc	14100
	actgccattc	tgtccgcttt	tgactcta	ctgggtgtgca	ttgcgtcagg	attgacacac	14160
	aaggatgatg	gggcagggtta	tatttgtgca	aagaagcttg	caaatgttga	ggcttcaaga	14220
25	attgagtatt	acttgaggat	gggtccacggc	tgtgttgact	cattaaaaat	tcctcatcaa	14280
	ttaggaatca	ttaaattgggc	tgaggggtgaa	gtgtcccgac	ttaccaaaaa	ggcggatgat	14340
30	gaaataaact	ggcgggttagg	tgatccagtt	accagatcat	ttgatccggt	ttctgagcta	14400
	ataattg	gaacaggggg	atcagtatta	atggaatacg	ggacttttac	taacctcagg	14460
	tgtgcgaact	tggcagatac	atataaactt	ttggcttcaa	ttgtagagac	caccttaatg	14520
35	gaaataaggg	ttgagcaaga	tcagttggaa	gatgattcga	ggagacaaat	ccaggtagtc	14580
	cctgctttta	atacaagatc	cgggggaagg	atccgtacat	tgattgagtg	tgctcagctg	14640
40	caggatcatag	atgttatctg	tgtgaacata	gatcacctct	ttcccaaaca	ccgacatgct	14700
	cttgtcacac	aacttactta	ccagtcagtg	tgccctgggg	acttgattga	aggccccc	14760
	attaagacat	atctaagggc	caggaagtgg	atccaacgta	ggggactcaa	tgagacaatt	14820
45	aaccatatca	tactgggaca	agtgtcgcgg	aataaggcaa	gggatttttt	caagaggcgc	14880
	ctgaagtgg	ttggcttttc	gctctgtggc	ggttgggggt	acctctcact	ttagctgctt	14940
50	agattgttga	ttattatgaa	taatcggagt	cgaaatcgta	aatagaaaga	cataaaattg	15000
	caaataagca	atgatcgtat	taatatttaa	taaaaaatat	gtcttttatt	tcgt	15054
55	<210> 19						
	<211> 16236						
	<212> ADN						
	<213> secuencia artificial						
60	<220>						
	<223> Secuencia de genoma de APMV6						
	<400> 19						
65	accaaacaag	gaaaccatat	gcttggggaa	tttacgagaa	cgcttataaa	atcgtgaggg	60
	ggaagctggg	ggactccggg	tccggagtcg	gtggacctga	gtctagtagc	ttccctgctg	120
	tgccaagatg	tcgtcgggtg	tcactgacta	cgctaagctg	caagatgccc	ttgtggcccc	180

ES 2 622 087 T3

	ttcaaaaagg	aaggtggata	gtgcaccaag	cggattgtta	agggttggga	tccctgtgtg	240
5	tgtcctactc	tccgaggatc	ctgaagaacg	atggagcttt	gtttgctttt	gcatgaggtg	300
	ggtggtgagc	gattcagcca	cagaggcaat	gcgtgttggt	gcaatgctat	ctatcctcag	360
	cgcacacgcc	agcaacatgc	ggagccatgt	cgcacttgca	gcaagatgtg	gcgacgccga	420
10	catcaacata	cttgaggttg	aggcaattga	ccaccaaaac	cagaccattc	gtttcactgg	480
	gcgcagcaat	gtgactgacg	ggagagcacg	ccagatgtat	gcgattgccc	aagatctgcc	540
	tccctcctat	aacaatggta	gcccttttgt	aaatagagac	attgaggaca	attatccgac	600
15	cgacatgtct	gagctgctca	acatggttta	cagtgttgca	actcaaactc	gggtggcagc	660
	tatgaagagc	atgactgctc	cagacacatc	ctcagagtct	gaagggaggc	ggttgccaa	720
20	atacatccag	caaaacagag	tgatccggag	tacgatttta	gctcctgcaa	ctcgcggtga	780
	atgcacccgg	ataatacggg	gctccctagt	catccgccac	tttctaataa	ctgagatcaa	840
	gcgtgccaca	tcaatgggtt	ccaacacgac	gagatattat	gccacagttg	gggatgctgc	900
25	agcttacttc	aagaacgcgg	gtatggctgc	attcttctta	actctgcggt	ttggaattgg	960
	gaccaagtac	tccacacttg	cagtttcagc	gctgtccgcc	gacatgaaga	aactccagag	1020
30	cttgatccga	gtataccaga	gcaaagggtga	ggatggaccc	tatatggcat	ttctggaaga	1080
	ctccgacctt	atgagcttcg	cccctggaaa	ctatccactc	atgtattcat	atgcaatggg	1140
	agtaggggtcc	attcttgagg	caagtattgc	tcgatatcag	tttgctcgat	cattcatgaa	1200
35	tgacacgttc	tatcgattgg	gtgttgaaac	tgcacaacga	aaccaagggt	cacttgatga	1260
	gaatctagcg	aaggagctgc	aactatctgg	ggccgaacgg	agggcagtg	aggaacttgt	1320
40	gaccagcctg	gacctagctg	gagaggcccc	agtgccccag	cgtcaaccaa	cattcctcaa	1380
	tgaccaggag	tatgaggatg	atccccccgc	caggagacag	agaattgagg	atactccaga	1440
45	cgatgacgga	gccagtcaag	ctccaccac	accaggagca	ggctctaccc	catactctga	1500
	taatgccagt	ggcctggaca	tctaaacgac	cagtacttag	tataacaatt	gatcaagggt	1560
	aatccaaagt	atgcaaattc	aatactccaa	tcgataacaa	gatcacatgt	agactttaag	1620
50	aaaaaacaag	ggtgaggggg	aagttccttg	tacgcgggct	gggcccatag	tgactcagct	1680
	agcaccatgg	acttctccaa	tgaccaggag	attgcagaat	tactcgagct	gagttcggat	1740
	gtgataaaga	gcatccaaca	tgccgagacc	cagccagcac	acactgtcgg	caaactctgcc	1800
55	attcggaaaag	gaaatacatc	cgagctgcga	gcagcctggg	aagccgagac	acaaccaacc	1860
	caaacagaaa	acaagtctga	ggaacaccca	gagcaaactg	cccgggatcc	cgacagcaag	1920
60	ggcaacacag	gaaattcgca	accacgatcc	aacgcagagg	agacacccca	atcagaaagt	1980
	cacgacaggc	aagtcgctgc	tccaccccca	gacaccacaa	taggggttaa	cgggaccaat	2040
65	gggcttgaag	ctgctctaaa	aaagctagaa	aaacaaggga	aagggtcccg	gaaaggccaa	2100
	gtggatcgca	acaccctca	gagagatcca	accactgcct	cgggttcaaa	aaaggggaaa	2160
	gggggcgagc	caaggagcaa	tgccctccat	caggggttacc	cacaggggac	caacttgatc	2220

	ctgcccactc agaggccctc tcatgccaga ctggcgcagc aagcatcaca ggagataact	2280
5	cgccatgcmc tgcaacccca ggactccggc ggcatagaag ggaattctcc atttcttgga	2340
	gacacggcca gtgcatcctg gccgagtggc gcaaccacgt ctgtgcacct gtcacacctg	2400
	aaccagagc attcaaatgc atttgccgga gatgccctcg agtatgcac aactgtcgca	2460
10	acgatagtgg agactctgaa atttgtagtt agcagggttag aagcacttga aaataggggtg	2520
	gcggagctca ccaaatttgt ctctcccatt cagcaaatca aagcagacat gcagattgta	2580
15	aagacatcct gcgctgtcat tgaggggcaa cttgccacag tgcaaatatt ggagccgggc	2640
	cactcatcga ttgctcact tgaggagatg aagcaatata ccaagccagg aattgtcgtc	2700
	caaacaggga tgactcaaga cataagcgcc gtcattgagg acggcacgat cgtaaaagat	2760
20	gctcttgctc gccaggttaa tccggacaag tggtcagcaa caatcaatgc tcaatcaaca	2820
	acaatgaagg taaccaaga agatataaag acggtgtata cactattgga caattttggc	2880
25	atcactggcc caaaaagagc gaaaattgag gcggaattgg ctaatgtcag tgaccgggac	2940
	gcactagtaa ggattaagaa acgtgttatg aatgcataag cagccaaaaa atcacaacaa	3000
	ttagtacaga tggcctccca atgtcacatc atgattctat tgtcaaatca cagcattctt	3060
30	tcttcctgat cacacccaac aatttgcttt ggacaccctt gacactgatt aataaaaaag	3120
	tgagggggaa ctgggtggtg cgggactggg caaccagggg tcaccgggtc cgaaccaaac	3180
35	acccgccagt tcctccaccg gcacagcgca cactgactg caccgacccc aaccatggcc	3240
	acgtcagaac tcaacctcta tatcgacaag gactcacccc aggtgagatt gctagcattc	3300
	cccatcatca tgaaacccaa agaaaatggg gttagagagc tgcaaccgca actgaggact	3360
40	cagtacctcg gtgacatcac cggaggaaaag aaaagcgcga tatttgtaga ttgctatggg	3420
	ttcgttgaag atcacggggg gcgagacagc ggattctcac ccatcagtga agaatccaaa	3480
45	ggatcgacag tcaactgcag ctgcatcact cttggcagca tcgagtatga tagtgacatc	3540
	aaggaagtgg caaaggcctg ctataatctt cagggtgtcag ttaggatgtc cgctgattca	3600
	actcagaagg ttgtttacac aatcaatgct aaacctgcac tgttggttct cttccgtgtt	3660
50	gtcagagctg ggggttggtg ggttgacgca gaggggtgcaa tcaagtgtcc cgagaagatg	3720
	acatccgatc gcctttacaa gttccgcgta atgtttgttt cattgacctt cttacatcgc	3780
55	agcagccttt tcaaagttag ccgtacgggtg ctgtcaatga ggaattctgc tctaatagca	3840
	gtacaggccg aagtgaagct gggattcgat ctgccactag accatccaat ggcaaaatat	3900
	ctgagcaaag aggatggaca gctctttgag actgtgtggg tacattttgt caacttcaag	3960
60	cgcacagaca gacggggagt agaccgatcg gtggagaaca tcagaaacaa agtacggggc	4020
	atggggctga agctcacctt gtgtgatctg tgggggtcca cacttgtttg tgaagctaca	4080
65	gggaagatga gcaagtacgc gctaggtttc ttctcggaga ccaagggttg ctgtcatcca	4140
	atctggaaat gcaactcgac tgtcgcgaag atcatgtggc catgcacaac ctggatcgca	4200
	tcagcaaagg ccatcatata ggcctcctct gctcgtgccc tgttgacatc agaggacata	4260

	gaagccaagg	gagccatctc	cactgacaaa	aagaaaacag	atggggtttaa	tcccttcac	4320
5	aagacagcaa	agtagtcac	tgaatctcat	cagtgaaccc	actggcatat	gttcagctgt	4380
	gccttccttg	ataatcacta	aatcaatacg	cagagtgc	tttgattaag	atctcgattg	4440
	ttccaataag	tggatcattt	atactttgaa	gattgaactt	cctaactatt	ccttccttag	4500
10	aagtccagtc	atattaatca	aaaaaatcag	tttgctggta	aagtcgtata	ctgcaggatc	4560
	caatacctct	caccaatgag	tagctgaggg	ggaaggcatg	ggagcccga	tggggccctt	4620
	aacaatggca	ccgggccggt	atgtgatcat	tttcaatctc	atccttctcc	atagggccgt	4680
15	ctcactagac	aattcaagg	tactgcagca	ggggatcatg	agtgcgaccg	agagagaaat	4740
	taaagtgtac	acgaactcca	taaccggaag	tattgctgtg	agattaattc	ccaacttacc	4800
20	tcaagaagt	cttaagtgt	ccgctgggca	gatcaaatcg	tacaatgaca	cccttaaccg	4860
	aatTTTTaca	cctattaagg	cgaaccttga	gaggttactg	gccacaccaa	gtatgcttga	4920
	agacaaccag	aaccctgctc	cagaacctcg	tctgattgga	gcaattatag	gcacagcagc	4980
25	actgggggtt	gcaacagcag	ctcagggttac	agctgccctt	gcccttaacc	aggcccagga	5040
	taatgccaa	gccatcttga	acctcaaaga	gtccataaca	aagacaaacg	aggctgtgct	5100
30	tgagcttaaa	gatgcaacag	ggcaaattgc	aatagcgcta	gataagactc	aaagattcat	5160
	aaatgacaat	atcttaccgg	cgattaataa	tctgacatgt	gaagtagcag	gtgctaaagt	5220
	agggtgtgga	ctgtcattat	acttgaccga	gttaagcact	gtgtttggat	cgcagataac	5280
35	caatccagca	ctctcaactt	tatccattca	agccctcatg	tcactctgtg	gtaatgattt	5340
	taattacctc	ctgaatctaa	tggggggcaa	acactctgat	ctgggtgcac	tttatgaggc	5400
40	aaacttaatc	aatggcagaa	tcattcagta	tgaccaagca	agccaaatca	tggttattca	5460
	gggtctccgtg	cccagcatat	catcaatttc	gggggttgcga	ctgacagagt	tgttcactct	5520
	gagcattgaa	acaccggctc	gcgagggcaa	ggcagtagta	ccccagtttg	ttgtggaatc	5580
45	tggccagctt	cttgaagaga	ttgacacca	ggcatgcaca	ctcactgaca	ccactgctta	5640
	ttgtactata	gttagaacia	aaccattacc	ggaactagtc	gcacaatgcc	tccgagggga	5700
50	tgagtctaga	tgccaatata	cgactggaat	aggtagctt	gaatctcgat	ttgggggtgtt	5760
	tgatggactt	gttattgcta	attgtaaggc	caccatctgc	cgatgtctag	cccctgagat	5820
	gataataact	caaaacaagg	gactccctct	cacagtcata	tcacaagaga	cttgcaagag	5880
55	aatcctgata	gatggagtta	ctctacagat	cgaagctcaa	gttagtgggt	cgtattccag	5940
	gaatataaca	gtcgggaaca	gccaaattgc	cccatccgga	ccccttgaca	tctcaagcga	6000
60	actcgggaag	gtcaacaaaa	gtctatctaa	tgctgaagat	ctcattgacc	agagcaatca	6060
	gctcttaaat	agggtgaatc	caaacatagt	aaacaacacc	gcaatcatag	tcacaatagt	6120
	actgctagtc	ctcttggtat	tatgggtgtt	ggccctaacg	attagtatcc	tgtatgtatc	6180
65	aaaacacgct	gtgcgggatga	taaagacagt	tccgaatccg	tatgtaatgc	aagcaaagtc	6240
	gccgggaagt	gccacacagt	tctaacaata	tagctggtcc	tgatgattaa	accatatacc	6300

	tgattacatg ataaaaatat gtcgagggat gacattgatg agaccctta ttctctctca	6360
5	aactaagaca gtaatccatc tagaatgcaa tgatcctact tcctttactt taatcaaaaa	6420
	atgcagaata atctaacagc ccaaccaaac taccagaaa gaaacgcctg aggggggaag	6480
	gaggttgact gcaacctcaa ttgatcagag gttgtagtat taattctcca taacctcaa	6540
10	gatgagacca caagtggcgg tttgggcttt gcgcttattg gccaccggcc tagctatgat	6600
	ctccttagtg ttctgcctga accaggtaat tatgcagggtg ctaattaggg acattgggga	6660
	cttggtgaca tcctcagaaa taaagactac acgtgagaca ctgcgtgagc atctctcatc	6720
15	tattactctt ttcatgtcgt ttgcgtgac ttgctcaata agtgggtgcg ttcttagcct	6780
	ggttgcattha tatccaagca agaacattaa tggcactaac actcagccac aagtagagga	6840
20	ggccagatcg gagaacctgt ctactcttc catgcacaca atcaataggc cagcgacccc	6900
	tccccaccg tattatgtag caatacaact cagcgctgag atgcaacctg ggtaccatcc	6960
	aggtgattga tcctcctagc atgttggcag agtctacccc accaagatct gttcttgtag	7020
25	cacttttttg atttaagaaa aaattgtgat ttatataaaa acataatggc tgagggggaa	7080
	gcctggtgtc accgctggtg accatttccc agccggtggc aatggcttcc tcaagcgata	7140
30	tgaggcagag tcaggcaact ttatatgagg gtgaccctaa tagcaaaagg acatggagga	7200
	ccgtgtaccg gggttatcacc atattgttg atataaccgt ctttgtgtc ggcatagtgg	7260
	cagtagtcag gatgtcaacc attacgacaa aggatattga taacagtatt tcatcgtcca	7320
35	ttacttccct gagtgccgat taccagccaa tatggtcaga taccatcag aaagtcaaca	7380
	gtattttcaa ggaagtcgga atcactatcc ccgtcacact cgacaagatg caagtggaaa	7440
40	tgggaacagc agttaacata atcactgatg ctgtaaggca actacaagga gtcaatgggt	7500
	cagcaggatt tagcattacc aattcaccag aatatagttg agggatagac aactgatat	7560
	accctcttaa ctactttaat ggggaaggctt tagccgtatc agacctactg gaacatccga	7620
45	gcttcatacc agcgcctacc acctctcatg gttgcacccg cattcctaca ttccacctag	7680
	gataccgtca ttggtgttat agtcacaaca caatagaatc tgggtgtcac gatgcagaag	7740
50	aaagcattat gtacgtatct atgggtgctg taggggtcgg ccacgtggg agaccgtgt	7800
	ttacgacaag tgcagcaaca atcctagatg atggaaggaa caggaaaagt ttagcatca	7860
	tagcaaacc taatgggtgt gatgtcttgt gcagcttggt taagcaaaca gagaacgagg	7920
55	actacgtga ccctacaccg accccaatga tccacggtag gctccacttc aatggcacgt	7980
	acaccgagtc tgaactcaac cctggcctat ttaataatca ttgggtcgct caatatccag	8040
60	cagttggcag cgggtgtcgtc agccacggga aactattctt tccgctttac ggagggatat	8100
	caccgaagtc aaaactgttc aacgagctta agtcatattgc ttacttcacc cataatgccg	8160
	aattgaaatg tgagaacctg acagagagac aaaaagaaga tctatataac gcatataggc	8220
65	ctgggaaaat agcaggatct ctctgggctc aaggggttgt aacatgtaat ctgaccaatc	8280
	tagctgattg taaagttgca attgcaaca cgagcaccat gatgatggct gccgagggga	8340

	ggttacaact	tgtgcaagat	aggattgtct	tctaccaaag	atcctcatca	tggtggccag	8400
5	tcctaataata	ttatgatata	cctattagtg	accttatcag	tgccgatcat	ttagggatag	8460
	taaactggac	tccatatcca	caatctaaat	ttccgaggcc	cacctggaca	aagggcgtat	8520
	gcgagaaacc	ggcaatatgt	cccgtgtgt	gtgtaacggg	tgtttaccag	gatatttggg	8580
10	tagtcagtat	agggtcccag	agcaatgaga	ctgttggtgt	tggcggatac	ttagatgctg	8640
	cagcagcccc	tcaggatcca	tggattgcag	cagccaacca	gtataactgg	ctggttaggc	8700
	gtcgcctttt	tacatctcag	actgaagcag	catactcatc	aaccacttgc	ttcagaaaca	8760
15	cgaagcagga	tagagtgttc	tgcctgacta	taatggaagt	tacagacaac	ctactcggag	8820
	actggaggat	cgccccgctg	ttatatgagg	ttactgtggc	tgataagcaa	cagggtaatc	8880
20	gcaattacgc	gccaatgaga	aggatgggga	cggataagtt	ccaatattat	acaccaggtg	8940
	ataaatatac	tcctcagcat	tgatgactca	ctgcagcttg	tacataacaa	ttctcttgct	9000
	tcctctattt	gcagagtaaa	tcagaagaat	gacggtcggt	gattgaccga	acttaattag	9060
25	atggtgacat	acagcccgc	ttcatcttga	tttaataaaa	aactggggag	ctgttataac	9120
	atggcagact	gacggggcaa	gacccgcgga	gacaaagaat	gcagtgaggg	ggaaggcagg	9180
30	ctgggatcac	gtcccagctg	tagccttccc	cgattcaatc	tacttagtat	cgacaagtca	9240
	attctgctca	cagaggtcat	ctgaaagggt	tggtgtgatg	gatccacaag	tccaaataca	9300
	ccacatcatc	aagccagagt	gccatctcaa	ctcacctgtg	gtggagaaga	aactgacgct	9360
35	attatggaag	ctcacagggt	taccgttgcc	acctgacctt	aatagttgcg	ttacacacaa	9420
	ggatgtgacg	tgggatgaag	tgctccggtt	ggaggcta	ttgacaaagg	aattacggca	9480
40	attggtgcca	ggcctgacca	atagaatgca	tgaaagaggg	gagtttattg	actcatataa	9540
	acctttatgc	catccacgta	cgttaagtgt	gttgactaat	atcagcttga	ttaagagtga	9600
	caacattcta	gcaggccata	agaaaatgct	agtccggatt	ggcggtatgt	tgcatgaaca	9660
45	aacagaccaa	ttgtttgtca	ctcttggcag	gaaattagca	ggtgaccctt	gcttgttcca	9720
	tcaactaggc	cacctagctg	gatgtccacc	caattccaga	tttgaggaac	aggtaggagg	9780
50	ctgcagtttg	tggtcaccca	taagcgatcc	agccctgggtc	acaggtgggtg	aatatgccaa	9840
	ctgtgtgtat	gcgtggtact	taatacgtca	aaccatgcgg	tacatggccc	tccagagaaa	9900
	gcaaacaaga	gtgcaatcac	agcagaatgt	cctaattgga	tcagatacaa	tcgtgggaat	9960
55	tcattccagaa	ctagtataa	ttactggaat	tagagacagg	acattcacct	gtttgacttt	10020
	tgatatggtg	ctaattgtacg	cagatgtggt	ggaaggccgt	gccatgacaa	agttggtcgc	10080
60	actcaccgag	ccgacaatgg	tagaagtc	tcagagagtc	gaaaaattgt	ggttcctagt	10140
	tgacagcatc	tttgaggaaa	tcggtgggtg	aggttacaat	attgttgcat	ctctggagag	10200
	cttggcatat	ggtgctgttc	aactgtggga	taaatcactg	gaacatgctg	gtgagttttt	10260
65	ctcattcaat	cttactgaga	taaggagtga	gctagagaac	catttagatc	ctggtatggc	10320
	atttagagta	gttgagcagg	tgcggttgct	atatactgga	ctgagtgtga	accaagcagg	10380

	tgaaatgtta	tgcattttac	gtcactgggg	gcatcccttg	ctgtgcgctg	tgaaggcggc	10440
5	aaagaaagtc	agagaatcga	tgtgtgcacc	gaaattaacc	tctctagata	ccacactcaa	10500
	agtgttagca	ttctttattg	cagatattat	caatggacat	agacggtcac	attcagggtt	10560
	atggccaagt	gtcagacaag	agtcacttgt	gtccccattg	ctccagaacc	tctatagaga	10620
10	atccgccgag	cttcagtagc	cgattgtgct	taagcactat	agagaagtat	cccttattga	10680
	attccaaaaa	agtattgatt	ttgacttagt	tgaagatctg	agcgtgttcc	ttaaggataa	10740
	agccatctgt	cgaccaaaga	gtaactgggt	agctgtattc	aggaagtccc	tactccccgg	10800
15	acatttgaaa	gataagctgc	aatctgaggg	cccttctaac	cggcttctgc	ttgatttttt	10860
	gcaatcaagc	gaatttgacc	cggctaagga	gttcgagtac	gtgacatcac	tggagtatct	10920
20	tcaggaccca	gagttctgcg	catcttattc	cttaaaggaa	aggggaagtca	agactgatgg	10980
	gcgcataattt	gcaaaaatga	ctagaaaaat	gaggaactgt	caagtcttgc	tagagagttt	11040
	gctcgcattgc	cacatatgcg	attattttcaa	agagaacgga	gtagtacaag	agcaaatacag	11100
25	cttaacgaaa	tactgcttg	cgatgtcgca	acttgctcct	cgtgtgtctg	agtatcaagg	11160
	gagagttctc	cgttcaactg	ataggtgcag	tagagctaca	gctacacctg	ggcaggacac	11220
30	aagcccaggc	gaggggggtca	ggcgacggaa	aacgattata	gcatcattct	tgactactga	11280
	cctacagaaa	tattgtctca	attggaggta	caactgtagta	aaaccttttg	cacagaggct	11340
	taaccagtta	tttgggatac	cccacggctt	tgagtggatt	cacctccgct	tgatgaatac	11400
35	gaccatgttt	gtaggagacc	cacataatgt	ccctcagttt	tcatcaacac	atgacttaga	11460
	atcccaagaa	aatgatggaa	tattttattgt	atcacctcgg	ggtggtatag	aagggctatg	11520
40	ccaaaaaatg	tggaccatga	tctccattgc	ggcaattcat	ctagcagcca	cagaatcagg	11580
	ttgtcggggt	gcatctatgg	tccaagggga	caatcaagca	attgcaatca	ccacagagat	11640
	cgaagaggggt	gaggacgcat	ccgtagcatc	aataagggtta	aaagaaatat	ctgagaggtt	11700
45	tttttagagt	ttcagagaga	taaacagagg	tatagggcac	aacttaaaag	tccaagaaac	11760
	aattcatagt	gagtcattct	tcgtgtactc	gaaacggatc	ttctttgagg	ggaagatcct	11820
50	cagtcaacta	ctaaaaaatg	caagtagggt	agtgttggta	tccgagaccg	tgggtgagaa	11880
	ttgtgtcggc	aattgctcaa	atatcagttc	cacagttgct	aggctcattg	aaaatggatt	11940
	ggataagaga	gtcgcattgg	ggctcaatat	catgatgatc	gtaaaacaaa	ttctttttga	12000
55	cattgatattc	tccttggagc	ctgaaccatc	tcaaggcttg	attcatgcta	ttcgccaaga	12060
	tccaaacaac	ataaaaaaca	tctctatcac	tcctgctcaa	ttgggtggat	taaattttct	12120
60	agccctatct	cggctattta	caaggaacat	aggagacccc	gtctcgtcag	ccatggcaga	12180
	tatgaagttc	tacatacagg	tcggattatt	atccccctcat	ctgctaagga	atgcaatttt	12240
	tagggaaccc	ggagatggaa	cgtggacaac	actgtgcgcc	gacccgtact	cattaaacca	12300
65	accatatgtg	caattgccaa	cgctgtactt	aaaaaagcac	acacaacgca	tgctgctcac	12360
	tgccctcaaca	aatcctttat	tgcaaggcac	ccgagtagag	aatcagtaca	ttgaggaaga	12420

	aagactagca	aagttccttc	tggatcgaga	actggttatg	ccacgtgtgg	cgcatacagt	12480
5	ctttgagacc	actgttgccg	ggagacgaaa	gcatctgcaa	ggattgattg	acaccacacc	12540
	gaccattatt	aaatatgccc	ttcatcacca	ccctatttct	ttcaagaaaa	gcatgctgat	12600
	atcatcttac	tcagctgact	acattatgtc	gttcatcgat	actatcgcaa	cagtggaata	12660
10	cccaaagcgt	gacaccatga	agctctggaa	cagaggacta	ataggtgtcg	acacctgcgc	12720
	ggtcacactt	gcggattacg	caagaacata	ttcgtgggtg	gagatcctaa	agggaaaggtc	12780
15	gataaaggga	gttaccacac	ctgatacatt	agaactttgc	tctgggagct	taatagagca	12840
	aggccatccg	tgtgctcagt	gcacaatggg	tgatgaatcc	ttttcatggg	tcttcctccc	12900
	aggaaatatt	gatattgaaa	ggccagactt	ttctaggggtg	gcccagagaa	tcgcttatgt	12960
20	cggctcaaag	acggaagaaa	ggcgggcagc	ttcactgaca	acaatcaaag	ggatgtcaac	13020
	tcaccttagg	gcggcattaa	gaggagcgag	tgtttacatc	tgggcgtatg	gagacagtga	13080
25	caagaattgg	gacgatgcta	ccaagctcgc	taacacaaga	tgtgtaatat	ctgaagacca	13140
	tctacgtgcc	ctttgtccaa	tcccaagttc	agcaaacata	cagcatagac	tgatggatgg	13200
	aataagtgtg	acgaagttca	ctcccgcgtc	tctagcaagg	gtgtcatcat	atattcatat	13260
30	ttcaaatgac	cggcatcaga	gtagaattga	cggcaagtgt	atcgaatcaa	atgtgatttt	13320
	ccaacagggt	atgcttctcg	gtctcggcat	ttttgagaca	tttcaccctt	tgtctcacag	13380
35	gtttgtgact	aaccccatga	cactccactt	acacacaggg	tactcatgtt	gcataagaga	13440
	agctgataat	ggtgatttct	tagaatcccc	ggctagtgtg	ccagacatga	ctatcacgac	13500
	tggcaataag	tttctttttg	accccatgcc	catccaggat	gacgatgctg	caaaactaca	13560
40	ggtatcttca	ttcaagtact	gtgagatggg	ccttgaagtgt	cttgaccac	caggacttgt	13620
	aaccttacta	tccctagtga	ctgcacgcat	ctctattgat	acatccatag	gggagagcgc	13680
45	gtacaactcg	atacacaatg	atgctattgt	atcattcgac	aattccatca	actggatatc	13740
	tgagtacacg	tactgcgatc	ttagactact	ggcagtagca	atggctcggg	agttttgcga	13800
	caatctctct	tatcagcttt	actatctgag	agttaaagggt	cgacgggcaa	tccgggatta	13860
50	tatccgtcaa	gccctctcga	ggataccagg	gttacagctc	gctaataatag	ccttgactat	13920
	atctcatccg	ggaatttggg	caagactgag	gctaatcggg	gcagtaagtgt	ctgggaatag	13980
55	ccccattagt	gcaaccgtaa	attatcctgc	tgctgtgtgt	gagctcatal	tatggggtta	14040
	tgaccaatat	actgcacaac	tactagatgg	ttatgaatta	gaaatcatag	tcccaaatta	14100
	taaggatgat	gacttgaaca	ggaaagttga	acatatatta	gcaagacggg	cttgtctgct	14160
60	gagtctactg	tgtgagtatc	caggaaaata	cccgaacatc	aaagaccttg	aacctattga	14220
	gaaatgcact	gccctgtctg	acctgaataa	attgtggatg	gcgacagatc	acagaactcg	14280
65	ggaatgtttt	tcagggatat	ctcagatatt	tgattcaccc	aagttaaatac	cattcatcac	14340
	taatctttac	ttcttgagta	ggaagctgct	caatgcaatt	agaagcagca	cggactgtag	14400
	ggcctacgtt	gaaaaccttt	atgaagatat	tgacattgaa	ctaactctc	tactgaggt	14460

	tgtaccctta	ggagaggatg	atcaaatgat	cactgggcct	ctgcgctttg	accttgaact	14520
5	aaaagaactc	accccagatt	ttactatcac	ttggtgttgc	tttgactcca	cggcagcact	14580
	gatgtcacgg	tgcattaatc	atgccacaga	agggtgcagag	cgctacatcc	gaagaacggt	14640
	cgggacagct	tcaacatctt	ggtacaaagc	agcaggaata	ttaaactacac	ctggccttcct	14700
10	caacctccct	aaaggcaatg	gattgtatct	cgctgagtca	tcagggggcca	ttatgactgt	14760
	gatggagcat	cttgtctgct	ctaataaaaat	ctggtataac	accttgttta	gcaatgagct	14820
	caaccacact	cagaggaatt	tcggtcctaa	cccaattcag	tttgaagaaa	gtattgtggg	14880
15	gaaacacatt	gcagctggga	ttccttgcaa	ggcaggacac	gtgcaagagt	tcgaggtact	14940
	ctggagagag	gtagatgaag	agacagatct	gacatccatg	agatgtgtga	attttatcat	15000
20	gtcgaaagtt	gaacagcact	cgtgtcatat	tgtatgctgt	gatttagaat	tggctatggg	15060
	aactcccctg	gaagtggccc	aatctgcata	tacacacatc	ataaccctcg	ccttacattg	15120
	cctaattgatt	agcggaaaat	tagtactgaa	gttgtatttc	tcacaaaatg	ccttattaca	15180
25	ccatgtttctc	tccttggttac	ttgtattacc	atttcatgta	acaatccaca	ctaattgggta	15240
	ttgctctcac	cgaggctctg	aagggtatat	catcgccacg	aggacagggg	ttgctctggg	15300
30	ttcaaatgtg	tcccagggtac	taggcagtgt	gactgagatg	gtacggaaaag	gtcagaccct	15360
	tgtccccgta	aagggtactta	cagcgatctc	caatggattt	aaaactgtat	caagctcttt	15420
	aggcaggctt	aggggtgagc	tctattcgcc	atcgtgtagc	attccgcagt	cggctacaga	15480
35	catgttcctc	attcaacttg	gaggggaagg	gcagtcagat	tggaatacaa	actctcgagg	15540
	ctatagagt	ggtgataccg	aactcgtatt	acaggacatt	atatcaatat	tgagcacact	15600
40	actaaaagaa	ataatacatg	taagggaaatc	caggggagtca	gtggacaggg	tgctgttgct	15660
	tggggcatac	aacctgcaag	tatccggaaa	agtaagaaca	atggctgcgg	ctgcaacaag	15720
	aaacatattg	catctccata	tagttagact	tattggggac	tcaatgtcca	atataaggag	15780
45	actagtacct	ctgctagata	agggctttat	agtaatatca	gacatgtata	gtgtgaaaga	15840
	tttcttgaga	aaaactgagt	cccctaagta	cttcttgaa	aagcttggca	agagcgagat	15900
50	tgcacagata	tttgaggtag	agtccaagat	tattctgagc	agggcagaga	tcaagaatat	15960
	tttgaaaatg	atagggattg	tagcaaaaaca	gcactcagag	taatctcttc	aactttgctg	16020
	cgcttgaatc	ctgaactgtg	gacgcgcacg	cttaagcgca	ccagcctgac	gtgacgattg	16080
55	atataatcct	tggtatgaat	caccaatcat	ctggaactca	cttacttccc	gaaatcacc	16140
	atagaccggt	atcgggtatcg	gagattatta	tttaataaaa	aacctggaaa	gtcaacaagg	16200
60	atcatagtca	aaaagcttat	gatttccttg	tttgg			16236

	<210>	20
	<211>	15480
65	<212>	ADN
	<213>	secuencia artificial
	<220>	

<223> Secuencia de genoma de APMV7

<400> 20

5	accaaacaag gactgcataa gcagtgtaaa actttttaata aaaaataaact ttcgtgaggg	60
	tgaatcgatc atcgctcgaa gccgatatcg actcacccaa attagctgct tgtataagga	120
	tccgaatatc aattggaatc atgtcatcga tttttactga ttataccaat ttgcaagagc	180
10	aattagtcag accggtaggc cggaagggtg ataatgcttc aagtggcttg ttgaaagttg	240
	agataccagt ctgcgtcctg aattcacagg acccagttga gagacaccag ttcgcagtat	300
	tatgtacaag gtggatctca agttcaattg ccacaactcc tgtcaagcaa ggtgccctgc	360
15	tttctcttct cagtttgcac acagaaaaca tgcgagcgca tgttctatta gcagcccggg	420
	caggagatgc taatataaca attctagaag ttgatcatgt agatgttgaa aaggggagaat	480
20	tacaatttaa tgcaaggagt ggtgtctcat ctgataaagc tgatcggctg ctggctgtcg	540
	caatgaatct tattgcagggt tgtcagaata actcaccatt tgtcgacca tcgattgagg	600
	gtgatgaacc aactgatatg actgaatfff tagagctggc ttatgggtta gcggttcaag	660
25	catgggtagc tgcaataaag agtatgacgg caccagatac tgctgcggag agtgaggggc	720
	ggcgattagc aaaataccag cagcaaggtc gtttaacacg acgtgctgct cttcaagcaa	780
30	ccgtgagggg ggagttgcag cggataatca ggggttctct ggtagttcga cacttcctta	840
	taggagaaat cagaagagca ggaagtatgg gagaacagac aacagcctat tatgccatgg	900
	tgggagatgt cagccaatac ataaagaatt caggaatgac tgcattcttc ctgacattac	960
35	gatttggggg gggtagcaag tctcctcccc ttgcaatggc tgcattttca ggagatctca	1020
	ctaaactcca gagcctgatc agactatatc gaaataaagg tgacataggg ccttatatgg	1080
40	ccctactcga agatcctgac atgggcaact ttgctcctgc aaattacacc ttgctctatt	1140
	catatgcaat gggcattggg tctgtatttg aggctagtat cggtagatac cagtatgcga	1200
	gaacattcct gaatgaatca ttcttttaggt tgggggcctc aactgctcaa cagcaacaag	1260
45	gagcactgga tgagaaattg gctaacgaga tggggctatc agaccaggca agggcagcag	1320
	tttccagatt agttaatgag atggatatgg atcagcaagt agccccaca ccagttaatc	1380
50	cagtctttgc aggagatcaa gcagccccac aggc aaatcc tccagccaa ccaagacaga	1440
	atgacacacc acagcagcct gctcctcttc agcagccaat tcgaattgcc atgcctcaaa	1500
	attatgatga tatgccagac ttagagatgt agacagaacc ccaatcaagc aacaattggc	1560
55	attaagatct aagctgaatg tatgagcaca cgagtaccca agtatatttg ttagcagttg	1620
	catgaaatca ttatccatat tattgatttg caatatagaa aattactgat aaacaattaa	1680
60	gaatcattta ataaaaaaat tccacaaaaa ttaaaaaaat tgtgaggggg aacacctttc	1740
	agtcgggtcaa ctgctgctaa taacctgcaa ttatcacgtg gattgaatat ggaattcagt	1800
	aatgatgccg aggttgccgc gctcctggat cttggagata gcatcattca gggcattcag	1860
65	catgcaacaa tggctgatcc ggggaacacta gggaaagtcag ctattcctgc aggttaatacc	1920
	aaacgccttag agaaattatg ggagaaagaa tctgttccta atcatgataa tatgattcac	1980

	tcttccatga	gtgcagaacc	tataagcggg	gaactacctg	aggaaaacgc	taaaactgaa	2040
5	ccaacagggg	ctcaagaaat	gccagaacaa	attcaaaaaga	atgacaatct	ccaacctgca	2100
	tccatcgata	acatattgag	cagcattaat	gcattagagt	caaaacaggt	taaaaaaggg	2160
	ttagtgctat	cgccccaatc	actgaaaggt	gtgtccccct	taatcaagaa	ccaggatctg	2220
10	aagaacacca	tgcaggacct	ggaaaccaa	ccaagggctg	taacgactgt	aatccatta	2280
	gcaaaccgac	aagtgtcacc	tggaagcctg	gtcatagacg	agagtattcc	tttgcttgga	2340
15	gtgcaggaac	aaacaaat	attgtctcct	cgtgggtgta	ccaacttgc	gccccaatca	2400
	gaccctatcc	tacagtcgaa	cgatgcaggt	gcgggaattg	cccaaaattc	tgccctggat	2460
	gtcaatcagc	tctgggatgt	aatcaatcag	caacacaaga	tgctgataaa	cctacaaaat	2520
20	caagtaacaa	agatcactga	gctgggttgc	ttaattccaa	ttcttcgaag	tgatattcag	2580
	gctgtaaagg	gaagttgctg	attattagaa	gcacagctag	catctataag	aatactagat	2640
25	cctgggaaca	tcggggatc	ttcattagat	gatcttaaaa	cagcagggaa	acaaagtgtg	2700
	gttattaatc	aagggagcta	tactgatgca	aaggatctga	tggttggggg	aggattgatt	2760
	cttgatgaac	ttgctagacc	tactaaatta	gtcaatccaa	agccacaaca	atcttccaaa	2820
30	atattggatc	aggcagaaat	tgaaagtgtc	aaggccctaa	tccataccta	cactcacgat	2880
	gataagaagc	ggaacaaatt	cttaactgca	cttgacaagg	tgacaacca	ggatcagcta	2940
35	actcgcata	agcagcaagt	attaaatcaa	tagatagaca	attagcattc	attcaagcta	3000
	tactcattta	agtgttttga	ttgtgttgcg	gaaactatat	tgagataatt	tagtcttaca	3060
	tgcaaaataa	cattaaaaat	taattatgag	caatcttgat	ttttctaact	cataatcaac	3120
40	ctccttctct	ataaaggcat	acttagtatt	gcaaaaagag	aaaattaaga	aaaaagaaa	3180
	aagaaaattg	agggagaccg	cttgatagat	ctgtgatcgg	tctcataacc	tcaaattaaa	3240
45	atggaatcta	tatctctggg	gttatatggt	gatgaaagtg	atccagcatg	ctcattactt	3300
	gcattcccca	taatcatgca	gactacaagt	gaaggaaaga	aggtcttaca	accgcaagtc	3360
	agaataaacc	gtctagggag	tatatcgata	gaaggagttc	gggcaatggt	cataaataca	3420
50	tatggcttca	ttgaggagag	gcctacggaa	aggacaggtt	tctttcagcc	aggcgaaaaa	3480
	aatcagcagc	aagttgtgac	agctggtatg	ctgacattgg	gccaaataag	gaccaatata	3540
55	gacccggacg	aaattggaga	ggcatgcttg	agactcaaag	tgaatgctaa	aaaatcagca	3600
	gcaagtgagg	agaagatagt	atttagcatt	cttgaaaagc	ctcccgccct	gatgactgca	3660
	cctgtagtac	aagatggggg	cttaattgct	aaagcagaag	gatcaatcaa	atgccaggt	3720
60	aagatgatga	gtgaaattca	ctactcattt	agagtaaatgt	ttgtgagtat	cacaatgctg	3780
	gataatcaga	gcctatacag	agtaccaaca	gccatcagct	cgttcaaaaa	taaagctcta	3840
65	tattctattc	agttagaggt	attgctggaa	gttgatgtga	agcctgagag	ccccagtggt	3900
	aaatttctag	cagaccagaa	agggagaaaa	gttgcttctg	tatgggttcca	tctctgcaat	3960
	tctaaaaaga	cgaatgccag	cgggaaaccg	agatcattag	aggatatgag	aaagaaggtc	4020

	cgagatatgg	gaatcaaagt	gtctctggcc	gacctttggg	gccctacgat	catcgtcagg	4080
5	gccacagggg	agatgagtaa	atatatgcta	ggatTTTTtct	ctacctcagg	gacttcatgt	4140
	catccagtaa	caaagagttc	accagatttg	gcaaaaatat	tatgggtcatg	ctcaagcaca	4200
	atcatcaaag	caaatgccat	tgttcaagg	tcagtcaaag	tcgatgtcct	gaccctcgaa	4260
10	gatatccaag	tttccagtg	tgcaaaaatc	aacaaatcag	gaatagggaa	gtttaatcca	4320
	tttaagaaat	aaagtcatat	gcagattaaa	atttgatcaa	gattgggtctt	agcaaattaa	4380
15	ctgaatgtaa	ttataaaata	cctcagtaaa	atgctaata	atcagtggat	gatattgaat	4440
	tagcagattg	aaaattaaag	aaaaccttat	gagggcgaat	gagcttagat	gatttaataa	4500
	aggagactaa	tccaacattt	ccctcaaatt	aacaaaatca	gaaagtaaaa	agaaaggag	4560
20	caatgagagt	acgaccttta	ataataatcc	tggtgctttt	agtgttgctg	tggttaaata	4620
	ttctaccggt	aattggctta	gacaattcaa	agattgcaca	agcagggtatt	atcagtgcac	4680
25	aagaatatgc	agttaatgtg	tattcacaga	gtaatgaggc	ttacattgca	ctgcgcactg	4740
	tgccatatat	acctccacac	aatctctctt	gtttccagga	tttaatcaac	acatacaata	4800
	caacgattca	aaacatatct	tcaccaattc	aggatcaaat	cacatctata	acatcggcgt	4860
30	caacgctccc	ctcatcaaga	tttgcaggat	tagtagtcgg	tgcaatcgct	ctcggagtag	4920
	cgacatctgc	acaaataact	gcagccgtgg	cactcacaaa	ggcacagcag	aacgctcaag	4980
35	aaataatacg	attacgtgat	tctatccaaa	atactatcaa	tgctgtgaat	gacataacag	5040
	tagggttaag	ttcaatagga	gtagcactaa	gcaagggtcca	aaactacttg	aatgatgtga	5100
	taaaccctgc	tctgcagaac	ctgagctgcc	aggtttctgc	attaaactta	gggatccaat	5160
40	taaatcttta	tttaaccgaa	attacaacta	tctttggacc	gcaaattaca	aatccatcat	5220
	tgacccatt	gtcaattcag	gcattataca	ccctagcagg	agataacctg	atgcaatttc	5280
45	ttaccaggta	tggttatgga	gagacaagt	ttagcagtat	tctcgagtca	ggactaatat	5340
	cagcacaat	tgtatctttt	gataaacaga	caggcattgc	aatattgtat	gtcacattac	5400
	catcaattgc	gactctttcc	ggttctagag	ttaccaaatt	gatgtcagtt	agtgtccaaa	5460
50	ctggagttgg	agagggttct	gctattgtac	catcatacgt	tattcagcag	ggaacagtaa	5520
	tagaagaatt	tattcctgac	agttgcatct	tcacaagatc	agatgtttat	tgtactcaat	5580
55	tgtacagtaa	attattgcct	gatagcatat	tgcaatgcct	ccagggatca	atggcagatt	5640
	gccaattttac	tcgctcattg	ggttcatttg	caaacagatt	catgaccgtt	gcaggtgggg	5700
	tgatagcaaa	ttgtcagaca	gtcctgtgcc	gatgctataa	tccagttatg	attattcccc	5760
60	agaacaatgg	aattgctgtc	actctgatag	atggtagttt	atgtaaagaa	cttgaattgg	5820
	aggggataag	actaacaatg	gcagaccag	tatttgcttc	atactctcgt	gatctgatta	5880
65	taaatgggaa	tcaatttgct	ccgtctgatg	ctttagacat	tagtagcgaa	ttaggtcaac	5940
	tgaataactc	aattagctca	gcaactgata	atttacagaa	ggcacaggaa	tcattgaata	6000
	agagtatcat	tccagctgcg	acttccagct	ggttaattat	attactattt	gtattagtat	6060

	caatctcatt	agtgatagga	tgtatctcca	tttattttat	atataaacat	tcaaccacaa	6120
5	atagatcacg	aaatctctca	agtgacatca	tcagtaatcc	ttatatacag	aaagctaatt	6180
	gatgaattaa	tttctaataa	ataatttgat	gttctaatag	gagaatgcaa	tatcaatatg	6240
	tccattataa	tatacttgat	tgattgaaag	atctgataat	aatagtttat	aagacactaa	6300
10	gtaagagtta	aatgctaaag	caagttgatt	cctaaatttc	tgacacaatag	gaccatacta	6360
	tatcatatta	gataattaat	aaaaaacgcc	ctatcctgag	ggcgaaaggc	cgatcattag	6420
	tgactttaac	cgttgctctc	ccaattttaa	atatatttca	catggagtca	atcgggaaag	6480
15	gaacctggag	aactgtgtat	agagtcctta	cgattctatt	agatgtagtg	atcattattc	6540
	tctctgtgat	tgctctgatt	tcattgggtc	tgaagccagg	tgagaggatc	atcaatgaag	6600
20	tcaatggatc	tatccataat	caacttgttc	ccttatcggg	gattacttcc	gatattcagg	6660
	caaaagtcag	cagcatatat	cggagcaact	tgctaagtat	cccactacaa	cttgatcaaa	6720
	tcaaccaggc	aatatcatca	tctgctaggc	aaattgctga	tacaatcaac	tcgtttctcg	6780
25	ctctgaatgg	cagtggaaact	tttattttata	caaattcacc	tgagtttgca	aatggtttca	6840
	atagagcaat	gttcccaacc	ctaaatcaaa	gcttaaataat	gctaacacct	ggtaatctaa	6900
30	ttgaatttac	taatttttatt	ccaactccaa	caacaaaatc	aggatgtatc	agaataccat	6960
	catttttcaat	gtcatcaagt	cactgggtgt	atacccataa	tatcattgct	agtggatgtc	7020
	aggatcattc	aaccagtagt	gaatacatat	cgatgggggt	tgttgaagtg	actgatcagg	7080
35	cttacccgaa	ctttcggaca	actctttcta	ttacattagc	tgataatcta	aacagaaagt	7140
	catgtagcat	tcgagcaact	gggttcgggt	gtgatataat	atgtagtggt	gtcactgaga	7200
40	cagaaaatga	tgattatcaa	tcaccagaac	cgactcagat	gatctatgga	agattatatt	7260
	ttaatggcac	atattcagag	atgtcattga	atgtgaacca	aatgttcgca	gattgggttg	7320
	caaattatcc	agcagttgga	tcaggagtag	agttagcaga	ttttgtcatt	ttcccactct	7380
45	atggaggtgt	taaaatcact	tcaaccctag	gagcatcttt	aagccagtat	tactatattc	7440
	ccaaggtgcc	cacagtcaat	tgctctgaga	cagatgcaca	acaaatagag	aaggcaaaag	7500
50	catcctattc	accacctaata	gtggctccaa	atatctgggc	tcaggcagtc	gtaggtgca	7560
	ataaatctgt	taatcttgca	aattcatgtg	aaattctgac	atttaacact	agcactatga	7620
	tgatgggtgc	tgagggaaga	ctcttgatga	taggaaagaa	tgtatacttt	tatcaacgat	7680
55	ctagttcgta	ttggccagtg	ggaattatat	ataaattaga	tctacaagaa	ttgacaacat	7740
	tttcatcaaa	tcaattgctg	tcaacaatac	caattccatt	tgagaaattc	cctagacctg	7800
60	catctactgc	tggtgtatgt	tcaaaaccaa	atgtgtgtcc	tcagtatgac	cagactgggtg	7860
	tttatcaaga	tctctgggta	ctatatgatc	ttggcaaatt	agaaaatacc	acagcagtag	7920
	gattgtatct	aaactcagca	gtaggccgaa	tgaacccttt	tattgggatt	gcaaatacgc	7980
65	tatcttggtg	taatacaact	agattattcg	cacagggtag	tccagcatca	tattcaacaa	8040
	cgacctgctt	caaaaatact	aagattgaca	cggcatactg	cttatcaata	ttagaattaa	8100

	gtgattcttt	gtaggatca	tggagaatta	caccattatt	gtacaatatt	actttaagta	8160
5	ttatgagcta	gacctgttt	taacattgaa	tcgtatgaac	ttataagact	gaaggatgtc	8220
	tgttggtatt	aagcatcata	aaacacggtt	gtttttgatt	tgacaccta	tcgtactcaa	8280
	tactctccat	agatttaatt	taacagattt	agatactatt	gatcatatag	gcatagatgg	8340
10	tatatgggca	attagattga	actgagttaa	atccgattga	tacttatcaa	attaagatct	8400
	agattattta	ataaaaaatt	taagttagaa	aatgaggggg	acctcattat	ggagttcaga	8460
15	caatctgac	aaataatata	tcctgaagt	catctagatt	cacctattat	tgggaataaa	8520
	atactctatt	tatggcgaat	tacaggctta	cctactccgc	ctgttcttga	gcttaactct	8580
	actatatcgc	ctgaagtctg	gacaaacttg	aaagccaatg	atcctagagt	agcctttaa	8640
20	tgggacaaac	taagaccacg	gttgctaaca	tgggcagcac	atcaagggat	atcactatcg	8700
	gatctgatcc	ctattacaca	tcctgagtca	ttgcagtgg	taacaacaat	atcctgtcct	8760
25	aaaattgatg	aaaattttgc	gttaattaag	aagtgccttc	ttagaacaag	ggactataca	8820
	gcatcaggat	ttaagaattt	attccaaatg	atctcacaga	aattgacgtc	gacgaatatt	8880
	ctattttgcg	cagaaaatcc	gacaactccc	cccatctccg	acgaagcatc	ctgggcatta	8940
30	aagaatcctg	agcactgggt	taatacacct	tggatcatct	gttgtatgtt	ttggttacat	9000
	gtgaaacaga	ctatgaggaa	cttaattaga	atacaacgat	ctcaaccaga	atcacaagc	9060
35	atatacagta	tcacggttga	taacttggtt	gttggtattga	ctcctgactt	gtgtgtcata	9120
	gctgattctc	aaagacaatc	aattacagta	ctgtcatttg	agtgtgtatt	gatgtattgt	9180
	gacttaattg	aagggtcgtaa	caatgtttat	gacctctgtc	aattgtctcc	tgtgctaagt	9240
40	cctcttcaag	atagaatttt	acttttactg	agattaattg	attcttttagc	atatgacatc	9300
	ggagcgccaa	tttttgatgt	aattgcttct	cttgaatctt	tagcatatgg	agctattcag	9360
45	ctatatgatt	acgacacaga	ggcagccggt	gattttttct	catttaattt	aagagaaatt	9420
	tcccagggtca	tagaagagag	caaatgtagg	aatcaaacc	atactataat	cagtgcatt	9480
	agtaagattt	acacagggat	caatcctgat	caagcagctg	aaatgctgtg	tatcatgaga	9540
50	ctgtgggggc	accatttgct	ttatgcatcc	aaggctgcat	ctaagggtcg	cgagtcaatg	9600
	tgtgcacct	aagttatcca	atttgatgca	atgctgcttg	tattagcatt	ctttaagaga	9660
	agcatcataa	atggatatag	acgaaagcat	gggtgggctat	ggccgaacat	catagttgag	9720
55	tcacttcttt	ctgcagaact	tgtcgcggca	catcatgatg	cagttgaatt	gacagacact	9780
	tttgttatta	aacactatag	agaagtagcc	atgattgact	tcaaaaaatt	attcgactac	9840
60	gatatagggg	atgacttaag	tttatacctc	aaggataaag	caatttgtcg	acagaaatca	9900
	gagtggctta	atatcttcaa	gggtcaattg	cttgagcccc	ctgtacgatc	gaagcgaatt	9960
65	cgtggaatag	gtgaaaaccg	attactgtta	catttcttga	attcagtcga	ttttgatcct	10020
	gaacaagaat	tcaaatatcg	cactgatatg	gagtacctct	acgatgaaac	attctgtgca	10080
	tcctattcac	tgaaggaaaa	agaagtga	agagatggaa	gaatattcgc	aaaaatgaca	10140

	ccaaaaatga	gaagctgtca	agttttatta	gaggcattgt	tagcaaaaaca	tgtaagcgaa	10200
5	cttttcaagg	agaatggagt	ctcaatggag	cagatatccc	tcacaaagtc	attggtagcc	10260
	atgtcacaa	tagctccccg	agtgaatatg	agagggtggga	gagcagctag	atcaacagac	10320
	gttaaaatca	atcaacgaag	ggtcaagtca	atcaaagagc	atgttaaatac	gagaaatgat	10380
10	tcgaatcaag	agaaaattgt	aattgcaggt	tatctgacta	ctgatttaca	aaaatactgc	10440
	ctcaattgga	gatatgaatc	aataaaatta	tttgcaagag	cacttaacca	attattttgga	10500
	ataccccatg	gatttgaatg	gatacactta	aggctcataa	gaagtacaat	gtttgttggg	10560
15	gaccccttaca	atcctcctgc	atcaatccaa	tctttggatc	tcgatgaaca	gcctaattgat	10620
	gatatttttta	ttgtctcgcc	acgtggtggg	attgaaggat	tatgtcagaa	gatgtggaca	10680
20	ctcatctcaa	ttgcattaat	tcaagctgca	gctgcaaaaa	taggatgtcg	ggttacaagt	10740
	atggtacagg	gagataatca	ggttattgct	atcaccagag	aagtgcgagt	gggggaacct	10800
	gtgagggagg	cgtcacgaga	actcagatta	ttgtgtgatg	agttcttcac	tgaattcaaa	10860
25	caattaaact	acggaatagg	gcacaatctt	aaagcaaaaag	aaactatcaa	gagtcaatcg	10920
	ttttttgtat	atagcaagag	agttttcttt	gaggggaagag	tgtaaagtca	gatattgaag	10980
30	aatgcctcaa	aattgaatct	aatttctgac	tgtctggctg	aaaatacagt	tgcttcatgt	11040
	agcaatatatt	cttctactgt	agcaaggcta	atagagaatg	gccttgggaa	agacgtagcc	11100
	ttcatttttaa	actttcagac	tattataagg	caactgattt	ttgatgaagt	atatacgatt	11160
35	tcattgaact	atagtacagc	aagacggcag	gtgggaagcg	agaatcctca	cgcattggct	11220
	atagccgctt	tgattcctgg	tcaacttggg	ggattcaatt	tcctaaacgt	tgctaggtta	11280
40	tttacacgga	atatcgggga	tccaatcact	tgctcattga	gtgatatcaa	atggtttgca	11340
	aaagttagg	tgatgcctga	gtacatcctt	aaaaacattg	ttttgagggc	accaggttca	11400
	ggaacatgga	caacttttagt	cgctgatccc	tactccttaa	acattacgta	cacaaaattg	11460
45	cctacgtcgt	acctaaagaa	acatacacag	aggacattag	ttgctgattc	ccctaattccg	11520
	ttgcttcagg	gggtgtttct	attaaatcag	cagcaggagg	atgaagcatt	atgtaaattt	11580
50	cttcttgacc	gagaacaagt	gatgccacga	gctgcccattg	taatctatga	tcagtcagtt	11640
	ctcggccgga	ggaaatatatt	acaagggctt	gttgatacta	cacagacaat	cataaggtat	11700
	gcactccaaa	aaatgccggt	atcatacaaa	aagagtgaata	aaatccaaaa	ttacaatctc	11760
55	ctctacatac	aatcactttt	tgatgagggtc	ttgacacaga	atgtcattca	tagtggattg	11820
	gatactatat	ggaaaagaga	tctaattagc	attgagacct	gttctgtcac	acttgccaat	11880
60	tttacgagga	cttgctcgtg	gtctaataatt	ctacagggca	ggcaaatgtg	tggagttaca	11940
	actccagaca	cgatagaatt	gtgtaccggt	tctttgattt	cttgcaacag	tgcatgtgag	12000
	ttttgtagaa	ttggagataa	aagctactct	tggtttcata	caccaggggg	tatctcattt	12060
65	gatacaatga	gccctggcaa	tctgattcaa	agagtgccgt	acctaggatc	aaagactgat	12120
	gaacagcgag	ctgcctctct	aacaaccatc	aaggggatgg	attaccatct	gagacaagct	12180

	cttcgaggag	catcattgta	tgtgtgggca	tatggagaga	ctgatcagaa	ttggtttagat	12240
5	gcgctgaagt	tagcaaacac	ccggtgcaat	gtaacattac	aagctttgac	tgcactctgc	12300
	ccaataccga	gtaccgcaaa	tctacaacac	cggcttgcg	atggaataag	tacagttaaa	12360
	ttcacacctg	caagtttgtc	acgaatagca	gcttatattc	acatttgtaa	tgaccaacaa	12420
10	aagcatgata	acctagggaa	tagttttgaa	tcaaactctga	tttaccagca	aataatgctt	12480
	cttggaacag	gaatatttga	aacaattttc	ccactatcag	ttcaatatat	ccacgaggaa	12540
	caaacacttc	acttgcacac	tggattttcc	tgttgtgtca	gggaagctga	cacaatgatt	12600
15	atagatgaga	gcagaactgg	attcccagga	ttgacagtga	ctaagagtaa	taagttttta	12660
	ttcaaccctg	accctattcc	tgcagtgtgg	gcagataaaa	tattcacgac	tgaatttaga	12720
20	ttcttcgagt	acaatataga	gaatcaagga	acttatgaac	taataaaaatt	tctttcttct	12780
	tgctgcgcg	aagttgttac	agaatcgcta	gttcaggata	ctttccatag	ttctgtcaaa	12840
	aatgatgcaa	taattgcgta	tgacaattca	attaattaca	tcagtgagct	acaacaatgt	12900
25	gacattgttc	tgttttagcag	tgaacttgg	aaggaattac	ttctagattt	agcttaccag	12960
	ctgtactacc	ttcgaattag	atcgaaacga	gggtataatta	gttacttgaa	ggtagctgtg	13020
30	actcggcttc	caattattca	gtttgcaccg	cttgcgttga	caatatcaca	tcctgtaatc	13080
	tacgagcgat	tacgccaacg	gaggttggtt	atggaaccgt	tgcaacctta	tttggttcg	13140
	atagattatg	tcaaagccgc	aagagagctt	gttttgattg	gtgcttcttc	ttacctctca	13200
35	atgcttgaga	caggttttaga	taccacttac	aacatataca	gtcattttaga	cggggattca	13260
	gagggcaaga	ttgatcaggc	gatggcaagg	agactgtgcc	taatcacatt	attagtgaat	13320
40	cctggatatg	cattacctgt	gatcaaagga	ctaactgcaa	ttgagaaatg	tagactatta	13380
	acagattttt	tacaatcaga	tatcatttct	gtttctttat	ctgagcagat	tgcaaacactt	13440
	attctaacac	caaagattga	agtgcacccg	acaaatttat	actatatgat	gcggaagacc	13500
45	ttgaatctaa	tccggtcacg	agatgataca	gttgtgatca	tggcagaatt	gtataatata	13560
	gatcaagagt	ctgcgataat	gagggttgaa	tcagaagagg	acggccctgt	agacaaaatg	13620
50	aatcttgcac	ccatactaag	gcttgtgcc	atcacattca	aatcaatgga	cttgcattgc	13680
	ttactgggc	taggtagaaa	agaggtggaa	ctgatgggta	gcccagtttg	caaatcact	13740
	cagagattag	ataagtacat	ctatcgaca	attggcacca	tatctactgc	atggtataaa	13800
55	gcaagtagtt	taatcgccag	tgacatactt	aaggggggcc	cattggggga	cagcttatat	13860
	ttatgtgagg	gaagtggtag	tagtatgaca	tgtttggaat	attgtttccc	ttcgaaaaca	13920
60	atctggtata	attcattctt	ctcaaagtag	ctaaatccac	ctcaacggaa	catcggccca	13980
	ttaccaacac	aattttgttc	aagcattgtc	tatcacaaat	tgaatgctga	agtcccgtgc	14040
	tctgcagggt	ttatccaaga	tttcaaagta	ctctgggccg	acaaatcagt	ggagactgat	14100
65	atcttctaca	ctgaatgtgt	gaatttcatc	ctaagcaaag	ttgaacttga	aacatgcaaa	14160
	ttgatacatg	cagaccttga	tctacctatt	gagaccccaa	gatctgtctg	gatggcttgt	14220

ES 2 622 087 T3

	gtcacaaata cattcatttt gggaaatgcc ttattgaagt caggagggaa attggtcatg	14280
5	aaattatatg cagtagatga gctcctcttt tcatcttgct taggattcgc atggtgcctt	14340
	atggacgata taaatatcct ccgaaatggc tacttcaatg acaaatcaaa ggaatgctac	14400
	ctcattggga caaaaaaggt gacaatcccg caccagaaaa tccaggatat ccagcagcaa	14460
10	ataaataaga ttgctagtca aggggtaagt gtcataacctg aagctgtaat tcatgacatt	14520
	tacaaccagc ttgaggacag tattagatgt gagaaaaaat tcaaaaatga taatgcaccg	14580
	acttggtcca atgggacacct caattcgaca gatctattac taataagact tggagggaaa	14640
15	ccaattgggg aatcactatt agagttaaca tccatacaag gcatggatta tgatgattta	14700
	acaggggata taattcaagt aatagacaca gcgctaaatg agattattca cctcaagtct	14760
20	gatacttcga gcttagatct tgtactgcta atgtctcctt acaatctggc acttggaggg	14820
	aaaataagca caattctgaa atctgttggt caccagactc taataactcag gattatccaa	14880
	tctaggcaga ataaggatat accattaaaa ggatgggtgt ctctgttgaa tcaaggagtc	14940
25	atctcactat cttcattgat ccggttgcac gattatctga ggaagagtaa gttgagaaaa	15000
	tttatagttc aaaaattagg ccaacaggaa ttacaagcat tttggcagag caggtctcaa	15060
30	caaatgctga gtagaagtga gaccaagttg ctaataaaaag tgctgagtgc tgcttggaag	15120
	ggattgttgt aaaattgtaa atatacactg catgtatata aattgggtgc tacccttatc	15180
	agctaaccac aggtgtaaat tttcatatgg aatgcatatc aataaagata ggcatttaaa	15240
35	ttatacaatg ataacatatt ttaggttgac aacaatcatt gatataatca ccaatagtag	15300
	ctctattact tatttggttaa taataaatgg tacactttga atttaagaaa aaattagaat	15360
40	tgctatattt tatcgctata gtgggcctgt cggctgcgtt agcggttaaga caaagaggac	15420
	ttgtctttta aaaattttatt aaaaaatcat taattgatca tattgctttc cttgttttgt	15480
45	<210> 21	
	<211> 31	
	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
50	<220>	
	<223> oligo APMV-polyT	
	<400> 21	
55	tttttttttt ttttttttac caaacarrga a	31
	<210> 22	
	<211> 24	
	<212> ADN	
60	<213> secuencia artificial	
	<220>	
	<223> oligo 8NPF1	
65	<400> 22	
	caggagacct gatgttgacct caac	24

5	<210> 23 <211> 25 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> oligo 8NPr	
10	<400> 23 gcaggcgatc tatagtctct gatag	25
15	<210> 24 <211> 15 <212> ADN <213> secuencia artificial	
20	<220> <223> secuencia de inicio del gen de NP <400> 24 cccccgcuuc uguca	15
25	<210> 25 <211> 15 <212> RNA <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> secuencia de inicio del gen de P <400> 25 cccccgcuug aguua	15
35		
40	<210> 26 <211> 15 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> secuencia de inicio del gen de M	
45	<400> 26 cccccgcuuc ugugc	15
50	<210> 27 <211> 15 <212> ADN <213> secuencia artificial	
55	<220> <223> secuencia de inicio del gen de F <400> 27 cccccgcuuu agaac	15
60		
65	<210> 28 <211> 15 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> secuencia de inicio del gen de HN	

	<400> 28 ccccgcugg guaaa	15
5	<210> 29 <211> 15 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> secuencia de inicio del gen de L	
15	<400> 29 cuccgcugg agaag	15
20	<210> 30 <211> 16 <212> ADN <213> secuencia artificial	
25	<220> <223> secuencia de fin del gen de NP	
30	<400> 30 aacuaauuc uuuuuu	16
35	<210> 31 <211> 16 <212> ADN <213> secuencia artificial	
40	<220> <223> secuencia de fin del gen de P	
45	<400> 31 uaacuaauuc uuuuuu	16
50	<210> 32 <211> 16 <212> ADN <213> secuencia artificial	
55	<220> <223> secuencia de fin del gen de M	
60	<400> 32 aggauuaaua uuuuuu	16
65	<210> 33 <211> 16 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> secuencia de fin del gen de F	
	<400> 33 cuauaaaua uuuuuu	16
	<210> 34 <211> 16 <212> ADN <213> secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	secuencia de fin del gen de HN	
5	<400>	34	
		uacuaauuc uuuuuu	16
10	<210>	35	
	<211>	16	
	<212>	ADN	
	<213>	secuencia artificial	
15	<220>		
	<223>	secuencia del fin del gen (1) de L	
	<400>	35	
		acuauuuuuc uuuuuu	16
20	<210>	36	
	<211>	16	
	<212>	ADN	
	<213>	secuencia artificial	
25	<220>		
	<223>	secuencia del fin del gen (2) de L	
	<400>	36	
30		uuauugauuu uuuuuu	16
35	<210>	37	
	<211>	15342	
	<212>	ADN	
	<213>	secuencia artificial	
40	<220>		
	<223>	genoma de AMPV8 FJ215863	
	<400>	37	
		accaaacaag gaatgcaaga ccaacgggaa ctttaaataa aacaatcgaa ttattggggg	60
45		cgaagcaagt ggatctcgag ctcgaggccg aaaccctgaa ttactactgga ggttttgaat	120
		aggctgctat aggactcaat atgtcatctg tattcaatga gtatcaggcg cttcaagaac	180
		aacttgtaaa gccggctgtc aggagacctg atgttgccctc aacgggttta ctgagagcgg	240
50		aaatacctgt ctgtgtcaca ttatctcaag accccgggtga gagatggagc cttgcttgct	300
		tgaatatcag atggcttggtg agtgattcat caaccacacc aatgaagcaa ggagcaatat	360
55		tgtcactgct gagtctacat tcagacaata tgcgagctca cgcaacatta gcagcaagggt	420
		ctgcagatgc ttacttcacc atacttgagg tagatgaagt agatattggc aactcactaa	480
		tcaaattcaa cgccagaagt ggtgtatctg ataaacgctc aaatcaattg cttgcaattg	540
60		cggatgacat ccccaaaagt tgcagtaatg ggcattccatt tcttgacaca gacattgaga	600
		ccagagaccc gctcgatcta tcagagacta tagaccgcct gcagggtatt gcagctcaga	660
		tatgggtgtc agccataaag agcatgacag cgcctgacac cgcattcagag tcagaaagta	720
65		agaggctggc caaatatcaa caacaaggcc gactgggttaa gcaagtactc ttgcattctg	780
		tagtcaggac agaatttatg agagttattc ggggcagctt ggtactgcgc cagtttatgg	840

	ttagcgagtg	caagagggct	tcagccatgg	gcggagacac	atctaggtac	tatgctatgg	900
5	tgggcgacat	cagtctgtac	atcaagaatg	caggattgac	tgcatttttc	ctcacctga	960
	agttcggagt	tggtaccag	tatccaacct	tagcaatgag	tgttttctcc	agtgacctta	1020
	aaaggcttgc	tgcactaatc	aggctataca	aaaccaaggg	agacaatgca	ccatacatgg	1080
10	cattcctgga	ggactccgat	atgggaaatt	ttgctccagc	aaattatagc	acaatgtact	1140
	cttatgccat	gggcattggg	acaattcttg	aagcatctgt	atctcgatac	cagtatgcca	1200
	gagactttac	cagtgagaat	tattttccgtc	ttggagttga	gacagcccaa	agccagcagg	1260
15	gagcatttga	cgagagaaca	gcccagagaaa	tgggcttgac	tgaggaatca	aaacagcagg	1320
	ttagatcact	gctaattgtca	gtagacatgg	gtcccagttc	agttcatgag	ccatctcgcc	1380
20	ctgcatttat	cagtcaagaa	gaaaataggc	agcctgcca	gaactcgtca	gatactcagg	1440
	gtcagaccaa	gccagtcccc	aagcagcccc	caccaagggc	cgactcagat	gacattgatc	1500
	catacgagaa	cgggctagaa	tggttaattca	accaccccga	cacatccacc	tatacaccaa	1560
25	ttctgtgaca	tattaaccca	atcaaacatt	tcataaacta	tagtagtcat	tgatttaaga	1620
	aaaaattggg	ggcgacctca	attgtgaaac	ataccagatc	cgtccacaac	accactcaac	1680
30	aaccacaca	caatggattt	cgccaatgat	gaagaaattg	cagaactttt	gaatctcagc	1740
	accaatgtaa	tcaaggagat	tcagaaatcc	gaactcaagc	ctcccaaac	caccggacga	1800
	ccacctgtca	gtcaagggaa	cacaagaaat	ctaactgatc	tatgggaaaa	agagactgca	1860
35	agtcagacca	agacaccggc	ccaatctcca	caaaccacac	aagttcagtc	tgatgaaaat	1920
	gaggagggag	aaatcaagtc	cgagtcaatt	gatggccaca	tcagaggaac	tgттаатcaa	1980
40	tcagagcaag	tcccagaaca	aaaccagagc	agatcttcac	cagggtgatga	tctcgacaga	2040
	gctctcaaca	agcttgaagg	gagaatcaat	tcaatcagct	caatggacaa	agaaattaaa	2100
	aagggccctc	gcatccagaa	tctccctggg	tcccaggcgg	caactcaaca	ggcgaccac	2160
45	ccattggcag	gggacacccc	gaacatgcaa	gcacagacaa	aagccctggc	gaagccacat	2220
	caagaggcaa	tcaatcctgg	caaccaggac	acaggagaga	gtattcattt	accaccttcc	2280
50	atggcaccac	cagagtcatt	agttggtgca	atccgcaatg	cacccaatt	cgtgccagac	2340
	caatctatga	cgaatgtaga	tgcggggagt	gtccaactac	atgcatcatg	tgagagatg	2400
	ataagtagaa	tgtttgtaga	agttatatcc	aagcttgata	aactcgagtc	gagactgaat	2460
55	gatatagcaa	aagttgtgaa	caccaccccc	cttattagga	atgatattaa	ccaacttaag	2520
	gccacaaccg	cactgatgtc	caaccaaatt	gcttccatac	aaattcttga	cccagggaat	2580
60	gcaggggtga	ggtccctctc	tgaaatgaaa	tctgtgacga	agaaagctgc	tgttgtaatt	2640
	gcagggtttg	gagacgaccc	aactcaaatt	attgaagaag	gcattatggc	caaagatgct	2700
	cttggaanaac	ctgtgcctcc	aacatctgtt	atctcagcta	aagctcagac	ttcttccggt	2760
65	gtgagtaagg	gtgaaataga	aggattgatt	gcattggtgg	aaacattagt	tgacaatgac	2820
	aagaaggcag	caaaactgat	taaaatgatt	gatcaagtta	aatcccacgc	cgattacgcc	2880

5	cgagtcaagc	aggcaatata	taatgcgtaa	tactgtaact	atacaaaca	tcaatactgc	2940	
	tgtcggttgc	acccacctca	gcaaatcaat	aatcttttag	aattttattga	ttaagaaaaa	3000	
	attgactact	ataaggaaag	aacaccaagt	tgggggcgaa	gacacgattg	accacagtcg	3060	
10	ctatctgtaa	ggctcctcac	caaaaatggc	atatacaaca	ttgaaactgt	gggtggatga	3120	
	gggtgacatg	tcgtcttcgc	tcctatcatt	cccgttggtg	ctaaaagaga	cagacagagg	3180	
	cacaaaggag	cttcaaccac	aggtaagggt	agattcaatt	ggcgatgtgc	agaacgccaa	3240	
15	agagtcctcg	atattcgtga	ctctatatgg	tttcatccaa	gcaattaagg	agagtacaga	3300	
	tcgatcga	aa	aa	aa	aa	aa	aa	
	tcgatcga	aa	aa	aa	aa	aa	aa	
20	ggtagtggtg	gggtgcgatcc	gaatgatggc	tgatgttaat	accatctcta	atgacgcact	3420	
	agcgcctggag	atcactgtta	agaaatctgc	aacttctcaa	gagaaaaatga	cggtgatgtt	3480	
	ccacaatagc	cccccttcat	tgagaactgc	aataactatc	cgagcaggag	gtttcatctc	3540	
25	gaatgcagac	gagaatataa	aatgtgccag	caagttgact	gcaggagtgc	agtacatatt	3600	
	ccgccc	aatg	aa	aa	aa	aa	aa	
	ccgccc	aatg	aa	aa	aa	aa	aa	
30	aagcatccac	agcatctcgt	ccactctact	gtatagtgtg	atgttgagg	taggattcaa	3720	
	agtggatatt	gggaaggatc	atccccaggc	aaagatgctg	aagaagggtca	caatcggcga	3780	
	tgcagacaca	tactgggggt	ttgcatggtt	ccacctgtgc	aatttcaaaa	agacatcctc	3840	
35	taagggaaag	ccaagaacgc	tagacgaact	aaagacaaaa	gtcaaaaaca	tgggggttgaa	3900	
	attggagttg	catgacttgt	gggggtccgac	tattgtgggtc	caaatcactg	gcaagagcag	3960	
	caaatatgct	caaggatttt	tttcttccaa	tggtacttgt	tgcttcccaa	tcagcagatc	4020	
40	tgcaccaggg	cttgggaagc	ttctgtgggtc	ctgttcagca	actatcgggtg	acgcaacagt	4080	
	tgttatccag	tcaagcgaga	aaggggaact	cctaagggtct	gatgacctcg	agatacgagg	4140	
	tgctgtggcc	tccaagaaag	gtagactgag	ctcatttcac	cccttcaaga	aatgatgcag	4200	
45	gacatagtag	agagaattag	agagccatta	gatgtgcgca	aaaaacataa	cctgcgatga	4260	
	actgcccaga	ctccacttta	acctaggttg	cagggaaata	gtacacgaca	tgcacaatac	4320	
	tatcacgggtc	accagcaatc	aataaagttg	atcaatcact	atattaggaa	tcaaatagga	4380	
50	taacaattat	taatccaatt	tcctaattat	aaaaaattgc	tttaaagggtt	attgacgagt	4440	
	cggggg	cgaa	atcttgccac	ttagtctgca	gtcaatctta	gaatctacat	attgaactat	4500
	gggtcaaata	tcagtatatc	taattaatag	cgtgctatta	ttgctgggtat	atcctgtgaa	4560	
55	ttcgattgac	aatacactca	ttgccc	aat	cgagttgcc	agcgcaaatg	aatggcagct	4620
	tgctgcatat	acaacatcac	tttcagggtg	aattgccgtg	cgattcctac	ctgtgctccc	4680	
	ggataatatg	actacctgtc	ttagagaaac	aatcactaca	tataataata	ctgtcaacaa	4740	
60	catcttaggc	ccactcaa	at	ctgga	tgcactgctc	tcatctgaga	cttatcccca	4800
	gacaagatta	attggggcag	ttataggttc	aattgctctc	ggtgttgcaa	catcgggtca	4860	
	aatcactgct	gcagttgctc	tcaagcaagc	gcaagacaat	gcaaggaaca	tactagcact	4920	

ES 2 622 087 T3

	caaagaagca	ctgtccaaaa	ccaatgaggc	ggtcaaggag	cttagtagtg	ggttacaaca	4980
5	aacagctatt	gcacttggtg	agatacagag	ttttgtgaat	gaggaaattc	tgccatctat	5040
	caaccaactg	agctgcgagg	tgacagccaa	taaacttggg	gtgtatttat	ctctgtatct	5100
	cacagaactg	accaccatat	tcggtgcaca	gctgactaac	cctgcattga	cttcattatc	5160
10	atatcaagcg	ctgtacaacc	tgtgtggtgg	caacatggca	atgcttactc	agaagattgg	5220
	aattaaacaa	caagacgtta	attcgtctata	tgaagccgga	ctaatacacag	gacaagtcac	5280
	tggttatgac	tctcagtacc	agctgctggg	catccagggtc	aattatccaa	gcattttctga	5340
15	ggtcactggg	gtacgtgcaa	cagaattagt	cactgttagt	gtaacaacag	acaaggggtga	5400
	agggaaagca	attgtacccc	aatttgtagc	tgaaagtcgg	gtgactattg	aagagcttga	5460
20	tgtagcatct	tgtaaattca	gcagcacgac	cctatatattg	aggcagggtca	acacaagggc	5520
	acttcccccg	ctagtagcta	gctgtcttcg	aggtaactat	gatgattgtc	aatataccac	5580
	agagattgga	gcattatcat	cccgggtatat	aacactagat	gggggggtct	tagttaattg	5640
25	taagtcaatt	gtttgtaggt	gccttaatcc	aagtaagatc	atctctcaaa	atacaaacgc	5700
	tgcagtaaca	tatgtttgatg	ccacaatctg	caaaacaatt	caattggatg	atatacaact	5760
30	ccagctggaa	gggtcactat	catcagttta	tgcaagaaac	atctcaattg	agatcagtca	5820
	ggtgaccacc	tccgggtctt	tagatatcag	cagtgaagata	ggaaacatca	ataatacggg	5880
	gaatcgtgtg	gaggatttta	ttcaccaatc	agaggaatgg	ctggcaaagg	ttaaccacac	5940
35	cattgttaat	aatacaacac	taatcgtagt	ctgtgtgtta	agtgcgcttg	ctgtgatctg	6000
	gctggcagta	ttaacggcta	ttataatata	cttgagaaca	aagttgaaga	ctatatcggc	6060
40	attagctgta	accaatacaa	tacagtctaa	cccctatggt	aaccaaacga	aacgtgaatc	6120
	taagttttga	tcattcaagc	caaaacagag	gatctagggt	cgggttaata	atagttcaat	6180
	caatgtttga	tttattaggt	ttttccact	aattattaat	atattcgtga	ttagatgata	6240
45	acgttaaaaag	tcttaaatat	ttaataaaaa	atgtaacctg	ggggcgaccc	atttataggt	6300
	tagtatatat	taggaagtcc	ttatatgtga	ctgtaatttc	aaacaattat	attacctcat	6360
50	atctaccttg	tctaaagaca	tcatgagtaa	cattgcatcc	agtttagaaa	acattgtaga	6420
	gcaggatagt	cgaaaaacaa	cttgagagag	catctttaga	tgggtccgttc	ttcttatcac	6480
	aacaggatgc	ttagccttat	ccattattag	catagttcaa	attggaaaatt	tgaaaattcc	6540
55	ttctgtaggg	gatctggctg	atgaagtggg	gacacccttg	aaaaccactc	tgtctgatac	6600
	actcaggaat	ccaattaacc	agataaatga	catatttagg	attggtgccc	ttgatattcc	6660
60	attgcaagtg	accaatatcc	aaaaagacct	tgcaagtcaa	tttaacatgt	tgatagatag	6720
	tttaaatgct	atcaaattag	gcaacgggac	caaccttatc	ataacctacat	cagacaagga	6780
	gtatgcagga	ggaattggaa	accctgtatt	tactgtcgat	gctggagggt	ctataggatt	6840
65	caaacagttt	agcttaatat	aacatccgag	ctttattgct	ggacctacaa	cgacccgagg	6900
	ctgtacaaga	atacccactt	ttcacatgtc	agaaagtcac	tgggtgctact	cacacaacat	6960

	catcgctgct	ggctgtcaag	atgccagtg	atccagtatg	tatatctcaa	tgggagttct	7020
5	ccatgtgtcc	tcatctggca	ctccccat	tcttactact	gcaagtgagc	tgatagacga	7080
	tggagttaac	cgtaagtc	gcagcattgt	agcaacccga	tttggctgtg	acattttgtg	7140
	cagtattgtc	acagagaagg	agggagatga	ttactggtct	gatactccga	ctccaatgcg	7200
10	ccacggccgt	ttttcattca	atggtagttt	tgtagaagcc	gaactaccag	tgtccagtat	7260
	gttctcgtca	ttctctgcca	actaccctgc	tgtgggatca	ggcgaaattg	taaaagatag	7320
	aatattattc	ccaattttac	gagggtataa	gcagacttca	ccagagttaa	ccgaattagt	7380
15	gaaatacgg	ctctttgtat	caacacctac	aactgtgtgc	cagagtagct	ggacttatga	7440
	ccaggtaaaa	gcagcgtata	ggccagatta	catatcaggc	cggttctggg	cacaagtgat	7500
20	actcagctgc	gctcttgatg	cagtcgactt	atcaagttgt	attgtaaaga	ttatgaatag	7560
	cagcacagtg	atgatggcag	cggaaggaag	gataatgaag	atagggattg	attactttta	7620
	ctatcagcgg	tcatcttctt	ggtggccatt	ggcatttggt	acaaaactag	acccgcaaga	7680
25	attggcagac	acaaactcaa	tatggctgac	caattccata	ccaatcccgc	aatcaaagtt	7740
	ccctcggcct	tcatattcag	aaaattattg	cacaaagcca	gcagtttgcc	ctgctacttg	7800
30	tgtcactgg	gtgtactctg	atatttggcc	cctgacctca	tcttcatcac	tcccagcat	7860
	aatttgga	ggccagttac	ttgatgctcc	tgttagaagg	acttatccca	gatttggaat	7920
	tgcaaatcag	tcacactgg	acctccaaga	agatattcta	cccacttcca	ccgcaagtgc	7980
35	gtattcaacc	actacatg	ttaagaatac	tgccaggaat	agagtgttct	gcgtcaccat	8040
	tgccgaattt	gcagatgggt	tgtttgga	gtacaggata	acacctcagt	tgtacgaatt	8100
40	agtgagaa	aattgaataa	cgataat	gagactcatt	ttgtcgcaaa	gtgaaattgt	8160
	catcttttaa	aataatcaat	tctatgattt	ttattgaaca	tgattaagca	atcatgtggg	8220
	aaattttatta	tctcataaat	tctaatagtt	gtaaatgacg	aattaagaaa	aaatggaggg	8280
45	cgacctctac	acaaacatgg	atataaaaca	agttgacctg	ataatacaac	ccgaggttca	8340
	tctcgattca	cccatcatat	tgaataaa	ggcactatta	tggcgcttga	gtggtttacc	8400
50	catgcctgca	gacctacgac	aaaaatccgt	agtgatgcac	atcccggacc	acatcttaga	8460
	aaaatcagaa	tatcggatca	agcaccgtct	agggaaaatc	aagagtgaca	taacacatta	8520
	ctgccagtat	tttaatat	atgttgcaaa	tcttgatccg	ataaccacc	ccaaaagttt	8580
55	gtattggg	tccagactaa	caatagctag	tgctggaacc	tttagacata	tgaaagatag	8640
	aatcttgtgt	acagttggct	ctgaattcgg	acacaaaatt	caagatttat	tttactgtt	8700
60	gagccataaa	ctagtaggta	acggtgattt	atttaataca	agtctctcag	gtacacgttt	8760
	gactgcgagt	ccgttatccc	ctttatgcga	tcaatttg	tctgacatca	agtctgcagt	8820
	cacgacaccc	tggtcagaag	ctcgttgg	ttggcttcat	atcaaaacaa	caatgagata	8880
65	tctaataaaa	caatcatgca	ctacaaattc	ggctcattta	acagaaatca	taaaagagga	8940
	atgggggtta	gtaggtatta	ctccagatct	tgtcattctt	tttgacagag	tcaataatag	9000

	tctgactgca	ttaacatttg	agatggttct	aatgtattca	gatgtattag	aatcccgtga	9060
5	caatattgtg	ttagtggggc	gactatctac	ctttctacag	ccagtagtta	gtagactgga	9120
	gggtgttgtt	gatctagtag	attcattggc	aaaaatctta	ggtgacacaa	tatatgagat	9180
	tattgcagtg	ttagagagct	tgtcttatgg	gtcagttcaa	ctacatgatg	caagtcactc	9240
10	tcatgcaggg	tctttttttt	catttaacat	gaatgaactt	gataacacac	tatcaaagag	9300
	ggtagatccg	aaacacaaga	acaccataat	gagcattata	agacaatgct	tttctaattct	9360
	agatgttgat	caagctgcag	agatgctatg	cctgatgaga	ttattcggac	acccaatggt	9420
15	aactgcaccg	gatgcagcag	ccaaagtgag	gaaagcaatg	tgtgctccaa	aacttggtga	9480
	acacgacacc	atcttgcaga	cattatcttt	cttcaagggg	ataattataa	atgggtacag	9540
20	aagatcacac	tctggcctgt	ggcccaatgt	agagccgtct	tcaatttatg	atgatgatct	9600
	cagacagctg	tacttagagt	cagcagagat	ttcccatcat	ttcatgctta	aaaactacaa	9660
	gagtttgagc	atgatagaat	tcaagaagag	catagactac	gatcttcatg	atgacttaag	9720
25	tactttctta	aaggatagag	caatttgccg	gccgaaatcc	cagtgggatg	tcatatttcg	9780
	taaatcttta	cgcagatctc	atacgcagtc	ccagtatcta	gacgaaatta	agagcaaccg	9840
30	gttgctaatt	gattttcttg	attctgctga	atttgaccct	gaaaaagaat	ttgcatatgt	9900
	aaccacaatg	gattatattgc	acgataatga	attttgtgct	tcatattctc	taaaggaaaa	9960
	ggagatcaaa	actactggga	ggatatttgc	aaaaatgaca	cgcaatatga	gaagttgcca	10020
35	agtaatactt	gaatctttgt	tatcaaagca	tatatgcaag	ttcttcaaag	agaatggcgt	10080
	ttcgatggag	caattgtcat	tgaccaagag	tctacttgca	atgtctcaac	tctcacaaa	10140
40	agtctcgact	ttgcaggaca	ctgcatcacg	tcatgtaggc	aactcaaaat	ctcagattgc	10200
	aaccagcaac	ccatctcggc	atcactcgac	agccaatcag	atgtcactct	caaatcgaaa	10260
	aacggttgta	gcaactttct	taacaactga	cttggaaaaa	tactgcctgc	agtggcgata	10320
45	ctcaactatt	aaattgtttg	cacaagctct	aaatcaactc	tttgggattg	atcacggatt	10380
	tgaatggata	catttaagac	ttatgaacag	caccttattt	gttggcgatc	cttactcgcc	10440
50	tcctgaagat	ccaacactag	aagatataga	taaagcacca	aatgatgata	tcttcatagt	10500
	ttctccaagg	ggaggcatag	agggtttatg	tcagaaaatg	tggaccatga	tatcaattag	10560
	tgctatacac	tgtgtagcag	agaaaattgg	tgcacgagtg	gcagcaatgg	tgaggggtga	10620
55	taatcaagta	atagctatca	ccaaagaact	attcagagga	gaaaaagctt	gtgatgtcag	10680
	agatgagtta	gacgagcttg	gtcaagtgtt	ttttgatgag	ttcaagagac	acaattatgc	10740
60	aattggacac	aatcttaagc	taaatgagac	aatacaaagc	caatcctttt	ttgtatattc	10800
	caaacgaata	ttctttgaag	ggcgattgct	tagtcaagtc	ctcaaaaatg	ctgccaagtt	10860
	atgtatgggt	gctgaccatc	taggtgaaaa	cactgtatct	tcctgtagca	acctgagctc	10920
65	gacaattgcc	cgcttggtgg	aaaatggggt	tgagaaggac	actgcttttg	tgttgaaacct	10980
	agtctacatc	atgactcaga	ttctttttga	tgagcattac	tcgattgtat	gcgatcacca	11040

	tagtgtcaaa agtttgattg gatcaaaaaa ccatcggaat ttattgtact catctctaatt	11100
5	accagggtcag ctcggcgggt tcaacttcct caatataagt cggttgttca ctaggaatat	11160
	agggtgacca gtaacatgta gtctgtctga tctcaaatgc ttcatagccg cagggtctcct	11220
	tccaccctat gtcctaaaaa atgtggttct gcgtgagcct ggtcctggga catgggtgac	11280
10	gttgtgtctt gatccttaca cccttaacat accatacaca cagcttccaa ccacatatct	11340
	caaaaagcac acccagcgat cattgctttc acgtgcagta aatcctttat tagccgggtg	11400
15	acaagtgcc aatcagcatg aggaagaaga ggtgttggct cgctttctcc ttgatcgtga	11460
	atatgtgatg ccccgcggtg ctcatgtaat actagaaaca tcggtccttg gcaaacggaa	11520
	acaaatccaa ggcttaattg atacaactcc aaccatcatt agaacatctc tagttaatct	11580
20	gccagtgtct agaaagaaat gcgaaaaaat aatcaattac tctctcaatt atattgctga	11640
	gtgtcatgac tccttactta gccagggtctg cttcagtgat aataaggaat acttgtgggtc	11700
25	aacctcctta atatcagttg agacatgtag tgtgacaatc gcggactatc tgagagctgt	11760
	cagctgggtct aatatattag ggggaagaaa catatccggg gtgactacac ctgatactat	11820
	tgaattaatt caagggtgtt taataggtga aaattctagt tgtactcttt gtgaatcgca	11880
30	tgatgacgca ttcacgtgga tgcacttgcc tggcccactt tacatccctg aaccatcagt	11940
	tactaactct aaaatgcgtg tgccatatct gggttcgaaa acagaggagc gtaaaacagc	12000
35	ctcaatggca gcaataaaaag gaatgtcaca tcacctgctg gcagtcttaa gaggcacatc	12060
	cgtattttatt tgggcatttg gggatacaga tattaattgg gataatgcat tgcagattgc	12120
	ccaatcacgg tgtaacatca cattggatca aatgagatta cttacaccaa ttcctagcag	12180
40	ttcaaatatt caacatagac tcgatgacgg aatcagcacg cagaaattta ctctgcaag	12240
	ccttgctcga atcacatcct tcggtcacat ctgtaatgac agccagagggt tagagaagga	12300
45	tggctcatct gttgactcaa acttgattta ccagcaaatt atgttacttg gactcagcat	12360
	ctttgaaaca atgtactcaa tggaccaaaa gtgggtattc aataaccata ccttgcattt	12420
	gcacactgga cactcctggt gtccaaggga actagacata agtttggtga acccgccgag	12480
50	acatcagacc ccggagctga ctagcacaac aaccaacccg ttcctatatg atcagctccc	12540
	attaaatcaa gaaaacttga caacacttga gattaagaca tttaaattca atgagctcaa	12600
55	cattgatgggt ttagattttg gtgaaggaat acaattattg agtcggttga ctgcaagatt	12660
	gatggcagaa tgtattctag aggaggggaat aggctcgtca gttaaaaatg aagcaattgt	12720
	caattttgat aattcagtca attggatttc agagtgccta atgtgtgata ttcgctcact	12780
60	ttgtgttaat ttaggtcaag agatactatg tagcctggca taccaaattgt attacttgcg	12840
	aatcaggggt agacggggcca ttcttaatta cttggacaca actttgcaaa ggatccctgt	12900
65	gatacaatta gccaacattg cactcaccat ttcgcaccct gagatatttc gcagaattgt	12960
	caacaccggg atccataacc agattaaggg cccatatgtc gcaacaacgg atttcatagc	13020
	tgcaagtaga gatatcatat tatcagggtgc aagggagtat ctatcttatt taagcagtg	13080

ES 2 622 087 T3

	gcaggaagac	tgttacacat	tcttcaactg	tcaagatggg	gatcttactc	caaaaatgga	13140
5	acagtatctt	gcaaggaggg	catgcctttt	aacattattg	tataatactg	ggcaccagat	13200
	ccccgttatc	cgatcactga	caccaataga	gaagtgcaag	gtgctcacag	aatacaatca	13260
	acaaattgag	tatgcagatc	aagagtttag	ctctgtatta	aaagtgggtca	atgcactact	13320
10	acaaaatcct	aagatagatg	cattagtttc	aaatctctac	ttcaccacca	gacgtgttct	13380
	atcaaacctc	agatcatgtg	ataaggctag	atcatatatt	gaatatttgt	acactgagga	13440
15	cttcggagag	aaagaggata	cagtacaata	tgacatcatg	acaacaaacg	atatcatact	13500
	tactcatggg	ctattcacac	agatcgaaat	atcttatcaa	gggaatagtc	tccataagtt	13560
	ccttactccg	gataacgcgc	ctggatcttt	gatcccattc	tctatttcac	caaattcact	13620
20	tgcatgtgat	cctcttcac	acttgctcaa	gtcggtcggg	acatcaagca	caagttggta	13680
	caagtatgca	atcgcctatg	cagtgtctga	aaagagggtca	gctcgattag	gagggagctt	13740
25	gtacattggg	gaagggagcg	gaagtgtgat	gactttactc	gagtatcttg	agccatctgt	13800
	tgacatatct	tacaattcac	tcttctcaaa	tggtatgaac	ccaccacaac	gaaattatgg	13860
	gcttatgcca	ctacaatttg	tgaattcggg	ggtttataag	aacttaacgg	ctaaatcaga	13920
30	atgtaagcta	gggtttgtcc	agcaatttaa	accgttgtgg	agagacatag	acattgagac	13980
	taatgttaca	gatccatcat	ttgtcaattt	tgcatatgat	gaaatcccaa	tgcaatcatt	14040
35	aaaacgagta	aattgtgatg	tggaatttga	ccgtgggatg	ccgattgaac	gggttattca	14100
	gggttatacc	catatcttac	ttgttgctac	ttacggatta	cagcaagatt	caatactgtg	14160
	gggtgaaggta	tataggacat	ctgaaaaagt	atttcaattc	ttactgagtg	ccatgatcat	14220
40	gatctttggg	tatgtcaaaa	tccacaggaa	tggttatatg	tcgacaaagg	atgaagagta	14280
	catattgatg	tctgactgca	aggaacctgt	aaactataca	gctgtcccta	acattcttac	14340
45	acgtgtaagt	gatttagtgt	cgaagaatct	gagtcttatc	catccagaag	acctcagaaa	14400
	agtaagggtg	gaaacagatt	ccctgaattt	gaagtgcaat	catatttatg	agaaaataat	14460
	tgccagaaaa	attccattac	aggatcatc	aactgattct	ttgctcctcc	aattaggcgg	14520
50	tggttatcaac	tcgggtgggct	caactgatcc	tagagagggt	gcaacattat	cttctattga	14580
	gtgtatggac	tatgttgtct	catcaattga	tttggtctata	ttggaggcaa	atattgtaat	14640
55	ctcagagagt	gctgggtcttg	acctcgcttt	aatgttaggc	ccattcaact	tgaataagct	14700
	taagaaaatt	gatacaatcc	ttaagtcaag	cacctatcag	ctaattccgt	actgggtgcg	14760
	ctatgagtac	tctattaatc	cgagatcttt	gtcatttcta	atcactaaat	tacaacaatg	14820
60	ccgaatttca	tggtcagata	tgatcacgat	ttctgaattt	cgtaagaaat	ccaagcggcc	14880
	tatatattatc	aaacgagtaa	taggggaatca	acagctaaaa	tcattcttta	atgaaagctc	14940
65	aagtattgtt	ttgactcggg	ctgaagttaa	agtctgtata	aagttcctcg	gtgcaatcat	15000
	caagttgaaa	taatttctgc	gatttttaaag	gggtgtaatg	ttctaatttg	cacttgaggt	15060
	aatatagctt	gtaatcattc	gataggggat	aggataattt	ctctaacctc	tgaatctata	15120

	tccctagagt ataacaaata tatacataat aaaaatgatt ttaagaaaaa atccgacact	15180
5	caaagaaaat tgggtgcctgt aatattcttc ttgccagatg attgtggagt gtctagccta	15240
	acttaaaaca atcgtattcg ataggggaaga atggtatata aaataactaa taaaaaaatg	15300
	tattagtaaa aattaccgta tttcctgtat tccatttctg gt	15342
10	<210> 38 <211> 15342 <212> ADN <213> secuencia artificial	
15	<220> <223> genoma de APMV8 FJ215864	
20	<400> 38 accaaacaag gaatgcaaga ccaacgggaa ctttaaataa aacaatcgaa tcattggggg	60
	cgaagcaagt ggatctcggg ctcgaggccg aaacactgga tttcgctgga ggttttgaat	120
25	aggtcgctat aagactcaat atgtcatctg tattcaatga atatcaggca cttcaagaac	180
	aacttgtaaa gccggctgtc aggagacctg atgttgccctc aacagggtta ctcagggcgg	240
	aaataacctgt ctgtgtttaca ttgtctcaag accccgggtga gagatggagc cttgcttgcc	300
30	ttaatatccg atggcttgtg agtgattcat caaccacacc aatgaagcag ggagcaatat	360
	tgtcactgct gagtctacat tcagacaata tgcgagctca cgcaacatta gcagcaaggt	420
35	ctgcagatgc ttcactcacc atacttgagg tagatgaagt agatattggc aactccctaa	480
	tcaaattcaa cgctagaagt ggtgtatctg ataaacgatc aaatcaattg cttgcaattg	540
	cggatgacat ccccaaaaagt tgcagtaatg ggcattccatt tcttgacaca gacattgaga	600
40	ccagagaccc gctcgatcta tcagagacca tagaccgcct gcaggggtatt gcagctcaga	660
	tatgggtgtc agccataaag agcatgacag cgcctgacac cgcattcagag tcagaaagta	720
45	agaggctggc caaataacca caacaaggcc gactgggttaa gcaagtactt ttgcattctg	780
	tagtcaggac agaatttatg agagttattc ggggcagctt ggtactgctg cagtttatgg	840
	ttagcgagtg caagaggggt tcagccatgg gcggagacac atctaggtac tatgctatgg	900
50	tgggtgacat cagtctgtac atcaagaatg caggattgac tgcatTTTTT ctcaccctga	960
	agttcgggggt tggtagccag tatccaacct tagcaatgag tgTTTTTctcc agtgacctta	1020
55	aaagacttgc tgcactcatc aggctgtaca aaaccaaggg agacaatgca ccatacatgg	1080
	cattcctgga ggactccgat atgggaaatt ttgctccagc aaattatagc acaatgtact	1140
	cttatgccat gggcattggg acgattctgg aagcatctgt atctcgatac cagtatgcta	1200
60	gagactttac cagtgagaat tatttccgtc ttggagttga gacagcccaa agccagcagg	1260
	gagcgtttga cgagagaaca gcccagagaga tgggcttgac tgaggaatcc aaacagcagg	1320
65	ttagatcact gctaattgtca gtagacatgg gtcccagttc agttcgcgag ccatcccgcc	1380
	ctgcattcat cagtcaagaa gaaaataggc agcctgcccc gaattcttca gatactcagg	1440
	gtcagaccaa gccagtcccg aatcaacccg caccaagggc cgaccagat gacattgatc	1500

	catacgagaa	cgggctagaa	tggttaattca	atcacctcga	cacatccacc	tatacaccaa	1560
5	ttctgtgaca	tattaaccta	atcaaacatt	tcataaacta	tagtagtcat	tgatttaaga	1620
	aaaaattggg	ggcgacctca	actgtgaaac	acgccagatc	tgtccacaac	accactcaac	1680
	aaccacacaa	agatggactt	cgccaatgat	gaagaaattg	cagaacttct	gaacctcagc	1740
10	accactgtaa	tcaaggagat	tcagaaatct	gaactcaagc	ctccccaac	cactgggcga	1800
	ccacctgtca	gtcaagggaa	cacaagaaat	ctaactgatc	tatgggaaaa	ggagactgca	1860
	agtcagaaca	agacatcggc	tcaatctcca	caaaccacac	aagttcagtc	tgatggaaat	1920
15	gaggaggaag	aaatcaaadc	agagtcaatt	gatggccaca	tcagtggaaac	tgттаатсaa	1980
	ttagagcaag	tcccagaaca	aaaccagagc	agatcttcac	caggtgatga	tctcgacaga	2040
20	gctctcaaca	agcttgaagg	gagaatcaac	tcaatcagct	caatggataa	agaaattaaa	2100
	aagggccctc	gcatccagaa	tctccctggg	tccaagcag	caactcaaca	ggcgaccac	2160
	ccattggcag	gggacacccc	gaacatgcaa	gcacggacaa	aacccctgac	caagccacat	2220
25	caagaggcaa	tcaatcctgg	caaccaggac	acaggagaga	atattcattt	accaccttcc	2280
	atggcaccac	cagagtcatt	agttggtgca	atccgcaatg	tacccaatt	cgtgccagac	2340
30	caatctatga	cgaatgtaga	tgcggggagt	gtccaactac	atgcatcatg	tgсagagatg	2400
	ataagtagaa	tgттtгtaga	agttatatct	aagcttgata	aactcgagtc	gagactgaat	2460
	gatatagcaa	aagttgtaaa	caccaccccc	cttatcagga	atgatattaa	ccaacttaag	2520
35	gccacaactg	cactgatgtc	caaccaaatt	gcttccatac	aaattcttga	cccagggaaat	2580
	gcaggggtga	ggтссctctc	tgaaatgaga	tctgtgacga	agaaagctgc	tgттgтаatt	2640
40	gcaggatttg	gagacgaccc	aactcaaatt	attgaagaag	gtatcatggc	caaagatgct	2700
	cttggaanaac	ctgtgcctcc	aacatctgtt	atcgсagcca	aagctcagac	ttcttccggt	2760
	gtgagtaagg	gtgaaataga	aggattgatt	gcattgggtg	aaacattagt	tgacaatgac	2820
45	aagaaggcag	cgaaactgat	taaaatgatt	gatcaagtta	aatcccacgc	cgattacgcc	2880
	cgagtcaagc	aggcaatata	taatgcataa	tattgтаatt	atacaaaaca	tcaatactgc	2940
50	tgтсgгттgс	accacctta	gcaaatcaat	aatctтттаa	aattgattga	ttaagaaaaa	3000
	attgactaca	ataaggaaag	aacaccaagt	tgggggcgaa	gtcacgattg	accacagtcg	3060
	ctatctgtaa	ggctcctcac	caaaaatggc	atatacaaca	ctaaaactgt	gggtggatga	3120
55	gggtgacatg	tcgtcttcgc	ttctatcatt	cccgttggtg	ctaaaagaga	cagacagagg	3180
	cacaaagaag	cttcaaccac	aggtaagggt	agattcaatt	ggcgatgtgc	agaatgccaa	3240
60	agagtcctcg	atattcgtag	ctctatatgg	tttcatccaa	gcaattaagg	agaattcaga	3300
	tcgatcgaaa	ttcttccatc	caaaagatga	cttcaaacct	gagacagtca	ctgcaggact	3360
	ggtagtagtg	ggtgcaatcc	gaatgatggc	tgatgtcaat	accatctcta	atgatgcact	3420
65	agcgctggag	atcactgtta	agaaatctgc	aacttctcaa	gagaaaaatga	cggtgatgtt	3480
	ccacaatagc	cccccttcat	tgagaactgc	aataactatc	cgagcaggag	gtttcatctc	3540

	gaatgcagac	gaaaatataa	aatgtgccag	caagttgact	gcaggagtgc	agtacatatt	3600
5	ccgtccaatg	tttgtttcaa	tcactaaatt	acacaatggc	aaactatata	gggtgcccaa	3660
	aagtatccac	agcatctcgt	ctaccctact	gtatagtgtg	atgttggagg	taggattcaa	3720
	agtggacatc	gggaaggatc	atccccaggc	aaaaatgctg	aagaggggtca	caattggcga	3780
10	tgcagacaca	tactggggat	ttgcatgggt	ccacctgtgc	aatttcaaaa	agacatcctc	3840
	taagggaaaag	ccgagaacgc	tagacgaact	gaagacaaaa	gtcaaaaata	tgggggttgaa	3900
	attggagttta	catgacctat	gggggtccgac	tattgtgggtc	caaatcactg	gcaagagcag	3960
15	caaatatgct	caaggatttt	tttcttccaa	tgggtacttgt	tgcctcccaa	tcagcagatc	4020
	tgcaccagag	cttgggaagc	ttctgtgggtc	ctgctcagca	actattgggtg	acgcaacagt	4080
20	tgttatccaa	tcaagcgaga	agggggaact	cctaagggtct	gatgatctcg	agatacgagg	4140
	tgctgtggcc	tccaagaaag	gtagactgag	ctcatttcac	cccttcaaaa	aatgatgcag	4200
	gacatagtac	agagaatgaa	agggccatca	gatgtgcgaa	aaaaactaaa	tctgaaaaaa	4260
25	actgcccaga	ctccacatta	atctaggttg	cagggaaata	atacccgaca	tgcacaatac	4320
	tatcacgggtc	accagcaatc	agcaaagttg	atcaatcact	atataaggaa	tcaagtggga	4380
30	taacaattat	taatccaatt	tcataattat	aaaaaattgc	tttaaagggt	actgacgagt	4440
	cgggggcgaa	accttgccac	ttaagctgca	gtcaatttta	gaatctacat	attgaattat	4500
	gggtaaaata	tcaatatatc	taattaatag	cgtgctatta	ttgctggtat	atcctgtgaa	4560
35	ttcgattgac	aatacactcg	ttgccccaat	cggagtcgcc	agcgcaaatg	aatggcagct	4620
	tgctgcatat	acaacatcac	tttcaggggac	aattgccgtg	cgattcctac	ctgtgctccc	4680
40	ggataatatg	actacctgtc	ttagagaaac	aataactaca	tataataata	ctgtcaacaa	4740
	catcttaggc	ccactcaaat	ccaatctgga	tgcactgctc	tcatctgaga	cttatcccca	4800
	gacaagatta	attggggcag	ttataggttc	aattgctctt	gggtgttgaa	catcgggtca	4860
45	aatcactgct	gcagtcgctc	tcaagcaagc	acaagataat	gcaagaaaca	tactggcact	4920
	caaagaggca	ctgtccaaaa	ctaattgaggc	gggtcaaggag	cttagcagtg	gattgcaaca	4980
50	aacagctatt	gcacttggtta	agatacagag	ctttgtgaat	gaggaaattc	tgccatctat	5040
	caaccaactg	agctgcgagg	tgacagccaa	taaacttggg	gtgtatttat	ctctgtatct	5100
	cacagaactg	accactatat	tcggtgcaca	gttgactaac	cctgcattga	cttcattatc	5160
55	atatcaagcg	ctgtacaacc	tgtgtgggtg	caacatggca	atgcttactc	agaagattgg	5220
	aattaaacag	caagacgtta	attcgctata	tgaagccgga	ctaatcacag	gacaagtcac	5280
60	tggttatgac	tctcagtacc	agctgctggg	catccagggtc	aattatccaa	gcattttctga	5340
	ggtaactggg	gtgctgtcga	cagaattagt	cactgttagt	gtaacaacag	acaaggggtga	5400
	agggaaagca	attgtacccc	aatttgtagc	tgaaagtcgg	gtgactattg	aggagcttga	5460
65	tgtagcatct	tgtaaattca	gcagcacaa	cctatactgc	aggcagggtca	acacaagggc	5520
	acttcccccg	ctagtggcta	gctgtctccg	aggtaactat	gatgattgtc	aatataccac	5580

	agagattgga	gcattatcat	cccggatat	aacactagat	ggaggggtct	tagtcaattg	5640
5	taagtcaatt	gtttgtaggt	gccttaatcc	aagtaagatc	atctctcaaa	atacaaatgc	5700
	tgcagtaaca	tatgttgatg	ctacaatatg	caaaacaatt	caattggatg	acatacaact	5760
	ccagttggaa	gggtcactat	catcagttta	tgcaaggaac	atctcaattg	agatcagtca	5820
10	ggtgactacc	tccggttctt	tggatatcag	cagtgaagata	gggaacatca	ataatacggg	5880
	gaatcgtgtg	gaggatttaa	tccaccaatc	ggaggaatgg	ctggcaaaag	ttaaccacaca	5940
	cattgttaat	aatactacac	taattgtact	ctgtgtgtta	agtgcgcttg	ctgtgatctg	6000
15	gctggcagta	ttaacggcta	ttataatata	cttgagaaca	aagttgaaga	ctatatcggc	6060
	attggctgta	accaatacaa	tacagtctaa	tccctatggt	aaccaaacga	aacgtgaatc	6120
20	taagttttga	tcattcaggc	caaaacagag	ggtctagggt	cgggttaata	aaagttcaat	6180
	caatgtttga	tttattaggc	tttccctact	aattattaat	gtatttgtga	ttatatgata	6240
	acgttaaaag	tcttaaatat	ttaataaaaa	atgtaacctg	ggggcgacct	atttacaggc	6300
25	tagtatatat	taggaagtcc	tcatattgca	ctataatctc	aaacaattat	attacctcgt	6360
	atccaccttg	tctaaagaca	tcatgagtaa	cattgcatcc	agtttagaaa	atattgtgga	6420
30	gcaggatagt	cgaaaaacaa	cttggagggc	catctttaga	tgggtccgttc	ttcttattac	6480
	aacaggatgc	ttagccttat	ccattgttag	catagttcaa	attgggaatt	tgaaaattcc	6540
	ttctgtaggg	gatctggcgg	acgaggtggt	aacacctttg	aaaaccactc	tgtctgatac	6600
35	actcaggaat	ccaattaacc	agataaatga	catattcagg	attgttgccc	ttgatattcc	6660
	attgcaagta	actagtatcc	aaaaagacct	cgcaagtcaa	tttagcatgt	tgatagatag	6720
40	tttaaatgct	atcaaattgg	gcaacgggac	caaccttatc	atacctacat	cagataagga	6780
	gtatgcagga	ggaattggaa	accctgtatt	tactgtcgat	gctggagggt	ctataggatt	6840
	caagcaattt	agcttaatat	aacatccgag	ctttattgct	ggacctacaa	cgacccgagg	6900
45	ctgtacaaga	ataccactt	ttcacatgtc	agaaagtcac	tgggtgtact	cacacaacat	6960
	catcgctgct	ggctgtcaag	atgccagtgc	atctagtatg	tatatctcaa	tgggggttct	7020
50	ccatgtgtct	tcatctggca	ctcctatctt	tcttactact	gcaagtgaac	tgatagacga	7080
	tggagttaat	cgtaagtcac	gcagtattgt	agcaacccaa	ttcggctgtg	acattttgtg	7140
	cagtattgtc	atagagaagg	agggagatga	ttattggtct	gatactccga	ctccaatgcg	7200
55	ccacggccgt	ttttcattca	atgggagttt	tgtagaaacc	gaactaccg	tgtccagtat	7260
	gttctcgtca	ttctctgcca	actaccctgc	tgtgggatca	ggcgaaattg	taaaagatag	7320
60	aatattattc	ccaattttacg	gaggtataaa	gcagacttca	ccagagttta	ccgaattagt	7380
	gaaatatgga	ctctttgtgt	caacacctac	aactgtatgt	cagagtagct	ggacttatga	7440
	ccaggtaaaa	gcagcgtata	ggccagatta	catatcaggc	cggttctggg	cacaagtgat	7500
65	actcagctgc	gctcttgatg	cagtcgactt	atcaagttgt	attgtaaaga	ttatgaatag	7560
	cagcacagtg	atgatggcag	cagaaggaag	gataataaag	atagggattg	attactttta	7620

	ctatcagcgg	tcatcttctt	ggtggccatt	ggcattttgtt	acaaaactag	acccgcaaga	7680
5	gtttagcagac	acaaactcga	tatggctgac	caattccata	ccaatcccac	aatcaaagtt	7740
	ccctcggcct	tcatattcag	aaaattattg	cacaaagcca	gcagtttgcc	ctgctacttg	7800
	tgctactggt	gtatactctg	atatttggcc	cttgacctca	tcttcatcac	tcccgagcat	7860
10	aatttgatc	ggccagtacc	ttgatgcccc	tggtggaagg	acttatccca	gatttggaat	7920
	tgcaaatcaa	tcacactggt	accttcaaga	agatattcta	cccacctcca	ctgcaagtgc	7980
15	gtattcaacc	actacatggt	ttaagaatac	tgccaggaat	agagtgttct	gcgtcaccat	8040
	tgctgaatth	gcagatgggt	tgthtgga	gtacaggata	acacctcagt	tgtatgaatt	8100
	agtgagaaat	aattgaatca	cgataatth	gggactcatt	taattgcaga	gtgaaattgt	8160
20	catcttagga	aataatcaat	tccatgattt	ttattgaaca	tgatcaagca	atcatgtggg	8220
	aaatttatta	tcacataact	tctaatagtt	ttaaatgacg	aattaagaaa	aatggaggg	8280
25	cgacctctac	acaaacatgg	atgtaaaaca	agttgacct	ataatacaac	ccgaggttca	8340
	tctcgattca	cccatacat	tgaataaact	ggcactatta	tggcgcttga	gtggthtacc	8400
	catgcctgca	gacttacgac	aaaaatccgt	agtgatgcac	atcccagacc	acatcttaga	8460
30	aaaatcagaa	tatcggatca	agcaccgtct	agggaaaatc	aagagtgaca	tagcacatta	8520
	ctgtcagtat	tttaataatta	atthggcaaa	tcttgatccg	ataaccacc	ccaaaagtht	8580
35	gtattggth	tccagactaa	caatagctag	tgctggaacc	thtagacata	tgaagatag	8640
	aatcttatgt	acagthggct	ccgaattcgg	acacaaaatt	caagathtat	thtactgct	8700
	gagccataaa	thtagtagta	acggtgattt	atthaatcaa	agthctctcag	gtacacgtht	8760
40	gactgcgagt	ccgthtatcc	ctthtatgca	tcaattthgt	tctgacatca	agthctgcagt	8820
	cacgacaccc	tggtcagaag	ctcgthggtc	thggctthcat	atcaaaacaa	caatgagata	8880
45	cctgataaaa	caatcacgca	ctacaaattc	agthcattth	acagaaatta	taaaagagga	8940
	atggggtth	gtaggtatta	ctccagatct	tgthattctt	thtgacagag	tcaataatag	9000
	tctaactgca	ttaacathth	agatggthct	aatgtattca	gatgtattag	aatcccgtga	9060
50	caatattth	ctagthgggc	gattatctac	ththctgcag	ccagtagth	gtagactgga	9120
	ggtgthgth	gatctagtag	atthattggc	aaaaacctta	ggtgacacaa	tatacgaaat	9180
55	tattgcggtg	thtagagagct	tgthcttatgg	gtccgthcaa	ctacatgatg	caagtcactc	9240
	tcatgcaggg	tctthctth	catttaacat	gaatgaactt	gataacacac	tatcaaagag	9300
	ggtggatccg	aaacacaaga	acaccataat	gagcattata	agacaatgct	thtctaattct	9360
60	agatgthgat	caagctgcag	agatgctatg	cctgatgaga	thattthggac	acccaatgth	9420
	aactgcaccg	gatgcagcag	ccaaagtaag	gaaagcaatg	tgthgtccaa	aactgthtga	9480
65	acatgacacc	atctthgcaga	cattatctth	ctthcaaggga	ataattataa	atgggtacag	9540
	aagatcacac	tctggcctgt	ggcccaatgt	agagccgtct	tcaatctatg	atgatgatct	9600
	cagacagctg	tacttagagt	cagcagagat	thcccatcat	thcatgctta	aaaactacaa	9660

	gagtttgagc	atgatagaat	tcaagaagag	catagactac	gatcttcacg	acgacttaag	9720
5	tactttctta	aaggatagag	caatttgccg	gccaaaatcc	cagtgggatg	ttatatccg	9780
	taagtcttta	cgcagatccc	acacgcggtc	ccagtatatg	gacgaaatta	agagcaaccg	9840
	attgctaatt	gattttcttg	attctgctga	ttttgaccct	gaaaaggaat	ttgcatatgt	9900
10	aaccacaatg	gattatattgc	acgataatga	attttgtgct	tcataattctc	taaaggaaaa	9960
	ggagatcaaa	actaccggga	ggatatttgc	aaaaatgaca	cgcaatatga	gaagttgcc	10020
	agtgatactt	gaatctctgt	tatcaaaaca	tatatgcaag	ttcttcaaag	agaacggcgt	10080
15	ttcgatggag	caattgtcat	tgaccaagag	tctacttgca	atgtctcaac	tctcaccaa	10140
	agtctcgact	ctgcaggaca	ctgcatcacg	tcagttaggc	aactcaaaat	ctcagatcgc	10200
20	aaccagcaac	ccatctcggc	atcactcaac	aaccaatcag	atgtcactct	caaatcgga	10260
	aacggttgta	gcaactttct	taacaactga	tttggaaaaa	tactgcctgc	agtggcgata	10320
	ctcgactatt	aagttgtttg	cacaagctct	aaatcaactc	tttgggattg	atcacggatt	10380
25	tgaatggata	catttaagac	tcatgaacag	caccttattt	gtcggtagtc	cttactcgcc	10440
	tcctgaagat	ccaacactag	aggatataga	taaagcacca	aatgacgata	tcttcatagt	10500
30	ttctccaagg	ggaggcatag	agggtttatg	tcagaagatg	tggaccatga	tatcaattag	10560
	tgcgatacac	tgtgtagcag	agaaaattgg	tgcacgagtg	gcagcaatgg	tgcagggtga	10620
	taatcaagta	atagctatca	ccaaagaact	attcagagga	gagaaagcct	gtgatgtcag	10680
35	agatgagtta	gacgagctcg	gtcagggtgt	ttttgatgag	ttcaagaggc	acaattatgc	10740
	aattggacac	aaccttaagc	taaatgagac	aatacaaagc	caatcctttt	ttgtatatct	10800
40	caaacgaata	ttctttgaag	ggcgattgct	tagtcaagtc	ctcaaaaatg	ctgccaagtt	10860
	atgtatgggt	gctgaccatc	taggtgaaaa	cacagtatct	tcctgtagca	acctgagctc	10920
	tacaattgcc	cggttggtgg	aaaatgggtt	tgagaaggac	actgcttttg	tgttgaaact	10980
45	agtctacatc	atgactcaaa	ttctttttga	tgagcattac	tcgattgtat	gcgatcacia	11040
	tagtgtcaaa	agcttgatcg	gatcaaaaaa	ctatcggaat	ctattgtact	catctcta	11100
50	accaggctcag	ctcgggtggt	tcaacttcct	caatataagt	cgggtgttca	ctaggaatat	11160
	aggtgacca	gtaacatgta	gtctgtctga	tctcaaatgc	ttcatagccg	caggctctcct	11220
	tccaccctat	gtacttaaaa	atgtggttct	gcgtgagcct	ggtcctggga	catggttgac	11280
55	gttggtgctct	gatccttaca	cccttaacat	accatacaca	cagctaccaa	ccacatatct	11340
	caaaaagcac	accagcgat	cggtgctttc	acgtgcagta	aatcctttat	tagcagggtg	11400
60	acaagtgcc	aatcagcatg	aggaagaaga	gatgttggct	cgctttctcc	ttgatcgtga	11460
	atatgtgatg	ccccgcgttg	ctcatgtaat	actagaaaca	tcggtccttg	gcaaacggaa	11520
	acaaatccaa	ggcttaattg	atacaactcc	aactatcatt	agaacatctc	tagttaatct	11580
65	accagtgctc	aggaagaaat	gcgaaaaaat	aatcaattat	tctctcaatt	atattgctga	11640
	gtgtcatgac	tccttactta	gtcagatctg	cttcagtgat	aataaggaat	acttggtggtc	11700

	cacctcctta	atatcagttg	agacctgtag	tgtgacaatt	gcggaactatt	tgagagctgt	11760
5	cagctgggtct	aatatattag	ggggaagaaa	catatccggg	gtgactacac	ctgatactat	11820
	tgaattaatt	caagggttgtt	taataggtga	aaattccagt	tgtactcttt	gtgaatcgca	11880
	tgacgacgca	ttcacatgga	tgcaattgcc	tggcccaactt	tacatccctg	aaccatcagt	11940
10	tactaactct	aaaatgctgt	tgccatatct	gggttcaaaa	acagaggagc	gtaaaacagc	12000
	ttcaatggca	gcaataaaaag	gaatgtcaca	tcacctgcgt	gcagtcttaa	gaggtacatc	12060
15	cgtattttatt	tgggcatttg	gggacacaga	tattaattgg	gataatgcat	tgcagattgc	12120
	ccaatcacgg	tgtaacatca	cattggatca	aatgagatta	cttacaccaa	ttcctagcag	12180
	ttcaaatatc	caacatagac	tcgatgacgg	aatcagcacg	cagaaaattta	ctcctgcaag	12240
20	ccttgctcga	atcacatcct	ttgttcacat	ctgtaatgac	agccaaaggt	tagagaagga	12300
	tggctcctct	gtcgactcaa	acttgattta	ccagcaaatt	atgttacttg	gactcagcat	12360
25	ctttgaaaca	atgtactcaa	tggaccaaaa	gtgggtattc	aataaccata	ccttacattt	12420
	gcacactgga	cactcctggt	gtccaaggga	actagacata	agtttagtga	acccgccaag	12480
	acatcagacc	ccggagctga	ctagcacaa	aaccaacccg	ttcctatatg	atcagctccc	12540
30	actaaatcag	gataatctga	caacacttga	gattaagaca	ttcaaattta	atgagctcaa	12600
	cattgatggg	ttagattttg	gtgaaggaat	acaattattg	agtcgttgta	ctgcaagatt	12660
35	aatggcagaa	tgtattctag	aggaggggaat	aggctcgtca	gttaaaaaatg	aagcaattgt	12720
	caattttgat	aattcagtca	attggatttc	agagtgccta	atgtgtgata	ttcgctcact	12780
	ttgtgttaat	ttagggtcaag	agatactatg	tagcctggca	taccaaattg	attacttgcg	12840
40	aatcaggggt	agaagggcca	ttcttaatta	cttggacaca	actttgcaaa	ggatccctgt	12900
	gatacaatta	gccaacattg	cactcaccat	ttcacaccct	gagatatttc	gcagaattgt	12960
45	caacaccggg	atccataacc	agattaaggg	cccatatgtg	gcaacaacag	atttcatagc	13020
	tgcaagtaga	gatatcatat	tatcaggtgc	aaggagagtat	ctatcttatt	taagcagtgg	13080
	acaggaagac	tgttacacat	tcttcaactg	tcaagatggg	gatcttactc	caaaaatgga	13140
50	acagtatctt	gcaaggaggg	catgcctttt	aacattactg	tataatactg	ggcaccagat	13200
	ccccattatc	cgatcactga	caccaataga	gaagtgcaag	gtgctcacag	aatacaatca	13260
55	acaaattgag	tatgcagatc	aagagtttag	ctctgtattg	aaagtgggtca	atgcactact	13320
	acaaaatcct	aatatagatg	cattgggtttc	aaatctctac	ttcaccacca	gacgtgtttt	13380
	atcaaacctc	agatcatgtg	ataaggctat	atcatatatt	gaatatttgt	acactgagga	13440
60	cttcggagaa	aaagaagata	cagtacaata	tgacatcatg	acaacaaacg	atatcatact	13500
	tactcatggg	ctattcacac	agatcgaaat	atcttaccaa	gggagtagtc	tccataaatt	13560
65	cctaactccg	gataacgcgc	ctggatcatt	gatcccattc	tctatttcac	caaattcgct	13620
	tgcattgtgat	cctcttcacc	acttactcaa	gtcggtcggg	acatcaagca	caagctggta	13680
	caagtatgca	atcgccctatg	cagtgtctga	aaagagggtcg	gctcgattag	gagggagctt	13740

ES 2 622 087 T3

	gtacattggt gaagggagcg gaagtgtgat gactttgcta gagtatcttg agccatctgt	13800
5	tgacatattt tacaattcac tcttctcaaa tggatatgaac ccaccacaac gaaattatgg	13860
	gcttatgcca ctacaatttg tgaattcggg ggtttataag aacttaacgg ctaaatacaga	13920
	atgtaagcta ggatttgtcc agcaatttaa accggtgtgg agagacatag acattgagac	13980
10	taatgtttaca gatccatcat ttgtcaattt tgcattgaat gaaatcccaa tgcaatcatt	14040
	aaaacgagta aatttgtgat tggaatttga ccgtgggatg ccgattgaac gggttattca	14100
15	gggttacact catatcttac ttgttgctac ttacggattg cagcaagatt caatactgtg	14160
	ggtgaaagta tataggacat ctgaaaaagt atttcagttc ttactgagtg ccatgatcat	14220
	gatctttggt tatgtcaaaa tccacaggaa tggttatatg tcggcaaagg atgaggagta	14280
20	catattgatg tctgactgca aggaacctgt aaactataca gctgtcccta acattcttac	14340
	acgtgtaagt gatttagtgt cgaagaatct gagtcttatc catccagaag acctcagaaa	14400
25	ggtaagggtgt gaaacagatt ccctgaattt gaagtgaat catatttatg agaaaataat	14460
	tgctagaaaa attccattac aggtatcatc aactgattct ttgtcctcc agttaggcgg	14520
	tgtcatcaac tcggtgggct caactgatcc tagagagggt gcaacattat cttccattga	14580
30	gtgtatggac tatgttgtct catcaattga tttggctata ttagaggcaa atatttgtat	14640
	ctcagagagt gctgggtcttg acctcgcttt aatgttaggc ccattcaact tgaataagct	14700
35	taagaaaatt gacacaatcc ttaagtcaag cacctatcag ctaatcccgt attggttgcg	14760
	ctatgagtac tctattaatc cgagatcttt gtcatttcta atcactaaat tacaacaatg	14820
	ccgaatttca tggtcagata tgataacaat ctctgaattt tgcaagaaat ccaagcggcc	14880
40	tatattttatt aaacgagtaa tagggaatca acagctgaaa tcattcttta atgaaagctc	14940
	aagtattggt ttgacctggg ctgaagtcaa agtctgtata aagttcctcg gtgcaatcat	15000
45	caagttgaaa taatttctgt gttttttaag gggataata ttctaagttg cacttgaagt	15060
	aatatagctt gtaatcattc gctaggggat agaataattc ctataatctc tgaatatata	15120
	tctctagggt ataacaaata tatacataat aaaaatgatt ttaagaaaaa atccgactct	15180
50	caaagaagat tgggtgcctgt aatattcttc ttgccagatg attatggagt gtctagccta	15240
	acttaaaaca atcgtattcg ataggaaga atgacatata aagtaactaa taaaaaattg	15300
55	tattagtga aattaccgta tttcctgtat tccatttctg gt	15342
	<210> 39	
	<211> 15342	
	<212> ADN	
60	<213> secuencia artificial	
	<220>	
	<223> genoma de APMV8 FJ619036	
65	<400> 39	
	accaaacaag gaatgcaaga ccaacgggaa ctttaaataa aacaatcgaa tcattggggg	60
	cgaagcaagt ggatctcggg ctcgaggccg aaacactgga tttcgtgga ggttttgaat	120

	aggtcgctat aagactcaat atgtcatctg tattcaatga atatcaggca cttcaagaac	180
5	aacttgtaaa gccggctgtc aggagacctg atgttgccctc aacagggttta ctcagggcg	240
	aaataacctgt ctgtgttaca ttgtctcaag accccgggtga gagatggagc cttgcttgcc	300
	ttaatatccg atggcttgtg agtgattcat caaccacacc aatgaagcag ggagcaatat	360
10	tgtcactgct gagtctacat tcagacaata tgcgagctca cgcaacatta gcagcaaggt	420
	ctgcagatgc ttacttcacc atacttgagg tagatgaagt agatattggc aactccctaa	480
	tcaaattcaa cgctagaagt ggtgtatctg ataaacgatc aaatcaattg cttgcaattg	540
15	cggatgacat ccccaaaagt tgcagtaatg ggcattccatt tcttgacaca gacattgaga	600
	ccagagaccc gctcgatcta tcagagacca tagaccgcct gcagggtatt gcagctcaga	660
20	tatgggtgtc agccataaag agcatgacag cgcctgacac cgcatcagag tcagaaaagta	720
	agaggctggc caaataccaa caacaaggcc gactgggttaa gcaagtactt ttgcattctg	780
	tagtcaggac agaatttatg agagtatttc ggggcagctt ggtactgctc cagtttatgg	840
25	ttagcgagtg caagagggct tcagccatgg gcggagacac atctaggtac tatgctatgg	900
	tgggtgacat cagtctgtac atcaagaatg caggattgac tgcatttttc ctcaccctga	960
30	agttcggggt tggtacccag tatccaacct tagcaatgag tgttttctcc agtgacctta	1020
	aaagacttgc tgcactcatc aggctgtaca aaaccaaggg agacaatgca ccatacatgg	1080
	cattcctgga ggactccgat atgggaaatt ttgctccagc aaattatagc acaatgtact	1140
35	cttatgccat gggcattggg acgattcttg aagcatctgt atctcgatac cagtatgcta	1200
	gagactttac cagtgagaat tatttccgtc ttggagttga gacagccaa agccagcagg	1260
40	gagcgtttga cgagagaaca gcccagaga tgggcttgac tgaggaatcc aaacagcagg	1320
	ttagatcact gctaattgtca gtagacatgg gtcccagttc agttcgcgag ccatcccgcc	1380
	ctgcattcat cagtcaagaa gaaaataggc agcctgcca gaattcttca gatactcagg	1440
45	gtcagaccaa gccagtcccg aatcaaccg caccaagggc cgaccagat gacattgatc	1500
	catacgagaa cgggctagaa tggttaattca atcacctcga cacatccacc tatacaccaa	1560
50	ttctgtgaca tattaaccta atcaaacatt tcataaacta tagtagtcat tgatttaaga	1620
	aaaaattggg ggcgacctca actgtgaaac acgccagatc tgtccacaac accactcaac	1680
	aaccacaca agatggactt cgccaatgat gaagaaattg cagaacttct gaacctcagc	1740
55	accactgtaa tcaaggagat tcagaaatct gaactcaagc ctcccaaac cactgggcga	1800
	ccacctgtca gtcaaggga cacaagaaat ctaactgatc tatgggaaaa ggagactgca	1860
60	agtcagaaca agacatcggc tcaatctcca caaaccacac aagttcagtc tgatggaaat	1920
	gaggaggaag aaatcaaadc agagtcaatt gatggccaca tcagtggaaac tgттаатcaa	1980
	ttagagcaag tcccagaaca aaaccagagc agatcttcac caggatgatga tctcgacaga	2040
65	gctctcaaca agcttgaagg gagaatcaac tcaatcagct caatggataa agaaattaaa	2100
	aagggccctc gcatccagaa tctccctggg tccaagcag caactcaaca ggcgaccac	2160

	ccattggcag	gggacacccc	gaacatgcag	gcacggacaa	aacccttgac	caagccacat	2220
5	caagaggcaa	tcaatcctgg	caaccaggac	acaggagaga	atattcattt	accaccttcc	2280
	atggcaccac	cagagtcatt	agttggtgca	atccgcaatg	tacccaatt	cgtgccagac	2340
	caatctatga	cgaatgtaga	tgcggggagt	gtccaactac	atgcatcatg	tgagagatg	2400
10	ataagtagaa	tgcttgtaga	agttatatct	aagcttgata	aactcgagtc	gagactgaat	2460
	gatatagcaa	aagttgtaaa	caccaccccc	cttatcagga	atgatattaa	ccaacttaag	2520
	gccacaactg	cactgatgtc	caaccaaatt	gcttccatac	aaattcttga	cccaggggaat	2580
15	gcaggggtga	ggtccctctc	tgaaatgaga	tctgtgacga	agaaagctgc	tggtgtaatt	2640
	gcaggatttg	gagacgaccc	aactcaaatt	attgaagaag	gtatcatggc	caaagatgct	2700
20	cttggaanaac	ctgtgcctcc	aacatctgtt	atcgagcca	aagctcagac	ttcttccggt	2760
	gtgagtaagg	gtgaaataga	aggattgatt	gcattggtgg	aaacattagt	tgacaatgac	2820
	aagaaggcag	cgaaactgat	taaaatgatt	gatcaagtta	aatcccacgc	cgattacgcc	2880
25	cgagtcaagc	aggcaatata	taatgcataa	tattgtaatt	atacaaaca	tcaatactgc	2940
	tgctcggttgc	acccacctta	gcaaataaat	aatcttttaa	aattgattga	ttaagaaaaa	3000
30	attgactaca	ataaggaaag	aacaccaagt	tgggggcgaa	gtcacgattg	accacagtcg	3060
	ctatctgtaa	ggctcctcac	caaaaatggc	atatacaaca	ctaaaactgt	gggtggatga	3120
	gggtgacatg	tcgtcttcgc	ttctatcatt	cccgttggtg	ctaaaagaga	cagacagagg	3180
35	cacaaagaag	cttcaaccac	aggtaagggt	agattcaatt	ggcgatgtgc	agaatgccaa	3240
	agagtcctcg	atattcgtga	ctctatatgg	tttcatccaa	gcaattaagg	agaattcaga	3300
40	tcgatcgaag	ttcttccatc	caaaagatga	cttcaaacct	gagacagtca	ctgcaggact	3360
	ggtagtagtg	ggtgcaatcc	gaatgatggc	tgatgtcaat	accatctcta	atgatgcact	3420
	agcgctggag	atcactgtta	agaaatctgc	aacttctcaa	gagaaaatga	cggtgatgtt	3480
45	ccacaatagc	cccccttcat	tgagaactgc	aataactatc	cgagcaggag	gtttcatctc	3540
	gaatgcagac	gaaaatataa	aatgtgccag	caagttgact	gcaggagtgc	agtacatatt	3600
50	ccgtccaatg	tttgtttcaa	tcactaaatt	acacaatggc	aaactatata	gggtgcccaa	3660
	aagtatccac	agcatctcgt	ctaccctact	gtatagtgtg	atgttggagg	taggattcaa	3720
	agtggacatc	gggaaggatc	atccccaggc	aaaaatgctg	aagagggtca	caattggcga	3780
55	tgagagacac	tactggggat	ttgcatgggt	ccacctgtgc	aatttcaaaa	agacatcttc	3840
	taagggaaag	ccgagaacgc	tagacgaact	gaggacaaaa	gtcaaaaata	tgggggtgaa	3900
60	attggagttg	catgacctat	gggggtccgac	tattgtgggtc	caaatcactg	gcaagagcag	3960
	caaatatgct	caaggatttt	tttcttccaa	tggtacttgt	tgcttcccaa	tcagcagatc	4020
	tgaccagag	cttgggaagc	ttctgtgggtc	ctgctcagca	actattgggtg	acgcaacagt	4080
65	tgttatccaa	tcaagcgaga	aggggggaact	cctaagggtct	gatgatctcg	agatacgagg	4140
	tgctgtggcc	tccaagaaag	gtagactgag	ctcatttcac	cccttcaaaa	aatgatgcag	4200

ES 2 622 087 T3

	gacatagtac	agagaatgaa	agggccatca	gacgtgcgaa	aaaaactaaa	tctgaaaaaa	4260
5	actgcccaga	ctccacatta	atctagggtg	cagggaaata	atacccgaca	tgcacaatac	4320
	tatcacggtc	accagcaatc	agcaaagttg	atcaatcact	atataaggaa	tcaagtggga	4380
	taacaattat	taatccaatt	tcataattat	aaaaaattgc	tttaaagggt	actgacgagt	4440
10	cgggggcgaa	accttgccac	ttaagctgca	gtcaatttta	gaatctacat	attgaattat	4500
	gggtaaaata	tcaatatatc	taattaatag	cgtgctatta	ttgctggtat	atcctgtgaa	4560
	ttcgattgac	aatacactcg	ttgccccaat	cggagtcgcc	agcgcaaag	aatggcagct	4620
15	tgctgcatat	acaacatcac	tttcagggtg	aattgccgtg	cgattcctac	ctgtgctccc	4680
	ggataatatg	actacctgtc	ttagagaaac	aataactaca	tataataata	ctgtcaacaa	4740
20	catcttaggc	ccactcaaat	ccaatctgga	tgcactgctc	tcacttgaga	cttatcccca	4800
	gacaagatta	attggggcag	ttatagggtc	aattgctctt	ggtgttgcaa	catcgggtca	4860
	aatcactgct	gcagtcgctc	tcaagcaagc	acaagataat	gcaagaaaca	tactggcact	4920
25	caaagaggca	ctgtccaaaa	ctaagaggc	ggtcaaggag	cttagcagtg	gattgcaaca	4980
	aacagctatt	gcacttggtg	agatacagag	ctttgtgaat	gaggaaattc	tgccatctat	5040
30	caaccaactg	agctgcgagg	tgacagccaa	taaacttggg	gtgtatttat	ctctgtatct	5100
	cacagaactg	accactatat	tcggtgcaca	gttgactaac	cctgcattga	cttcattatc	5160
	atatcaagcg	ctgtacaacc	tgtgtggtgg	caacatggca	atgcttactc	agaagattgg	5220
35	aattaaacag	caagacgtta	attcgtctata	tgaagccgga	ctaatacacag	gacaagtcac	5280
	tggttatgac	tctcagtacc	agctgctggt	catccagggtc	aattatccaa	gcatttctga	5340
40	ggtaactggt	gtgctgctga	cagaattagt	cactgttagt	gtaacaacag	acaaggggtga	5400
	agggaaagca	attgtacccc	aatttgtagc	tgaaagtcgg	gtgactattg	aggagcttga	5460
	tgtagcatct	tgtaaattca	gcagcacaa	cctatactgc	aggcagggtca	acacaagggc	5520
45	acttcccccg	ctagtggcta	gctgtctccg	aggtaactat	gatgattgtc	aatataccac	5580
	agagattgga	gcattatcat	cccgggtatat	aacactagat	ggaggggtct	tagtcaattg	5640
50	taagtcaatt	gtttgtagggt	gccttaatcc	aagtaagatc	atctctcaaa	atacaaatgc	5700
	tgcagtaaca	tatgttgatg	ctacaatatg	caaaacaatt	caattggatg	acatacaact	5760
	ccagttggaa	gggtcactat	catcagttta	tgcaaggaac	atctcaattg	agatcagtc	5820
55	ggtgactacc	tccggttctt	tggatatcag	cagtgaagata	gggaacatca	ataatacggt	5880
	gaatcgtgtg	gaggatttaa	tccaccaatc	ggaggaatgg	ctggcaaaag	ttaaccaca	5940
60	cattgttaat	aatactacac	taattgtact	ctgtgtgtta	agtgcgcttg	ctgtgatctg	6000
	gctggcagta	ttaacggcta	ttataatata	cttgagaaca	aagttgaaga	ctatatcggc	6060
	attggctgta	accaatacaa	tacagtctaa	tccctatgtt	aaccaaacga	aacgtgaatc	6120
65	taagttttga	tcattcaggc	caaaacagag	ggtctagggt	cgggttaata	aaagttcaat	6180
	caatgtttga	tttattaggc	tttccctact	aattattaat	gtatttgtga	ttatatgata	6240

	acgttaaaag	tcttaaatat	ttaataaaaa	atgtaacctg	ggggcgacct	atttacaggc	6300
5	tagtatatat	taggaagtcc	tcatattgca	ctataatctc	aaacaattat	attacctcgt	6360
	atccaccttg	tctaaagaca	tcatgagtaa	cattgcatcc	agtttagaaa	atattgtgga	6420
	gcaggatagt	cgaaaaacaa	cttgaggggc	catctttaga	tggtccgttc	ttcttattac	6480
10	aacaggatgc	ttagccttat	ccattgttag	catagttcaa	attgggaatt	tgaaaattcc	6540
	ttctgtaggg	gatctggcgg	acgaggtggt	aacacctttg	aaaaccactc	tgtctgatac	6600
	actcaggaat	ccaattaacc	agataaatga	catattcagg	attgttgccc	ttgatattcc	6660
15	attgcaagta	actagtatcc	aaaaagacct	cgcaagtcaa	tttagcatgt	tgatagatag	6720
	tttaaatgct	atcaaattgg	gcaacgggac	caaccttatc	atacctacat	cagataagga	6780
20	gtatgcagga	ggaattggaa	accctgtctt	tactgtcgat	gctggagggt	ctataggatt	6840
	caagcaattt	agcttaatag	aacatccgag	ctttattgct	ggacctacaa	cgacccgagg	6900
	ctgtacaaga	ataccactt	ttcacatgtc	agaaagtcac	tggtgctact	cacacaacat	6960
25	catcgctgct	ggctgtcaag	atgccagtg	atctagtatg	tatatctcaa	tgggggttct	7020
	ccatgtgtct	tcattctggc	ctcctatctt	tcttactact	gcaagtgaac	tgatagacga	7080
30	tggagttaat	cgtaagtcac	gcagtattgt	agcaacccaa	ttcggctgtg	acattttgtg	7140
	cagtattgtc	atagagaagg	agggagatga	ttattggtct	gatactccga	ctccaatgcg	7200
	ccacggccgt	ttttcattca	atgggagttt	tgtagaaacc	gaactacccg	tgtccagtat	7260
35	gttctcgtca	ttctctgcca	actaccctgc	tgtgggatca	ggcgaaattg	taaaagatag	7320
	aatattattc	ccaattttac	gagggtataaa	gcagacttca	ccagagttta	ccgaattagt	7380
40	gaaatatgga	ctcttttgtg	caacacctac	aactgtatgt	cagagtagct	ggacttatga	7440
	ccaggtaaaa	gcagcgtata	ggccagatta	catatcaggc	cggttctggg	cacaagtgat	7500
	actcagctgc	gctcttgatg	cagtcgactt	atcaagttgt	attgtaaaga	ttatgaatag	7560
45	cagcacagt	atgatggcag	cagaaggaag	gataataaag	atagggattg	attactttta	7620
	ctatcagcgg	tcattcttct	gggtggccatt	ggcatttggt	acaaaactag	acccgcaaga	7680
50	gttagcagac	acaaactcga	tatggctgac	caattccata	ccaatcccac	aatcaaagtt	7740
	ccctcggcct	tcattattcag	aaaattattg	cacaaagcca	gcagtttgcc	ctgctacttg	7800
	tgtcactggg	gtatactctg	atatttggcc	cttgacctca	tcttcatcac	tcccagacat	7860
55	aatttgatc	ggccagttac	ttgatgcccc	tgttggaagg	acttatccca	gatttggaat	7920
	tgcaaatcaa	tcacactggg	accttcaaga	agatattcta	cccacctcca	ctgcaagtgc	7980
60	gtattcaacc	actacatggt	ttaagaatac	tgccaggaat	agagtgttct	gcgtcaccat	8040
	tgctgaattt	gcagatgggt	tgtttggaga	gtacaggata	acacctcagt	tgtatgaatt	8100
	agtgagaaat	aattgaatca	cgataatttt	gggactcatt	taattgcaga	gtgaaattgt	8160
65	catcttagga	aataatcaat	tccatgattt	ttattgaaca	tgatcaagca	atcatgtggg	8220
	aaatttatta	tcacataact	tctaatagtt	ttaaatgacg	aattaagaaa	aaatggaggg	8280

ES 2 622 087 T3

	cgacctctac	acaaacatgg	atgtaaaaca	agttgacct	ataatacaac	ccgaggttca	8340
5	tctcgattca	cccatcatat	tgaataaact	ggcactatta	tggcgcttga	gtgggtttacc	8400
	catgcctgca	gacttacgac	aaaaatccgt	agtgatgcac	atcccagacc	acatcttaga	8460
	aaaatcagaa	tatcggatca	agcaccgtct	agggaaaatc	aagagtgaca	tagcacatta	8520
10	ctgtcagtat	tttaatat	atttggaaca	tcttgatccg	ataaccacc	ccaaaagttt	8580
	gtattgggta	tccagactaa	caatagctag	tgctggaacc	tttagacata	tgaaagatag	8640
	aatcttatgt	acagttggct	ccgaattcgg	acacaaaatt	caagatttat	tttactgct	8700
15	gagccataaa	ttagtaggta	acggtgattt	atttaataca	agtctctcag	gtacacgttt	8760
	gactgcgagt	ccgttatccc	ctttatgcaa	tcaatttgtc	tctgacatca	agtctgcagt	8820
20	cacgacaccc	tggtcagaag	ctcgttggct	ttggcttcat	atcaaacaaa	caatgagata	8880
	cctgataaaa	caatcacgca	ctacaaattc	agctcattta	acagaaaatta	taaaagagga	8940
	atgggggttta	gtaggtatta	ctccagatct	tgctattctt	tttgacagag	tcaataatag	9000
25	tctaactgca	ttaacatttg	agatgggtct	aatgtattca	gatgtattag	aatcccgtga	9060
	caatattgtg	ctagtggggc	gattatctac	ttttctgcag	ccagtagtta	gtagactgga	9120
30	gggtgtgttt	gatctagtag	attcattggc	aaaaacctta	ggtgacacaa	tatacgaaat	9180
	tattgcggtg	ttagagagct	tgtcttatgg	gtccgttcaa	ctacatgatg	caagtcactc	9240
	tcatgcaggg	tctttctttt	catttaacat	gaatgaactt	gataacacac	tatcaaagag	9300
35	gggtggatccg	aaacacaaga	acaccataat	gagcattata	agacaatgct	tttctaattct	9360
	agatgttgat	caagctgcag	agatgctatg	cctgatgaga	ttatttggac	acccaatgtt	9420
40	aactgcaccg	gatgcagcag	ccaaagtaag	gaaagcaatg	tgtgctccaa	aacttgttga	9480
	acatgacacc	atcttgacaga	cattatcctt	cttcaaggga	ataattataa	atgggtacag	9540
45	aagatcacac	tctggcctgt	ggcccaatgt	agagccgtct	tcaatctatg	atgatgatct	9600
	cagacagctg	tacttagagt	cagcagagat	ttcccatcat	ttcatgctta	aaaactacaa	9660
	gagtttgagc	atgatagaat	tcaagaagag	catagactac	gatcttcacg	acgacttaag	9720
50	tactttctta	aaggatagag	caatttgccg	gccaaaatcc	cagtgggatg	ttatattccg	9780
	taagtcttta	cgcagatccc	acacgcggtc	ccagtatatg	gacgaaatta	agagcaaccg	9840
	attgctaatt	gattttcttg	attctgctga	ttttgaccct	gaaaaggaat	ttgcatatgt	9900
55	aaccacaatg	gattatttgc	acgataatga	attttgtgct	tcatattctc	taaaggaaaa	9960
	ggagatcaaa	actaccggga	ggatatttgc	aaaaatgaca	cgcaatatga	gaagttgcca	10020
60	agtgataactt	gaatctctgt	tatcaaaaca	tatatgcaag	ttcttcaaag	agaacggcgt	10080
	ttcgatggag	caattgtcat	tgaccaagag	tctacttgca	atgtctcaac	tctcacaaa	10140
	agtctcgact	ctgcaggaca	ctgcatcacg	tcatgtaggc	aactcaaaat	ctcagatcgc	10200
65	aaccagcaac	ccatctcggc	atcactcaac	aaccaatcag	atgtcactct	caaatcgga	10260
	aacggttgta	gcaactttct	taacaactga	tttggaaaaa	tactgcctgc	agtggcgata	10320

	ctcgactatt	aagttgtttg	cacaagctct	aatcaactc	tttgggattg	atcacggatt	10380
5	tgaatggata	catttaagac	tcatgaacag	caccttattt	gtcggtgatc	cttactcgcc	10440
	tcctgaagat	ccaacactag	aggatataga	taaagcacca	aatgacgata	tcttcatagt	10500
	ttctccaagg	ggaggcatag	agggtttatg	tcagaagatg	tggaccatga	tatcaattag	10560
10	tgcgatacac	tgtgtagcag	agaaaattgg	tgcacgagtg	gcagcaatgg	tgaggggtga	10620
	taatcaagta	atagctatca	ccaaagaact	attcagagga	gagaaagcct	gtgatgtcag	10680
	agatgagtta	gacgagctcg	gtcagggtgt	ttttgatgag	ttcaagaggc	acaattatgc	10740
15	aattggacac	aaccttaagc	taaatgagac	aatacaaagc	caatcctttt	ttgtatatct	10800
	caaacgaata	ttctttgaag	ggcgattgct	tagtcaagtc	ctcaaaaatg	ctgccaagtt	10860
20	atgtatgggt	gctgaccatc	taggtgaaaa	cacagtatct	tcctgtagca	acctgagctc	10920
	tacaattgcc	cggttggtgg	aaaatgggtt	tgagaaggac	actgcttttg	tgttgaacct	10980
	agtctacatc	atgactcaaa	ttctttttga	tgagcattac	tcgattgtat	gcgatcacaa	11040
25	tagtgtcaaa	agcttgatcg	gatcaaaaaa	ctatcggaat	ctattgtact	catctctaata	11100
	accaggtcag	ctcggtggtt	tcaacttcct	caatataagt	cggttggttca	ctaggaatat	11160
30	agggtgacca	gtaacatgta	gtctgtctga	tctcaaatgc	ttcatagccg	cagggtctcct	11220
	tccaccctat	gtacttaaaa	atgtggttct	gcgtgagcct	ggtcctggga	catggttgac	11280
	gttgtgtctt	gatccttaca	cccttaacat	accatacaca	cagctaccaa	ccacatatct	11340
35	caaaaagcac	accagcgat	cggttgctttc	acgtgcagta	aatcctttat	tagcagggtgt	11400
	acaagtgcc	aatcagcatg	aggaagaaga	gatgttggtt	cgctttctcc	ttgatcgtga	11460
40	atatgtgatg	ccccgcgttg	ctcatgtaac	actagaaaca	tcggtccttg	gcaaacggaa	11520
	acaaatccaa	ggcttaattg	atacaactcc	aactatcatt	agaacatctc	tagtcaatct	11580
	accagtgtct	aggaagaaat	gcgaaaaaat	aatcaattat	tctctcaatt	atattgctga	11640
45	gtgtcatgac	tccttactta	gtcagatctg	cttcagtgat	aataaggaat	acttggtggtc	11700
	cacctcctta	atatcagttg	agacctgtag	tgtgacaatt	gcggactatt	tgagagctgt	11760
50	cagctggtct	aatatattag	ggggaagaag	catatccggg	gtgactacac	ctgatactat	11820
	tgaattaatt	caagggtgtt	taataggtga	aaattccagt	tgtactcttt	gtgaatcgca	11880
	tgacgacgca	ttcacatgga	tgcaattgcc	tggccactt	tacatccctg	aaccatcagt	11940
55	tactaactct	aaaatgcgtg	tgccatatct	gggttcaaaa	acagaggagc	gtaaaacagc	12000
	ttcaatggca	gcaataaaaag	gaatgtcaca	tcacctgcgt	gcagtcttaa	gaggtacatc	12060
60	cgtattttatt	tgggcatctg	gggacacaga	tattaattgg	gataatgcat	tgagattgac	12120
	ccaatcacgg	tgtaacatca	cattggatca	aatgagatta	cttacaccaa	ttcctagcag	12180
	ttcaaataatc	caacgtagac	tcgatgacgg	aatcagcacg	cagaaattta	ctcctgcaag	12240
65	ccttgctcga	atcacatcct	ctgttcacat	ctgtaatgac	agccaaagggt	tagagaagga	12300
	tggctcctct	gtcgactcaa	acttgattta	ccagcaaatt	atgttacttg	gactcagcat	12360

	ctttgaaaca atgtactcaa tggaccaaaa gtgggtattc aataaccata ccttacattt	12420
5	gcacactgga cactcctggt gtccaaggga actagacata agtttagtga acccgccaag	12480
	acatcagacc ccggagctga ctagcacaac aaccaacccg ttcctatatg atcagctccc	12540
	actaaatcag gataatctga caacacttga gattaagaca ttcaaattta atgagctcaa	12600
10	cattgatggt ttagatTTTT gtgaagggaat acaattattg agtcgttgta ctgcaagatt	12660
	aatggcagaa tgtattctag aggagggaat aggctcgtca gttaaaaatg aagcaattgt	12720
15	caattttgat aattcagtca attggatttc agagtgccta atgtgtgata ttcgctcact	12780
	ttgtgttaat ttaggtcaag agatactatg tagcctggca taccaaattgt attacttgcg	12840
	aatcaggggt agaagggccca ttcttaatta cttggacaca actttgcaa ggatccctgt	12900
20	gatacagtta gccaacattg cactcaccat ttcacaccct gagatatttc gcagaattgt	12960
	caacaccggg atccataacc agattaaggg cccatatgtg gcaacaacag atttcatagc	13020
25	tgcaagtaga gatatcatat tatcagggtgc aagggagtat ctatcttattc taagcagtgg	13080
	acaggaagac tgttacacat tcttcaactg tcaagatggg gatcttactc caaaaatgga	13140
	acagtatctt gcaaggaggg catgcctttt aacattactg tataaatactg ggcaccagat	13200
30	ccccattatc cgatcactga caccaataga gaagtgcaag gtgctcacag aatacaatca	13260
	acaaattgag tatgcagatc aagagtttag ctctgtattg aaagtgggtca atgcactact	13320
35	acaaaatcct aatatagatg cattggtttc aaatctctac ttcaccacca gacgtgtttt	13380
	atcaaacctc agatcatgtg ataaggctat atcatatatt gaatatttgt aactgagga	13440
	cttcggagaa aaagaagata cagtacaata tgacatcatg acaacaaacg atatcatact	13500
40	tactcatggt ctattcacac agatcgaaat atcttaccaa gggagtagtc tccataaatt	13560
	cctaactccg gataacgcgc ctggatcatt gatcccatc tctatttcac caaattcgct	13620
45	tgcatgtgat cctcttcacc acttactcaa gtcggtcggg acatcaagca caagctggta	13680
	caagtatgca atcgccatg cagtgtctga aaagagggtcg gctcgattag gaggagctt	13740
	gtacattggt gaaggagcg gaagtgtgat gactttgcta gagtatcttg agccatctgt	13800
50	tgacatattt tacaattcac tcttctcaa tggatgaac ccaccacaac gaaattatgg	13860
	gcttatgcc a ctacaatttg tgaattcggg gggttataag aacttaacgg ctaaatacaga	13920
55	atgtaagcta ggatttgtcc agcaatttaa accgttgttg agagacatag acattgagac	13980
	taatgttaca gatccatcat ttgtcaattt tgcattgaat gaaatcccaa tgcaatcatt	14040
	aaaacgagta aattgtgatg tggaatttga ccgtgggatg ccgattgaac gggttattca	14100
60	gggttacact catatcttac ttgttgctac ttacggattg cagcaagatt caatactgtg	14160
	ggtgaaagta tataggacat ctgaaaaagt atttcagttc ttactgagtg ccatgatcat	14220
65	gatctttggt tatgtcaaaa tccacaggaa tggttatatg tcggcaaagg atgaggagta	14280
	catattgatg tctgactgca aggaacctgt aaactataca gctgtcccta acattcttac	14340
	acgtgtaagt gatttagtgt cgaagaatct gagtcttattc catccagaag acctcagaaa	14400

ES 2 622 087 T3

	ggtaaggtgt	gaaacagatt	ccctgaattt	gaagtgcaat	catattttatg	agaaaataat	14460
5	tgctagaaaa	attccattac	aggtgtcatc	aactgattct	ttgctcctcc	agttaggcgg	14520
	tgtcatcaac	tcggtgggct	caactgatcc	tagagagggt	gcaacggtat	cttcattga	14580
	gtgtatggac	tatgtttgtct	catcaattga	tttggctata	ttagaggcaa	atattgtgat	14640
10	ctcagagagt	gctgatcttg	acctcgcttt	aatgttaggc	ccattcaact	tgaataagct	14700
	taagaaaatt	gacacaatcc	ttaagtcaag	cacctatcag	ctaataccgt	attggttgcg	14760
	ctatgagtac	tctattaatc	cgagatcttt	gtcattttcta	atcactaaat	tacaacaatg	14820
15	ccgaatttca	tggtcagata	tgataacaat	ctctgaattt	tgcaagaaat	ccaagcggcc	14880
	tatattttatt	aaacgagtaa	tagggaatca	acggctgaaa	tcattcttta	atgaaagctc	14940
20	aagtattgtt	ttgacccggg	ctgaagtcaa	agtctgtata	aagttcctcg	gtgcatcat	15000
	caagttgaaa	taatttctgt	gttttttaag	gggtatagta	ttctaagttg	cacttgaagt	15060
	aatatagctt	gtaatcattc	gctaggggat	agaataattc	ctataatctc	tgaatatata	15120
25	tctctagggt	ataacaaata	tatacataat	aaaattgatt	ttaagaaaaa	atccgacttt	15180
	caaagaagat	tggtgcctgt	aatattcttc	ttgccagatg	attatggagg	gtctagccta	15240
30	acttaaaaca	atcgtattcg	ataggggaaga	atgacatata	aagtaactaa	taaaaaattg	15300
	tattagtga	aattaccgta	tttctgtat	tccatttctg	gt		15342
35	<210>	40					
	<211>	15438					
	<212>	ADN					
	<213>	secuencia artificial					
40	<220>						
	<223>	genoma de APMV9 EU910942					
	<400>	40					
45	accaaacaaa	gaaattgtaa	gatacgtaa	agaccgaagt	agcaactgac	ttcgtacggg	60
	tagaaggatt	gaatctcgag	tgcaacacg	acgctgtgat	tcgaagggtcc	gtactaccat	120
	catgtcctct	atattcaatg	agtatgagag	tctgcttgaa	agtcaactca	aaccgacggg	180
50	ctcgaacgtc	ttaggagaga	aaggtagacac	tccaaaagtc	gagatccctg	tatttgtgct	240
	caacagtgac	aaccctgaag	atcgctggaa	ctttactacc	ttctgtctca	gagtcgctgt	300
	gagcgaggat	gctaataaggc	ctttgcgtca	gggggcactc	atctctctac	tttgcgctca	360
55	ttctcaggtg	atgaagaatc	atgtggccat	agcaggaaag	caggatgagg	ctctgattgt	420
	agttctagag	attgatacta	ttaatgatgg	tgttccagcc	ttcaacaata	ggagcgggtgt	480
60	cacagaggaa	cgagctcagc	gtttcgctat	gatagctcaa	gcattacccc	gtgcttgtgc	540
	aaatgggaca	ccgttcaccg	tccaagatgc	agaagatgat	ccagtcgaag	acataacaga	600
	cgcccttgat	cgcattattgt	caatccaggc	gcaagtatgg	gtgaccgtcg	caaaatccat	660
65	gacagcgtag	gagactgcag	atgaatcaga	acagaagcga	ttgaccaagt	atgttcagca	720
	aggtcgagtg	cagaagaaat	gcatgatcta	ccctgtatgt	cggagcatgc	tgcagcagat	780

	cataaggcaa	tcttttagcag	tccgacggtt	cattgtcagt	gagctgaaac	gagctcggaa	840
5	tacagcagga	ggaacatcca	cgtattataa	cttcgttgct	gatgtagatt	cctacattag	900
	gaatgctggg	ttaactgcat	tcttcttgac	ccttaagtat	ggtgtgaata	caaagacttc	960
	tgtccttgcc	cttagcagct	tggcaggcga	tcttcaaact	gtcaaacagt	tgatgctggct	1020
10	gtataaagcc	aaaggagatg	atgcaccata	catgactata	ctgggagacg	gagaccagat	1080
	gagatttgca	cctgctgaat	acgcacagct	atactcatac	gctatgggaa	tggcatcagt	1140
	catagacaaa	gggacctcaa	ggtatcagta	cgctcgtgac	ttcctaaacc	ccagcttctg	1200
15	gaggctggga	gtggagtatg	cccagactca	aggaagcaac	atcaacgaag	agatggcatc	1260
	agaactgaaa	ctcagcccaa	tagctagaag	gatgctgacc	actgccgtca	caaaagtagc	1320
20	aaccggagcg	tctgattatt	cggtagctca	gcatacagca	ggagtcctaa	ctggcttgaa	1380
	ttcaacagac	ggcaaccttg	ggtctcagaa	gctgcccacc	tcaattcagc	aggatcagaa	1440
	tgatgatact	gccatgttga	acttcatgag	ggccgtagca	caaggaatga	aggagacacc	1500
25	aattcaggct	cctccacacc	ctggattcgg	atctcaacag	gccgcagacg	acgatgactc	1560
	gcgggatcaa	gcagactcct	gggggctcta	atgaaatacg	gaggttgact	ccagcccaaa	1620
30	cgaacctcta	gcaactccta	atccctcatc	cacctacaaa	ctccacatct	acatgaccaa	1680
	tccgctcaca	caacacggcg	gaagacacca	tccatcccca	actgtcccaa	cccgaagaac	1740
	atcctcaact	tagcccgcta	atttcacgaa	ccattacaaa	aaacttatca	acagaaaaaa	1800
35	ctacgggtag	aactgtctgc	cactgcgaga	aagcaaacgc	atcaacgcag	tcagcactca	1860
	tcgcagctct	ccatcacacc	aattctagct	caggcacacg	cctccagaga	gaaccatggc	1920
40	atccttcaca	gacgacgaga	tatcagatct	gatggaacaa	agtggctctg	taatagatga	1980
	gatcatgaca	tcccaagggg	tgcctaaaga	gaccctaggg	cgaagtgcaa	tcccaccagg	2040
	gaaaactcag	gccctaactg	atgcctggga	gaaacacaac	aagtcacaga	gatccaatgc	2100
45	ggatcacagc	accggatcaa	ataacaaaac	tgatgtcaac	acaccccaca	atgctgagcc	2160
	gccacaatcc	accggcgatc	cctccgcatc	tccagaaatg	gacggcgaca	caacccact	2220
50	cccaaagcag	gaaaccgccg	aaaagcacc	ctgcaaagaa	ggggccactg	gagggtgct	2280
	ggatatgctt	gaccggattg	ctgccaagca	ggatagagct	aaaaaagggc	tcaatccgag	2340
	atcacaagac	acgggcaccc	tgcactcagg	ccaattccct	acgcagacgc	aagacccgac	2400
55	atcccgccga	tcaaccaact	catcgggaca	cagcatggag	tccagaacgc	ccgcccagct	2460
	gccaatccc	aggagagacg	acagcccgca	tcaggtaaga	agagaggagg	agggcatcgc	2520
60	agagaacaca	gcatgggtctg	gaatgcaaac	gggattgtca	ccatcagctg	gtgcaacca	2580
	gtttgctctc	cagtcaccta	cgaaccaaga	gaattcacat	gttcatgcgg	gagctgccct	2640
	acagaatgcc	gactttgtgc	aggctctcat	agggatatta	gaaagcattc	agcagagagt	2700
65	gagtaaaatg	gaatatcaga	tggatttagt	cctgcgtcac	ctgtctagta	tgccagccat	2760
	tcgaaatgac	attcaacaag	ttaagaccgc	tatggcagtg	cttgaggcca	acattgggat	2820

	gatgaaaatc	cttgaccctg	gatcagcaca	tattttcttcg	ctcaatgatc	ttcgagcagt	2880
5	tgcaaggtat	catccagttc	ttgtagcagg	ccccggtgac	ccaataaaaa	caattgctga	2940
	tgataaaacc	atcactgtca	atcggctctc	ccagccggta	actgatcagc	gcagcttggt	3000
	aagagaactc	acacccccctt	ccggtgattt	cgaggcgcaa	aaatgcgcaa	tcaaggcggt	3060
10	attagctgcg	agaccactac	atccatcggc	tgcaaaacga	atgtctgata	ggttagatgc	3120
	agccaagaca	tgtgaagaat	tgaggaaggt	gaagagacag	attctgaata	actgacccaa	3180
	atagtgtggt	ttccgccaat	gatcaagcgt	gatccgcctt	ggacaacttt	tttgccgatc	3240
15	ttaaggagag	acaaatcaat	ttacaccgat	ctaaaatata	atcagacacc	ctcaaatcaa	3300
	gaaaacatag	atgacagtct	gcttgactca	tctcttgcat	ctgatgctat	caattgccct	3360
20	aaaataccac	ctgacataaa	taccagatta	tctctagacc	tccttggttg	ttaagaaaaa	3420
	aaagtaagta	cgggtagaaa	caggactcaa	ccgacctacc	accatggatg	cttctaggat	3480
	gatcagtcta	tatgtagacc	ccactagcag	ttctagtcca	atactcgcat	tcccaatagt	3540
25	catggaagcc	acaggagacg	gacgaaagca	aatttcaccc	caatatcgca	ttcagagatt	3600
	agatcactgg	tcagacagca	gtcgagatgc	agtattcatc	accacatatg	ggtttatatt	3660
30	tggataccct	aaatcacgtg	ctgatcgagg	ccagcttaat	gaagaaatta	ggcctgtgct	3720
	gctctctgct	gcaacgctat	gtctgggcag	tgtggcgaat	actggagatc	aggttgcaat	3780
	tgctcgggca	tgcttgtcac	tacaaatata	ttgcaaaaag	agtgtacta	gtgaggagaa	3840
35	aatgatattt	gcaatcaccc	aagctccgca	gattttacaa	tcatgtcgtg	ctgtttcgca	3900
	aaaattcgtc	tccgttggat	caaataaatg	tgtgaaagca	cctgaaagaa	tcgaggagg	3960
40	ccagcagtat	gactataagg	tcaacttcgt	gtctctcact	atagtaccaa	aagatgacgt	4020
	atataggggtc	ccaaaacctg	tcctatcagt	cagcagtccc	actctattcc	gccttgccct	4080
	gagtgttaac	atcgcaatcg	acatcaatgc	cgacaatcct	ttgtctaaga	cgcttattaa	4140
45	gaccgaaagc	ggctttgaag	caaatttggt	cctgcatgtg	ggtatttctt	caaacattga	4200
	caagcgggga	aagaagggtga	cgttcgagaa	gtagagaaag	aaaatccggc	ggatggaact	4260
50	gactgcagga	ttaagtata	tgtttggtcc	gtccatcatc	ctgaaggcca	aagggccgag	4320
	gacaaagttg	atgtcagcat	tcttttctaa	tacgggaaca	gcgtgttatc	cgatcgaca	4380
	agcatctcct	ccagtatcga	agatcttggt	gagccaaagc	ggacacctcc	aggagggttaa	4440
55	gatacttgta	caatcgggaa	cctcgaaaat	gattgcatta	acagccgatc	aagaaatcac	4500
	aacaacaaag	ctcgatcagc	acgccaagat	tcaatcattt	aaccatttca	aaaagtaagt	4560
60	tgcattggctc	acgaatagct	cagggtcttct	tgcccttaaaa	tcagccaatg	aatatgtgat	4620
	aggatatttca	gtgtctcgaa	tcattaccga	tcaaaaaacc	ccattaaatc	atacacctga	4680
	tcattagaca	agaggtaatc	caaatagcac	taaaaaaaat	ccccaaaaga	attaaaacta	4740
65	aaacacagca	cgggtagaaa	gtgagctgta	tatcactcaa	tccacaatct	accatagtg	4800
	cacaatgggg	tacttccacc	tattacttat	actaacagcg	attgccatat	ctgcgcacct	4860

	ctgctatacc	acgacattgg	atggtagaaa	actgcttggt	gcaggcatag	tgataacaga	4920
5	agagaagcaa	gttaggggtgt	acacagctgc	gcaatcagga	acaattgtct	taaggctctt	4980
	ccgtgtggtc	tccttagaca	gatactcgtg	catggaatcc	actattgagt	catataacaa	5040
	gactgtatat	aacatacttg	cacctctggg	cgatgcaatc	cgccgaatac	aggcaagtgg	5100
10	tgtatcgggt	gagcgtatcc	gagagggccg	catatttggt	gccatccttg	ggggagttag	5160
	cttaggtgta	gccaccgcag	cacagataac	agctgcaatt	gctttgattc	aggctaacga	5220
	gaacgcaaaa	aacatcctgc	gtattaaaga	cagtataact	aagaccaacg	aggcagttag	5280
15	agatgtaact	aatggcgtgt	cgcagttaac	tatcgctgta	ggtaaattac	aggacttcgt	5340
	caataaggaa	ttcaataaga	caactgaggc	cattaattgt	gtacaggcag	ctcaacaatt	5400
20	aggtgtggag	ctaagcctct	atctgaccga	gatcactaca	gtcttcggac	ctcagataac	5460
	ctctcctgct	ttaagcaaat	tgactatcca	agcgtgtgat	aatttgccgg	gcgtaagctt	5520
	ggatgtacta	ctgggaaggc	tcggagcaga	caattcacag	ttatcatctt	tggttagtag	5580
25	tggtcttatt	accggacagc	ccattctcta	cgactcggaa	tctcaaatac	tggcactgca	5640
	agtgtcacta	ccctccatta	gtgacttaag	gggagtgaga	gcgacatact	tagacacggt	5700
30	ggctgtcaac	actgcagcag	gacttgcatc	tgctatgatt	ccaaaggtag	taatccaatc	5760
	taataatata	gttgaagaat	tagatactac	agcatgtata	gcagcagaag	ctgacttata	5820
	ctgtacgagg	attactacat	tccccattgc	gtcggctgta	tcagcctgca	ttcttgggga	5880
35	tgtatcgcaa	tgcccttatt	caaagactaa	tggcgtctta	accactccat	atgtagcagt	5940
	aaaggggaaa	attgtagcca	attgtaagca	tgtcacatgt	aggtgtgtag	atcctacatc	6000
40	catcatatct	caaaattacg	gtgaagcagc	gactcttatc	gatgatcagc	tatgcaaggt	6060
	aatcaactta	gatgggtgtgt	ccatacagct	gagcggcaca	tttgaatcga	cttatgtgctg	6120
	caacgtctcg	ataagtgcaa	acaaggctcat	tgtctcaagc	agtatagata	tatctaataa	6180
45	gctggagaat	gttaacagct	ctttaagttc	ggctctggaa	aaactggatg	aaagtgcgac	6240
	tgcgctaagc	aaagtaaatg	ttcacttaac	tagcacctca	gctatggcca	catacattgt	6300
50	tctaactgta	attgctctta	tcttggggtt	tgtcggccta	ggattgggtt	gctttgctat	6360
	gataaaagta	aagtctcaag	caaagacact	actatggctt	ggtgcacatg	ctgaccgatc	6420
	atatatactc	cagagtaagc	cggctcaatc	gtccacataa	tacaacaaca	atcaatcctg	6480
55	actatcatat	aatacatgaa	tcatttcttc	ttccgattat	aaaaaaataa	gaaacctaata	6540
	taggccaata	cgggtagaac	aggcttccac	cccgtatttc	ttcggctgtg	atcctgtacc	6600
60	tgagttcttc	ccaccaaacac	caggacctct	cctaaattgc	atcaccatgg	aatcaggaat	6660
	cagccaggca	tctcttgta	atgacaacat	agaattaagg	aatacgtggc	gcacggcctt	6720
	ccgtgtggtc	tccttattac	tcggcttcac	cagcttggtg	ctcactgctt	gcgctttaca	6780
65	cttcgctttg	aatgccgcta	cccctgcgga	tctctctagt	atcccagtcg	ctgttgacca	6840
	aagtcatcat	gaaattctac	aaaccttgag	tctgatgagc	gacattggca	ataagattta	6900

	caagcaggta	gcactagata	gtccagtggc	gctgctcaac	actgaatcaa	ccttaatgag	6960
5	cgcaattaca	tcactatctt	atcagattaa	caatgcagcg	aataactcag	gttgtggcgc	7020
	ccctgtgcat	gataaggatt	ttatcaatgg	agtggcaaag	gaattatttg	tagggctctca	7080
	atacaatgcc	tcgaactatc	gaccctccag	gttccttgag	catctaaatt	tcatccccgc	7140
10	ccctactacg	ggaaaagggt	gcaccagaat	tccgtccttt	gatctagctg	caacacattg	7200
	gtgttatact	cacaatgtga	ttcttaatgg	ttgtaatgat	catgctcaat	cttatcaata	7260
	catatccctc	gggatactca	aggtgtcagc	cacgggaaac	gtgttcttat	ctactctcag	7320
15	atctatcaac	ctggatgatg	atgaaaaccg	gaaatcatgt	agcatatcag	caacgccact	7380
	aggggtgtgac	ttactttgtg	ctaaagtcac	tgagagagaa	gaggcagatt	acaattcaga	7440
20	tgcagcgacg	agattagtct	atggcagggt	aggttttgat	ggggtatacc	atgagcaggc	7500
	cctgcctgta	gaatcattgt	tcagtgactg	ggttgcaaac	tatccgtcag	tcggcggagg	7560
	cagttacttt	gataataggg	tatggtttg	cgtgtatggg	gggatcagac	ctggctctca	7620
25	gactgatctg	ctccagtctg	agaagtacgc	gatatatcgt	aggtacaata	atacctgccc	7680
	tgataataat	cccaccaga	ttgagcgggc	caaatcatct	tatcgtccgc	agcggtttg	7740
30	ccagcggctt	gtacaacaag	caattctatc	aattagagtg	gagccatctt	tgggtaatga	7800
	tcctaaacta	tctgtgttag	ataatacagt	cgtgttgatg	ggggcggaag	caaggataat	7860
	gacatttggc	cacgtggcat	taatgtatca	aagaggggtca	tcataatttc	cttctgcact	7920
35	attataccct	ctcagtttaa	caaatggtag	tgcagcagca	tccaagcctt	tcataattcga	7980
	gcaatataca	aggccaggta	gcccaccttg	tcaggccact	gcaagatgtc	caaattcatg	8040
40	tgttactggt	gtctacacag	acgcataccc	gttattttg	tctgaagatc	ataaagtga	8100
	tgggtgtatat	ggtatgatgt	tagatgacat	cacatcacgg	ttaaacccgg	tagcagctat	8160
	atttgatagg	tatggtagga	gtagagtgac	taggggttagc	agtagcagca	cgaaggcagc	8220
45	ttacactaca	aatacatgct	ttaaggttgt	caaaacaaag	agagtatact	gcttgagcat	8280
	tgccgagata	gagaatacac	tgtttgagga	attcagaata	acccttttac	tctccgagat	8340
50	aatatttgac	ccaaaccttg	aaccctcaga	cacgagccgt	aactgaggaa	aatccgttct	8400
	ggcagacagt	ggttggtatg	accttgcgtc	gatagccctc	actggtggca	ctgcgtcgtc	8460
	cctatatattca	aacaccacat	tagcggagta	tacagatagt	cggccatgat	gaatcaaattg	8520
55	tcatgcgatt	tgagcataac	cgaagcagaa	tcaggatata	cccggtctta	ccatatcagg	8580
	gagaacagct	ggtaagctgt	aatcctcaat	aatcctaaaa	actgcaggta	atacaaaagg	8640
60	atcagcctat	agggagcttc	aacaatcggt	agaaaaaac	gggtagaaca	tggataatcc	8700
	aggacaatct	cgccctgatc	atcaagtgat	tctacccgaa	gcgcatcttt	cctcaccgat	8760
	cgtaaggcat	aagttatatt	atttctggag	actaacagga	gtaccactac	cccactcagc	8820
65	agaatttgat	acgctagtcc	tatccagacc	atggaacaaa	atattgcaga	gcaactcgcc	8880
	agaagtactg	aggatgaagc	ggctaggtgc	gaacgtccac	gcgactctag	atcactctcg	8940

	accaataaag	gctttgatcc	acccggagac	tttagcatgg	ctaactgac	tgtctatagg	9000
5	ggatctctatc	tctagattta	gaggaataga	aaagaaaagta	tctcgcctgc	tccatgacaa	9060
	tagagagaaa	ttttgtacac	ttgtttctca	gattcatgaa	ggattgttcg	gtggtgtagg	9120
	aggggttcgg	aataatctgt	caccagagtt	tgaaagtttg	ctcaatggaa	ctaacttctg	9180
10	gtttggcggg	aaatattcaa	acacaaaatt	cacttggcctt	cacattaaac	aattgcagag	9240
	acatcttata	ctcacagcgc	gtatgagatc	tgggcagcaa	ctttacatcc	aattaaagca	9300
15	tacaaggggt	tatgtccata	taactccaga	gttaactatg	attacatgca	acggaaaaaa	9360
	ccttgttaca	gcacttacac	ctgagatgg	cttaatgtat	agtgacatgc	tagaaggaag	9420
	agatatggtc	ataagtgttg	cacagcttgt	gaatggcctg	aatgtcctag	cagataggat	9480
20	tgagtgtctt	cttgacttga	ttgaccaatt	ggcgtgcttg	ataaaggatg	ctatatatga	9540
	aataattggg	atthttggagg	gttttagctta	tgcagcagtc	cagctgctgg	agccgtccgg	9600
25	aaaattcgca	ggggatttct	ttgaattcaa	tctcagagag	atagctgcca	tattgcgaga	9660
	acacatagac	cctgtgttag	ctaacagggt	acttgagtct	attacctgga	tttacagtgg	9720
	tctgacagac	aaccaagcag	cagagatgct	ctgtatcctc	cgcttgtggg	gccaccctac	9780
30	attagagtcc	agaacagctg	cagctgcagt	gcgaaagcaa	atgtgcgcgc	caaaactcat	9840
	tgacttcgac	atgatccaac	aagtattggc	tttcttttaa	gggacaatca	tcaatggata	9900
35	tagaagacaa	aactcaggag	tctggccaag	agttaaaaag	gatactatct	atggatcaac	9960
	actccaacag	ttgcatgctg	actatgcaga	gatatacacac	gaattaatgc	tgaaagaata	10020
	caagcgtcta	gcaatgcttg	agtttgagaa	gtgtattgac	atagaccag	tatccaattt	10080
40	aagcatgttc	ttgaaggaca	aggctatagc	acacacgcga	ccaaattggc	tggcatcttt	10140
	taaaagaact	ttgttatccg	atagacagca	gctcttagca	aaggatgcaa	cttcgaccaa	10200
45	tcgtctgctg	atagaattcc	tagaatctag	caactttgac	ccatatacag	agatgacct	10260
	tttgacaagt	cttgaatttc	ttagagataa	tgacgtggca	gtatcatatt	cgttaaagga	10320
	gaaagaagtt	aagcccaatg	gtagaatctt	cgcaaagctt	accaaacgac	tcagaaattg	10380
50	tcaggtgatg	gcagagaata	tcctagcaga	cgaaattgca	ccttttttcc	aagggaatgg	10440
	agtcattcaa	agcagcatct	ctctgacgaa	aagtatgtta	gcaatgagtc	aactgtcatt	10500
55	taattgcaac	agattctcga	tcggaaaccg	cagagaaggg	atcaaagaga	ataggacacg	10560
	acaccgtgaa	cgaaagcgaa	gaaggcgagt	agctacatat	atcacaactg	acctgcagaa	10620
	gtactgtctc	aattggagggt	atcagaccat	caagcctttt	gcccatacga	ttaatcagct	10680
60	gacagggcctt	gatttgtttt	ttgagtggat	ccaccttcgt	ctaattggata	ccactatgtt	10740
	cgttggagat	ccatacaacc	caccctctga	tccaacaatt	gaaaacctgg	atgatgcacc	10800
65	caatgatgat	atctttattg	taagcggaag	aggagggatc	gagggattat	gtcaaaagct	10860
	ttggactacc	atatcaatat	ccgcaatata	attagcagcc	acccggtcaa	agtgtagggt	10920
	agcctgtatg	gtgcaagggt	acaatcaggt	gatcgcagtg	acccgagaag	taaatccaga	10980

	tgactcagaa gatgcggtct tagatgaatt acataaggcc agcgacagat tctttgagga	11040
5	actcactcac gtgaatcatc tgatcggaca taacctgaaa gatagagaga ccatacgctc	11100
	agatacttgt tttatctata gcaagcgagt attcaaggat ggtaagatac tttctcaggc	11160
	cctcaagaat gctgcaaagc tcgtcttaat atctggggag attggggaga acactcctat	11220
10	gtcatgcggg aatattgctt ctacagtgtc tcgtctgtgt gaaaatgggc tgcccaaaga	11280
	tgcctgctat atgatcaatt atataattaac ctgtatacaa tttttctttg acaatgagtt	11340
15	ttccattgtc cccgcttctc agcgtggatc cacagttgaa tgggtggata acctttcatt	11400
	tgtacacgcg tatgcactgt ggccaggcca atttggagga ttgaacaact tacaatattc	11460
	tagattgttt actcgcaata tcggggaccc atgcactact gcacttgag agattaagag	11520
20	attagagaga gctcaactaa taccagggaa gctaatacaag aacttgcttg ctaggaagcc	11580
	aagcaatgga acatgggcgt ctctttgtaa tgatccttat tcaactcaata ttgaaacagc	11640
25	accaagccca aatctcatcc tcaagaaaca tactcagaga gtactatttg aatcctgcac	11700
	caatccccta ttacaagggg tttatagtga agaaaatgat acggaagaag cagaattagc	11760
	agaattcttg ctcaatcaag aagctataca tccgcgcgtg gcacacgtta taatggaggc	11820
30	cagcgcagtc ggtagaaaga agcaaattca gggactaatc gatacaacta acaccatcat	11880
	aaagattgca cttgggcggc gtcctcttg tgcaaggagg ttaaggaaga taaacagtta	11940
35	ttcttctatg cacatgttga tcttctgga tgatatattc ctacctaacc atcctccatc	12000
	tcccttcgtc tcctcagtga tgtgttctgt tgccctagcg gattacctac gtcagattac	12060
	ctggttgccct ctgacaaatg gtaggaagat attagggtgta aataatccag atacccttga	12120
40	gttagtatca ggatcgatgc tgaatctaaa cggatattgt gacttatgta atagtggaga	12180
	taaccaatth acgtggttcc atctcccagc agatatagag ctagcggaca gttcatcatc	12240
45	caaccctcca atgcgtatac cttatgtggg atccaagacc caggaaagga gaaatgcatc	12300
	aatggccaag attagcaaca tgtcccctca tatgaaggca gcattgagat tggcgtctgt	12360
	gaaggtaagg gcttacggtg ataattgagca taattggcaa gttgcatggc agctagcaaa	12420
50	tactcgatgt gcgatatccc ttgaacatct aaaacttcta gcccctctac caactgcagg	12480
	gaaccttcag catcgattgg atgatagcat aaccagatg acctttactc ccgcttctct	12540
55	ctatcgggtg gcaccttata tccacatctc caatgactca caaagaatgt tttctgatga	12600
	gggggttaag gagagcaaca tcatctatca gcagataatg ttattgggtc tatcagctat	12660
	cgaatcattg ttccccttga ccactaatca tgtatatgaa gaagtgcac tacaccttca	12720
60	tactcaattc agctgctgcc tgagagaggc ggcccttgcg gtcccatthg agctccaggg	12780
	caaagtacct aggattcgtg ctgctgaggg gaaccaattc gtgtatgact catccccact	12840
65	tttggaacct gaggctcttc aactcgatgt ggctactttc aagaactatg agttggactt	12900
	agaccattat tcaacgatag acttgatgca tgtacttgag gttacgtgtg gaaagcta	12960
	aggtcagtcg gtgatttcat acaatgagga cacttctata aagaatgatg caattattgt	13020

5	atacgataat	acccggaatt	ggatcagtg	ggcccaaat	tgtgacctgg	tgaagttatt	13080	
	tgagtatgct	gcactagaaa	tcttgctgga	ctgcgcattc	caaatgtatt	atctaagggt	13140	
	tcgcggatac	aagaacatcc	taatatacat	ggcagacct	attcgtaata	tgcccggtat	13200	
10	attgctctct	aatattgctg	ccacaatctc	ccatcccatt	atccatacta	gactatacaa	13260	
	tgcaggggtg	ctggatcatg	ggagtgcgca	ccaacttgca	agcattgatt	ttattgaatt	13320	
	atcagcta	ttattggtaa	catgtatagc	tcgtgtatgt	actacacttc	tatccggtga	13380	
15	aaccctgatg	cttgcatctc	catccgttct	agacgagaat	ttgacggaga	aaatgtttct	13440	
	tcta	atcgct	cgatactgct	ctttgttagc	gttggtgtac	tcatctaagg	ttcctatacc	13500
	aaatattagg	ggcctgactg	ccgaagataa	gtgccggatg	ctcaca	aatc	atctcatgaa	13560
20	ccttccatct	gaatttcggc	tgaccgaaa	tcaggtacga	aatgtactgc	aaccagcact	13620	
	gacaactttc	ccagcaaacc	tctattatat	gtcaagaaa	agtcttaata	tcatcagaga	13680	
	gagggagata	aagatgctat	tattcaa	atg	ttgttccctg	ccggggatga	agctacaagc	13740
25	acggtggcag	ttaatttggg	atacgaaagt	aaatgacccc	attgttaagt	ggcgacgcat	13800	
	tgaattctta	tgcgagctcg	atctctctgg	tcaggcaagg	tttggagtca	tactggatga	13860	
	atgcatctct	gatgttgata	aaaacggaca	gggcatcctc	gactttgtcc	caatgactcg	13920	
30	atacctattc	aggggtgtag	gccaggcatc	ctcatcatgg	tataaagctg	ccaatttatt	13980	
	gtcacttcct	gaagtgcgcc	aggcacgttt	cggtaactca	ttgtacttag	cagaaggtag	14040	
	cggtgcaata	atgagtctgt	tagagctcca	cgtaccacat	gagaagattt	actacaatac	14100	
35	tctcttttat	aacgagatga	acccccgca	aagacatttc	ggcccaacgc	caactcaatt	14160	
	ccttgcatcg	gtcgtttaca	agaaccttca	ggcaggtata	gtctgcaaag	atgggtatgt	14220	
	tcaggagttc	tgccctttat	ggagagacgt	tgccgatgaa	agtgatcttg	cttcagatag	14280	
40	gtgtgtctca	ttcattacat	cagaggtgcc	tggaggcact	gtatctctac	tccattgtga	14340	
	catagaaaca	accctggaac	caagctgggc	ttacttggag	caattagcca	ctaatacttc	14400	
	tcta	atcggg	atgcacgtcc	tgcgagagaa	tggagtgttc	atcatcaaag	tactatacac	14460
45	ccagagtttc	ttttttcatc	tattgctggc	aatcttagct	ccttgtagta	aaaggatacg	14520	
	gatcatatcc	aatggatact	cagtacgggg	agattttgag	tgctacctag	tcgcgacaat	14580	
	cagttataca	ggggggcatg	tcttcatgca	agaggtgatc	cgctctgcca	aggcgttagt	14640	
50	tagagggggc	ggtagtatca	tgacaaaaca	agatgaacaa	caattgaatc	ttgctttcca	14700	
	gaggcagctc	aacaggattc	gtgggatact	gggacagagg	atatcgataa	tgatacgcta	14760	
	cttgcagcat	actattgata	tggcattgat	tgaagcggga	ggccaacctg	taagaccgag	14820	
55	caatgtttga	atcaacaagg	cactcgactt	aggagatgag	acatatgagg	aaatcatgat	14880	
	acagcatatt	gacacaacac	ttaagacagc	aatcttccta	gaacaagaag	aagaactggc	14940	
	agacacagtc	tttgtgttaa	caccttataa	cctaacggca	agaggaaaat	gtaatacagt	15000	
60	acttattgca	tgcactaaac	atctatttga	aacaactata	ttacagacta	cacgagacga	15060	

	catggataag atagagaaat tgttgtccct tatcttaciaa ggtcatatct cgcttcagga	15120
5	tctcctgcc a ctcaagtc atcttaa acg tagcaattgt cccaagtacc tcctcgattc	15180
	actaggacgt atcaggctaa aagaggtatt tgaacactca tcccgc atgg tactaaccag	15240
	accgatgcaa aagatgtatc tcaa atgtct cgga atgtct attaagg gat accttg cagt	15300
10	ggatgcatct cattgcaatt gaatcatgac gcaatctctt ttatacatca tactcgtaat	15360
	caatcatagt taccatcatt ttt aagaaaa acagtaacga tttatgg tgt cacgtatgtt	15420
15	gccaaatctt tgtttggt	15438
	<210> 41	
	<211> 36	
	<212> ADN	
20	<213> secuencia artificial	
	<220>	
	<223> cebador NP-FP-pc3	
25	<400> 41	
	ccgaattcat gtc atctgtg ttcaatg agt atcagg	36
	<210> 42	
30	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
	<220>	
35	<223> cebador NP-RP-pc3	
	<400> 42	
	ccgcggccgc ttaccattct agcccgttct cgtatg	36
40	<210> 43	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
45	<220>	
	<223> cebador P-FP-pc3	
	<400> 43	
50	ccgaattcat ggatttcgcc aatgatgaag	30
	<210> 44	
	<211> 40	
55	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
	<220>	
	<223> cebador P-RP-pc3	
60	<400> 44	
	ccgcggccgc ttacgcatta tatattgcct gcttgactcg	40
65	<210> 45	
	<211> 40	
	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	

	<220>		
	<223>	cebador L-FP-pc3	
5	<400>	45	
		ccgcggccgc ttacgcatta tatattgcct gcttgactcg	40
10	<210>	46	
	<211>	32	
	<212>	ADN	
	<213>	secuencia artificial	
15	<220>		
	<223>	cebador L-RP-pc3	
	<400>	46	
		ccggtaccat ggatataaaa caagttgacc tg	32
20	<210>	47	
	<211>	6231	
	<212>	ADN	
	<213>	secuencia artificial	
25	<220>		
	<223>	genoma 5'-FLG de APMV8	
	<400>	47	
30		gggcggccgc gttgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat tacgggggtca	60
		ttagttcata gcccatatat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa tggcccgctt	120
		ggctgaccgc ccaacgaccc ccgcccattg acgtcaataa tgacgtatgt tcccatagta	180
35		acgccaatag ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta aactgcccac	240
		ttggcagtac atcaagtgtg tcatatgcc agtacgcccc ctattgacgt caatgacggg	300
40		aaatggcccg cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc tacttggcag	360
		tacatctacg tattagtcac cgctattacc atgggtgatgc ggttttggca gtacatcaat	420
		gggcgtggat agcgggttga ctacgggga tttccaagtc tccaccccat tgacgtcaat	480
45		gggagtttgt tttggcacca aaatcaacgg gactttccaa aatgtcgtaa caactccgcc	540
		ccattgacgc aaatgggcgg taggcgtgta cggtgggagg tctatataag cagagctccc	600
50		gggtgttaag cgtctgatga gtccgtgagg acgaaactat aggaaaggaa ttcctatagt	660
		caccaaaca ggaatgcaag accaacggga actttaaata aaacaatcga attattgggg	720
		gcgaagcaag tggatctcga gctcgaggcc gaaacctga atttactgg aggttttgaa	780
55		taggtcgcta taggactcaa tatgtcatct gtgttcaatg agtatcaggc gttcaagaa	840
		caacttgtga agccggctgt caggagacct gatgttgctt caacgggttt actcagagcg	900
60		gaaataacctg tctgtgttac attatctcaa gaccccggtg agagatggag ccttgcttgc	960
		ttgaatatta gatggcttgc gagtgattca tcaaccacac caatgaagca aggagcaata	1020
		ttgtcactgc tgagtctaca ttcagacaat atgcgagctc acgcaacatt agcagcaagg	1080
65		tctgcagatg cttcactcac catacttgag gtagatgaag tagatattag caactcacta	1140
		atcaaattca acgccagaag tgggtgtatct gacaaacgct caaatcaatt gcttgaatt	1200

	gcggatgaca	tccccaaaag	ttgcagtaat	gggcatccat	ttcttgacac	agacattgag	1260
5	accagagacc	cgctcgatct	atcagagact	atagatcgcc	tgcagggtat	tgcagctcag	1320
	atatgggtgt	cagccataaa	gagcatgaca	gcgcctgaca	ccgcatcaga	gtcagaaagt	1380
	aagaggctgg	ccaaatatca	acaacaaggc	cgactgggta	agcaagtact	cttgcatctt	1440
10	gtagtcagga	cagaatttat	gagagttatt	cggggcagct	tggtactgcg	ccagtttatg	1500
	gttagcgagt	gcaagagggc	ttcagccatg	ggcggagaca	catctaggta	ctatgctatg	1560
	gtgggtgaca	tcagtcttta	catcaagaat	gcaggattga	ctgcattttt	cctcacctg	1620
15	aagttcggag	ttggtaccca	gtatccaacc	ttagcaatga	gtgttttctc	cagtgcactt	1680
	aaaaggcttg	ctgcactcat	caggctatac	aaaaccaagg	gagacaatgc	accatacatg	1740
20	gcattcctgg	aggactccga	tatgggaaat	tttgctccag	caaattatag	cacaatgtac	1800
	tcttatgcca	tgggcattgg	gacaattctg	gaagcatctg	tatctcgata	ccagtatgcc	1860
	agagacttta	ccagtgagaa	ttatttccgt	cttggagttg	agacagccca	aagccagcag	1920
25	ggagcatttg	acgagagaa	agcccgagaa	atgggcttga	ctgaggaatc	aaaacagcag	1980
	gtagatcac	tgctaatgtc	agtagacatg	gggtcccagtt	caattcatga	gccatctcgc	2040
30	cctgcattta	tcagtcaaga	agaaaatagg	cagcctgccc	agaacttgct	agatactcag	2100
	ggtcagacca	agccagtccc	gaagcagccc	gcaccaaggg	ccgactcaga	tgacattgat	2160
	ccatacgaga	acgggctaga	atggtaattc	aaccaccccc	acacatccac	ctatacacca	2220
35	attccgtgac	atattaaccc	aatcaaacat	ttcataaact	atagtagtca	ttgatttaag	2280
	aaaaaattgg	gggcgacctc	aattgtgaaa	cataccagat	ccgtccacaa	caccactcaa	2340
40	caaccacac	acaatggatt	tcgccaatga	tgaagaaatt	gcagaacttt	tgaatctcag	2400
	caccaatgta	atcaaggaga	ttcagaaatc	cgaactcaag	cctcccaaaa	ccaccggacg	2460
	accacctgtc	agtcaaggga	acacaagaaa	tctaactgat	ctatgggaaa	aggagactgc	2520
45	aagtcagacc	aagacaccgg	ccaatctac	acaaaccaca	caagttcagt	ctgatgaaaa	2580
	tgaggaggga	gaaatcaagt	ccgagtcaac	tgatggccac	atcagaggaa	ctgttaatca	2640
50	atcagagcaa	gtcccagaac	aaaaccagag	cagatcttca	ccagggtgat	atctcgacag	2700
	agctctcaac	aagcttgaag	ggagaatcaa	tttaatcagc	tcaatggaca	aagaaattaa	2760
	aaagggccct	cgcatccaga	atctccctgg	gtcccaggcg	gcaactcaac	aggcgacca	2820
55	cccattggca	ggggacaccc	cgaacatgca	agcacagaca	aaagccctgg	cgaagccaca	2880
	tcaagaggca	atcaatcctg	gcaaccagga	cacaggagag	agtattcatt	taccaccttc	2940
60	catggcacca	ccagagtcac	tagttgggtg	aatccgcaat	gcaccccaat	tcgtgccaga	3000
	ccaatctatg	acgaatgtag	atgcggggag	tgtccaacta	catgcatcat	gtgcagagat	3060
	gataagtaga	atgtttgtag	aagttatatc	caagcttgat	aaactcgagt	cgagactgaa	3120
65	tgatatagca	aaagttgtga	acactacccc	ccttattagg	aatgatatta	accaacttaa	3180
	ggccacaacc	gcactgatgt	ctaaccaaat	tgccctccata	caaattcttg	accaggga	3240

	tgcaggggtg	aggctccctct	ctgaaatgaa	atctgtgacg	aagaaagctg	ctgttgtaat	3300
5	tgcaggggtt	ggagacgacc	caactcaa	tattgaagaa	ggcattatgg	ccaaagatgc	3360
	tcttgga	cctgtgcctc	caacatctgt	tatctcagcc	aaagctcaga	cttcttccgg	3420
	tgtgagtaag	ggtgaaatag	aaggattgat	tgcattgggtg	gaaacattag	ttgacaatga	3480
10	caagaaggca	gcaaaactga	ttaaaatgat	tgatcaagtt	aaatcccatg	ccgattacgc	3540
	ccgagtcaag	caggcaatat	ataatgcgta	atactgtaac	tacacaaaca	atcaatactg	3600
	ctgtcgggtg	caccacctc	agcaaatcaa	taatctttta	gaatttattg	attaagaaaa	3660
15	aattgactac	tataagaaaa	gaacaccaag	ttggggg	agacacgatt	gaccacagtc	3720
	gctatctgta	aggctcctca	ccaaaaatgg	catatacaac	attgaaactg	tgggtggatg	3780
20	aggggtgacat	gtcgtcttcg	ctcctatcat	tcccgttgggt	actaaaagag	acagacagag	3840
	gcacaaagga	gcttcaacca	caggtaaggg	tagattcaat	tggcgatgtg	cagaacgcca	3900
	aagagtcctc	gatattcgtg	actctatatg	gtttcatcca	agcaattaag	gagagttcag	3960
25	atcgatcgaa	attcttccat	ccaaaagatg	acttcaaacc	tgagacagtc	actgcaggac	4020
	tggtagtggt	agggtgcgatc	cgaatgatgg	ctgatgttaa	taccatctct	aatgacgcac	4080
30	tagcgctgga	gatcactggt	aagaaatctg	caacttctca	agagaaaatg	acggtgatgt	4140
	tccacaatag	cccccttca	ttgagaactg	caataactat	ccgagcagga	ggtttcatct	4200
	cgaatgcaga	cgagaatata	aaatgtgcca	gcaaatgac	tgcaggagtg	cagtacatat	4260
35	tccgccaat	gtttgtttca	atcactaaat	tacacaatgg	caactatat	agggtgcca	4320
	aaagcatcca	cagcatctca	tccactctac	tgtatagtgt	gatgttggag	gtaggattca	4380
40	aagtggatat	tgggaaggat	catccccagg	caaagatgct	gaagaaggtc	acaatcggcg	4440
	atgcagacac	atactggggg	tttgcattgg	tccacctgtg	caatttcaaa	aagacatcct	4500
45	ctaagggaaa	gccagaacg	ctagacgaac	taaagacaaa	agtcaaaaat	atgggggttga	4560
	aattggagtt	acatgacctg	tgggggtccga	ctattgtgggt	ccaaatcact	ggcaagagca	4620
	gcaaatatgc	tcaaggattt	ttttcctcca	atgggtacttg	ttgtctccca	atcagcagat	4680
50	ctgcaccaga	gcttggggaag	cttctgtgggt	cttggttcagc	aactataggt	gacgcaacag	4740
	ttgttatcca	atcaagcgag	aaaggggaac	tcctaagggtc	tgatgacctc	gagatacgag	4800
	gtgctgtggc	ctccaagaaa	ggtagactgg	gctcatttca	cccccttcaaa	aaatgatgca	4860
55	ggacatagta	cagagaatta	gagagccatt	agatgtgcgc	aaaaaacata	atctgcgatg	4920
	aactgcccag	actccacttt	aatctagggt	gcaggggaaat	agtacacgac	atgcgaaata	4980
60	ctatcacgggt	caccagcaat	caataaagct	gatcaatcac	tatattagga	atcaaatagg	5040
	ataacaatta	ttaatccaat	ttcctaatta	taaaaaattg	ctttaaagggt	tattgacgag	5100
	tcgggggcga	aatcttgcca	cttagtctgc	agtcaatctt	agaatctaca	tattgaacta	5160
65	tgggtcaaat	atcagtatat	ctaattaata	gcgtgctatt	attgctggta	tatcctgtga	5220
	attcgattga	caatacactc	attgccccaa	tcggagttgc	cagcgcaaat	gaatggcagc	5280

	ttgctgcata tacaacatca ctttcagggg caattgccgt gcgattccta cctgtgctcc	5340
5	cggataatat gactacctgt cttaaagaaa caatcactac atacaataat actgtcaaca	5400
	acatcttagg cccactcaaa tccaatctgg atgcactgct ctcatctgag acttatcccc	5460
	agacaagatt aattggggca gttatagggt caattgctct cggtgttgca acatcggctc	5520
10	aatcactgct tgcagttgct ctcaagcaag cgcaagacaa tgcaaggaac atactagcac	5580
	tcaaagaagc actgtccaaa accaatgagg cggtaagga gcttagtagt gggttacaac	5640
15	aaacagctat tgcacttggt aagatacaga gttttgtgaa tgaggaaatt ctgccatcta	5700
	tcaaccaact gagctgagag gtgacagcca ataaacttgg ggtgtattta tctctgtatc	5760
	tcacagaact gaccaccata ttcgggtgcac agctgaccaa ccctgcattg acttcattat	5820
20	catatcaagc actgtacaac ctgtgtggtg gcaacatggc aatgcttact cagaagattg	5880
	gaattaaaca gcaagacggt aattcgctat atgaagccgg actaatcaca ggacaagtca	5940
25	ttggttatga ctctcattac cagctgctgg tcatccaggt caattatcca agcatttctg	6000
	aggctactgg tgtacgtgag acagaattag tcaactgttag tgtaacaaca gacaagggtg	6060
	aagggaagc aattgtaccc caattttag ctgaaagtcg ggtgactatt gaagagcttg	6120
30	atgtcgcata ttgtaaattc agcagcacga ccctatatgt caggcaggctc aacacaaggg	6180
	cacttcccc gctagtagct agctgtcttc gaggtaacta tgatgccgag g	6231
35	<210> 48 <211> 10189 <212> ADN <213> secuencia artificial	
40	<220> <223> genoma 3-FLG de APMV8	
	<400> 48	
45	gcggccgcca ggtcaacaca agggcacttc ccccgctagt agctagctgt cttcgaggta	60
	actatgatga ttgtcaatat accacagaga ttggagcatt atcatcccgg tatataacac	120
	tagatggggg ggtcttagtt aattgcaagt caattgtttg taggtgcctt aatccaagta	180
50	agatcatctc taaaaatata aacgctgcag taacatatgt tgatgccaca atctgcaaaa	240
	caattcaatt ggatgatata caactccagc tggaagggtc actatcatca gtttatgcaa	300
55	gaaacatctc aattgagatc agtcagggtga ccacatccgg gtctttagat atcagcagtg	360
	agataggaaa catcaataat acgggtgaatc gtgtggagga ttttaattcac caatcagagg	420
	aatggctggc aaagggttaac ccacacattg ttaataatac aacactaatt gtactctgtg	480
60	tggttaagtgc gcttgctgtg atctggctgg cagtattaac ggctattata atatacttga	540
	gaacaaagtt gaagactata tcggcattag ctgtaaccaa tacaatacag tctaaccctt	600
65	atgttaacca aacgaaacat gaatctaagt tttgatcatt caagccaaaa cagaggatct	660
	aggctcagggt taataatagt tcaatcaata tttgatttat taggtttttt tcactaatta	720
	ttaatatata cgtgattaga tgataacggt aaaagtctta gatatttaat aaaaaatgta	780

	acctgggggc	gacccattta	taggtgagta	tatattagga	agtccttata	ttgcactgtg	840
5	atttcaaaca	attatattac	ctcatatcta	ccttgtctaa	agacatcatg	agtaacattg	900
	catccagttt	agaaaacatt	gtagagcagg	atagtcgaaa	aacaacttgg	agggccatct	960
	ttagatggtc	cgttcttctt	attacaacag	gatgcttagc	cttatccatt	gtagcatag	1020
10	ttcaaattgg	aaatttgaaa	attccttctg	taggggatct	ggctgatgaa	gtggtgacac	1080
	ccttgaaaac	cactctgtca	gatacactca	ggaatccaat	taaccagata	aatgatatat	1140
15	ttaggattgt	tgcccttgat	attccattgc	aagtgaccag	tatccaaaaa	gaccttgcaa	1200
	gtcaatttaa	catgttgata	gatagtttaa	atgctatcaa	attaggcaac	gggaccaacc	1260
	ttatcatacc	tacatcagac	aaggagtatg	caggaggaat	tggaaaccct	gtatttactg	1320
20	tcgatgctgg	aggttctata	ggattcaaac	agtttagctt	aatagaacat	ccgagcttta	1380
	ttgctggacc	tacaacgacc	cgaggctgta	caagaatacc	cacttttcac	atgtcagaaa	1440
25	gtcattgggtg	ctactcacac	aacatcatcg	ctgctggctg	tcaagatgcc	agtgcattcca	1500
	gtatgtatat	ctcaatggga	gttctccatg	tgtcctcatc	tggcactccc	atttttctta	1560
	ctactgcaag	tgagctgata	gacgatggag	ttaaccgtaa	gtcatgcagc	attgtagcaa	1620
30	cccaatttgg	ctgtgacatt	ttgtgcagta	ttgtcacaga	gaaggaggga	gatgattact	1680
	ggctctgatac	tccgactcca	atgcgccacg	gccgtttttc	attcaatggg	agttttgtag	1740
35	aagccgaact	accagtgtcc	agtatgttct	catcattctc	tgccaactac	cctgctgtgg	1800
	gatcaggcga	aattgtaaaa	gatagaatat	tattcccaat	ttacggagggt	ataaagcaga	1860
	cttcaccaga	gtttaccgaa	ttagtgaaat	acggactctt	tgtatcaaca	cctacaactg	1920
40	tgtgccagag	tagctggact	tatgaccagg	taaaagctgc	gtataggcca	gattacatat	1980
	caggccggtt	ctgggcacaa	gtgatactca	gctgcgctct	tgatgcagtc	gacttatcaa	2040
45	gttgtattgt	aaagattatg	aatagcagca	cagtgatgat	ggcagcggaa	ggaaggataa	2100
	tgaagatagg	gattgattac	ttttactatc	agcggtcatc	ttcttggtgg	ccattggcat	2160
	ttgtcacaaa	actagacccg	caagagttag	cagacacaaa	ctcaatatgg	ctgaccaatt	2220
50	ccataccaat	cccgcaatca	aagttccctc	ggccttcata	ttcagaaaaat	tattgcacaa	2280
	agccagcagt	ttgccctgct	acttgtgtca	ctgggtgtgta	ctctgatatt	tggcccctga	2340
55	cctcatcttc	atcactcccg	agcataatth	ggatcggcca	gtaccttgat	gctcctgttg	2400
	gaaggactta	tcctagattt	ggaattgcaa	atcagtcaca	ctggtacctc	caagaagata	2460
	ttctaccac	ttccaccgca	agtgcgtatt	caaccactac	atgttttaag	aatactgcca	2520
60	ggaatagagt	gttctgcgtc	accattgccg	aatttgcaga	tgggttggtt	ggagagtaca	2580
	ggataacacc	tcagttgtac	gaattagtga	gaaataattg	aataacaata	attttgggac	2640
65	tcattttgtc	gcaaagtga	attgtcatct	ttaaaaataa	tcaattcgat	gatttttatt	2700
	gaacatgatt	aagcaatcat	gtgggaaatt	tattatctca	taaattctaa	tagttgtaaa	2760
	tgatgaatta	agaaaaaatg	gagggcgacc	tctacacaaa	catggatata	aaacaagttg	2820

	acctgataat	acaacccgag	gttcatctcg	attcacccat	catattgaat	aaactggcac	2880
5	tattatggcg	cttgagtggg	ttacccatgc	ctgcagacct	acgacaaaaa	tccgtagtga	2940
	tgacatccc	ggaccacatc	ttagaaaaat	cagaatatcg	gatcaagcac	cgtctaggga	3000
	aaatcaagag	tgacataaca	cattactgtc	agtattttta	tattaatttg	gcaaattattg	3060
10	atccgataac	ccaccccaaa	agtttgtatt	ggttatccag	actaacaata	gctagtgtctg	3120
	gaacttttag	gcatatgaaa	gatagaatct	tgtgtacagt	tggctctgaa	tttgacaca	3180
	aaattcaaga	tttattttca	ctgctgagcc	ataaactagt	aggtaacggg	gattttattta	3240
15	atcaaagtct	ctcaggtaca	cgtttgactg	caagtccgtt	atccccttta	tgcaatcaat	3300
	ttgtctctga	catcaagtct	gcagtcacga	caccctgggtc	agaagctcgt	tggctctggc	3360
20	ttcatatcaa	acaacaatg	agatatctga	taaaacaatc	acgcactaca	aattcggctc	3420
	atttaacaga	aatcataaaa	gaagaatggg	gtttagtagg	tattactcca	gatcttgtca	3480
	ttctttttga	cagagtcaat	aatagtctga	ctgcattaac	atttgagatg	gttctaattgt	3540
25	attcagatgt	attagaatcc	cgtgacaata	ttgtgttagt	ggggcgacta	tctacctttc	3600
	tacagccagt	agttagtaga	ctggaggtgt	tgtttgatct	agtagattca	ttggcaaaaa	3660
30	tcttaggtga	cacaatatat	gagattattg	cagtgttaga	gagcttgtct	tatgggtcag	3720
	ttcaactaca	tgatgcaagt	cactctcatg	caggggtcttt	tttttcattt	aacatgaatg	3780
	aacttgataa	cacactatca	aagagggtag	atccgaaaca	caagaacact	ataatgagca	3840
35	ttataagaca	atgcttttct	aatctagatg	ttgatcaagc	tgacagagatg	ctatgcctga	3900
	tgagattatt	cggacaccca	atgttaactg	caccggatgc	agcagccaaa	gtgaggaaaag	3960
40	caatgtgtgc	tccaaaactt	gttgaacacg	acaccatctt	gcagacatta	tctttcttca	4020
	aggggataat	tataaatggg	tacagaagat	cacactctgg	cctgtggccc	aatgtagagc	4080
	cgtcttcaat	ttatgatgat	gatctcagac	agctgtactt	agagtcagca	gagatttccc	4140
45	atcattttat	gcttaaaaac	tacaagagtt	taagcatgat	agaattcaag	aagagcatag	4200
	actacgatct	tcatgatgac	ctaagtactt	tcttaaagga	tagagcaatt	tgccggccga	4260
50	aatcccagtg	ggatgtcata	tttcgtaagt	ctttacgcag	atctcatacg	cagtcccagt	4320
	atctggacga	aattaagagc	aaccgattgc	taattgattt	tcttgattct	gctgaatttg	4380
	accctggaaa	agaatttgca	tatgtaacca	caatggatta	tttgcacgat	aatgaatttt	4440
55	gtgcttcata	ttctctaaag	gaaaaggaga	tcaaaactac	tgggaggata	tttgcaaaaa	4500
	tgacacgcaa	tatgagaagt	tgccaagtaa	tacttgaatc	tttgttatca	aagcatatat	4560
60	gcaagttctt	caaagagaat	ggcgtttcga	tggagcaatt	gtcattgacc	aagagtctac	4620
	ttgcaatgtc	tcaactctca	ccaaaagtct	cgactttgca	ggacactgca	tcacgtcatg	4680
	taggtaactc	aaaatctcag	attgcaacca	gcaacccatc	tcggcatcac	tcgacacca	4740
65	atcagatgtc	actctcaaat	cgaaaaacgg	ttgtagcaac	tttcttaaca	actgacttgg	4800
	aaaaatactg	cctgcagtg	cgatattcaa	ctattaaatt	gtttgcacaa	gctctaaatc	4860

	aactcttttg	gattgatcac	ggatttgaat	ggatacat	ttt aagacttatg	aacagcacct	4920
5	tatttggttg	cgatccttac	tcgcctcctg	aagatccaac	actagaagat	atagataaag	4980
	caccaaata	tgatatcttc	atagtttctc	caaggggagg	catagagggt	ttatgtcaga	5040
	aaatgtggac	catgatata	cat tagtgcta	tacactgtgt	agcagagaaa	attggtgcac	5100
10	gagtggcagc	aatggtgcag	gggtgataat	c aagtaatagc	tatcaccaaa	gaattattca	5160
	gaggagagaa	agcttgatg	gtcagagatg	agttagacga	gcttggtcaa	gtgttttttg	5220
	atgagttcaa	gagacacaat	tatgcaattg	gacacaatct	taagctaaat	gagacaatac	5280
15	aaagccaatc	cttttttgta	tattccaaac	gaatattctt	tgaagggcga	ttgcttagtc	5340
	aagtcctcaa	aaatgctgcc	aagttatgta	tggttgctga	ccatctaggt	gaaaacactg	5400
20	tatcttcctg	tagcaacctg	agctcgacaa	ttgcccgctt	agtggaaaat	gggtttgaga	5460
	aggacactgc	ttttgtgttg	aacctagtct	acatcatgac	tcagattctt	tttgatgagc	5520
	attactcgat	tgtatgcgat	caccatagtg	tcaaaagctt	gattggatca	aaaaaccatc	5580
25	ggaatttatt	gtattcatct	ctaataccag	gtcagctcgg	cggtttcaac	ttcctcaata	5640
	taagtcggtt	gttccactag	aatatagggt	acccagtaac	atgtagtctg	tctgatctca	5700
30	aatgcttcat	agccgcaggt	ctccttccac	cctatgtcct	aaaaaatgtg	gttctgcgtg	5760
	agcctgggtc	tgggacatgg	ttgacgttgt	gctctgatcc	ttacaccctt	aacataccat	5820
	acacacagct	tccaaccaca	tatctcaaaa	agcacacca	gcatcattg	ctttcacgtg	5880
35	cagtaaatac	tttattagcc	gggtgtacaag	tgccaaatca	gcatgaggaa	gaagagatgt	5940
	tggctcgctt	tctccttgat	cgtgaatatg	tgatgccccg	cggtgtcat	gtaatactag	6000
40	aatcatcagt	ccttggtcaa	cggaaacaaa	tccaaggctt	aattgataca	actccaacca	6060
	tcattagaac	atctctagtt	aatctgccag	tgtctagaaa	gaaatgcgaa	aaaataatca	6120
	attactctct	caattatatt	gctgagtgtc	atgactcctt	acttagccag	gtctgttca	6180
45	gtgataataa	ggaataactg	tgggtcaacct	ccttaatatc	agttgagacc	tgtagtgtga	6240
	caattgcgga	ctatctgaga	gctgtcagct	gggtctaatat	attaggggga	agaaacatat	6300
50	ccgggggtgac	tacacctgat	actattgaat	taattcaagg	ttgtttaata	gggtgaaaatt	6360
	ctagtgtgtac	tctttgtgaa	tcgcatgatg	acgcattcac	gtggatgcac	ttgcctggcc	6420
	cactttacat	ccctgaacca	tcagttacta	actctaaaat	gcgtgtgcca	tatctggggt	6480
55	caaaaacaga	ggagcggaaa	acagcctcaa	tggcagcaat	aaaagggaat	tcacatcacc	6540
	tgcgtgcagt	cttaagaggc	acatccgtat	ttatttgggc	atttggggat	acagatatca	6600
60	attggggataa	tgcattgcag	attgcccatt	cacggtgtaa	catcacattg	gatcaaatga	6660
	gattacttac	accaattcct	agcagttcaa	atattcaaca	tagactcgat	gacggaatca	6720
	gcacgcagaa	atttactcct	gcaagccttg	ctcgaatcac	atccttcgtt	cacatctgta	6780
65	atgacagcca	gagggttagag	aaggatggct	catctgtcga	ctcaaacttg	atttaccagc	6840
	aaattatggt	acttggactc	agcatctttg	aaacaatgta	ctcaatggac	caaaagtggg	6900

	tattcaataa	ccataccttg	catttgcaca	ctggacactc	ctgttgtcca	agggaaactag	6960
5	acataagttt	ggtgaacccg	ccgagacatc	agacccccgga	gctgactagc	acaacaacca	7020
	acccgttcct	atatgatcag	ctcccattaa	atcaagaaaa	cttgacaaca	cttgagatta	7080
	agacatttaa	attcaatgag	ctcaacattg	atgggtttaga	ttttggtgaa	ggaatacaat	7140
10	tattgagtcg	ttgtactgca	agattaatgg	cagaatgtat	tctagaggag	ggaataggct	7200
	cgtcagttaa	aaatgaagca	attgtcaatt	ttgataattc	agtcaattgg	atttcagagt	7260
	gcctaattgtg	tgatatttcgc	tcactttgtg	ttaattttagg	tcaagagata	ctatgtagcc	7320
15	tggcatacca	aatgtattac	ttgcgaatca	ggggtagacg	ggccattctt	aattacttgg	7380
	acacaacttt	gcaaaggatc	cctgtgatac	aattagccaa	cattgcactc	accatttcgc	7440
20	accctgagat	atttcgcaga	attgtcaaca	ccgggatcca	taaccagatt	aagggcccat	7500
	atgtggcaac	aacggatttc	atagctgcaa	gtagagatat	catattatca	ggtgcaaggg	7560
	agtatctatc	ttattttaagc	agtgggcagg	aagactgtta	cacattcttc	aactgtcaag	7620
25	atggggatct	tactccaaaa	atggaacagt	atcttgcaag	gagggcatgc	cttttaacat	7680
	tattgtataa	tactgggcac	cagatccccg	ttatccgatc	actgacgcca	atagagaagt	7740
30	gcaaggtgct	cacagaatac	aatcaacaaa	ttgagtacgc	agatcaagag	tttagctctg	7800
	tactaaaagt	ggtcaatgca	ctactacaaa	atcctaagat	agatgcatta	gtttcaaadc	7860
	tctacttcac	caccagacgt	gttctatcaa	acctcagatc	atgtgataag	gctagatcat	7920
35	atattgaata	tttgtacact	gaggacttcg	gagagaaaaga	ggatacagta	caatatgaca	7980
	tcatgacaac	aaacgatatc	atacttactc	atgggtctatt	cacacagatc	gaaatatctt	8040
40	atcaagggaa	tagtctccat	aagttcctta	ctccggataa	cgcgccctgga	tctttgatcc	8100
	cattctctat	ttcaccaaat	tcacttgcac	gtgacctctc	tcatcacttg	ctcaagtcgg	8160
	tcggtacatc	aagcacaagt	tggtacaagt	atgcaatcgc	ctatgcagtg	tctgaaaaga	8220
45	ggtcagctcg	attaggaggg	agcttgtaga	ttgggtgaagg	gagcggaagt	gtgatgactt	8280
	tactcgagta	tcttgagcca	tctgttgaca	tattttacaa	ttcactcttc	tcaaagtggta	8340
50	tgaaccacc	acaacgaaat	tatgggctta	tgccactaca	atttgtgaat	tcggtggttt	8400
	ataagaactt	aacggctaaa	tcagaatgta	agctaggggt	tgtccagcaa	tttaaaccgt	8460
	tgtggagaga	catagacatt	gagactaatg	ttacagatcc	atcatttatc	aattttgcat	8520
55	tgaatgaaat	cccaatgcaa	tcattaaaac	gagtaaattg	tgatgtggaa	tttgaccgtg	8580
	gtatgccgat	tgaacgggtt	attcaggggt	acacccatat	cttacttggt	gccacttacg	8640
60	gattacagca	agattcaata	ctgtgggtga	aggatatatag	gacatctgaa	aaagtatttc	8700
	aattcttact	gagtgccatg	atcatgatct	ttgggttatgt	aaaaatccac	aggaatgggt	8760
	atatgtcgac	aaaggatgaa	gagtacatat	tgatgtctga	ctgcaaggaa	cctgtaaact	8820
65	atacagctgt	ccctaacatt	cttacacgtg	taagtgattt	agtgctgaag	aatctgagtc	8880
	ttatccatcc	agaagacctc	agaaaagtaa	ggtgtgaaac	agattccctg	aatttgaagt	8940

	gcaatcatat	ttatgagaaa	ataattgccca	gaaaaaattcc	attacaggta	tcatcaactg	9000
5	actcttttgct	cctccaatta	ggcgggtgta	tcaactcggt	gggctcaact	gatcctagag	9060
	aggttgcaac	attatcttct	attgagtgtg	tggactatgt	tgtctcatca	attgattttg	9120
	ctatatggga	ggcaaatatt	gtaatctcag	agagtgcctg	tcttgacctc	gctttaatgt	9180
10	taggccccatt	caacttaa	aagcttaaga	aaattgacac	aatccctaag	tcaagcacct	9240
	atcagcta	cccgtactgg	ttgcgctatg	agtactctat	taatccgaga	tctttgtcat	9300
	ttcta	atcac taaattaca	caatgccgaa	tttcatggtc	agatatgatc	acgattttctg	9360
15	aatttcgtaa	gaaatccaag	cggcctatat	ttatcaaacy	agtaataggg	aatcaacagc	9420
	taaaatcatt	ctttaatgaa	agctcaagta	ttgttttgac	tcgggctgaa	gttaaagtct	9480
20	gtataaagtt	cctcggtgca	atcatcaagt	tgaaataatt	tctgcgattt	taaaggggtg	9540
	taatgttcta	atttgcactt	gaagtaatat	agcttgta	attcgctag	gggataggat	9600
	aatttctcta	acctctgaat	ctatatctct	agagtataac	aaatatatac	ataataaaaa	9660
25	tgattttaag	aaaaaaaaatccg	acactcaaag	aaaattgggtg	cctgtaatat	tcttcttgcc	9720
	aaatgattgt	gaagtgtcta	gcctaactta	aaacaatcgt	attcgatagg	gaagaatgat	9780
30	atataaaata	actaataaaa	aattgtatta	gtaaaaatta	ccgtatttcc	tgtattccat	9840
	ttctgggtggg	tcggcatggc	atctccacct	cctcgcggtc	cgacctgggc	atccgaagga	9900
	ggacgcacgt	ccactcggat	ggctaaggga	gggcgctaga	gctcgctgat	cagcctcgac	9960
35	tgtgccttct	agttgccagc	catctgttgt	ttgcccctcc	cccgtgcctt	ccttgaccct	10020
	ggaaggtgcc	actcccactg	tcctttccta	ataaaatgag	gaaattgcat	cg cattgtct	10080
40	gagtaggtgt	cattctattc	tgggggggtg	gggtggggcag	gacagcaagg	gggaggattg	10140
	ggaagacaat	agcaggcatg	ctgggggatgc	gggtgggctct	atgccgcgg		10189
45	<210>	49					
	<211>	2652					
	<212>	ADN					
	<213>	secuencia artificial					
50	<220>						
	<223>	T7 polimerasa con codones optimizados					
	<400>	49					
55	atgaatacaa	ttaacatcgc	caaaaacgac	ttcagcgata	tcgaactggc	cgccatccca	60
	ttcaatacac	tggccgatca	ctatggcgag	cgcttggcca	gagagcagct	ggccctggag	120
	cacgagtcct	acgagatggg	cgaggcccg	ttccggaaga	tgttcgagcg	gcagctgaag	180
60	gccggcgaa	tggccgacaa	cgccgccgcc	aagcccctga	tcaccaccct	gctgccccaa	240
	atgatcgccc	gcattaatga	ctgggttcgaa	gaggtgaaa	ccaaaagggg	gaaacgcccc	300
	accgccttcc	agttcctgca	ggagatcaaa	cccgaggccg	tggcctatat	caccattaag	360
65	acaacactgg	cctgtctgac	aagcgccgat	aacacaacag	tgcaggccgc	cgctctgccc	420
	atcgqccqgg	ccatcgagga	cgagqccaga	ttcgqccgca	ttcgqqacct	ggaqqccaaa	480

	cacttcaaaa	agaacgtgga	agagcagctg	aacaagcggg	tgggacacgt	gtacaagaaa	540
5	gccttcatgc	aggtggtgga	ggccgatatg	ctgtctaaag	ggctgctggg	aggcgaggcc	600
	tggagctcct	ggcacaagga	agatagcatc	cacgtgggag	tgagatgcat	cgagatgctg	660
	atcgagtcta	ccgggatggt	gtccctgcac	agacagaacg	ccggggtggt	gggccaggat	720
10	agcgagacaa	ttgagctggc	ccccgagtat	gccgaagcca	ttgccacacg	ggccggcgcc	780
	ctggccggaa	tctccccaat	gttccagcca	tgtgtggtgc	tgccaaagcc	ctggacagga	840
	atcacaggcg	ggggatactg	ggccaatggc	aggaggccac	tggccctggt	gaggacacac	900
15	tccaagaagg	ccctgatgag	atatgaagac	gtgtatatgc	ctgaggtgta	taaggccatc	960
	aatatcgccc	agaacaccgc	ctggaaaatt	aataagaagg	tgctggccgt	ggccaatgtg	1020
20	atcacaaagt	ggaagcactg	cccagtggag	aatatcccag	ccattgagcg	cgaagagctg	1080
	cccatgaagc	cagagaacat	tgatatgaac	ccagaggccc	tgatcgccctg	gaagagagcc	1140
	gccgccgccg	tgtatcgcaa	ggataaagcc	aggaagtccc	gccggatcag	cctggagttc	1200
25	atgctggagc	aggccaataa	gtttgccaac	cacaaggcca	tttggtttcc	ttataatatg	1260
	gactggcgcg	ggagagtgta	cgccgtgtct	atgttcaatc	cacagggaaa	cgatatgacc	1320
30	aagggactgc	tgaccctggc	caagggcaag	cctattggga	aagagggcta	ctattggctg	1380
	aagatccacg	gggccaactg	cgccggagtg	gataaggtgc	cttttcccga	gcgcatcaag	1440
	ttcatcgagg	aaaaccacga	aaacatcatt	gcctgcgcca	agagccccct	ggaaaacaca	1500
35	tgggtgggccg	agcaggacag	ccccttttgc	tttctggcct	tttgctttga	gtacgccggc	1560
	gtgcagcacc	acggcctgtc	ctacaactgc	tccctgcccc	tggccttcga	tggatcttgt	1620
40	tctggcatcc	agcacttttc	cgccatgctg	cgcgacgagg	tggggggcag	ggccgtgaat	1680
	ctgctgccta	gcgagaccgt	gcaggatatc	tacggcatcg	tggccaagaa	ggtgaacgag	1740
	attctgcagg	ccgatgccat	taacggaaca	gacaacgagg	tggtgaccgt	gaccgatgaa	1800
45	aatacaggcg	agattttccga	gaaagtgaag	ctgggcacca	aggccctggc	cggacagtgg	1860
	ctggcctata	gcgtgacccg	gtccgtgacc	aagcgctctg	tgatgacact	ggcctacggg	1920
50	tctaaggaat	ttggattttc	gcagcaggtg	ctggaagaca	ccattcagcc	cgccatcgac	1980
	tccggaaagg	gcctgatgtt	taccagcca	aatcaggccg	ccgggtacat	ggccaagctg	2040
	atctgggaaa	gcgtgtccgt	gacagtgggtg	gccgccgtgg	aagccatgaa	ctggctgaag	2100
55	tctgccgcca	agctgctggc	cgccgaagtg	aaggacaaga	aaaccgggga	aattctgcgg	2160
	aaaagatgtg	ccgtgcactg	ggtgacccca	gacggattcc	cagtgtggca	ggagtacaag	2220
60	aagccaattc	agacaaggct	gaacctgatg	ttcctggggc	agtttcgcct	gcagccaaca	2280
	atcaacacaa	ataaggatag	cgagatcgac	gcccaacaagc	aggaatccgg	cattgccctt	2340
	aatttcgtgc	acagccagga	cggctctcac	ctgcgcaaga	cagtgggtgtg	ggcccacgag	2400
65	aagtacggca	ttgaatcttt	tgccctgatc	cacgactctt	tcggcaccat	cccagccgat	2460
	gccgccaacc	tgttcaaggc	cgtgagagag	accatggtgg	acacctacga	gagctgcgat	2520

	gtgctggccg acttttacga ccagttcgcc gatcagctgc acgaaagcca gctggataag	2580
5	atgcctgccc tgcccgccaa ggggaacctg aacctgagag acatcctgga gtccgatttc	2640
	gccttcgcct ga	2652
10	<210> 50 <211> 32 <212> ADN <213> secuencia artificial	
15	<220> <223> cebador EGFP-FP	
	<400> 50 ccgatccat ggtgagcaag ggcgaggagc tg	32
20	<210> 51 <211> 35 <212> ADN <213> secuencia artificial	
25	<220> <223> cebador EGFP-RP	
30	<400> 51 ccgcggccgc ttacttgtac agctcgtcca tgccg	35
35	<210> 52 <211> 1419 <212> ADN <213> secuencia artificial	
40	<220> <223> minigenoma de APMV8	
	<400> 52 gaattctaata acgactcact atagggacca gaaatggaat acaggaaata cggtaatttt	60
45	tactaataca attttttatt agttatttta tatatcattc ttccctatcg aatacgattg	120
	ttttaagtta ggctagacac ttcacaatca tttggcaaga agaataattac aggcaccaat	180
	tttctttgag tgtcggattt tttcttaaaa tcatttttat tatgtatata tttgttatac	240
50	tctaggaata tagattcaga ggtagagaa attatcctat cccctagcga atgattacaa	300
	gctatattac ttcaagtgc aattagaaca ttacaccctt ttaaaatcgc agaaattaca	360
55	agctatatta cttcaagtgc aaattagaac attacacccc tttaaaatcg cagaaattac	420
	ttgtacagct cgtccatgcc gagagtgatc ccggcggcgg tcacgaactc cagcaggacc	480
	atgtgatcgc gcttctcgtt ggggtctttg ctcagggcgg actgggtgct caggtagtgg	540
60	ttgtcgggca gcagcacggg gccgtcgccg atgggggtgt tctgctggta gtggtcggcg	600
	agctgcacgc tgccgtcctc gatgttggtg cggatcttga agttcacctt gatgccgttc	660
65	ttctgcttgt cggccatgat atagacgttg tggctgttgt agttgtactc cagcttgtgc	720
	cccaggatgt tgccgtcctc cttgaagtcg atgcccttca gctcgatgcg gttcaccagg	780
	gtgtcgcctt cgaacttcac ctcggcgcgg gtctttagt tgccgtcgtc cttgaagaag	840

	atggtgcgct cctggacgta gccttcgggc atggcggact tgaagaagtc gtgctgcttc	900
5	atgtggtcgg ggtagcggct gaagcactgc acgccgtagg tcaggggtggc cacgaggggtg	960
	ggccagggca cgggcagctt gccgggtggtg cagatgaact tcaggggtcag cttgccgtag	1020
	gtggcatcgc cctcgccctc gccggacacg ctgaacttgt ggccgtttac gtcgccgtcc	1080
10	agctcgacca ggatgggcac caccgcgggtg aacagctcct cgcccttgct caccatattg	1140
	agtcctatag cgacctattc aaaacctcca gtgaaattca gggtttcggc ctcgagctcg	1200
	agatccactt gcttcgcccc caataattcg attgttttat ttaaagttcc cgttgggtctt	1260
15	gcattccttg tttggtgggt cggcatggca tctccacctc ctcgcggtcc gacctgggca	1320
	tccgaaggag gacgcacgtc cactcggatg gctaaggag ggcgtagcat aacccttg	1380
20	ggcctctaaa cgggtcttga ggggtttttt ggcggccgc	1419
	<210> 53	
	<211> 1386	
25	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Gen de NP de FJ215863	
30	<400> 53	
	atgtcatctg tattcaatga gtatcaggcg cttcaagaac aacttgtaaa gccggctgtc	60
	aggagacctg atgttgccctc aacgggttta ctcagagcgg aaataacctgt ctgtgtcaca	120
35	ttatctcaag accccggtga gagatggagc cttgcttgct tgaatatcag atggcttggtg	180
	agtgattcat caaccacacc aatgaagcaa ggagcaatat tgtcactgct gagtctacat	240
40	tcagacaata tgcgagctca cgcaacatta gcagcaaggc ctgcagatgc ttcactcacc	300
	atacttgagg tagatgaagt agatattggc aactcactaa tcaaattcaa cgccagaagt	360
	ggtgtatctg ataaacgctc aaatcaattg cttgcaattg cggatgacat ccccaaagt	420
45	tgcagtaatg ggcattccatt tcttgacaca gacattgaga ccagagaccc gctcgatcta	480
	tcagagacta tagaccgcct gcaggggtatt gcagctcaga tatgggtgtc agccataaag	540
50	agcatgacag cgcttgacac cgcatcagag tcagaaagta agaggctggc caaatatcaa	600
	caacaaggcc gactgggttaa gcaagtactc ttgcattctg tagtcaggac agaatttatg	660
	agagttattc ggggcagctt ggtactgctc cagtttatgg ttagcgagt caagagggt	720
55	tcagccatgg gcggagacac atctaggtag tatgctatgg tggcgacat cagtctgtac	780
	atcaagaatg caggattgac tgcatttttc ctcaccctga agttcggagt tggtagccag	840
60	tatccaacct tagcaatgag tgttttctcc agtgacctta aaaggcttgc tgcactaatc	900
	aggctatata aaaccaaggg agacaatgca ccatacatgg cattcctgga ggactccgat	960
	atgggaaatt ttgctccagc aaattatagc acaatgtact cttatgccat gggcattggg	1020
65	acaattctgg aagcatctgt atctcgatac cagtatgcca gagactttac cagtgagaat	1080
	tatttccgtc ttggagttga gacagcccaa agccagcagg gagcatttga cgagagaaca	1140

ES 2 622 087 T3

gcccagaaaa tgggcttgac tgaggaatca aaacagcagg ttagatcact gctaattgtca 1200
 5 gtagacatgg gtcccagttc agttcatgag ccatctcgcc ctgcatttat cagtcaagaa 1260
 gaaaataggc agcctgcccc gaactcgtca gatactcagg gtcagaccaa gccagtcccg 1320
 aagcagcccg caccaagggc cgactcagat gacattgatc catacgagaa cgggctagaa 1380
 10 tggtaa 1386

<210> 54
 <211> 461
 15 <212> PRT
 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Proteína NP de AC048297
 20 <400> 54

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

ES 2 622 087 T3

5 Ser Lys Arg₁₉₅ Leu Ala Lys Tyr Gln₂₀₀ Gln Gln Gly Arg Leu₂₀₅ Val Lys Gln
 Val Leu₂₁₀ Leu His Ser Val Val₂₁₅ Arg Thr Glu Phe Met₂₂₀ Arg Val Ile Arg
 10 Gly₂₂₅ Ser Leu Val Leu Arg₂₃₀ Gln Phe Met Val Ser₂₃₅ Glu Cys Lys Arg Ala₂₄₀
 15 Ser Ala Met Gly Gly₂₄₅ Asp Thr Ser Arg Tyr₂₅₀ Tyr Ala Met Val Gly₂₅₅ Asp
 20 Ile Ser Leu Tyr₂₆₀ Ile Lys Asn Ala Gly₂₆₅ Leu Thr Ala Phe Phe₂₇₀ Leu Thr
 25 Leu Lys Phe₂₇₅ Gly Val Gly Thr Gln₂₈₀ Tyr Pro Thr Leu Ala₂₈₅ Met Ser Val
 Phe Ser₂₉₀ Ser Asp Leu Lys Arg₂₉₅ Leu Ala Ala Leu Ile₃₀₀ Arg Leu Tyr Lys
 30 Thr₃₀₅ Lys Gly Asp Asn Ala₃₁₀ Pro Tyr Met Ala Phe₃₁₅ Leu Glu Asp Ser Asp₃₂₀
 35 Met Gly Asn Phe Ala₃₂₅ Pro Ala Asn Tyr Ser₃₃₀ Thr Met Tyr Ser Tyr₃₃₅ Ala
 40 Met Gly Ile Gly₃₄₀ Thr Ile Leu Glu Ala₃₄₅ Ser Val Ser Arg Tyr₃₅₀ Gln Tyr
 45 Ala Arg Asp₃₅₅ Phe Thr Ser Glu Asn₃₆₀ Tyr Phe Arg Leu Gly₃₆₅ Val Glu Thr
 Ala Gln Ser Gln Gln Gly Ala₃₇₅ Phe Asp Glu Arg Thr₃₈₀ Ala Arg Glu Met
 50 Gly₃₈₅ Leu Thr Glu Glu Ser₃₉₀ Lys Gln Gln Val Arg₃₉₅ Ser Leu Leu Met Ser₄₀₀
 55 Val Asp Met Gly Pro₄₀₅ Ser Ser Val His Glu₄₁₀ Pro Ser Arg Pro Ala₄₁₅ Phe
 60 Ile Ser Gln Glu₄₂₀ Glu Asn Arg Gln Pro₄₂₅ Ala Gln Asn Ser Ser₄₃₀ Asp Thr
 Gln Gly Gln Thr Lys Pro Val Pro₄₄₀ Lys Gln Pro Ala Pro₄₄₅ Arg Ala Asp
 65 Ser Asp₄₅₀ Asp Ile Asp Pro Tyr₄₅₅ Glu Asn Gly Leu Glu₄₆₀ Trp

5	<210> 55 <211> 1218 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> Gen de P de FJ215863	
15	<400> 55 atggatttcg ccaatgatga agaaattgca gaacttttga atctcagcac caatgtaatc aaggagattc agaaatccga actcaagcct ccccaaacca ccggacgacc acctgtcagt caaggaaca caagaaatct aactgatcta tgggaaaaag agactgcaag tcagaccaag acaccggccc aatctccaca aaccacacaa gttcagtctg atgaaaatga ggaggagaa atcaagtccg agtcaattga tggccacatc agaggaactg ttaatcaatc agagcaagtc ccagaacaaa accagagcag atcttcacca ggtgatgatc tcgacagagc tctcaacaag cttgaaggga gaatcaattc aatcagctca atggacaaag aaattaaaaa gggccctcgc atccagaatc tccctgggtc ccaggcggca actcaacagg cgaccaccc attggcaggg gacaccccga acatgcaagc acagacaaaa gccctggcga agccacatca agaggcaatc aatcctggca accaggacac aggagagagt attcatttac caccttccat ggcaccacca gagtcattag ttggtgcaat ccgcaatgca cccaattcg tgccagacca atctatgacg aatgtagatg cggggagtgt ccaactacat gcatcatgtg cagagatgat aagtagaatg tttgtagaag ttatatccaa gcttgataaa ctcgagtcga gactgaatga tatagcaaaa gttgatgaaca ccacccccct tattaggaat gatattaacc aacttaaggc cacaaccgca ctgatgtcca accaaattgc ttccatacaa attccttgacc cagggaatgc aggggtgagg tccctctctg aaatgaaatc tgtgacgaag aaagctgctg ttgtaattgc agggtttgga gacgaccaa ctcaaattat tgaagaaggc attatggcca aagatgctct tggaaaacct gtgcctcaa catctgttat ctcagctaaa gctcagactt cttccggtgt gagtaagggt gaaatagaag gattgattgc attggtggaa acattagttg acaatgacaa gaaggcagca aaactgatta aaatgattga tcaagttaaa tcccacgccg attacgccg agtcaagcag gcaatatata atgcgtaa	60 120 180 240 300 360 420 480 540 600 660 720 780 840 900 960 1020 1080 1140 1200 1218
55	<210> 56 <211> 405 <212> PRT <213> secuencia artificial	
60	<220> <223> Proteína P de AC048298 <400> 56	
65	Met Asp Phe Ala Asn Asp Glu Glu Ile Ala Glu Leu Leu Asn Leu Ser 1 5 10 15	

ES 2 622 087 T3

	Thr	Asn	Val	Ile 20	Lys	Glu	Ile	Gln	Lys 25	Ser	Glu	Leu	Lys	Pro 30	Pro	Gln
5	Thr	Thr	Gly 35	Arg	Pro	Pro	Val	Ser	Gln	Gly	Asn	Thr	Arg 45	Asn	Leu	Thr
10	Asp	Leu 50	Trp	Glu	Lys	Glu	Thr 55	Ala	Ser	Gln	Thr	Lys 60	Thr	Pro	Ala	Gln
15	Ser 65	Pro	Gln	Thr	Thr	Gln 70	Val	Gln	Ser	Asp	Glu 75	Asn	Glu	Glu	Gly	Glu 80
	Ile	Lys	Ser	Glu	Ser 85	Ile	Asp	Gly	His	Ile 90	Arg	Gly	Thr	Val	Asn 95	Gln
20	Ser	Glu	Gln	Val 100	Pro	Glu	Gln	Asn	Gln 105	Ser	Arg	Ser	Ser	Pro 110	Gly	Asp
25	Asp	Leu	Asp 115	Arg	Ala	Leu	Asn	Lys 120	Leu	Glu	Gly	Arg	Ile 125	Asn	Ser	Ile
30	Ser	Ser 130	Met	Asp	Lys	Glu	Ile 135	Lys	Lys	Gly	Pro	Arg 140	Ile	Gln	Asn	Leu
35	Pro 145	Gly	Ser	Gln	Ala	Ala 150	Thr	Gln	Gln	Ala	Thr 155	His	Pro	Leu	Ala	Gly 160
40	Asp	Thr	Pro	Asn	Met 165	Gln	Ala	Gln	Thr	Lys 170	Ala	Leu	Ala	Lys	Pro 175	His
	Gln	Glu	Ala	Ile 180	Asn	Pro	Gly	Asn	Gln 185	Asp	Thr	Gly	Glu	Ser 190	Ile	His
45	Leu	Pro	Pro 195	Ser	Met	Ala	Pro	Pro 200	Glu	Ser	Leu	Val	Gly 205	Ala	Ile	Arg
50	Asn	Ala 210	Pro	Gln	Phe	Val	Pro 215	Asp	Gln	Ser	Met	Thr 220	Asn	Val	Asp	Ala
55	Gly 225	Ser	Val	Gln	Leu	His 230	Ala	Ser	Cys	Ala	Glu 235	Met	Ile	Ser	Arg	Met 240
	Phe	Val	Glu	Val	Ile 245	Ser	Lys	Leu	Asp	Lys 250	Leu	Glu	Ser	Arg	Leu 255	Asn
60	Asp	Ile	Ala	Lys 260	Val	Val	Asn	Thr	Thr 265	Pro	Leu	Ile	Arg	Asn 270	Asp	Ile
65	Asn	Gln	Leu 275	Lys	Ala	Thr	Thr	Ala 280	Leu	Met	Ser	Asn	Gln 285	Ile	Ala	Ser

ES 2 622 087 T3

Ile Gln Ile Leu Asp Pro Gly Asn Ala Gly Val Arg Ser Leu Ser Glu
290 295 300

5 Met Lys Ser Val Thr Lys Lys Ala Ala Val Val Ile Ala Gly Phe Gly
305 310 315 320

10 Asp Asp Pro Thr Gln Ile Ile Glu Glu Gly Ile Met Ala Lys Asp Ala
325 330 335

15 Leu Gly Lys Pro Val Pro Pro Thr Ser Val Ile Ser Ala Lys Ala Gln
340 345 350

20 Thr Ser Ser Gly Val Ser Lys Gly Glu Ile Glu Gly Leu Ile Ala Leu
355 360 365

25 Val Glu Thr Leu Val Asp Asn Asp Lys Lys Ala Ala Lys Leu Ile Lys
370 375 380

30 Met Ile Asp Gln Val Lys Ser His Ala Asp Tyr Ala Arg Val Lys Gln
385 390 395 400

Ala Ile Tyr Asn Ala
405

<210> 57
<211> 1110
35 <212> ADN
<213> secuencia artificial

<220>
40 <223> Gen de M de FJ215863

<400> 57
atggcatata caacattgaa actgtgggtg gatgagggtg acatgtcgtc ttcgctccta 60
tcattcccgt tggtactaaa agagacagac agaggcacia aggagcttca accacaggta 120
45 agggtagatt caattggcga tgtgcagaac gccaaagagt cctcgatatt cgtgactcta 180
tatggtttca tccaagcaat taaggagagt acagatcgat cgaaattctt ccatccaaaa 240
50 gatgacttca aacctgagac agtcactgca ggactggtag tggtaggtgc gatccgaatg 300
atggctgatg ttaataccat ctctaatac gcactagcgc tggagatcac tgttaagaaa 360
tctgcaactt ctcaagagaa aatgacggtg atgttccaca atagcccccc ttcattgaga 420
55 actgcaataa ctatccgagc aggaggtttc atctcgaatg cagacgagaa tataaaatgt 480
gccagcaagt tgactgcagg agtgcagtac atattccgcc caatgtttgt ttcaatcact 540
60 aaattacaca atggcaaact atataggggtg cccaaaagca tccacagcat ctcgtccact 600
ctactgtata gtgtgatgtt ggaggttaga ttcaaagtgg atattgggaa ggatcatccc 660
caggcaaaga tgctgaagaa ggtcacaatc ggcgatgcag acacatactg ggggtttgca 720
65 tggttccacc tgtgcaattt caaaaagaca tcctctaagg gaaagccaag aacgctagac 780
gaactaaaga caaagtcaa aaacatgggg ttgaaattgg agttacatga cttgtgggggt 840

ccgactattg tgggtccaaat cactggcaag agcagcaaat atgctcaagg atttttttcc 900
 5 tccaatggta cttgtttgcct cccaatcagc agatctgcac cagggccttg gaagcttctg 960
 tggctctgtt cagcaactat cgggtgacgca acagttgtta tccagtcaag cgagaaaggg 1020
 gaactcctaa ggtctgatga cctcgagata cgagggtgctg tggcctccaa gaaaggtaga 1080
 10 ctgagctcat ttcacccctt caagaaatga 1110

<210> 58
 <211> 369
 15 <212> PRT
 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Proteína M de AC048299
 20 <400> 58

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

ES 2 622 087 T3

5 Ser Ile His Ser Ile Ser Ser Thr Leu Leu Tyr Ser Val Met Leu Glu
 195 200 205
 Val Gly Phe Lys Val Asp Ile Gly Lys Asp His Pro Gln Ala Lys Met
 210 215 220
 10 Leu Lys Lys Val Thr Ile Gly Asp Ala Asp Thr Tyr Trp Gly Phe Ala
 225 230 235 240
 15 Trp Phe His Leu Cys Asn Phe Lys Lys Thr Ser Ser Lys Gly Lys Pro
 245 250 255
 20 Arg Thr Leu Asp Glu Leu Lys Thr Lys Val Lys Asn Met Gly Leu Lys
 260 265 270
 25 Leu Glu Leu His Asp Leu Trp Gly Pro Thr Ile Val Val Gln Ile Thr
 275 280 285
 Gly Lys Ser Ser Lys Tyr Ala Gln Gly Phe Phe Ser Ser Asn Gly Thr
 290 295 300
 30 Cys Cys Leu Pro Ile Ser Arg Ser Ala Pro Gly Leu Gly Lys Leu Leu
 305 310 315 320
 35 Trp Ser Cys Ser Ala Thr Ile Gly Asp Ala Thr Val Val Ile Gln Ser
 325 330 335
 40 Ser Glu Lys Gly Glu Leu Leu Arg Ser Asp Asp Leu Glu Ile Arg Gly
 340 345 350
 45 Ala Val Ala Ser Lys Lys Gly Arg Leu Ser Ser Phe His Pro Phe Lys
 355 360 365
 Lys
 50 <210> 59
 <211> 1632
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 55 <220>
 <223> Gen F de FJ215863
 60 <400> 59
 atgggtcaaa tatcagtata tctaattaat agcgtgctat tattgctggt atatcctgtg 60
 aattcgattg acaatacact cattgccccca atcggagttg ccagcgcaaa tgaatggcag 120
 cttgctgcat atacaacatc actttcaggg acaattgccg tgcgattcct acctgtgctc 180
 65 ccggataata tgactacctg tcttagagaa acaatcacta catataataa tactgtcaac 240
 aacatcttag gccactcaa atccaatctg gatgcactgc tctcatctga gacttatccc 300

5 cagacaagat taattggggc agttataggt tcaattgctc tcggtgttgc aacatcggct 360
 caaatcactg ctgcagttgc tctcaagcaa gcgcaagaca atgcaaggaa catactagca 420
 ctcaaagaag cactgtccaa aaccaatgag gcggtcaagg agcttagtag tgggttacia 480
 caaacagcta ttgcacttgg taagatacag agttttgtga atgaggaaat tctgccatct 540
 10 atcaaccaac tgagctgcga ggtgacagcc aataaacttg ggggtgtattt atctctgtat 600
 ctcacagaac tgaccaccat attcgggtgca cagctgacta accctgcatt gacttcatta 660
 tcatatcaag cgctgtacaa cctgtgtggt ggcaacatgg caatgcttac tcagaagatt 720
 15 ggaattaaac aacaagacgt taattcgcta tatgaagccg gactaatcac aggacaagtc 780
 attggttatg actctcagta ccagctgctg gtcattccagg tcaattatcc aagcatttct 840
 20 gaggtcactg gtgtacgtgc aacagaatta gtcactgtta gtgtaacaac agacaagggt 900
 gaagggaaag caattgtacc ccaatttgta gctgaaagtc gggtgactat tgaagagctt 960
 gatgtagcat cttgtaaatt cagcagcacg accctatatt gcaggcagggt caacacaagg 1020
 25 gcacttcccc cgctagtagc tagctgtctt cgaggtaact atgatgattg tcaatatacc 1080
 acagagattg gagcattatc atcccgggtat ataacactag atgggggggt cttagttaat 1140
 30 tgtaagtcaa ttgtttgtag gtgccttaat ccaagtaaga tcatctctca aaatacaaac 1200
 gctgcagtaa catatgttga tgccacaatc tgcaaaacaa ttcaattgga tgatatacaa 1260
 ctccagctgg aagggtcact atcatcagtt tatgcaagaa acatctcaat tgagatcagt 1320
 35 caggtgacca cctccgggtc tttagatatc agcagtgaga taggaaacat caataatacg 1380
 gtgaatcgtg tggaggattt aattcaccaa tcagaggaat ggctggcaaa ggttaacca 1440
 40 cacattgtta ataatacaac actaatcgta ctctgtgtgt taagtgcgct tgctgtgatc 1500
 tggctggcag tattaacggc tattataata tacttgagaa caaagttgaa gactatatcg 1560
 gcattagctg taaccaatac aatacagtct aaccctatg ttaaccaaac gaaacgtgaa 1620
 45 tctaagtttt ga 1632

50 <210> 60
 <211> 543
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

55 <220>
 <223> Proteína F de AC048300
 <400> 60

60 Met Gly Gln Ile Ser Val Tyr Leu Ile Asn Ser Val Leu Leu Leu Leu
 1 5 10 15

65 Val Tyr Pro Val Asn Ser Ile Asp Asn Thr Leu Ile Ala Pro Ile Gly
 20 25 30

Val Ala Ser Ala Asn Glu Trp Gln Leu Ala Ala Tyr Thr Thr Ser Leu
 35 40 45

ES 2 622 087 T3

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

5 Asp Val Ala Ser Cys₃₂₅ Lys Phe Ser Ser Thr₃₃₀ Thr Leu Tyr Cys Arg₃₃₅ Gln
 Val Asn Thr Arg₃₄₀ Ala Leu Pro Pro Leu₃₄₅ Val Ala Ser Cys Leu₃₅₀ Arg Gly
 10 Asn Tyr Asp₃₅₅ Asp Cys Gln Tyr Thr₃₆₀ Thr Glu Ile Gly Ala₃₆₅ Leu Ser Ser
 15 Arg Tyr₃₇₀ Ile Thr Leu Asp Gly₃₇₅ Gly Val Leu Val Asn₃₈₀ Cys Lys Ser Ile
 20 Val Cys Arg Cys Leu Asn₃₉₀ Pro Ser Lys Ile Ile₃₉₅ Ser Gln Asn Thr Asn₄₀₀
 Ala Ala Val Thr Tyr₄₀₅ Val Asp Ala Thr Ile₄₁₀ Cys Lys Thr Ile Gln₄₁₅ Leu
 25 Asp Asp Ile Gln₄₂₀ Leu Gln Leu Glu Gly₄₂₅ Ser Leu Ser Ser Val₄₃₀ Tyr Ala
 30 Arg Asn Ile₄₃₅ Ser Ile Glu Ile Ser₄₄₀ Gln Val Thr Thr Ser₄₄₅ Gly Ser Leu
 35 Asp Ile₄₅₀ Ser Ser Glu Ile Gly₄₅₅ Asn Ile Asn Asn Thr₄₆₀ Val Asn Arg Val
 40 Glu Asp Leu Ile His Gln₄₇₀ Ser Glu Glu Trp Leu₄₇₅ Ala Lys Val Asn Pro₄₈₀
 His Ile Val Asn Asn₄₈₅ Thr Thr Leu Ile Val₄₉₀ Leu Cys Val Leu Ser₄₉₅ Ala
 45 Leu Ala Val Ile₅₀₀ Trp Leu Ala Val Leu₅₀₅ Thr Ala Ile Ile Ile₅₁₀ Tyr Leu
 50 Arg Thr Lys₅₁₅ Leu Lys Thr Ile Ser₅₂₀ Ala Leu Ala Val Thr₅₂₅ Asn Thr Ile
 55 Gln Ser₅₃₀ Asn Pro Tyr Val Asn₅₃₅ Gln Thr Lys Arg Glu₅₄₀ Ser Lys Phe
 60 <210> 61
 <211> 1734
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 <220>
 65 <223> Gen de HN de FJ215863
 <400> 61
 atgagtaaca ttgcatccag tttagaaaac attgtagagc aggatagtcg aaaaacaact

	tggagagcca tcttttagatg gtccgttctt cttatcacaa caggatgctt agccttatcc	120
5	attattagca tagttcaaat tggaaatttg aaaattcctt ctgtagggga tctggctgat	180
	gaagtgggtga cacccttgaa aaccactctg tctgatacac tcaggaatcc aattaaccag	240
	ataaatgaca tatttaggat tgttgccctt gatattccat tgcaagtgc caatatccaa	300
10	aaagaccttg caagtcaatt taacatggtg atagatagtt taaatgctat caaattaggc	360
	aacgggacca accttatcat acctacatca gacaaggagt atgcaggagg aattggaaac	420
15	cctgtattta ctgtcgtatg tggagggttct ataggattca aacagttag cttaatagaa	480
	catccgagct ttattgctgg acctacaacg acccgaggct gtacaagaat acccactttt	540
	cacatgtcag aaagtcattg gtgctactca cacaacatca tcgctgctgg ctgtcaagat	600
20	gccagtgcac ccagtatgta tatctcaatg ggagttctcc atgtgtcctc atctggcact	660
	cccatttttc ttactactgc aagtgcgtg atagacgatg gagttaaccg taagtcatgc	720
25	agcattgtag caacccgatt tggctgtgac attttgtgca gtattgtcac agagaaggag	780
	ggagatgatt actgggtctga tactccgact ccaatgcgcc acggccgttt ttcattcaat	840
	ggtagttttg tagaagccga actaccagtg tccagtatgt tctcgtcatt ctctgccaac	900
30	taccctgctg tgggatcagg cgaaattgta aaagatagaa tattattccc aatttacgga	960
	ggtataaagc agacttcacc agagtttacc gaattagtga aatacggact ctttgtatca	1020
35	acacctacaa ctgtgtgcca gagtagctgg acttatgacc aggtaaaagc agcgtatagg	1080
	ccagattaca tatcaggccg gttctgggca caagtgatac tcagctgcgc tcttgatgca	1140
	gtcgacttat caagttgtat tgtaaagatt atgaatagca gcacagtgat gatggcagcg	1200
40	gaaggaagga taatgaagat agggattgat tacttttact atcagcggtc atcttcttgg	1260
	tggccatttg catttggttac aaaactagac ccgcaagaat tggcagacac aaactcaata	1320
45	tggctgacca attccatacc aatcccgcga tcaaagttcc ctcggccttc atattcagaa	1380
	aattattgca caaagccagc agtttgcctt gctacttggtg tcaactggtgt gtactctgat	1440
	atgtggcccc tgacctcatc ttcactcctc ccgagcataa tttggatcgg ccagtacctt	1500
50	gatgtccttg ttagaaggac ttatcccaga tttggaattg caaatcagtc acactggtac	1560
	ctccaagaag atattctacc cacttccacc gcaagtgcgt attcaaccac tacatgtttt	1620
55	aagaatactg ccaggaatag agtggttctgc gtcaccattg ccgaatttgc agatggggtg	1680
	tttggagagt acaggataac acctcagttg tacgaattag tgagaaataa ttga	1734
60	<210> 62	
	<211> 577	
	<212> PRT	
	<213> secuencia artificial	
65	<220>	
	<223> Proteína HN de AC048301	
	<400> 62	

ES 2 622 087 T3

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

ES 2 622 087 T3

	Arg	His	Gly 275	Arg	Phe	Ser	Phe	Asn 280	Gly	Ser	Phe	Val	Glu 285	Ala	Glu	Leu
5	Pro	Val 290	Ser	Ser	Met	Phe	Ser 295	Ser	Phe	Ser	Ala	Asn 300	Tyr	Pro	Ala	Val
10	Gly 305	Ser	Gly	Glu	Ile	Val 310	Lys	Asp	Arg	Ile	Leu 315	Phe	Pro	Ile	Tyr	Gly 320
15	Gly	Ile	Lys	Gln	Thr 325	Ser	Pro	Glu	Phe	Thr 330	Glu	Leu	Val	Lys	Tyr 335	Gly
20	Leu	Phe	Val	Ser 340	Thr	Pro	Thr	Thr	Val 345	Cys	Gln	Ser	Ser	Trp 350	Thr	Tyr
25	Asp	Gln	Val 355	Lys	Ala	Ala	Tyr	Arg 360	Pro	Asp	Tyr	Ile	Ser 365	Gly	Arg	Phe
30	Trp	Ala 370	Gln	Val	Ile	Leu	Ser 375	Cys	Ala	Leu	Asp	Ala 380	Val	Asp	Leu	Ser
35	Ser 385	Cys	Ile	Val	Lys	Ile 390	Met	Asn	Ser	Ser	Thr 395	Val	Met	Met	Ala	Ala 400
40	Glu	Gly	Arg	Ile	Met 405	Lys	Ile	Gly	Ile	Asp 410	Tyr	Phe	Tyr	Tyr	Gln 415	Arg
45	Ser	Ser	Ser	Trp 420	Trp	Pro	Leu	Ala	Phe 425	Val	Thr	Lys	Leu	Asp 430	Pro	Gln
50	Glu	Leu	Ala 435	Asp	Thr	Asn	Ser	Ile 440	Trp	Leu	Thr	Asn	Ser 445	Ile	Pro	Ile
55	Pro	Gln 450	Ser	Lys	Phe	Pro	Arg 455	Pro	Ser	Tyr	Ser	Glu 460	Asn	Tyr	Cys	Thr
60	Lys 465	Pro	Ala	Val	Cys	Pro	Ala 470	Thr	Cys	Val	Thr 475	Gly	Val	Tyr	Ser	Asp 480
65	Ile	Trp	Pro	Leu	Thr 485	Ser	Ser	Ser	Ser	Leu 490	Pro	Ser	Ile	Ile	Trp 495	Ile
70	Gly	Gln	Tyr	Leu 500	Asp	Ala	Pro	Val	Arg 505	Arg	Thr	Tyr	Pro	Arg 510	Phe	Gly
75	Ile	Ala	Asn 515	Gln	Ser	His	Trp	Tyr 520	Leu	Gln	Glu	Asp	Ile 525	Leu	Pro	Thr
80	Ser	Thr 530	Ala	Ser	Ala	Tyr	Ser 535	Thr	Thr	Thr	Cys	Phe 540	Lys	Asn	Thr	Ala

ES 2 622 087 T3

Arg Asn Arg Val Phe Cys Val Thr Ile Ala Glu Phe Ala Asp Gly Leu
545 550 555 560

5 Phe Gly Glu Tyr Arg Ile Thr Pro Gln Leu Tyr Glu Leu Val Arg Asn
565 570 575

Asn

10

<210> 63
<211> 6717
15 <212> ADN
<213> secuencia artificial

<220>
20 <223> Gen de L de FJ215863

<400> 63
atggatataa aacaagttga cctgataata caacccgagg ttcattctcga ttcacccatc 60
atattgaata aactggcact attatggcgc ttgagtgggt taccatgccc tgcagacctc 120
25 cgacaaaaat ccgtagtgat gcacatcccg gaccacatct tagaaaaatc agaatatcgg 180
atcaagcacc gtctagggaa aatcaagagt gacataaacac attactgcca gtattttaat 240
30 attaatattg caaatcttga tccgataacc caccaccaaa gtttgatttg gttatccaga 300
ctaacaatag ctagtgtctg aacctttaga catatgaaag atagaatctt gtgtacagtt 360
ggctctgaat tcggacacaa aattcaagat ttattttcac tgttgagcca taaactagta 420
35 ggtaacggtg atttatttaa tcaaagtctc tcagggtacac gtttgactgc gagtccgtta 480
tcccccttat gcgatcaatt tgtctctgac atcaagtctg cagtcacgac accctgggtc 540
40 gaagctcggt ggtcttgggt tcatatcaaa caaacaatga gatattctaat aaaacaatca 600
tgcactacaa attcgggtca tttaacagaa atcataaaaag aggaatgggg tttagtaggt 660
attactccag atcttgtcat tctttttgac agagtcaata atagtctgac tgcattaaca 720
45 tttgagatgg ttctaattga ttcagatgta ttagaatccc gtgacaatat tgtgttagtg 780
gggcgactat ctacctttct acagccagta gttagtagac tggagggtgt gtttgatcta 840
50 gtagattcat tggcaaaaat cttagggtgac acaatatatg agattattgc agtgttagag 900
agcttgtctt atgggtcagt tcaactacat gatgcaagtc actctcatgc aggggtcttt 960
ttttcattta acatgaatga acttgataac acactatcaa agagggtaga tccgaaacac 1020
55 aagaacacca taatgagcat tataagacaa tgcttttcta atctagatgt tgatcaagct 1080
gcagagatgc tatgcctgat gagattattc ggacacccaa tgttaactgc accggatgca 1140
60 gcagccaaag tgaggaaagc aatgtgtgct ccaaaacttg ttgaacacga caccatcttg 1200
cagacattat ctttcttcaa ggggataatt ataaatgggt acagaagatc acactctggc 1260
ctgtggccca atgtagagcc gtcttcaatt tatgatgatg atctcagaca gctgtactta 1320
65 gagtcagcag agattttcca tcatttcatg cttaaaaact acaagagttt gagcatgata 1380
gaattcaaga agagcataga ctacgatctt catgatgact taagtacttt cttaaaggat 1440

	agagcaat	ttt	gccggccgaa	atcccagtg	gatgtcatat	ttcgtaaatc	tttacgcaga	1500
5	tctcat	acgc	agtcccagta	tctagacgaa	attaagagca	accggttgct	aattgatttt	1560
	cttgattctg	ctgaatttga	ccctgaaaaa	gaatttgc	atgtaaccac	aatggattat		1620
	ttgcacgata	atgaat	tttg	tgcttc	catat	tctctaaagg	aaaaggagat	1680
10	gggaggatat	ttgcaaaaat	gacacgcaat	atgagaagtt	gccaagtaat	acttgaatct		1740
	ttgttatcaa	agcatatatg	caagttcttc	aaagagaatg	gcgtttcgat	ggagcaattg		1800
	tcattgacca	agagtctact	tgcaatgtct	caactctcac	caaaagtctc	gactttgcag		1860
15	gacactgcat	cacgtcatgt	aggcaactca	aaatctcaga	ttgcaaccag	caacccatct		1920
	cggcatcact	cgacagccaa	tcagatgtca	ctctcaa	atc	gaaaaacggt	tgtagcaact	1980
20	ttcttaacaa	ctgacttgga	aaaatactgc	ctgcagtg	ggc	gatactcaac	tattaaattg	2040
	tttgcacaag	ctctaaatca	actctttggg	attgatcacg	gatttgaatg	gatacattta		2100
	agacttatga	acagcacctt	at	ttgttggc	gatccttact	cgctcctga	agatccaaca	2160
25	ctagaagata	tagataaagc	accaa	atgat	gatactcttca	tagtttctcc	aaggggaggc	2220
	atagaggggt	tatgtcagaa	aatgtggacc	atgatatcaa	ttagtgtctat	acactgtgta		2280
30	gcagagaaaa	ttggtgcacg	agtggcagca	atggtgcagg	gtgataatca	agtaatagct		2340
	atcaccaaag	aactattcag	aggagaaaaa	gcttgtgatg	tcagagatga	gtagacgag		2400
	cttgggtcaag	tg	tttttttga	tgagttcaag	agacacaatt	atgcaattgg	acacaatctt	2460
35	aagctaaatg	agacaataca	aagccaatcc	ttttttgtat	attccaaacg	aatattcttt		2520
	gaagggcgat	tgcttagtca	agtcctcaaa	aatgctgcca	agttatgtat	ggttgctgac		2580
40	catctaggtg	aaaacactgt	atcttcctgt	agcaacctga	gctcgacaat	tgcccgcttg		2640
	gtggaaaatg	ggtttgagaa	ggacactgct	tttgtgttga	acctagtcta	catcatgact		2700
	cagattcttt	ttgatgagca	ttactcgatt	gtatgcgatc	accatagtgt	caaaagtttg		2760
45	attggatcaa	aaaaccatcg	gaatttattg	tactcatctc	taataccagg	tcagctcggc		2820
	ggtttcaact	tcctcaatat	aagtcgggtg	ttcactagga	atataggtga	cccagtaaca		2880
50	tgtagtctgt	ctgatctcaa	atgcttcata	gccgcaggtc	tccttcacc	ctatgtccta		2940
	aaaaatgtgg	ttctgcgtga	gcctggtcct	gggacatggt	tgacgttg	tg	ctctgac	3000
	tacaccctta	acataccata	cacacagctt	ccaaccacat	atctcaaaaa	gcacaccag		3060
55	cgatcattgc	tttcacgtgc	agtaa	atcct	ttattagccg	gtgtacaagt	gccaaatcag	3120
	catgaggaag	aagagggtgt	ggctcgcttt	ctccttgatc	gtgaatatgt	gatgccccgc		3180
60	gttgctcatg	taataactaga	aacatcggtc	cttggcaaac	ggaaacaaat	ccaaggctta		3240
	attgatacaa	ctccaacat	cattagaaca	tctctagtta	atctgccagt	gtctagaaag		3300
	aaatgcgaaa	aaataatcaa	ttactctctc	aattatattg	ctgagtgtca	tgactcctta		3360
65	cttagccagg	tctgcttcag	tgataataag	gaataacttg	ggtcaacctc	cttaatatca		3420
	gttgagacat	gtagtgtgac	aatcgcg	ggac	tatctgagag	ctgtcagctg	gtctaataata	3480

	ttagggggaa	gaaacatatc	cggggtgact	acacctgata	ctattgaatt	aattcaaggt	3540
5	tgtttaatag	gtgaaaattc	tagttgtact	ctttgtgaat	cgcatgatga	cgcattcacg	3600
	tggatgcact	tgccctggccc	actttacatc	cctgaaccat	cagttactaa	ctctaaaatg	3660
	cgtgtgccat	atctgggttc	gaaaacagag	gagcgtaaaa	cagcctcaat	ggcagcaata	3720
10	aaaggaatgt	cacatcacct	gcgtgcagtc	ttaagaggca	catccgtatt	tatttgggca	3780
	tttggggata	cagatattaa	ttgggataat	gcattgcaga	ttgcccaatc	acggtgtaac	3840
	atcacattgg	atcaaagtag	attacttaca	ccaattccta	gcagttcaaa	tattcaacat	3900
15	agactcgatg	acggaatcag	cacgcagaaa	tttactcctg	caagccttgc	tcgaatcaca	3960
	tccttcgttc	acatctgtaa	tgacagccag	aggttagaga	aggatggctc	atctgttgac	4020
20	tcaaacttga	tttaccagca	aattatgtta	cttggactca	gcatctttga	aacaatgtac	4080
	tcaatggacc	aaaagtgggt	attcaataac	cataccttgc	at ttgcacac	tggacactcc	4140
	tgttgtccaa	gggaactaga	cataagtttg	gtgaacccgc	cgagacatca	gaccccgag	4200
25	ctgactagca	caacaaccaa	cccgttccta	tatgatcagc	tcccattaaa	tcaagaaaac	4260
	ttgacaacac	ttgagattaa	gacatttaaa	ttcaatgagc	tcaacattga	tggtttagat	4320
30	tttgggtgaag	gaatacaatt	attgagtcgt	tgtactgcaa	gattgatggc	agaatgtatt	4380
	ctagaggagg	gaataggctc	gtcagttaaa	aatgaagcaa	ttgtcaattt	tgataattca	4440
	gtcaattgga	tttcagagtg	cctaattgtg	gatattcgct	cactttgtgt	taatttaggt	4500
35	caagagatac	tatgtagcct	ggcataccaa	atgtattact	tgcgaaatcag	gggtagacgg	4560
	gccattctta	attacttgga	cacaactttg	caaaggatcc	ctgtgataca	attagccaac	4620
40	attgcactca	ccatttcgca	ccctgagata	tttcgcagaa	ttgtcaacac	cgggatccat	4680
	aaccagatta	agggcccata	tgtcgcaca	acggatttca	tagctgcaag	tagagatatc	4740
	atattatcag	gtgcaaggga	gtatctatct	tatttaagca	gtgggcagga	agactgttac	4800
45	acattcttca	actgtcaaga	tggggatctt	actccaaaaa	tggaacagta	tcttgcaagg	4860
	agggcatgcc	ttttaacatt	attgtataat	actgggcacc	agatccccgt	tatccgatca	4920
50	ctgacaccaa	tagagaagtg	caagggtgctc	acagaataca	atcaacaaat	tgagtatgca	4980
	gatcaagagt	ttagctctgt	attaaaagtg	gtcaatgcac	tactacaaaa	tcctaagata	5040
	gatgcattag	tttcaaattc	ctacttcacc	accagacgtg	ttctatcaaa	cctcagatca	5100
55	tgtgataagg	ctagatcata	tattgaatat	ttgtacactg	aggacttcgg	agagaaagag	5160
	gatacagtac	aatatgacat	catgacaaca	aacgatatca	tacttactca	tgggtctattc	5220
60	acacagatcg	aaatatctta	tcaagggaat	agtctccata	agttccttac	tccggataac	5280
	gcgccctggat	ctttgatccc	attctctatt	tcaccaaatt	cacttgcatg	tgatcctctt	5340
	catcacttgc	tcaagtcggt	cgggtacatca	agcacaagtt	ggtacaagta	tgcaatcgcc	5400
65	tatgcagtgt	ctgaaaagag	gtcagctcga	ttaggagggga	gcttgtagat	tgggtgaaggg	5460
	agcgggaagtg	tgatgacttt	actcgagtat	cttgagccat	ctgttgacat	at tttaaat	5520

5	tcactcttct	caaatgggat	gaacccacca	caacgaaatt	atgggcttat	gccactacaa	5580
	tttgtgaatt	cgggtggttta	taagaactta	acggctaaat	cagaatgtaa	gctagggttt	5640
	gtccagcaat	ttaaaccggt	gtggagagac	atagacattg	agactaatgt	tacagatcca	5700
10	tcatttgtca	attttgcatt	gaatgaaatc	ccaatgcaat	cattaaaacg	agtaaattgt	5760
	gatgtggaat	ttgaccgtgg	tatgccgatt	gaacgggtta	ttcagggtta	tacccatatc	5820
	ttacttgttg	ctacttacgg	attacagcaa	gattcaatac	tgtgggtgaa	ggtatatagg	5880
15	acatctgaaa	aagtatttca	attcttactg	agtgccatga	tcatgatctt	tggttatgtc	5940
	aaaatccaca	ggaatgggta	tatgtcgaca	aaggatgaag	agtacatatt	gatgtctgac	6000
	tgcaaggaac	ctgtaaacta	tacagctgtc	cctaacattc	ttacacgtgt	aagtgattta	6060
20	gtgtcgaaga	atctgagtct	tatccatcca	gaagacctca	gaaaagtaag	gtgtgaaaca	6120
	gattccctga	atttgaagtg	caatcatatt	tatgagaaaa	taattgccag	aaaaattcca	6180
	ttacagggtat	catcaactga	ttctttgctc	ctccaattag	gcggtgttat	caactcgggtg	6240
25	ggctcaactg	atcctagaga	ggttgcaaca	ttatcttcta	ttgagtgtat	ggactatggt	6300
	gtctcatcaa	ttgatttggc	tatattggag	gcaaataattg	taatctcaga	gagtgtctggt	6360
	cttgacctcg	ctttaatggt	aggcccatc	aacttgaata	agcttaagaa	aattgataca	6420
30	atccttaagt	caagcaccta	tcagctaatc	ccgtactggt	tgcgctatga	gtactctatt	6480
	aatccgagat	ctttgtcatt	tctaatact	aaattacaac	aatgccgaat	ttcatgggtca	6540
	gatatgatca	cgatttctga	atttcgtaag	aaatccaagc	ggcctatat	tatcaaacga	6600
35	gtaatagggg	atcaacagct	aaaatcattc	tttaatgaaa	gctcaagtat	tgttttgact	6660
	cgggctgaag	ttaaagtctg	tataaagttc	ctcgggtgcaa	tcatcaagtt	gaaataa	6717

	<210>	64
	<211>	2238
45	<212>	PRT
	<213>	secuencia artificial

50

<220>	
<223>	Proteína L de ACO48302
<400>	64

Met Asp Ile Lys Gln Val Asp Leu Ile Ile Gln Pro Glu Val His Leu
1 5 10 15

Asp Ser Pro Ile Ile Leu Asn Lys Leu Ala Leu Leu Trp Arg Leu Ser
20 25 30

60 Gly Leu Pro Met Pro Ala Asp Leu Arg Gln Lys Ser Val Val Met His
35 40 45

65 Ile Pro Asp His Ile Leu Glu Lys Ser Glu Tyr Arg Ile Lys His Arg
50 55 60

ES 2 622 087 T3

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

ES 2 622 087 T3

	Asp	Pro	Lys	His 340	Lys	Asn	Thr	Ile	Met 345	Ser	Ile	Ile	Arg	Gln 350	Cys	Phe
5	Ser	Asn	Leu 355	Asp	Val	Asp	Gln	Ala 360	Ala	Glu	Met	Leu	Cys 365	Leu	Met	Arg
10	Leu	Phe 370	Gly	His	Pro	Met	Leu 375	Thr	Ala	Pro	Asp	Ala 380	Ala	Ala	Lys	Val
15	Arg 385	Lys	Ala	Met	Cys	Ala 390	Pro	Lys	Leu	Val	Glu 395	His	Asp	Thr	Ile	Leu 400
20	Gln	Thr	Leu	Ser	Phe 405	Phe	Lys	Gly	Ile	Ile 410	Ile	Asn	Gly	Tyr	Arg 415	Arg
25	Ser	His	Ser	Gly 420	Leu	Trp	Pro	Asn	Val 425	Glu	Pro	Ser	Ser	Ile 430	Tyr	Asp
30	Asp	Asp	Leu 435	Arg	Gln	Leu	Tyr	Leu 440	Glu	Ser	Ala	Glu	Ile 445	Ser	His	His
35	Phe	Met 450	Leu	Lys	Asn	Tyr	Lys 455	Ser	Leu	Ser	Met	Ile 460	Glu	Phe	Lys	Lys
40	Ser 465	Ile	Asp	Tyr	Asp	Leu 470	His	Asp	Asp	Leu	Ser 475	Thr	Phe	Leu	Lys	Asp 480
45	Arg	Ala	Ile	Cys	Arg 485	Pro	Lys	Ser	Gln	Trp 490	Asp	Val	Ile	Phe	Arg 495	Lys
50	Ser	Leu	Arg	Arg 500	Ser	His	Thr	Gln	Ser 505	Gln	Tyr	Leu	Asp	Glu 510	Ile	Lys
55	Ser	Asn	Arg 515	Leu	Leu	Ile	Asp	Phe 520	Leu	Asp	Ser	Ala	Glu 525	Phe	Asp	Pro
60	Glu	Lys 530	Glu	Phe	Ala	Tyr	Val 535	Thr	Thr	Met	Asp	Tyr 540	Leu	His	Asp	Asn
65	Glu 545	Phe	Cys	Ala	Ser	Tyr 550	Ser	Leu	Lys	Glu	Lys 555	Glu	Ile	Lys	Thr	Thr 560
70	Gly	Arg	Ile	Phe	Ala 565	Lys	Met	Thr	Arg	Asn 570	Met	Arg	Ser	Cys	Gln 575	Val
75	Ile	Leu	Glu	Ser 580	Leu	Leu	Ser	Lys	His 585	Ile	Cys	Lys	Phe	Phe 590	Lys	Glu
80	Asn	Gly	Val 595	Ser	Met	Glu	Gln	Leu 600	Ser	Leu	Thr	Lys	Ser 605	Leu	Leu	Ala

ES 2 622 087 T3

	Met	Ser	Gln	Leu	Ser	Pro	Lys	Val	Ser	Thr	Leu	Gln	Asp	Thr	Ala	Ser
	610						615					620				
5	Arg	His	Val	Gly	Asn	Ser	Lys	Ser	Gln	Ile	Ala	Thr	Ser	Asn	Pro	Ser
	625					630					635					640
10	Arg	His	His	Ser	Thr	Ala	Asn	Gln	Met	Ser	Leu	Ser	Asn	Arg	Lys	Thr
					645					650					655	
15	Val	Val	Ala	Thr	Phe	Leu	Thr	Thr	Asp	Leu	Glu	Lys	Tyr	Cys	Leu	Gln
				660					665					670		
20	Trp	Arg	Tyr	Ser	Thr	Ile	Lys	Leu	Phe	Ala	Gln	Ala	Leu	Asn	Gln	Leu
			675					680					685			
25	Phe	Gly	Ile	Asp	His	Gly	Phe	Glu	Trp	Ile	His	Leu	Arg	Leu	Met	Asn
		690					695					700				
30	Ser	Thr	Leu	Phe	Val	Gly	Asp	Pro	Tyr	Ser	Pro	Pro	Glu	Asp	Pro	Thr
	705					710					715					720
35	Leu	Glu	Asp	Ile	Asp	Lys	Ala	Pro	Asn	Asp	Asp	Ile	Phe	Ile	Val	Ser
					725					730					735	
40	Pro	Arg	Gly	Gly	Ile	Glu	Gly	Leu	Cys	Gln	Lys	Met	Trp	Thr	Met	Ile
				740					745					750		
45	Ser	Ile	Ser	Ala	Ile	His	Cys	Val	Ala	Glu	Lys	Ile	Gly	Ala	Arg	Val
			755					760					765			
50	Ala	Ala	Met	Val	Gln	Gly	Asp	Asn	Gln	Val	Ile	Ala	Ile	Thr	Lys	Glu
		770					775					780				
55	Leu	Phe	Arg	Gly	Glu	Lys	Ala	Cys	Asp	Val	Arg	Asp	Glu	Leu	Asp	Glu
	785					790					795					800
60	Leu	Gly	Gln	Val	Phe	Phe	Asp	Glu	Phe	Lys	Arg	His	Asn	Tyr	Ala	Ile
					805					810					815	
65	Gly	His	Asn	Leu	Lys	Leu	Asn	Glu	Thr	Ile	Gln	Ser	Gln	Ser	Phe	Phe
				820					825					830		
70	Val	Tyr	Ser	Lys	Arg	Ile	Phe	Phe	Glu	Gly	Arg	Leu	Leu	Ser	Gln	Val
			835					840					845			
75	Leu	Lys	Asn	Ala	Ala	Lys	Leu	Cys	Met	Val	Ala	Asp	His	Leu	Gly	Glu
		850					855					860				
80	Asn	Thr	Val	Ser	Ser	Cys	Ser	Asn	Leu	Ser	Ser	Thr	Ile	Ala	Arg	Leu
	865					870					875					880

Val Glu Asn Gly Phe Glu Lys Asp Thr Ala Phe Val Leu Asn Leu Val
 885 890 895
 5 Tyr Ile Met Thr Gln Ile Leu Phe Asp Glu His Tyr Ser Ile Val Cys
 900 905 910
 10 Asp His His Ser Val Lys Ser Leu Ile Gly Ser Lys Asn His Arg Asn
 915 920 925
 15 Leu Leu Tyr Ser Ser Leu Ile Pro Gly Gln Leu Gly Gly Phe Asn Phe
 930 935 940
 20 Leu Asn Ile Ser Arg Leu Phe Thr Arg Asn Ile Gly Asp Pro Val Thr
 945 950 955 960
 25 Cys Ser Leu Ser Asp Leu Lys Cys Phe Ile Ala Ala Gly Leu Leu Pro
 965 970 975
 30 Pro Tyr Val Leu Lys Asn Val Val Leu Arg Glu Pro Gly Pro Gly Thr
 980 985 990
 35 Trp Leu Thr Leu Cys Ser Asp Pro Tyr Thr Leu Asn Ile Pro Tyr Thr
 995 1000 1005
 40 Gln Leu Pro Thr Thr Tyr Leu Lys Lys His Thr Gln Arg Ser Leu
 1010 1015 1020
 45 Leu Ser Arg Ala Val Asn Pro Leu Leu Ala Gly Val Gln Val Pro
 1025 1030 1035
 50 Asn Gln His Glu Glu Glu Glu Val Leu Ala Arg Phe Leu Leu Asp
 1040 1045 1050
 55 Arg Glu Tyr Val Met Pro Arg Val Ala His Val Ile Leu Glu Thr
 1055 1060 1065
 60 Ser Val Leu Gly Lys Arg Lys Gln Ile Gln Gly Leu Ile Asp Thr
 1070 1075 1080
 65 Thr Pro Thr Ile Ile Arg Thr Ser Leu Val Asn Leu Pro Val Ser
 1085 1090 1095
 70 Arg Lys Lys Cys Glu Lys Ile Ile Asn Tyr Ser Leu Asn Tyr Ile
 1100 1105 1110
 75 Ala Glu Cys His Asp Ser Leu Leu Ser Gln Val Cys Phe Ser Asp
 1115 1120 1125
 80 Asn Lys Glu Tyr Leu Trp Ser Thr Ser Leu Ile Ser Val Glu Thr
 1130 1135 1140

ES 2 622 087 T3

	Cys	Ser	Val	Thr	Ile	Ala	Asp	Tyr	Leu	Arg	Ala	Val	Ser	Trp	Ser
	1145						1150					1155			
5	Asn	Ile	Leu	Gly	Gly	Arg	Asn	Ile	Ser	Gly	Val	Thr	Thr	Pro	Asp
	1160						1165					1170			
10	Thr	Ile	Glu	Leu	Ile	Gln	Gly	Cys	Leu	Ile	Gly	Glu	Asn	Ser	Ser
	1175						1180					1185			
15	Cys	Thr	Leu	Cys	Glu	Ser	His	Asp	Asp	Ala	Phe	Thr	Trp	Met	His
	1190						1195					1200			
20	Leu	Pro	Gly	Pro	Leu	Tyr	Ile	Pro	Glu	Pro	Ser	Val	Thr	Asn	Ser
	1205						1210					1215			
25	Lys	Met	Arg	Val	Pro	Tyr	Leu	Gly	Ser	Lys	Thr	Glu	Glu	Arg	Lys
	1220						1225					1230			
30	Thr	Ala	Ser	Met	Ala	Ala	Ile	Lys	Gly	Met	Ser	His	His	Leu	Arg
	1235						1240					1245			
35	Ala	Val	Leu	Arg	Gly	Thr	Ser	Val	Phe	Ile	Trp	Ala	Phe	Gly	Asp
	1250						1255					1260			
40	Thr	Asp	Ile	Asn	Trp	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ile	Ala	Gln	Ser	Arg
	1265						1270					1275			
45	Cys	Asn	Ile	Thr	Leu	Asp	Gln	Met	Arg	Leu	Leu	Thr	Pro	Ile	Pro
	1280						1285					1290			
50	Ser	Ser	Ser	Asn	Ile	Gln	His	Arg	Leu	Asp	Asp	Gly	Ile	Ser	Thr
	1295						1300					1305			
55	Gln	Lys	Phe	Thr	Pro	Ala	Ser	Leu	Ala	Arg	Ile	Thr	Ser	Phe	Val
	1310						1315					1320			
60	His	Ile	Cys	Asn	Asp	Ser	Gln	Arg	Leu	Glu	Lys	Asp	Gly	Ser	Ser
	1325						1330					1335			
65	Val	Asp	Ser	Asn	Leu	Ile	Tyr	Gln	Gln	Ile	Met	Leu	Leu	Gly	Leu
	1340						1345					1350			
70	Ser	Ile	Phe	Glu	Thr	Met	Tyr	Ser	Met	Asp	Gln	Lys	Trp	Val	Phe
	1355						1360					1365			
75	Asn	Asn	His	Thr	Leu	His	Leu	His	Thr	Gly	His	Ser	Cys	Cys	Pro
	1370						1375					1380			
80	Arg	Glu	Leu	Asp	Ile	Ser	Leu	Val	Asn	Pro	Pro	Arg	His	Gln	Thr
	1385						1390					1395			

ES 2 622 087 T3

	Pro	Glu	Leu	Thr	Ser	Thr	Thr	Thr	Asn	Pro	Phe	Leu	Tyr	Asp	Gln
		1400					1405					1410			
5	Leu	Pro	Leu	Asn	Gln	Glu	Asn	Leu	Thr	Thr	Leu	Glu	Ile	Lys	Thr
		1415					1420					1425			
10	Phe	Lys	Phe	Asn	Glu	Leu	Asn	Ile	Asp	Gly	Leu	Asp	Phe	Gly	Glu
		1430					1435					1440			
15	Gly	Ile	Gln	Leu	Leu	Ser	Arg	Cys	Thr	Ala	Arg	Leu	Met	Ala	Glu
		1445					1450					1455			
20	Cys	Ile	Leu	Glu	Glu	Gly	Ile	Gly	Ser	Ser	Val	Lys	Asn	Glu	Ala
		1460					1465					1470			
25	Ile	Val	Asn	Phe	Asp	Asn	Ser	Val	Asn	Trp	Ile	Ser	Glu	Cys	Leu
		1475					1480					1485			
30	Met	Cys	Asp	Ile	Arg	Ser	Leu	Cys	Val	Asn	Leu	Gly	Gln	Glu	Ile
		1490					1495					1500			
35	Leu	Cys	Ser	Leu	Ala	Tyr	Gln	Met	Tyr	Tyr	Leu	Arg	Ile	Arg	Gly
		1505					1510					1515			
40	Arg	Arg	Ala	Ile	Leu	Asn	Tyr	Leu	Asp	Thr	Thr	Leu	Gln	Arg	Ile
		1520					1525					1530			
45	Pro	Val	Ile	Gln	Leu	Ala	Asn	Ile	Ala	Leu	Thr	Ile	Ser	His	Pro
		1535					1540					1545			
50	Glu	Ile	Phe	Arg	Arg	Ile	Val	Asn	Thr	Gly	Ile	His	Asn	Gln	Ile
		1550					1555					1560			
55	Lys	Gly	Pro	Tyr	Val	Ala	Thr	Thr	Asp	Phe	Ile	Ala	Ala	Ser	Arg
		1565					1570					1575			
60	Asp	Ile	Ile	Leu	Ser	Gly	Ala	Arg	Glu	Tyr	Leu	Ser	Tyr	Leu	Ser
		1580					1585					1590			
65	Ser	Gly	Gln	Glu	Asp	Cys	Tyr	Thr	Phe	Phe	Asn	Cys	Gln	Asp	Gly
		1595					1600					1605			
70	Asp	Leu	Thr	Pro	Lys	Met	Glu	Gln	Tyr	Leu	Ala	Arg	Arg	Ala	Cys
		1610					1615					1620			
75	Leu	Leu	Thr	Leu	Leu	Tyr	Asn	Thr	Gly	His	Gln	Ile	Pro	Val	Ile
		1625					1630					1635			
80	Arg	Ser	Leu	Thr	Pro	Ile	Glu	Lys	Cys	Lys	Val	Leu	Thr	Glu	Tyr
		1640					1645					1650			

ES 2 622 087 T3

	Asn	Gln	Gln	Ile	Glu	Tyr	Ala	Asp	Gln	Glu	Phe	Ser	Ser	Val	Leu
	1655						1660					1665			
5	Lys	Val	Val	Asn	Ala	Leu	Leu	Gln	Asn	Pro	Lys	Ile	Asp	Ala	Leu
	1670						1675					1680			
10	Val	Ser	Asn	Leu	Tyr	Phe	Thr	Thr	Arg	Arg	Val	Leu	Ser	Asn	Leu
	1685						1690					1695			
15	Arg	Ser	Cys	Asp	Lys	Ala	Arg	Ser	Tyr	Ile	Glu	Tyr	Leu	Tyr	Thr
	1700						1705					1710			
20	Glu	Asp	Phe	Gly	Glu	Lys	Glu	Asp	Thr	Val	Gln	Tyr	Asp	Ile	Met
	1715						1720					1725			
25	Thr	Thr	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Thr	His	Gly	Leu	Phe	Thr	Gln	Ile
	1730						1735					1740			
30	Glu	Ile	Ser	Tyr	Gln	Gly	Asn	Ser	Leu	His	Lys	Phe	Leu	Thr	Pro
	1745						1750					1755			
35	Asp	Asn	Ala	Pro	Gly	Ser	Leu	Ile	Pro	Phe	Ser	Ile	Ser	Pro	Asn
	1760						1765					1770			
40	Ser	Leu	Ala	Cys	Asp	Pro	Leu	His	His	Leu	Leu	Lys	Ser	Val	Gly
	1775						1780					1785			
45	Thr	Ser	Ser	Thr	Ser	Trp	Tyr	Lys	Tyr	Ala	Ile	Ala	Tyr	Ala	Val
	1790						1795					1800			
50	Ser	Glu	Lys	Arg	Ser	Ala	Arg	Leu	Gly	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ile	Gly
	1805						1810					1815			
55	Glu	Gly	Ser	Gly	Ser	Val	Met	Thr	Leu	Leu	Glu	Tyr	Leu	Glu	Pro
	1820						1825					1830			
60	Ser	Val	Asp	Ile	Phe	Tyr	Asn	Ser	Leu	Phe	Ser	Asn	Gly	Met	Asn
	1835						1840					1845			
65	Pro	Pro	Gln	Arg	Asn	Tyr	Gly	Leu	Met	Pro	Leu	Gln	Phe	Val	Asn
	1850						1855					1860			
70	Ser	Val	Val	Tyr	Lys	Asn	Leu	Thr	Ala	Lys	Ser	Glu	Cys	Lys	Leu
	1865						1870					1875			
75	Gly	Phe	Val	Gln	Gln	Phe	Lys	Pro	Leu	Trp	Arg	Asp	Ile	Asp	Ile
	1880						1885					1890			
80	Glu	Thr	Asn	Val	Thr	Asp	Pro	Ser	Phe	Val	Asn	Phe	Ala	Leu	Asn
	1895						1900					1905			

ES 2 622 087 T3

	Glu	Ile	Pro	Met	Gln	Ser	Leu	Lys	Arg	Val	Asn	Cys	Asp	Val	Glu
		1910					1915					1920			
5	Phe	Asp	Arg	Gly	Met	Pro	Ile	Glu	Arg	Val	Ile	Gln	Gly	Tyr	Thr
		1925					1930					1935			
10	His	Ile	Leu	Leu	Val	Ala	Thr	Tyr	Gly	Leu	Gln	Gln	Asp	Ser	Ile
		1940					1945					1950			
15	Leu	Trp	Val	Lys	Val	Tyr	Arg	Thr	Ser	Glu	Lys	Val	Phe	Gln	Phe
		1955					1960					1965			
20	Leu	Leu	Ser	Ala	Met	Ile	Met	Ile	Phe	Gly	Tyr	Val	Lys	Ile	His
		1970					1975					1980			
25	Arg	Asn	Gly	Tyr	Met	Ser	Thr	Lys	Asp	Glu	Glu	Tyr	Ile	Leu	Met
		1985					1990					1995			
30	Ser	Asp	Cys	Lys	Glu	Pro	Val	Asn	Tyr	Thr	Ala	Val	Pro	Asn	Ile
		2000					2005					2010			
35	Leu	Thr	Arg	Val	Ser	Asp	Leu	Val	Ser	Lys	Asn	Leu	Ser	Leu	Ile
		2015					2020					2025			
40	His	Pro	Glu	Asp	Leu	Arg	Lys	Val	Arg	Cys	Glu	Thr	Asp	Ser	Leu
		2030					2035					2040			
45	Asn	Leu	Lys	Cys	Asn	His	Ile	Tyr	Glu	Lys	Ile	Ile	Ala	Arg	Lys
		2045					2050					2055			
50	Ile	Pro	Leu	Gln	Val	Ser	Ser	Thr	Asp	Ser	Leu	Leu	Leu	Gln	Leu
		2060					2065					2070			
55	Gly	Gly	Val	Ile	Asn	Ser	Val	Gly	Ser	Thr	Asp	Pro	Arg	Glu	Val
		2075					2080					2085			
60	Ala	Thr	Leu	Ser	Ser	Ile	Glu	Cys	Met	Asp	Tyr	Val	Val	Ser	Ser
		2090					2095					2100			
65	Ile	Asp	Leu	Ala	Ile	Leu	Glu	Ala	Asn	Ile	Val	Ile	Ser	Glu	Ser
		2105					2110					2115			
70	Ala	Gly	Leu	Asp	Leu	Ala	Leu	Met	Leu	Gly	Pro	Phe	Asn	Leu	Asn
		2120					2125					2130			
75	Lys	Leu	Lys	Lys	Ile	Asp	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Ser	Thr	Tyr	Gln
		2135					2140					2145			
80	Leu	Ile	Pro	Tyr	Trp	Leu	Arg	Tyr	Glu	Tyr	Ser	Ile	Asn	Pro	Arg
		2150					2155					2160			

ES 2 622 087 T3

Ser Leu Ser Phe Leu Ile Thr Lys Leu Gln Gln Cys Arg Ile Ser
2165 2170 2175

5 Trp Ser Asp Met Ile Thr Ile Ser Glu Phe Arg Lys Lys Ser Lys
2180 2185 2190

10 Arg Pro Ile Phe Ile Lys Arg Val Ile Gly Asn Gln Gln Leu Lys
2195 2200 2205

15 Ser Phe Phe Asn Glu Ser Ser Ser Ile Val Leu Thr Arg Ala Glu
2210 2215 2220

Val Lys Val Cys Ile Lys Phe Leu Gly Ala Ile Ile Lys Leu Lys
2225 2230 2235

20 <210> 65
<211> 1386
<212> ADN
<213> secuencia artificial

25 <220>
<223> Gen de NP de FJ215864

30 <400> 65
atgtcatctg tattcaatga atatcaggca cttcaagaac aacttgtaaa gccggctgtc 60
aggagacctg atgttgccctc aacagggttta ctcagggcg g aaataacctgt ctgtgtttaca 120
ttgtctcaag accccgggtga gagatggagc cttgcttgcc ttaatatccg atggcttgtg 180
35 agtgattcat caaccacacc aatgaagcag ggagcaatat tgtcactgct gagtctacat 240
tcagacaata tgcgagctca cgcaacatta gcagcaagggt ctgcagatgc ttcactcacc 300
40 atacttgagg tagatgaagt agatattggc aactccctaa tcaaattcaa cgctagaagt 360
gggtgtatctg ataaacgatc aaatcaattg cttgcaattg cggatgacat ccccaaaagt 420
tgcagtaatg ggcattccatt tcttgacaca gacattgaga ccagagaccc gctcgatcta 480
45 tcagagacca tagaccgcct gcaggggtatt gcagctcaga tatgggtgtc agccataaag 540
agcatgacag cgcctgacac cgcattcagag tcagaaaagta agaggctggc caaataccaa 600
50 caacaaggcc gactgggttaa gcaagtactt ttgcattctg tagtcaggac agaatttatg 660
agagttattc ggggcagctt ggtactgcgc cagtttatgg ttagcgagtg caagagggct 720
tcagccatgg gcggagacac atctaggtac tatgctatgg tgggtgacat cagtctgtac 780
55 atcaagaatg caggattgac tgcatttttc ctcaccctga agttcgggggt tgggtaccag 840
tatccaacct tagcaatgag tgttttctcc agtgacctta aaagacttgc tgcactcatc 900
60 aggctgtaca aaaccaaggg agacaatgca ccatacatgg cattcctgga ggactccgat 960
atgggaaatt ttgctccagc aaattatagc acaatgtact cttatgccat gggcattggg 1020
acgattctgg aagcatctgt atctcgatac cagtatgcta gagactttac cagtgagaat 1080
65 tatttccgtc ttggagttga gacagcccaa agccagcagg gagcgtttga cgagagaaca 1140
gcccagagaga tgggcttgac tgaggaatcc aaacagcagg ttagatcact gctaattgtca 1200

gtagacatgg gtcccagttc agttcgcgag ccatcccgcc ctgcattcat cagtcaagaa 1260
5 gaaaataggg agcctgcccc gaattcttca gatactcagg gtcagaccaa gccagtcccg 1320
aatcaaccgg caccaagggc cgacccagat gacattgatc catacgagaa cgggctagaa 1380
tggtaa 1386

10 <210> 66
<211> 461
<212> PRT
<213> secuencia artificial

15 <220>
<223> Proteína NP de AC048303

20 <400> 66

Met Ser Ser Val Phe Asn Glu Tyr Gln Ala Leu Gln Glu Gln Leu Val
1 5 10 15

25 Lys Pro Ala Val Arg Arg Pro Asp Val Ala Ser Thr Gly Leu Leu Arg
20 25 30

30 Ala Glu Ile Pro Val Cys Val Thr Leu Ser Gln Asp Pro Gly Glu Arg
35 40 45

Trp Ser Leu Ala Cys Leu Asn Ile Arg Trp Leu Val Ser Asp Ser Ser
50 55 60

35 Thr Thr Pro Met Lys Gln Gly Ala Ile Leu Ser Leu Leu Ser Leu His
65 70 75 80

40 Ser Asp Asn Met Arg Ala His Ala Thr Leu Ala Ala Arg Ser Ala Asp
85 90 95

45 Ala Ser Leu Thr Ile Leu Glu Val Asp Glu Val Asp Ile Gly Asn Ser
100 105 110

50 Leu Ile Lys Phe Asn Ala Arg Ser Gly Val Ser Asp Lys Arg Ser Asn
115 120 125

55 Gln Leu Leu Ala Ile Ala Asp Asp Ile Pro Lys Ser Cys Ser Asn Gly
130 135 140

His Pro Phe Leu Asp Thr Asp Ile Glu Thr Arg Asp Pro Leu Asp Leu
145 150 155 160

60 Ser Glu Thr Ile Asp Arg Leu Gln Gly Ile Ala Ala Gln Ile Trp Val
165 170 175

65 Ser Ala Ile Lys Ser Met Thr Ala Pro Asp Thr Ala Ser Glu Ser Glu
180 185 190

ES 2 622 087 T3

	Ser	Lys	Arg 195	Leu	Ala	Lys	Tyr	Gln 200	Gln	Gln	Gly	Arg	Leu 205	Val	Lys	Gln
5	Val	Leu 210	Leu	His	Ser	Val	Val 215	Arg	Thr	Glu	Phe	Met 220	Arg	Val	Ile	Arg
10	Gly 225	Ser	Leu	Val	Leu	Arg 230	Gln	Phe	Met	Val	Ser 235	Glu	Cys	Lys	Arg	Ala 240
15	Ser	Ala	Met	Gly	Gly 245	Asp	Thr	Ser	Arg	Tyr 250	Tyr	Ala	Met	Val	Gly 255	Asp
20	Ile	Ser	Leu	Tyr 260	Ile	Lys	Asn	Ala	Gly 265	Leu	Thr	Ala	Phe	Phe 270	Leu	Thr
25	Leu	Lys	Phe 275	Gly	Val	Gly	Thr	Gln 280	Tyr	Pro	Thr	Leu	Ala 285	Met	Ser	Val
30	Phe 290	Ser	Ser	Asp	Leu	Lys	Arg 295	Leu	Ala	Ala	Leu	Ile 300	Arg	Leu	Tyr	Lys
35	Thr 305	Lys	Gly	Asp	Asn	Ala 310	Pro	Tyr	Met	Ala	Phe 315	Leu	Glu	Asp	Ser	Asp 320
40	Met	Gly	Asn	Phe	Ala 325	Pro	Ala	Asn	Tyr	Ser 330	Thr	Met	Tyr	Ser	Tyr 335	Ala
45	Met	Gly	Ile	Gly 340	Thr	Ile	Leu	Glu	Ala 345	Ser	Val	Ser	Arg	Tyr 350	Gln	Tyr
50	Ala	Arg	Asp 355	Phe	Thr	Ser	Glu	Asn 360	Tyr	Phe	Arg	Leu	Gly 365	Val	Glu	Thr
55	Ala	Gln 370	Ser	Gln	Gln	Gly	Ala 375	Phe	Asp	Glu	Arg	Thr 380	Ala	Arg	Glu	Met
60	Gly 385	Leu	Thr	Glu	Glu	Ser 390	Lys	Gln	Gln	Val	Arg 395	Ser	Leu	Leu	Met	Ser 400
65	Val	Asp	Met	Gly	Pro 405	Ser	Ser	Val	Arg	Glu 410	Pro	Ser	Arg	Pro	Ala 415	Phe
70	Ile	Ser	Gln	Glu 420	Glu	Asn	Arg	Gln	Pro 425	Ala	Gln	Asn	Ser	Ser 430	Asp	Thr
75	Gln	Gly	Gln 435	Thr	Lys	Pro	Val	Pro 440	Asn	Gln	Pro	Ala	Pro 445	Arg	Ala	Asp
80	Pro	Asp 450	Asp	Ile	Asp	Pro	Tyr 455	Glu	Asn	Gly	Leu	Glu 460	Trp			

<210> 67
 <211> 1218
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 5
 <220>
 <223> Gen de P de FJ215864
 <400> 67
 10 atggacttcg ccaatgatga agaaattgca gaacttctga acctcagcac cactgtaatc 60
 aaggagattc agaaatctga actcaagcct ccccaaacca ctgggcgacc acctgtcagt 120
 caagggaaca caagaaatct aactgatcta tgggaaaagg agactgcaag tcagaacaag 180
 15 acatcggtc aatctccaca aaccacacaa gttcagtctg atggaaatga ggaggaagaa 240
 atcaaatcag agtcaattga tggccacatc agtggaactg ttaatcaatt agagcaagtc 300
 20 ccagaacaaa accagagcag atcttcacca ggtgatgatc tcgacagagc tctcaacaag 360
 cttgaaggga gaatcaactc aatcagctca atggataaag aaattaaaaa gggccctcgc 420
 atccagaatc tccctgggtc ccaagcagca actcaacagg cgacccaccc attggcaggg 480
 25 gacaccccga acatgcaagc acggacaaaa cccctgacca agccacatca agaggcaatc 540
 aatcctggca accaggacac aggagagaat attcatttac caccttccat ggcaccacca 600
 30 gagtcattag ttggtgcaat ccgcaatgta cccaattcg tgccagacca atctatgacg 660
 aatgtagatg cggggagtgt ccaactacat gcatcatgtg cagagatgat aagtagaatg 720
 tttgtagaag ttatatctaa gcttgataaa ctcgagtcga gactgaatga tatagcaaaa 780
 35 gttgtaaaca ccacccccct tatcaggaat gatattaacc aacttaaggc cacaactgca 840
 ctgatgtcca accaaattgc ttccatacaa attcttgacc caggggaatgc aggggtgagg 900
 40 tccctctctg aaatgagatc tgtgacgaag aaagctgctg ttgtaattgc aggatttgga 960
 gacgacccaa ctcaaattat tgaagaaggc atcatggcca aagatgctct tggaaaacct 1020
 gtgcctccaa catctgttat cgcagccaaa gctcagactt cttccggtgt gagtaagggt 1080
 45 gaaatagaag gattgattgc attggtggaa acattagttg acaatgacaa gaaggcagcg 1140
 aaactgatta aaatgattga tcaagttaaa tcccacgccg attacgcccg agtcaagcag 1200
 50 gcaatatata atgcataa 1218

<210> 68
 <211> 405
 55 <212> PRT
 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Proteína P de AC048304
 60 <400> 68
 Met Asp Phe Ala Asn Asp Glu Glu Ile Ala Glu Leu Leu Asn Leu Ser
 1 5 10 15
 65 Thr Thr Val Ile Lys Glu Ile Gln Lys Ser Glu Leu Lys Pro Pro Gln
 20 25 30

5 Thr Thr Gly Arg Pro Pro Val Ser Gln Gly Asn Thr Arg Asn Leu Thr
 35 40 45
 Asp Leu Trp Glu Lys Glu Thr Ala Ser Gln Asn Lys Thr Ser Ala Gln
 50 55 60
 10 Ser Pro Gln Thr Thr Gln Val Gln Ser Asp Gly Asn Glu Glu Glu Glu
 65 70 75 80
 15 Ile Lys Ser Glu Ser Ile Asp Gly His Ile Ser Gly Thr Val Asn Gln
 85 90 95
 20 Leu Glu Gln Val Pro Glu Gln Asn Gln Ser Arg Ser Ser Pro Gly Asp
 100 105 110
 25 Asp Leu Asp Arg Ala Leu Asn Lys Leu Glu Gly Arg Ile Asn Ser Ile
 115 120 125
 Ser Ser Met Asp Lys Glu Ile Lys Lys Gly Pro Arg Ile Gln Asn Leu
 130 135 140
 30 Pro Gly Ser Gln Ala Ala Thr Gln Gln Ala Thr His Pro Leu Ala Gly
 145 150 155 160
 35 Asp Thr Pro Asn Met Gln Ala Arg Thr Lys Pro Leu Thr Lys Pro His
 165 170 175
 40 Gln Glu Ala Ile Asn Pro Gly Asn Gln Asp Thr Gly Glu Asn Ile His
 180 185 190
 45 Leu Pro Pro Ser Met Ala Pro Pro Glu Ser Leu Val Gly Ala Ile Arg
 195 200 205
 Asn Val Pro Gln Phe Val Pro Asp Gln Ser Met Thr Asn Val Asp Ala
 210 215 220
 50 Gly Ser Val Gln Leu His Ala Ser Cys Ala Glu Met Ile Ser Arg Met
 225 230 235 240
 55 Phe Val Glu Val Ile Ser Lys Leu Asp Lys Leu Glu Ser Arg Leu Asn
 245 250 255
 60 Asp Ile Ala Lys Val Val Asn Thr Thr Pro Leu Ile Arg Asn Asp Ile
 260 265 270
 65 Asn Gln Leu Lys Ala Thr Thr Ala Leu Met Ser Asn Gln Ile Ala Ser
 275 280 285
 Ile Gln Ile Leu Asp Pro Gly Asn Ala Gly Val Arg Ser Leu Ser Glu
 290 295 300

ES 2 622 087 T3

5 Met Arg Ser Val Thr Lys Lys Ala Ala Val Val Ile Ala Gly Phe Gly
 305 310 315 320
 Asp Asp Pro Thr Gln Ile Ile Glu Glu Gly Ile Met Ala Lys Asp Ala
 325 330 335
 10 Leu Gly Lys Pro Val Pro Pro Thr Ser Val Ile Ala Ala Lys Ala Gln
 340 345 350
 15 Thr Ser Ser Gly Val Ser Lys Gly Glu Ile Glu Gly Leu Ile Ala Leu
 355 360 365
 20 Val Glu Thr Leu Val Asp Asn Asp Lys Lys Ala Ala Lys Leu Ile Lys
 370 375 380
 25 Met Ile Asp Gln Val Lys Ser His Ala Asp Tyr Ala Arg Val Lys Gln
 385 390 395 400
 Ala Ile Tyr Asn Ala
 405
 30 <210> 69
 <211> 1110
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 35 <220>
 <223> Gen de M de FJ215864
 <400> 69
 40 atggcatata caactactaaa actgtgggtg gatgaggggtg acatgtcgtc ttcgcttcta 60
 tcattcccgt tggtactaaa agagacagac agaggcaciaa agaagcttca accacaggta 120
 agggtagatt caattggcga tgtgcagaat gccaaagagt cctcgatatt cgtgactcta 180
 45 tatggtttca tccaagcaat taaggagaat tcagatcgat cgaaattctt ccatccaaaa 240
 gatgacttca aacctgagac agtcactgca ggactggtag tagtgggtgc aatccgaatg 300
 50 atggctgatg tcaataccat ctctaatagat gactagcgc tggagatcac tgtaagaaa 360
 tctgcaactt ctcaagagaa aatgacggtg atgttcaca atagcccccc ttcattgaga 420
 actgcaataa ctatccgagc aggagggttc atctcgaatg cagacgaaaa tataaatgt 480
 55 gccagcaagt tgactgcagg agtgcagtac atattccgtc caatgtttgt ttcaatcact 540
 aaattacaca atggcaaact atataggggtg cccaaaagta tccacagcat ctgctctacc 600
 60 ctactgtata gtgtgatgtt ggaggtagga ttcaaagtgg acatcgggaa ggatcatccc 660
 caggcaaaaa tgctgaagag ggtcacaatt ggcgatgcag acacatactg gggatttgca 720
 tggttccacc tgtgcaattt caaaaagaca tcctctaagg gaaagccgag aacgctagac 780
 65 gaactgaaga caaagtcaa aaatatgggg ttgaaattgg agttacatga cctatgggggt 840
 ccgactattg tgggtccaaat cactggcaag agcagcaaat atgctcaagg atttttttct 900

tccaatggta cttgttgcc tccaatcagc agatctgcac cagagcttgg gaagcttctg 960
 5 tggctctgct cagcaactat tgggtgacgca acagttgtta tccaatcaag cgagaagggg 1020
 gaactcctaa ggtctgatga tctcgagata cgagggtgctg tggcctccaa gaaaggtaga 1080
 ctgagctcat ttcacccctt caaaaaatga 1110

10 <210> 70
 <211> 369
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

15 <220>
 <223> Proteína M de AC048305

20 <400> 70

Met Ala Tyr Thr Thr Leu Lys Leu Trp Val Asp Glu Gly Asp Met Ser
 1 5 10 15

25 Ser Ser Leu Leu Ser Phe Pro Leu Val Leu Lys Glu Thr Asp Arg Gly
 20 25 30

30 Thr Lys Lys Leu Gln Pro Gln Val Arg Val Asp Ser Ile Gly Asp Val
 35 40 45

Gln Asn Ala Lys Glu Ser Ser Ile Phe Val Thr Leu Tyr Gly Phe Ile
 50 55 60

35 Gln Ala Ile Lys Glu Asn Ser Asp Arg Ser Lys Phe Phe His Pro Lys
 65 70 75 80

40 Asp Asp Phe Lys Pro Glu Thr Val Thr Ala Gly Leu Val Val Val Gly
 85 90 95

45 Ala Ile Arg Met Met Ala Asp Val Asn Thr Ile Ser Asn Asp Ala Leu
 100 105 110

50 Ala Leu Glu Ile Thr Val Lys Lys Ser Ala Thr Ser Gln Glu Lys Met
 115 120 125

55 Thr Val Met Phe His Asn Ser Pro Pro Ser Leu Arg Thr Ala Ile Thr
 130 135 140

Ile Arg Ala Gly Gly Phe Ile Ser Asn Ala Asp Glu Asn Ile Lys Cys
 145 150 155 160

60 Ala Ser Lys Leu Thr Ala Gly Val Gln Tyr Ile Phe Arg Pro Met Phe
 165 170 175

65 Val Ser Ile Thr Lys Leu His Asn Gly Lys Leu Tyr Arg Val Pro Lys
 180 185 190

ES 2 622 087 T3

Ser Ile His Ser Ile Ser Ser Thr Leu Leu Tyr Ser Val Met Leu Glu
195 200 205

5 Val Gly Phe Lys Val Asp Ile Gly Lys Asp His Pro Gln Ala Lys Met
210 215 220

10 Leu Lys Arg Val Thr Ile Gly Asp Ala Asp Thr Tyr Trp Gly Phe Ala
225 230 235 240

15 Trp Phe His Leu Cys Asn Phe Lys Lys Thr Ser Ser Lys Gly Lys Pro
245 250 255

Arg Thr Leu Asp Glu Leu Lys Thr Lys Val Lys Asn Met Gly Leu Lys
260 265 270

20 Leu Glu Leu His Asp Leu Trp Gly Pro Thr Ile Val Val Gln Ile Thr
275 280 285

25 Gly Lys Ser Ser Lys Tyr Ala Gln Gly Phe Phe Ser Ser Asn Gly Thr
290 295 300

30 Cys Cys Leu Pro Ile Ser Arg Ser Ala Pro Glu Leu Gly Lys Leu Leu
305 310 315 320

35 Trp Ser Cys Ser Ala Thr Ile Gly Asp Ala Thr Val Val Ile Gln Ser
325 330 335

Ser Glu Lys Gly Glu Leu Leu Arg Ser Asp Asp Leu Glu Ile Arg Gly
340 345 350

40 Ala Val Ala Ser Lys Lys Gly Arg Leu Ser Ser Phe His Pro Phe Lys
355 360 365

45 Lys

50 <210> 71
<211> 1632
<212> ADN
<213> secuencia artificial

55 <220>
<223> Gen F de FJ215864

<400> 71
atgggtaaaa tatcaatata tctaattaat agcgtgctat tattgctggt atatcctgtg 60
60 aattcgattg acaatacact cgttgccccca atcggagtcg ccagcgcaaa tgaatggcag 120
cttgctgcat atacaacatc actttcaggg acaattgccg tgcgattcct acctgtgctc 180
ccggataata tgactacctg tcttagagaa acaataacta catataataa tactgtcaac 240
65 aacatcttag gcccaactcaa atccaatctg gatgcactgc tctcatctga gacttatccc 300
cagacaagat taattggggc agttataggt tcaattgctc ttggtgttg aacatcggct 360

caaatcactg ctgcagtcgc tctcaagcaa gcacaagata atgcaagaaa catactggca 420
 5 ctcaaagagg cactgtccaa aactaatgag gcgggtcaagg agcttagcag tggattgcaa 480
 caaacagcta ttgcacttgg taagatacag agctttgtga atgaggaaat tctgccatct 540
 atcaaccaac tgagctgcga ggtgacagcc aataaacttg ggggtgtattt atctctgtat 600
 10 ctcacagaac tgaccactat attcgggtgca cagttgacta accctgcatt gacttcatta 660
 tcatatcaag cgctgtacaa cctgtgtggt ggcaacatgg caatgcttac tcagaagatt 720
 ggaattaaac agcaagacgt taattcgcta tatgaagccg gactaatcac aggacaagtc 780
 15 attggttatg actctcagta ccagctgctg gtcattccagg tcaattatcc aagcatttct 840
 gaggtaactg gtgtgcgtgc gacagaatta gtcactgtta gtgtaacaac agacaagggt 900
 20 gaagggaaaag caattgtacc ccaatttcta gctgaaagtc ggggtgactat tgaggagctt 960
 gatgtagcat cttgttaaatt cagcagcaca accctatact gcaggcagggt caacacaagg 1020
 gcacttcccc cgctagtggc tagctgtctc cgaggtaact atgatgattg tcaatatacc 1080
 25 acagagattg gagcattatc atcccggtat ataactactag atggaggggt cttagtcaat 1140
 tgtaagtcaa ttgtttgtag gtgccttaat ccaagtaaga tcatctctca aaatacaaat 1200
 30 gctgcagtaa catatgttga tgctacaata tgcaaaacaa ttcaattgga tgacatacaa 1260
 ctccagttgg aaggggtcact atcatcagtt tatgcaagga acatctcaat tgagatcagt 1320
 caggtgacta cctccggttc tttggatatc agcagtgaga tagggaacat caataatacg 1380
 35 gtgaatcgtg tggaggattt aatccaccaa tcggaggaat ggctggcaaa agttaacca 1440
 cacattgtta ataatactac actaattgta ctctgtgtgt taagtgcgct tgctgtgatc 1500
 40 tggctggcag tattaacggc tattataata tacttgagaa caaagttgaa gactatatcg 1560
 gcattggctg taaccaatac aatacagtct aatccctatg ttaaccaaac gaaacgtgaa 1620
 tctaagtttt ga 1632

45

<210> 72
 <211> 543
 <212> PRT
 50 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Proteína F de AC048306

55 <400> 72

Met Gly Lys Ile Ser Ile Tyr Leu Ile Asn Ser Val Leu Leu Leu Leu
 1 5 10 15

60

Val Tyr Pro Val Asn Ser Ile Asp Asn Thr Leu Val Ala Pro Ile Gly
 20 25 30

65

Val Ala Ser Ala Asn Glu Trp Gln Leu Ala Ala Tyr Thr Thr Ser Leu
 35 40 45

ES 2 622 087 T3

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

ES 2 622 087 T3

Asp Val Ala Ser Cys Lys Phe Ser Ser Thr Thr Leu Tyr Cys Arg Gln
 325 330 335
 5 Val Asn Thr Arg Ala Leu Pro Pro Leu Val Ala Ser Cys Leu Arg Gly
 340 345 350
 10 Asn Tyr Asp Asp Cys Gln Tyr Thr Thr Glu Ile Gly Ala Leu Ser Ser
 355 360 365
 15 Arg Tyr Ile Thr Leu Asp Gly Gly Val Leu Val Asn Cys Lys Ser Ile
 370 375 380
 Val Cys Arg Cys Leu Asn Pro Ser Lys Ile Ile Ser Gln Asn Thr Asn
 385 390 395 400
 20 Ala Ala Val Thr Tyr Val Asp Ala Thr Ile Cys Lys Thr Ile Gln Leu
 405 410 415
 25 Asp Asp Ile Gln Leu Gln Leu Glu Gly Ser Leu Ser Ser Val Tyr Ala
 420 425 430
 30 Arg Asn Ile Ser Ile Glu Ile Ser Gln Val Thr Thr Ser Gly Ser Leu
 435 440 445
 35 Asp Ile Ser Ser Glu Ile Gly Asn Ile Asn Asn Thr Val Asn Arg Val
 450 455 460
 Glu Asp Leu Ile His Gln Ser Glu Glu Trp Leu Ala Lys Val Asn Pro
 465 470 475 480
 40 His Ile Val Asn Asn Thr Thr Leu Ile Val Leu Cys Val Leu Ser Ala
 485 490 495
 45 Leu Ala Val Ile Trp Leu Ala Val Leu Thr Ala Ile Ile Ile Tyr Leu
 500 505 510
 50 Arg Thr Lys Leu Lys Thr Ile Ser Ala Leu Ala Val Thr Asn Thr Ile
 515 520 525
 55 Gln Ser Asn Pro Tyr Val Asn Gln Thr Lys Arg Glu Ser Lys Phe
 530 535 540
 <210> 73
 <211> 1734
 <212> ADN
 60 <213> secuencia artificial
 <220>
 <223> Gen de HN de FJ215864
 65 <400> 73
 atgagtaaca ttgcatccag tttagaaaat attgtggagc aggatagtcg aaaaacaact 60
 tggagggcca tctttagatg gtccgttctt cttattacaa caggatgctt agccttatcc 120

ES 2 622 087 T3

attgttagca tagttcaaat tgggaatttg aaaattcctt ctgtagggga tctggcggac 180
 gaggtggtaa cacctttgaa aaccactctg tctgatacac tcaggaatcc aattaaccag 240
 5 ataaatgaca tattcaggat tgttgccctt gatattccat tgcaagtaac tagtatccaa 300
 aaagacctcg caagtcaatt tagcatgttg atagatagtt taaatgctat caaattgggc 360
 10 aacgggacca accttatcat acctacatca gataaggagt atgcaggagg aattggaaac 420
 cctgtattta ctgtcgatgc tggaggttct ataggattca agcaatttag cttaatagaa 480
 catccgagct ttattgctgg acctacaacg acccgaggct gtacaagaat acccactttt 540
 15 cacatgtcag aaagtcattg gtgtactca cacaacatca tcgctgctgg ctgtcaagat 600
 gccagtgcac ctagtatgta tatctcaatg ggggttctcc atgtgtcttc atctggcact 660
 20 cctatctttc ttactactgc aagtgaactg atagacgatg gagttaatcg taagtcatgc 720
 agtattgtag caaccaatt cggtgtgac attttgtgca gtattgtcat agagaaggag 780
 ggagatgatt attggtctga tactccgact ccaatgcgcc acggccgttt ttcattcaat 840
 25 gggagttttg tagaaaccga actaccctg tccagtatgt tctcgtcatt ctctgccaac 900
 taccctgctg tgggatcagg cgaaattgta aaagatagaa tattattccc aatttacgga 960
 30 ggtataaagc agacttcacc agagtttacc gaattagtga aatatggact ctttgtgtca 1020
 acacctacaa ctgtatgtca gagtagctgg acttatgacc aggtaaaagc agcgtatagg 1080
 ccagattaca tatcaggccg gttctgggca caagtgatac tcagctgcgc tcttgatgca 1140
 35 gtcgacttat caagttgtat tgtaaagatt atgaatagca gcacagtgat gatggcagca 1200
 gaaggaagga taataaagat agggattgat tacttttact atcagcggtc atcttcttgg 1260
 40 tggccattgg catttggtac aaaactagac ccgcaagagt tagcagacac aaactcgata 1320
 tggctgacca attccatacc aatcccacaa tcaaagttcc ctcggccttc atattcagaa 1380
 aattattgca caaagccagc agtttgccct gctacttggtg tctactggtg atactctgat 1440
 45 atttggccct tgacctcatc ttcactactc ccgagcataa tttggatcgg ccagtacctt 1500
 gatgccctg ttggaaggac ttatcccaga tttggaattg caaatcaatc aactgggtac 1560
 50 cttcaagaag atattctacc cacctccact gcaagtgcgt attcaaccac tacatgtttt 1620
 aagaatactg ccaggaatag agtgttctgc gtcaccattg ctgaatttgc agatggggtg 1680
 55 tttggagagt acaggataac acctcagttg tatgaattag tgagaaataa ttga 1734

<210> 74

<211> 577

<212> PRT

60 <213> secuencia artificial

<220>

<223> Protéina HN de AC048307

65 <400> 74

Met Ser Asn Ile Ala Ser Ser Leu Glu Asn Ile Val Glu Gln Asp Ser
 1 5 10 15

ES 2 622 087 T3

5 Arg Lys Thr Thr Trp Arg Ala Ile Phe Arg Trp Ser Val Leu Leu Ile
 20 25 30
 Thr Thr Gly Cys Leu Ala Leu Ser Ile Val Ser Ile Val Gln Ile Gly
 35 40 45
 10 Asn Leu Lys Ile Pro Ser Val Gly Asp Leu Ala Asp Glu Val Val Thr
 50 55 60
 15 Pro Leu Lys Thr Thr Leu Ser Asp Thr Leu Arg Asn Pro Ile Asn Gln
 65 70 75 80
 20 Ile Asn Asp Ile Phe Arg Ile Val Ala Leu Asp Ile Pro Leu Gln Val
 85 90 95
 Thr Ser Ile Gln Lys Asp Leu Ala Ser Gln Phe Ser Met Leu Ile Asp
 100 105 110
 25 Ser Leu Asn Ala Ile Lys Leu Gly Asn Gly Thr Asn Leu Ile Ile Pro
 115 120 125
 30 Thr Ser Asp Lys Glu Tyr Ala Gly Gly Ile Gly Asn Pro Val Phe Thr
 130 135 140
 35 Val Asp Ala Gly Gly Ser Ile Gly Phe Lys Gln Phe Ser Leu Ile Glu
 145 150 155 160
 40 His Pro Ser Phe Ile Ala Gly Pro Thr Thr Thr Arg Gly Cys Thr Arg
 165 170 175
 Ile Pro Thr Phe His Met Ser Glu Ser His Trp Cys Tyr Ser His Asn
 180 185 190
 45 Ile Ile Ala Ala Gly Cys Gln Asp Ala Ser Ala Ser Ser Met Tyr Ile
 195 200 205
 50 Ser Met Gly Val Leu His Val Ser Ser Ser Gly Thr Pro Ile Phe Leu
 210 215 220
 55 Thr Thr Ala Ser Glu Leu Ile Asp Asp Gly Val Asn Arg Lys Ser Cys
 225 230 235 240
 60 Ser Ile Val Ala Thr Gln Phe Gly Cys Asp Ile Leu Cys Ser Ile Val
 245 250 255
 Ile Glu Lys Glu Gly Asp Asp Tyr Trp Ser Asp Thr Pro Thr Pro Met
 260 265 270
 65 Arg His Gly Arg Phe Ser Phe Asn Gly Ser Phe Val Glu Thr Glu Leu
 275 280 285

ES 2 622 087 T3

5 Pro Val Ser Ser Met Phe Ser Ser Phe Ser Ala Asn Tyr Pro Ala Val
 290 295 300
 Gly Ser Gly Glu Ile Val Lys Asp Arg Ile Leu Phe Pro Ile Tyr Gly
 305 310 315 320
 10 Gly Ile Lys Gln Thr Ser Pro Glu Phe Thr Glu Leu Val Lys Tyr Gly
 325 330 335
 15 Leu Phe Val Ser Thr Pro Thr Thr Val Cys Gln Ser Ser Trp Thr Tyr
 340 345 350
 20 Asp Gln Val Lys Ala Ala Tyr Arg Pro Asp Tyr Ile Ser Gly Arg Phe
 355 360 365
 25 Trp Ala Gln Val Ile Leu Ser Cys Ala Leu Asp Ala Val Asp Leu Ser
 370 375 380
 Ser Cys Ile Val Lys Ile Met Asn Ser Ser Thr Val Met Met Ala Ala
 385 390 395 400
 30 Glu Gly Arg Ile Ile Lys Ile Gly Ile Asp Tyr Phe Tyr Tyr Gln Arg
 405 410 415
 35 Ser Ser Ser Trp Trp Pro Leu Ala Phe Val Thr Lys Leu Asp Pro Gln
 420 425 430
 40 Glu Leu Ala Asp Thr Asn Ser Ile Trp Leu Thr Asn Ser Ile Pro Ile
 435 440 445
 45 Pro Gln Ser Lys Phe Pro Arg Pro Ser Tyr Ser Glu Asn Tyr Cys Thr
 450 455 460
 Lys Pro Ala Val Cys Pro Ala Thr Cys Val Thr Gly Val Tyr Ser Asp
 465 470 475 480
 50 Ile Trp Pro Leu Thr Ser Ser Ser Ser Leu Pro Ser Ile Ile Trp Ile
 485 490 495
 55 Gly Gln Tyr Leu Asp Ala Pro Val Gly Arg Thr Tyr Pro Arg Phe Gly
 500 505 510
 60 Ile Ala Asn Gln Ser His Trp Tyr Leu Gln Glu Asp Ile Leu Pro Thr
 515 520 525
 Ser Thr Ala Ser Ala Tyr Ser Thr Thr Thr Cys Phe Lys Asn Thr Ala
 530 535 540
 65 Arg Asn Arg Val Phe Cys Val Thr Ile Ala Glu Phe Ala Asp Gly Leu
 545 550 555 560

Phe Gly Glu Tyr Arg Ile Thr Pro Gln Leu Tyr Glu Leu Val Arg Asn
565 570 575

5

Asn

10

<210> 75
<211> 6717
<212> ADN
<213> secuencia artificial

15

<220>
<223> Gen de L de FJ215864

<400> 75

20	atggatgtaa aacaagttga cctaataata caacccgagg ttcattctga ttcacccatc	60
	atattgaata aactggcact attatggcgc ttgagtgggt tacccatgcc tgcagactta	120
	cgacaaaaat ccgtagtgat gcacatccca gaccacatct tagaaaaatc agaatatcgg	180
25	atcaagcacc gtctagggaa aatcaagagt gacatagcac attactgtca gtattttaat	240
	attaatttgg caaatcttga tccgataacc caccaccaaa gtttgtattg gttatccaga	300
30	ctaacaatag ctagtgctgg aacctttaga catatgaaag atagaatctt atgtacagtt	360
	ggctccgaat tcggacacaa aattcaagat ttattttcac tgctgagcca taaattagta	420
	ggtaacggtg atttatttaa tcaaagtctc tcaggtagac gtttgactgc gagtccgtta	480
35	tcccctttat gcaatcaatt tgtctctgac atcaagtctg cagtcacgac accctgggtca	540
	gaagctcggt ggtcttggct tcatatcaaa caaacaatga gatacctgat aaaacaatca	600
40	cgcactacaa attcagctca tttaacagaa attataaaag aggaatgggg tttagtaggt	660
	attactccag atcttgtcat tctttttgac agagtcaata atagtctaac tgcattaaca	720
	tttgagatgg ttctaattga ttcagatgta ttagaatccc gtgacaatat tgtgctagt	780
45	gggagattat ctacttttct gcagccagta gttagtagac tggagggtgt gtttgatcta	840
	gtagattcat tggcaaaaac cttagggtgac acaatatacg aaattattgc ggtgttagag	900
50	agcttgtctt atgggtccgt tcaactacat gatgcaagtc actctcatgc aggggtcttc	960
	ttttcattta acatgaatga acttgataac acactatcaa agaggggtgga tccgaaacac	1020
	aagaacacca taatgagcat tataagacaa tgcttttcta atctagatgt tgatcaagct	1080
55	gcagagatgc tatgcctgat gagattatgt ggacacccaa tgtaactgc accggatgca	1140
	gcagccaaag taaggaaagc aatgtgtgct ccaaaacttg ttgaacatga caccatcttg	1200
60	cagacattat ctttcttcaa ggggaataatt ataaatgggt acagaagatc acactctggc	1260
	ctgtggccca atgtagagcc gtcttcaatc tatgatgatg atctcagaca gctgtactta	1320
	gagtcagcag agatttccca tcatctcatg cttaaaaact acaagagttt gagcatgata	1380
65	gaattcaaga agagcataga ctacgatctt cacgacgact taagtacttt cttaaaggat	1440
	agagcaatgt gccggccaaa atcccagtggt gatgttatat tccgtaagtc tttacgcaga	1500

	tcccacacgc	ggtcccagta	tatggacgaa	attaagagca	accgattgct	aattgatttt	1560
5	cttgattctg	ctgattttga	ccctgaaaag	gaatttgc	atgtaaccac	aatggattat	1620
	ttgcacgata	atgaattttg	tgcttcatat	tctctaaagg	aaaaggagat	caaaactacc	1680
	gggaggatat	ttgcaaaaat	gacacgcaat	atgagaagtt	gccaagtgat	acttgaatct	1740
10	ctgttatcaa	aacatatatg	caagttcttc	aaagagaacg	gcgtttcgat	ggagcaattg	1800
	tcattgacca	agagtctact	tgcaatgtct	caactctcac	caaaagtctc	gactctgcag	1860
	gacactgcat	cacgtcatgt	aggcaactca	aaatctcaga	tcgcaaccag	caacccatct	1920
15	cggcatcact	caacaaccaa	tcagatgtca	ctctcaaadc	ggaaaacggg	tgtagcaact	1980
	ttcttaacaa	ctgatttgga	aaaatactgc	ctgcagtggc	gatactcgac	tattaagttg	2040
20	tttgacaaag	ctctaaatca	actctttggg	attgatcacg	gatttgaatg	gatacattta	2100
	agactcatga	acagcacctt	atttgtcggg	gacccctact	cgcctcctga	agatccaaca	2160
	ctagaggata	tagataaagc	accaaatagc	gatatcttca	tagtttctcc	aaggggaggc	2220
25	atagaggggt	tatgtcagaa	gatgtggacc	atgatatcaa	ttagtgcatg	acactgtgta	2280
	gcagagaaaa	ttggtgcacg	agtggcagca	atgggtgcagg	gtgataatca	agtaatagct	2340
30	atcaccaaag	aactattcag	aggagagaaa	gcctgtgatg	tcagagatga	gtagacgag	2400
	ctcgggtcagg	tgttttttga	tgagttcaag	aggcacaatt	atgcaattgg	acacaacctt	2460
	aagctaaatg	agacaatata	aagccaatcc	ttttttgtat	attccaaacg	aatattcttt	2520
35	gaagggcgat	tgcttagtca	agtcctcaaa	aatgctgcca	agttatgtat	ggttgctgac	2580
	catctaggtg	aaaacacagt	atcttcctgt	agcaacctga	gctctacaat	tgcccgggtg	2640
40	gtggaaaatg	ggtttgagaa	ggacactgct	tttgtgttga	acctagtcta	catcatgact	2700
	caaattcttt	ttgatgagca	ttactcgatt	gtatgcatc	acaatagtgt	caaaagcttg	2760
	atcggatcaa	aaaactatcg	gaatctattg	tactcatctc	taataaccag	tcagctcggg	2820
45	ggtttcaact	tcctcaatat	aagtcgggtg	ttcactagga	atataggtga	cccagtaaca	2880
	tgtagtctgt	ctgatctcaa	atgcttcata	gccgcagggt	tccttccacc	ctatgtactt	2940
50	aaaaatgtgg	ttctgcgtga	gcctgggcct	gggacatggg	tgacgttgtg	ctctgaccc	3000
	tacaccctta	acataccata	cacacagcta	ccaaccacat	atctcaaaaa	gcacaccag	3060
	cgatcggttc	tttcacgtgc	agtaaatcct	ttattagcag	gtgtacaagt	gccaatcag	3120
55	catgaggaag	aagagatggt	ggctcgcttt	ctccttgatc	gtgaatatgt	gatgccccgc	3180
	gttgctcatg	taataactaga	aacatcggtc	cttggcaaac	ggaaacaaat	ccaaggctta	3240
60	attgatacaa	ctccaactat	cattagaaca	tctctagtta	atctaccagt	gtctaggaag	3300
	aaatgcgaaa	aaataatcaa	ttattctctc	aattatattg	ctgagtgtca	tgactcctta	3360
65	cttagtcaga	tctgcttcag	tgataataag	gaatacttgt	ggccacctc	cttaatatca	3420
	gttgagacct	gtagtgtgac	aattgcggac	tatttgagag	ctgtcagctg	gtctaataata	3480
	ttagggggaa	gaaacatatc	cgggggtgact	acacctgata	ctattgaatt	aattcaaggt	3540

	tgtttaatag	gtgaaaattc	cagttgtact	ctttgtgaat	cgcatgacga	cgcattcaca	3600
5	tggatgcact	tgccctggccc	actttacatc	cctgaaccat	cagttactaa	ctctaaaatg	3660
	cgtgtgccat	atctgggttc	aaaaacagag	gagcgtaaaa	cagcttcaat	ggcagcaata	3720
	aaaggaatgt	cacatcacct	gcgtgcagtc	ttaagaggta	catccgtatt	tatttgggca	3780
10	tttggggaca	cagatattaa	ttgggataat	gcattgcaga	ttgcccaatc	acggtgtaac	3840
	atcacattgg	atcaaagtag	attacttaca	ccaattccta	gcagttcaaa	tatccaacat	3900
	agactcgatg	acggaatcag	cacgcagaaa	tttactcctg	caagccttgc	tcgaatcaca	3960
15	tcctttgttc	acatctgtaa	tgacagccaa	aggtagaga	aggatggctc	ctctgtcgac	4020
	tcaaacttga	tttaccagca	aattatgtta	cttggactca	gcatctttga	aacaatgtac	4080
20	tcaatggacc	aaaagtgggt	attcaataac	cataccttac	at ttgcacac	tggacactcc	4140
	tgttgtccaa	gggaactaga	cataagttta	gtgaacccgc	caagacatca	gaccccgag	4200
	ctgactagca	caacaaccaa	cccgttccta	tatgatcagc	tcccactaaa	tcaggataat	4260
25	ctgacaacac	ttgagattaa	gacattcaaa	tttaatgagc	tcaacattga	tggttttagat	4320
	tttggtgaag	gaatacaatt	attgagtcgt	tgtactgcaa	gattaatggc	agaatgtatt	4380
30	ctagaggagg	gaataggctc	gtcagttaaa	aatgaagcaa	ttgtcaattt	tgataattca	4440
	gtcaattgga	tttcagagtg	cctaattgtgt	gatattcgct	cactttgtgt	taatttaggt	4500
	caagagatac	tatgtagcct	ggcataccaa	atgtattact	tgcgaaatcag	gggtagaagg	4560
35	gccattctta	attacttgga	cacaactttg	caaaggatcc	ctgtgataca	attagccaac	4620
	attgcactca	ccatttcaca	ccctgagata	tttcgcagaa	ttgtcaacac	cgggatccat	4680
40	aaccagatta	agggcccata	tgtggcaaca	acagatttca	tagctgcaag	tagagatatc	4740
	atattatcag	gtgcaaggga	gtatctatct	tatctaagca	gtggacagga	agactgttac	4800
	acattcttca	actgtcaaga	tggggatctt	actccaaaaa	tggaacagta	tcttgcaagg	4860
45	agggcatgcc	ttttaacatt	actgtataat	actgggcacc	agatcccat	tatccgatca	4920
	ctgacaccaa	tagagaagtg	caagggtgctc	acagaataca	atcaacaaat	tgagtatgca	4980
50	gatcaagagt	ttagctctgt	attgaaagtg	gtcaatgcac	tactacaaaa	tcctaataata	5040
	gatgcattgg	tttcaaatct	ctacttcacc	accagacgtg	ttttatcaaa	cctcagatca	5100
	tgtgataagg	ctatatcata	tattgaatat	ttgtacactg	aggacttcgg	agaaaaagaa	5160
55	gatacagtac	aatatgacat	catgacaaca	aacgatatca	tacttactca	tggtctattc	5220
	acacagatcg	aaatatctta	ccaagggagt	agtctccata	aattcctaac	tccggataac	5280
60	gcgcctggat	cattgatccc	attctctatt	tcaccaaatt	cgcttgcatg	tgatcctctt	5340
	caccacttac	tcaagtcggg	cgggtacatca	agcacaagct	ggtacaagta	tgcaatcgcc	5400
	tatgcagtgt	ctgaaaagag	gtcggctcga	ttaggagggga	gcttgtagat	tggtgaaggg	5460
65	agcgggaagt	tgatgacttt	gctagagtat	cttgagccat	ctgttgacat	at tttacaat	5520
	tcactcttct	caaattggtat	gaacccacca	caacgaaatt	atgggcttat	gccactacaa	5580

tttgtgaatt cggtggttta taagaactta acggctaaat cagaatgtaa gctaggattt 5640
 gtccagcaat ttaaaccgtt gtggagagac atagacattg agactaatgt tacagatcca 5700
 5 tcatttgtca attttgcatt gaatgaaatc ccaatgcaat cattaaaacg agtaaattgt 5760
 gatgtggaat ttgaccgtgg tatgccgatt gaacgggtta ttcagggtta cactcatatc 5820
 10 ttacttgttg ctacttacgg attgcagcaa gattcaatac tgtgggtgaa agtatatagg 5880
 acatctgaaa aagtatttca gttcttactg agtgccatga tcatgatctt tggttatgtc 5940
 aaaatccaca ggaatgggtta tatgtcggca aaggatgagg agtacatatt gatgtctgac 6000
 15 tgcaaggaac ctgtaaacta tacagctgtc cctaacattc ttacacgtgt aagtgattta 6060
 gtgtcgaaga atctgagtct tatccatcca gaagacctca gaaaggtaag gtgtgaaaca 6120
 20 gattccctga atttgaagtg caatcatatt tatgagaaaa taattgctag aaaaattcca 6180
 ttacaggtat catcaactga ttctttgtc ctccagttag gcggtgtcat caactcgggtg 6240
 ggctcaactg atcctagaga ggttgcaaca ttatcttcca ttgagtgtat ggactatgtt 6300
 25 gtctcatcaa ttgatttggc tatattagag gcaaatattg tgatctcaga gagtgctgggt 6360
 cttgacctcg ctttaatgtt agggccattc aacttgaata agcttaagaa aattgacaca 6420
 30 atccttaagt caagcaccta tcagctaatc ccgtattgggt tgcgctatga gtactctatt 6480
 aatccgagat ctttgtcatt tctaactact aaattacaac aatgccgaat ttcattggtca 6540
 gatatgataa caatctctga attttgcaag aaatccaagc ggcctatatt tattaacga 6600
 35 gtaataggga atcaacagct gaaatcattc tttaatgaaa gctcaagtat tgttttgacc 6660
 cgggctgaag tcaaagtctg tataaagttc ctcggtgcaa tcatcaagtt gaaataa 6717
 40
 <210> 76
 <211> 2238
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial
 45
 <220>
 <223> Proteína L de AC048308
 <400> 76
 50 Met Asp Val Lys Gln Val Asp Leu Ile Ile Gln Pro Glu Val His Leu
 1 5 10 15
 55 Asp Ser Pro Ile Ile Leu Asn Lys Leu Ala Leu Leu Trp Arg Leu Ser
 20 25 30
 60 Gly Leu Pro Met Pro Ala Asp Leu Arg Gln Lys Ser Val Val Met His
 35 40 45
 65 Ile Pro Asp His Ile Leu Glu Lys Ser Glu Tyr Arg Ile Lys His Arg
 50 55 60
 Leu Gly Lys Ile Lys Ser Asp Ile Ala His Tyr Cys Gln Tyr Phe Asn
 65 70 75 80

ES 2 622 087 T3

Ile Asn Leu Ala Asn₈₅ Leu Asp Pro Ile Thr₉₀ His Pro Lys Ser Leu₉₅ Tyr
 5
 Trp Leu Ser Arg₁₀₀ Leu Thr Ile Ala Ser₁₀₅ Ala Gly Thr Phe Arg₁₁₀ His Met
 10
 Lys Asp Arg₁₁₅ Ile Leu Cys Thr Val₁₂₀ Gly Ser Glu Phe Gly₁₂₅ His Lys Ile
 15
 Gln Asp₁₃₀ Leu Phe Ser Leu Leu₁₃₅ Ser His Lys Leu Val₁₄₀ Gly Asn Gly Asp
 20
 Leu Phe Asn Gln Ser Leu₁₅₀ Ser Gly Thr Arg Leu₁₅₅ Thr Ala Ser Pro Leu₁₆₀
 Ser Pro Leu Cys Asn₁₆₅ Gln Phe Val Ser Asp₁₇₀ Ile Lys Ser Ala Val₁₇₅ Thr
 25
 Thr Pro Trp Ser₁₈₀ Glu Ala Arg Trp Ser₁₈₅ Trp Leu His Ile Lys₁₉₀ Gln Thr
 30
 Met Arg Tyr₁₉₅ Leu Ile Lys Gln Ser₂₀₀ Arg Thr Thr Asn Ser₂₀₅ Ala His Leu
 35
 Thr Glu₂₁₀ Ile Ile Lys Glu Glu₂₁₅ Trp Gly Leu Val Gly₂₂₀ Ile Thr Pro Asp
 40
 Leu Val Ile Leu Phe Asp₂₃₀ Arg Val Asn Asn Ser₂₃₅ Leu Thr Ala Leu Thr₂₄₀
 Phe Glu Met Val Leu₂₄₅ Met Tyr Ser Asp Val₂₅₀ Leu Glu Ser Arg Asp₂₅₅ Asn
 45
 Ile Val Leu Val₂₆₀ Gly Arg Leu Ser Thr₂₆₅ Phe Leu Gln Pro Val₂₇₀ Val Ser
 50
 Arg Leu Glu₂₇₅ Val Leu Phe Asp Leu₂₈₀ Val Asp Ser Leu Ala₂₈₅ Lys Thr Leu
 55
 Gly Asp₂₉₀ Thr Ile Tyr Glu Ile₂₉₅ Ile Ala Val Leu Glu₃₀₀ Ser Leu Ser Tyr
 60
 Gly Ser Val Gln Leu His₃₁₀ Asp Ala Ser His Ser₃₁₅ His Ala Gly Ser Phe₃₂₀
 Phe Ser Phe Asn Met₃₂₅ Asn Glu Leu Asp Asn₃₃₀ Thr Leu Ser Lys Arg₃₃₅ Val
 65
 Asp Pro Lys His₃₄₀ Lys Asn Thr Ile Met₃₄₅ Ser Ile Ile Arg Gln₃₅₀ Cys Phe

ES 2 622 087 T3

5 Ser Asn Leu Asp Val Asp Gln Ala Ala Glu Met Leu Cys Leu Met Arg
 355 360 365
 10 Leu Phe Gly His Pro Met Leu Thr Ala Pro Asp Ala Ala Ala Lys Val
 370 375 380
 15 Arg Lys Ala Met Cys Ala Pro Lys Leu Val Glu His Asp Thr Ile Leu
 385 390 395 400
 20 Gln Thr Leu Ser Phe Phe Lys Gly Ile Ile Ile Asn Gly Tyr Arg Arg
 405 410 415
 25 Ser His Ser Gly Leu Trp Pro Asn Val Glu Pro Ser Ser Ile Tyr Asp
 420 425 430
 30 Asp Asp Leu Arg Gln Leu Tyr Leu Glu Ser Ala Glu Ile Ser His His
 435 440 445
 35 Phe Met Leu Lys Asn Tyr Lys Ser Leu Ser Met Ile Glu Phe Lys Lys
 450 455 460
 40 Ser Ile Asp Tyr Asp Leu His Asp Asp Leu Ser Thr Phe Leu Lys Asp
 465 470 475 480
 45 Arg Ala Ile Cys Arg Pro Lys Ser Gln Trp Asp Val Ile Phe Arg Lys
 485 490 495
 50 Ser Leu Arg Arg Ser His Thr Arg Ser Gln Tyr Met Asp Glu Ile Lys
 500 505 510
 55 Ser Asn Arg Leu Leu Ile Asp Phe Leu Asp Ser Ala Asp Phe Asp Pro
 515 520 525
 60 Glu Lys Glu Phe Ala Tyr Val Thr Thr Met Asp Tyr Leu His Asp Asn
 530 535 540
 65 Glu Phe Cys Ala Ser Tyr Ser Leu Lys Glu Lys Glu Ile Lys Thr Thr
 545 550 555 560
 70 Gly Arg Ile Phe Ala Lys Met Thr Arg Asn Met Arg Ser Cys Gln Val
 565 570 575
 75 Ile Leu Glu Ser Leu Leu Ser Lys His Ile Cys Lys Phe Phe Lys Glu
 580 585 590
 80 Asn Gly Val Ser Met Glu Gln Leu Ser Leu Thr Lys Ser Leu Leu Ala
 595 600 605
 85 Met Ser Gln Leu Ser Pro Lys Val Ser Thr Leu Gln Asp Thr Ala Ser
 610 615 620

ES 2 622 087 T3

5 Arg 625 His Val Gly Asn 630 Ser Lys Ser Gln Ile Ala 635 Thr Ser Asn Pro Ser
 Arg 645 His His Ser Thr 645 Thr Asn Gln Met 650 Ser Leu Ser Asn Arg Lys 655 Thr
 10 Val Val Ala Thr 660 Phe Leu Thr Thr 665 Asp Leu Glu Lys Tyr Cys 670 Leu Gln
 15 Trp Arg Tyr 675 Ser Thr Ile Lys 680 Leu Phe Ala Gln Ala 685 Leu Asn Gln Leu
 20 Phe 690 Gly Ile Asp His Gly 695 Phe Glu Trp Ile His 700 Leu Arg Leu Met Asn
 25 Ser 705 Thr Leu Phe Val 710 Gly Asp Pro Tyr Ser 715 Pro Pro Glu Asp Pro Thr 720
 Leu Glu Asp Ile 725 Asp Lys Ala Pro Asn 730 Asp Asp Ile Phe Ile Val 735 Ser
 30 Pro Arg Gly Gly 740 Ile Glu Gly Leu Cys 745 Gln Lys Met Trp Thr 750 Met Ile
 35 Ser Ile 755 Ser Ala Ile His Cys 760 Val Ala Glu Lys Ile 765 Gly Ala Arg Val
 40 Ala 770 Ala Met Val Gln Gly 775 Asp Asn Gln Val Ile 780 Ala Ile Thr Lys Glu
 45 Leu 785 Phe Arg Gly Glu 790 Lys Ala Cys Asp Val 795 Arg Asp Glu Leu Asp 800 Glu
 Leu Gly Gln Val 805 Phe Phe Asp Glu Phe 810 Lys Arg His Asn Tyr 815 Ala Ile
 50 Gly His Asn 820 Leu Lys Leu Asn Glu Thr 825 Ile Gln Ser Gln 830 Ser Phe Phe
 55 Val Tyr Ser 835 Lys Arg Ile Phe 840 Phe Glu Gly Arg Leu 845 Leu Ser Gln Val
 60 Leu 850 Lys Asn Ala Ala Lys 855 Leu Cys Met Val Ala 860 Asp His Leu Gly Glu
 65 Asn 865 Thr Val Ser Ser 870 Cys Ser Asn Leu Ser 875 Ser Thr Ile Ala Arg Leu 880
 Val Glu Asn Gly 885 Phe Glu Lys Asp Thr 890 Ala Phe Val Leu Asn 895 Leu Val

Tyr Ile Met Thr Gln Ile Leu Phe Asp Glu His Tyr Ser Ile Val Cys
 5 900 905 910
 Asp His Asn Ser Val Lys Ser Leu Ile Gly Ser Lys Asn Tyr Arg Asn
 10 915 920 925
 Leu Leu Tyr Ser Ser Leu Ile Pro Gly Gln Leu Gly Gly Phe Asn Phe
 15 930 935 940
 Leu Asn Ile Ser Arg Leu Phe Thr Arg Asn Ile Gly Asp Pro Val Thr
 20 945 950 955 960
 Cys Ser Leu Ser Asp Leu Lys Cys Phe Ile Ala Ala Gly Leu Leu Pro
 25 965 970 975
 Pro Tyr Val Leu Lys Asn Val Val Leu Arg Glu Pro Gly Pro Gly Thr
 30 980 985 990
 Trp Leu Thr Leu Cys Ser Asp Pro Tyr Thr Leu Asn Ile Pro Tyr Thr
 35 995 1000 1005
 Gln Leu Pro Thr Thr Tyr Leu Lys Lys His Thr Gln Arg Ser Leu
 40 1010 1015 1020
 Leu Ser Arg Ala Val Asn Pro Leu Leu Ala Gly Val Gln Val Pro
 45 1025 1030 1035
 Asn Gln His Glu Glu Glu Glu Met Leu Ala Arg Phe Leu Leu Asp
 50 1040 1045 1050
 Arg Glu Tyr Val Met Pro Arg Val Ala His Val Ile Leu Glu Thr
 55 1055 1060 1065
 Ser Val Leu Gly Lys Arg Lys Gln Ile Gln Gly Leu Ile Asp Thr
 60 1070 1075 1080
 Thr Pro Thr Ile Ile Arg Thr Ser Leu Val Asn Leu Pro Val Ser
 65 1085 1090 1095
 Arg Lys Lys Cys Glu Lys Ile Ile Asn Tyr Ser Leu Asn Tyr Ile
 1100 1105 1110
 Ala Glu Cys His Asp Ser Leu Leu Ser Gln Ile Cys Phe Ser Asp
 1115 1120 1125
 Asn Lys Glu Tyr Leu Trp Ser Thr Ser Leu Ile Ser Val Glu Thr
 1130 1135 1140
 Cys Ser Val Thr Ile Ala Asp Tyr Leu Arg Ala Val Ser Trp Ser
 1145 1150 1155

5	Asn 1160	Ile	Leu	Gly	Gly	Arg	Asn 1165	Ile	Ser	Gly	Val	Thr 1170	Thr	Pro	Asp
10	Thr 1175	Ile	Glu	Leu	Ile	Gln	Gly 1180	Cys	Leu	Ile	Gly	Glu 1185	Asn	Ser	Ser
15	Cys 1190	Thr	Leu	Cys	Glu	Ser	His 1195	Asp	Asp	Ala	Phe	Thr 1200	Trp	Met	His
20	Leu 1205	Pro	Gly	Pro	Leu	Tyr	Ile 1210	Pro	Glu	Pro	Ser	Val 1215	Thr	Asn	Ser
25	Lys 1220	Met	Arg	Val	Pro	Tyr	Leu 1225	Gly	Ser	Lys	Thr	Glu 1230	Glu	Arg	Lys
30	Thr 1235	Ala	Ser	Met	Ala	Ala	Ile 1240	Lys	Gly	Met	Ser	His 1245	His	Leu	Arg
35	Ala 1250	Val	Leu	Arg	Gly	Thr	Ser 1255	Val	Phe	Ile	Trp	Ala 1260	Phe	Gly	Asp
40	Thr 1265	Asp	Ile	Asn	Trp	Asp	Asn 1270	Ala	Leu	Gln	Ile	Ala 1275	Gln	Ser	Arg
45	Cys 1280	Asn	Ile	Thr	Leu	Asp	Gln 1285	Met	Arg	Leu	Leu	Thr 1290	Pro	Ile	Pro
50	Ser 1295	Ser	Ser	Asn	Ile	Gln	His 1300	Arg	Leu	Asp	Asp	Gly 1305	Ile	Ser	Thr
55	Gln 1310	Lys	Phe	Thr	Pro	Ala	Ser 1315	Leu	Ala	Arg	Ile	Thr 1320	Ser	Phe	Val
60	His 1325	Ile	Cys	Asn	Asp	Ser	Gln 1330	Arg	Leu	Glu	Lys	Asp 1335	Gly	Ser	Ser
65	Val 1340	Asp	Ser	Asn	Leu	Ile	Tyr 1345	Gln	Gln	Ile	Met	Leu 1350	Leu	Gly	Leu
	Ser 1355	Ile	Phe	Glu	Thr	Met	Tyr 1360	Ser	Met	Asp	Gln	Lys 1365	Trp	Val	Phe
	Asn 1370	Asn	His	Thr	Leu	His	Leu 1375	His	Thr	Gly	His	Ser 1380	Cys	Cys	Pro
	Arg 1385	Glu	Leu	Asp	Ile	Ser	Leu 1390	Val	Asn	Pro	Pro	Arg 1395	His	Gln	Thr
	Pro 1400	Glu	Leu	Thr	Ser	Thr	Thr 1405	Thr	Asn	Pro	Phe	Leu 1410	Tyr	Asp	Gln

5	Leu 1415	Pro	Leu	Asn	Gln	Asp	Asn 1420	Leu	Thr	Thr	Leu	Glu 1425	Ile	Lys	Thr
	Phe	Lys 1430	Phe	Asn	Glu	Leu	Asn 1435	Ile	Asp	Gly	Leu	Asp 1440	Phe	Gly	Glu
10	Gly	Ile 1445	Gln	Leu	Leu	Ser	Arg 1450	Cys	Thr	Ala	Arg	Leu 1455	Met	Ala	Glu
15	Cys	Ile 1460	Leu	Glu	Glu	Gly	Ile 1465	Gly	Ser	Ser	Val	Lys 1470	Asn	Glu	Ala
20	Ile	Val 1475	Asn	Phe	Asp	Asn	Ser 1480	Val	Asn	Trp	Ile	Ser 1485	Glu	Cys	Leu
25	Met	Cys 1490	Asp	Ile	Arg	Ser	Leu 1495	Cys	Val	Asn	Leu	Gly 1500	Gln	Glu	Ile
	Leu	Cys 1505	Ser	Leu	Ala	Tyr	Gln 1510	Met	Tyr	Tyr	Leu	Arg 1515	Ile	Arg	Gly
30	Arg	Arg 1520	Ala	Ile	Leu	Asn	Tyr 1525	Leu	Asp	Thr	Thr	Leu 1530	Gln	Arg	Ile
35	Pro	Val 1535	Ile	Gln	Leu	Ala	Asn 1540	Ile	Ala	Leu	Thr	Ile 1545	Ser	His	Pro
40	Glu	Ile 1550	Phe	Arg	Arg	Ile	Val 1555	Asn	Thr	Gly	Ile	His 1560	Asn	Gln	Ile
45	Lys	Gly 1565	Pro	Tyr	Val	Ala	Thr 1570	Thr	Asp	Phe	Ile	Ala 1575	Ala	Ser	Arg
	Asp	Ile 1580	Ile	Leu	Ser	Gly	Ala 1585	Arg	Glu	Tyr	Leu	Ser 1590	Tyr	Leu	Ser
50	Ser	Gly 1595	Gln	Glu	Asp	Cys	Tyr 1600	Thr	Phe	Phe	Asn	Cys 1605	Gln	Asp	Gly
55	Asp	Leu 1610	Thr	Pro	Lys	Met	Glu 1615	Gln	Tyr	Leu	Ala	Arg 1620	Arg	Ala	Cys
60	Leu	Leu 1625	Thr	Leu	Leu	Tyr	Asn 1630	Thr	Gly	His	Gln	Ile 1635	Pro	Ile	Ile
65	Arg	Ser 1640	Leu	Thr	Pro	Ile	Glu 1645	Lys	Cys	Lys	Val	Leu 1650	Thr	Glu	Tyr
	Asn	Gln 1655	Gln	Ile	Glu	Tyr	Ala 1660	Asp	Gln	Glu	Phe	Ser 1665	Ser	Val	Leu

5	Lys	Val	Val	Asn	Ala	Leu	Leu	Gln	Asn	Pro	Asn	Ile	Asp	Ala	Leu
	1670						1675					1680			
	Val	Ser	Asn	Leu	Tyr	Phe	Thr	Thr	Arg	Arg	Val	Leu	Ser	Asn	Leu
	1685						1690					1695			
10	Arg	Ser	Cys	Asp	Lys	Ala	Ile	Ser	Tyr	Ile	Glu	Tyr	Leu	Tyr	Thr
	1700						1705					1710			
15	Glu	Asp	Phe	Gly	Glu	Lys	Glu	Asp	Thr	Val	Gln	Tyr	Asp	Ile	Met
	1715						1720					1725			
20	Thr	Thr	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Thr	His	Gly	Leu	Phe	Thr	Gln	Ile
	1730						1735					1740			
	Glu	Ile	Ser	Tyr	Gln	Gly	Ser	Ser	Leu	His	Lys	Phe	Leu	Thr	Pro
25	1745						1750					1755			
	Asp	Asn	Ala	Pro	Gly	Ser	Leu	Ile	Pro	Phe	Ser	Ile	Ser	Pro	Asn
	1760						1765					1770			
30	Ser	Leu	Ala	Cys	Asp	Pro	Leu	His	His	Leu	Leu	Lys	Ser	Val	Gly
	1775						1780					1785			
35	Thr	Ser	Ser	Thr	Ser	Trp	Tyr	Lys	Tyr	Ala	Ile	Ala	Tyr	Ala	Val
	1790						1795					1800			
40	Ser	Glu	Lys	Arg	Ser	Ala	Arg	Leu	Gly	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ile	Gly
	1805						1810					1815			
	Glu	Gly	Ser	Gly	Ser	Val	Met	Thr	Leu	Leu	Glu	Tyr	Leu	Glu	Pro
45	1820						1825					1830			
	Ser	Val	Asp	Ile	Phe	Tyr	Asn	Ser	Leu	Phe	Ser	Asn	Gly	Met	Asn
	1835						1840					1845			
50	Pro	Pro	Gln	Arg	Asn	Tyr	Gly	Leu	Met	Pro	Leu	Gln	Phe	Val	Asn
	1850						1855					1860			
55	Ser	Val	Val	Tyr	Lys	Asn	Leu	Thr	Ala	Lys	Ser	Glu	Cys	Lys	Leu
	1865						1870					1875			
60	Gly	Phe	Val	Gln	Gln	Phe	Lys	Pro	Leu	Trp	Arg	Asp	Ile	Asp	Ile
	1880						1885					1890			
	Glu	Thr	Asn	Val	Thr	Asp	Pro	Ser	Phe	Val	Asn	Phe	Ala	Leu	Asn
65	1895						1900					1905			
	Glu	Ile	Pro	Met	Gln	Ser	Leu	Lys	Arg	Val	Asn	Cys	Asp	Val	Glu
	1910						1915					1920			

5	Phe 1925	Asp 1925	Arg	Gly	Met	Pro	Ile 1930	Glu	Arg	Val	Ile	Gln 1935	Gly	Tyr	Thr
	His 1940	Ile 1940	Leu	Leu	Val	Ala	Thr 1945	Tyr	Gly	Leu	Gln	Gln 1950	Asp	Ser	Ile
10	Leu 1955	Trp 1955	Val	Lys	Val	Tyr	Arg 1960	Thr	Ser	Glu	Lys	Val 1965	Phe	Gln	Phe
15	Leu 1970	Leu 1970	Ser	Ala	Met	Ile	Met 1975	Ile	Phe	Gly	Tyr	Val 1980	Lys	Ile	His
20	Arg 1985	Asn 1985	Gly	Tyr	Met	Ser	Ala 1990	Lys	Asp	Glu	Glu	Tyr 1995	Ile	Leu	Met
25	Ser 2000	Asp 2000	Cys	Lys	Glu	Pro	Val 2005	Asn	Tyr	Thr	Ala	Val 2010	Pro	Asn	Ile
	Leu 2015	Thr 2015	Arg	Val	Ser	Asp	Leu 2020	Val	Ser	Lys	Asn	Leu 2025	Ser	Leu	Ile
30	His 2030	Pro 2030	Glu	Asp	Leu	Arg	Lys 2035	Val	Arg	Cys	Glu	Thr 2040	Asp	Ser	Leu
35	Asn 2045	Leu 2045	Lys	Cys	Asn	His	Ile 2050	Tyr	Glu	Lys	Ile	Ile 2055	Ala	Arg	Lys
40	Ile 2060	Pro 2060	Leu	Gln	Val	Ser	Ser 2065	Thr	Asp	Ser	Leu	Leu 2070	Leu	Gln	Leu
45	Gly 2075	Gly 2075	Val	Ile	Asn	Ser	Val 2080	Gly	Ser	Thr	Asp	Pro 2085	Arg	Glu	Val
	Ala 2090	Thr 2090	Leu	Ser	Ser	Ile	Glu 2095	Cys	Met	Asp	Tyr	Val 2100	Val	Ser	Ser
50	Ile 2105	Asp 2105	Leu	Ala	Ile	Leu	Glu 2110	Ala	Asn	Ile	Val	Ile 2115	Ser	Glu	Ser
55	Ala 2120	Gly 2120	Leu	Asp	Leu	Ala	Leu 2125	Met	Leu	Gly	Pro	Phe 2130	Asn	Leu	Asn
60	Lys 2135	Leu 2135	Lys	Lys	Ile	Asp	Thr 2140	Ile	Leu	Lys	Ser	Ser 2145	Thr	Tyr	Gln
65	Leu 2150	Ile 2150	Pro	Tyr	Trp	Leu	Arg 2155	Tyr	Glu	Tyr	Ser	Ile 2160	Asn	Pro	Arg
	Ser 2165	Leu 2165	Ser	Phe	Leu	Ile	Thr 2170	Lys	Leu	Gln	Gln	Cys 2175	Arg	Ile	Ser

5 Trp Ser Asp Met Ile Thr Ile Ser Glu Phe Cys Lys Lys Ser Lys
 2180 2185 2190
 Arg Pro Ile Phe Ile Lys Arg Val Ile Gly Asn Gln Gln Leu Lys
 2195 2200 2205
 10 Ser Phe Phe Asn Glu Ser Ser Ser Ile Val Leu Thr Arg Ala Glu
 2210 2215 2220
 15 Val Lys Val Cys Ile Lys Phe Leu Gly Ala Ile Ile Lys Leu Lys
 2225 2230 2235
 20 <210> 77
 <211> 1570
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 25 <220>
 <223> Gen de NP de FJ619036
 <400> 77
 gggggcgaag caagtggatc tcgggctcga ggccgaaaca ctggatttcg ctggagggtt 60
 30 tgaatagggtc gctataagac tcaatatgtc atctgtattc aatgaatatc aggcacttca 120
 agaacaactt gtaaagccgg ctgtcaggag acctgatgtt gcctcaacag gtttactcag 180
 35 ggcggaaata cctgtctgtg ttacattgtc tcaagacccc ggtgagagat ggagccttgc 240
 ttgccttaat atccgatggc ttgtgagtga ttcacaaacc acaccaatga agcagggagc 300
 aatattgtca ctgctgagtc tacattcaga caatatgcga gctcacgcaa cattagcagc 360
 40 aaggtctgca gatgcttcac tcaccatact tgaggtagat gaagtagata ttggcaactc 420
 cctaatacaa ttcaacgcta gaagtgggtg atctgataaa cgatcaaata aattgcttgc 480
 aattgcggat gacatcccca aaagttgcag taatgggcat ccatttcttg acacagacat 540
 45 tgagaccaga gacccgctcg atctatcaga gaccatagac cgcttcgagg gtattgcagc 600
 tcagatatgg gtgtcagcca taaagagcat gacagcgcct gacaccgcat cagagtcaga 660
 50 aagtaagagg ctggccaaat accaacaaca aggccgactg gttaagcaag tacttttgca 720
 ttctgtagtc aggacagaat ttatgagagt tattcggggc agcttggtac tgcgccagtt 780
 tatggtttagc gaggcgaaga gggcttcagc catgggcgga gacacatcta ggtactatgc 840
 55 tatgggtgggt gacatcagtc tgtacatcaa gaatgcagga ttgactgcat ttttcctcac 900
 cctgaagttc ggggttggta cccagtatcc aaccttagca atgagtgttt tctccagtga 960
 60 ccttaaaaga cttgctgcac tcatcaggct gtacaaaacc aaggagagaca atgcaccata 1020
 catggcattc ctggaggact ccgatatggg aaattttgct ccagcaaatt atagcacaat 1080
 gtactcttat gccatgggca ttgggacgat tctggaagca tctgtatctc gataccagta 1140
 65 tgctagagac tttaccagtg agaattatct cctgcttgga gttgagacag ccaaagcca 1200
 gcagggagcg tttgacgaga gaacagcccg agagatgggc ttgactgagg aatccaaaca 1260

ES 2 622 087 T3

gcagggttaga tcactgctaa tgtcagtaga catgggtccc agttcagttc gcgagccatc 1320
 5 cgcgcctgca ttcacagtc aagaagaaaa taggcagcct gcccagaatt cttcagatac 1380
 tcagggtcag accaagccag tcccgaatca acccgcacca agggccgacc cagatgacat 1440
 tgatccatac gagaacgggc tagaatggtg attcaatcac ctcgacacat ccacctatac 1500
 10 accaattctg tgacatatta acctaataca acatttcata aactatagta gtcattgatt 1560
 taagaaaaaa 1570

15 <210> 78
 <211> 461
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

20 <220>
 <223> Proteína NP de ACN88139
 <400> 78

25 Met Ser Ser Val Phe Asn Glu Tyr Gln Ala Leu Gln Glu Gln Leu Val
 1 5 10 15

30 Lys Pro Ala Val Arg Arg Pro Asp Val Ala Ser Thr Gly Leu Leu Arg
 20 25 30

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

Trp Ser Leu Ala Cys Leu Asn Ile Arg Trp Leu Val Ser Asp Ser Ser
 50 55 60

40 Thr Thr Pro Met Lys Gln Gly Ala Ile Leu Ser Leu Leu Ser Leu His
 65 70 75 80

45 Ser Asp Asn Met Arg Ala His Ala Thr Leu Ala Ala Arg Ser Ala Asp
 85 90 95

50 Ala Ser Leu Thr Ile Leu Glu Val Asp Glu Val Asp Ile Gly Asn Ser
 100 105 110

Leu Ile Lys Phe Asn Ala Arg Ser Gly Val Ser Asp Lys Arg Ser Asn
 55 115 120 125

Gln Leu Leu Ala Ile Ala Asp Asp Ile Pro Lys Ser Cys Ser Asn Gly
 130 135 140

60 His Pro Phe Leu Asp Thr Asp Ile Glu Thr Arg Asp Pro Leu Asp Leu
 145 150 155 160

65 Ser Glu Thr Ile Asp Arg Leu Gln Gly Ile Ala Ala Gln Ile Trp Val
 165 170 175

ES 2 622 087 T3

	Ser	Ala	Ile	Lys 180	Ser	Met	Thr	Ala	Pro 185	Asp	Thr	Ala	Ser	Glu 190	Ser	Glu
5	Ser	Lys	Arg 195	Leu	Ala	Lys	Tyr	Gln 200	Gln	Gln	Gly	Arg	Leu 205	Val	Lys	Gln
10	Val	Leu 210	Leu	His	Ser	Val	Val 215	Arg	Thr	Glu	Phe	Met 220	Arg	Val	Ile	Arg
15	Gly 225	Ser	Leu	Val	Leu	Arg 230	Gln	Phe	Met	Val	Ser 235	Glu	Cys	Lys	Arg	Ala 240
20	Ser	Ala	Met	Gly	Gly 245	Asp	Thr	Ser	Arg	Tyr 250	Tyr	Ala	Met	Val	Gly 255	Asp
25	Ile	Ser	Leu	Tyr 260	Ile	Lys	Asn	Ala	Gly 265	Leu	Thr	Ala	Phe	Phe 270	Leu	Thr
30	Leu	Lys	Phe 275	Gly	Val	Gly	Thr	Gln 280	Tyr	Pro	Thr	Leu	Ala 285	Met	Ser	Val
35	Phe	Ser 290	Ser	Asp	Leu	Lys	Arg 295	Leu	Ala	Ala	Leu	Ile 300	Arg	Leu	Tyr	Lys
40	Thr 305	Lys	Gly	Asp	Asn	Ala 310	Pro	Tyr	Met	Ala	Phe 315	Leu	Glu	Asp	Ser	Asp 320
45	Met	Gly	Asn	Phe	Ala 325	Pro	Ala	Asn	Tyr	Ser 330	Thr	Met	Tyr	Ser	Tyr 335	Ala
50	Met	Gly	Ile	Gly 340	Thr	Ile	Leu	Glu	Ala 345	Ser	Val	Ser	Arg	Tyr 350	Gln	Tyr
55	Ala	Arg	Asp 355	Phe	Thr	Ser	Glu	Asn 360	Tyr	Phe	Arg	Leu	Gly 365	Val	Glu	Thr
60	Ala	Gln 370	Ser	Gln	Gln	Gly	Ala 375	Phe	Asp	Glu	Arg	Thr 380	Ala	Arg	Glu	Met
65	Gly 385	Leu	Thr	Glu	Glu	Ser 390	Lys	Gln	Gln	Val	Arg 395	Ser	Leu	Leu	Met	Ser 400
	Val	Asp	Met	Gly	Pro 405	Ser	Ser	Val	Arg	Glu 410	Pro	Ser	Arg	Pro	Ala 415	Phe
	Ile	Ser	Gln	Glu 420	Glu	Asn	Arg	Gln	Pro 425	Ala	Gln	Asn	Ser	Ser 430	Asp	Thr
	Gln	Gly	Gln 435	Thr	Lys	Pro	Val	Pro 440	Asn	Gln	Pro	Ala	Pro 445	Arg	Ala	Asp

ES 2 622 087 T3

Pro Asp Asp Ile Asp Pro Tyr Glu Asn Gly Leu Glu Trp
450 455 460

5 <210> 79
<211> 1374
<212> ADN
<213> secuencia artificial

10 <220>
<223> Gen de P de FJ619036

<400> 79
gggggcgacc tcaactgtga aacacgccag atctgtccac aacaccactc aacaaccac 60
15 acaagatgga cttcgccaat gatgaagaaa ttgcagaact tctgaacctc agcaccactg 120
taatcaagga gattcagaaa tctgaactca agcctcccca aaccactggg cgaccacctg 180
20 tcagtcaagg gaacacaaga aatctaactg atctatggga aaaggagact gcaagtcaga 240
acaagacatc ggctcaatct ccacaaacca cacaagttca gtctgatgga aatgaggagg 300
aagaaatcaa atcagagtca attgatggcc acatcagtggt aactgttaat caattagagc 360
25 aagtcccaga acaaaaccag agcagatctt caccagggtga tgatctcgac agagctctca 420
acaagcttga agggagaatc aactcaatca gctcaatgga taaagaaatt aaaaagggcc 480
30 ctcgcatcca gaatctccct ggggtcccaag cagcaactca acaggcgacc caccatttgg 540
caggggacac cccgaacatg caggcacgga caaaaccctt gaccaagcca catcaagagg 600
caatcaatcc tggcaaccag gacacaggag agaattattca tttaccacct tccatggcac 660
35 caccagagtc attagttggt gcaatccgca atgtacccca attcgtgcca gaccaatcta 720
tgacgaatgt agatgcgggg agtgtccaac tacatgcatc atgtgcagag atgataagta 780
40 gaatgcttgt agaagttata tctaagcttg ataaactcga gtcgagactg aatgatatag 840
caaaagttgt aaacaccacc ccccttatca ggaatgatat taaccaactt aaggccacaa 900
ctgcactgat gtccaaccaa attgcttcca tacaatttct tgaccagggt aatgcagggt 960
45 tgaggctcct ctctgaaatg agatctgtga cgaagaaagc tgctgttgta attgcaggat 1020
ttggagacga cccaactcaa attattgaag aaggatatcat ggccaaagat gctcttgga 1080
50 aacctgtgcc tccaacatct gttatcgag ccaaagctca gacttcttcc ggtgtgagta 1140
agggtgaaat agaaggattg attgcattgg tggaaacatt agttgacaat gacaagaagg 1200
cagcgaaact gattaaaatg attgatcaag ttaaatccca cgccgattac gcccagatca 1260
55 agcaggcaat atataatgca taatattgta attatacaaa caatcaatac tgctgtcggt 1320
tgcaccacc ttagcaaatc aataatcttt taaaattgat tgattaagaa aaaa 1374

60 <210> 80
<211> 405
<212> PRT
<213> secuencia artificial

65 <220>
<223> Proteína P de ACN88140

ES 2 622 087 T3

<400> 80

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

ES 2 622 087 T3

5 Asn Gln Leu Lys Ala Thr Thr Ala Leu Met Ser Asn Gln Ile Ala Ser
 275 280 285
 Ile Gln Ile Leu Asp Pro Gly Asn Ala Gly Val Arg Ser Leu Ser Glu
 290 295 300
 10 Met Arg Ser Val Thr Lys Lys Ala Ala Val Val Ile Ala Gly Phe Gly
 305 310 315 320
 15 Asp Asp Pro Thr Gln Ile Ile Glu Glu Gly Ile Met Ala Lys Asp Ala
 325 330 335
 20 Leu Gly Lys Pro Val Pro Pro Thr Ser Val Ile Ala Ala Lys Ala Gln
 340 345 350
 25 Thr Ser Ser Gly Val Ser Lys Gly Glu Ile Glu Gly Leu Ile Ala Leu
 355 360 365
 Val Glu Thr Leu Val Asp Asn Asp Lys Lys Ala Ala Lys Leu Ile Lys
 370 375 380
 30 Met Ile Asp Gln Val Lys Ser His Ala Asp Tyr Ala Arg Val Lys Gln
 385 390 395 400
 35 Ala Ile Tyr Asn Ala
 405

40 <210> 81
 <211> 1110
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

45 <220>
 <223> Gen de M de FJ619036

<400> 81
 atggcatata caacactaaa actgtgggtg gatgagggtg acatgtcgtc ttcgcttcta 60
 50 tcattcccgt tggtactaaa agagacagac agaggcacia agaagcttca accacaggta 120
 agggtagatt caattggcga tgtgcagaat gccaaagagt cctcgatatt cgtgactcta 180
 55 tatggtttca tccaagcaat taaggagaat tcagatcgat cgaaattctt ccatccaaaa 240
 gatgacttca aacctgagac agtcactgca ggactggtag tagtgggtgc aatccgaatg 300
 atggctgatg tcaataccat ctctaatagat gcactagcgc tggagatcac tgtaagaaa 360
 60 tctgcaactt ctcaagagaa aatgacggtg atgttccaca atagcccccc ttcattgaga 420
 actgcaataa ctatccgagc aggagggttc atctcgaatg cagacgaaaa tataaaatgt 480
 gccagcaagt tgactgcagg agtgcagtac atattccgtc caatgtttgt ttcaatcact 540
 65 aaattacaca atggcaaact atataggggtg cccaaaagta tccacagcat ctcgtctacc 600
 ctactgtata gtgtgatgtt ggaggttaga ttcaaagtgg acatcgggaa ggatcatccc 660

caggcaaaaa tgctgaagag ggtcacaatt ggcgatgcag acacatactg gggatttgca 720
 5 tggttccacc tgtgcaattt caaaaagaca tcctctaagg gaaagccgag aacgctagac 780
 gaactgagga caaaagtcaa aaatatgggg ttgaaattgg agttacatga cctatgggggt 840
 ccgactattg tgggtccaaat cactggcaag agcagcaaat atgctcaagg atttttttct 900
 10 tccaatggta cttgttgcct cccaatcagc agatctgcac cagagcttgg gaagcttctg 960
 tggctctgct cagcaactat tgggtgacgca acagttgtta tccaatcaag cgagaagggg 1020
 gaactcctaa ggtctgatga tctcgagata cgagggtgctg tggcctccaa gaaaggtaga 1080
 15 ctgagctcat ttcacccctt caaaaaatga 1110

<210> 82
 20 <211> 369
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial
 <220>
 25 <223> Proteína M de ACN88143
 <400> 82

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

Ala Ser Lys Leu Thr Ala Gly Val Gln Tyr Ile Phe Arg Pro Met Phe
165 170 175

5 Val Ser Ile Thr Lys Leu His Asn Gly Lys Leu Tyr Arg Val Pro Lys
180 185 190

10 Ser Ile His Ser Ile Ser Ser Thr Leu Leu Tyr Ser Val Met Leu Glu
195 200 205

15 Val Gly Phe Lys Val Asp Ile Gly Lys Asp His Pro Gln Ala Lys Met
210 215 220

20 Leu Lys Arg Val Thr Ile Gly Asp Ala Asp Thr Tyr Trp Gly Phe Ala
225 230 235 240

25 Trp Phe His Leu Cys Asn Phe Lys Lys Thr Ser Ser Lys Gly Lys Pro
245 250 255

30 Arg Thr Leu Asp Glu Leu Arg Thr Lys Val Lys Asn Met Gly Leu Lys
260 265 270

35 Leu Glu Leu His Asp Leu Trp Gly Pro Thr Ile Val Val Gln Ile Thr
275 280 285

40 Gly Lys Ser Ser Lys Tyr Ala Gln Gly Phe Phe Ser Ser Asn Gly Thr
290 295 300

45 Cys Cys Leu Pro Ile Ser Arg Ser Ala Pro Glu Leu Gly Lys Leu Leu
305 310 315 320

50 Trp Ser Cys Ser Ala Thr Ile Gly Asp Ala Thr Val Val Ile Gln Ser
325 330 335

55 Ser Glu Lys Gly Glu Leu Leu Arg Ser Asp Asp Leu Glu Ile Arg Gly
340 345 350

60 Ala Val Ala Ser Lys Lys Gly Arg Leu Ser Ser Phe His Pro Phe Lys
355 360 365

Lys

<210> 83
<211> 1632
<212> ADN
<213> secuencia artificial

<220>
<223> Gen de F de FJ619036

65 <400> 83
atgggtaaaa tatcaatata tctaattaat agcgtgctat tattgctggt atatcctgtg 60
aattcgattg acaatacact cgttgccccca atcggagtcg ccagcgcaaa tgaatggcag 120

5	cttgctgcat	atacaacatc	acttttcaggg	acaattgccc	tgcgattcct	acctgtgctc	180
	ccggataata	tgactacctg	tcttagagaa	acaataacta	catataataa	tactgtcaac	240
	aacatccttag	gcccactcaa	atccaatctg	gatgcactgc	tctcatctga	gacttatccc	300
10	cagacaagat	taattggggc	agttataggt	tcaattgctc	ttgggtgttg	aacatcggct	360
	caaatcactg	ctgcagtcgc	tctcaagcaa	gcacaagata	atgcaagaaa	catactggca	420
	ctcaaagagg	cactgtccaa	aactaatgag	gcggtcaagg	agcttagcag	tggattgcaa	480
15	caaacagcta	ttgcacttgg	taagatacag	agctttgtga	atgaggaaaat	tctgccatct	540
	atcaaccaac	tgagctgcga	ggtagacagc	aataaacttg	gggtgtattt	atctctgtat	600
	ctcacagaac	tgaccactat	attcggtgca	cagttgacta	accctgcatt	gacttcatta	660
20	tcatatcaag	cgctgtacaa	cctgtgtggg	ggcaacatgg	caatgcttac	tcagaagatt	720
	ggaattaaac	agcaagacgt	taattcgcta	tatgaagccg	gactaatcac	aggacaagtc	780
	attggttatg	actctcagta	ccagctgctg	gtcatccagg	tcaattatcc	aagcatttct	840
25	gaggtaactg	gtgtgcgtgc	gacagaatta	gtcactgtta	gtgtaacaac	agacaagggt	900
	gaagggaaaag	caattgtacc	ccaatttgta	gctgaaagtc	gggtgactat	tgaggagctt	960
	gatgtagcat	cttgtaaatt	cagcagcaca	accctatact	gcaggcagggt	caacacaagg	1020
30	gcacttcccc	cgctagtggc	tagctgtctc	cgaggtaact	atgatgattg	tcaatatacc	1080
	acagagattg	gagcattatc	atcccggtat	ataacactag	atggagggggt	cttagtcaat	1140
	tgtaagtcaa	ttgtttgtag	gtgccttaat	ccaagtaaga	tcattctctca	aaatacaaat	1200
35	gctgcagtaa	catatgttga	tgctacaata	tgcaaaacaa	ttcaattgga	tgacatacaa	1260
	ctccagttgg	aagggtcact	atcatcagtt	tatgcaagga	acattctcaat	tgagatcagt	1320
	cagggtgacta	cctccggttc	tttggatatc	agcagtgaga	tagggaacat	caataatacg	1380
40	gtgaatcgtg	tggaggattt	aatccaccaa	tcggaggaat	ggctggcaaa	agttaacca	1440
	cacattgtta	ataatactac	actaattgta	ctctgtgtgt	taagtgcgct	tgctgtgatc	1500
	tggctggcag	tattaacggc	tattataata	tacttgagaa	caaagttgaa	gactatatcg	1560
50	gcattggctg	taaccaatac	aatacagtct	aatccctatg	ttaaccaaac	gaaacgtgaa	1620
	tctaagtttt	ga					1632

55	<210>	84
	<211>	543
	<212>	PRT
	<213>	secuencia artificial

60 <220>
<223> Proteína F de ACN88144
<400> 84

65 Met Gly Lys Ile Ser Ile Tyr Leu Ile Asn Ser Val Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15

ES 2 622 087 T3

	Val	Tyr	Pro	Val	Asn	Ser	Ile	Asp	Asn	Thr	Leu	Val	Ala	Pro	Ile	Gly
				20					25					30		
5	Val	Ala	Ser	Ala	Asn	Glu	Trp	Gln	Leu	Ala	Ala	Tyr	Thr	Thr	Ser	Leu
			35					40					45			
10	Ser	Gly	Thr	Ile	Ala	Val	Arg	Phe	Leu	Pro	Val	Leu	Pro	Asp	Asn	Met
		50					55					60				
15	Thr	Thr	Cys	Leu	Arg	Glu	Thr	Ile	Thr	Thr	Tyr	Asn	Asn	Thr	Val	Asn
	65					70					75					80
	Asn	Ile	Leu	Gly	Pro	Leu	Lys	Ser	Asn	Leu	Asp	Ala	Leu	Leu	Ser	Ser
					85					90					95	
20	Glu	Thr	Tyr	Pro	Gln	Thr	Arg	Leu	Ile	Gly	Ala	Val	Ile	Gly	Ser	Ile
				100					105					110		
25	Ala	Leu	Gly	Val	Ala	Thr	Ser	Ala	Gln	Ile	Thr	Ala	Ala	Val	Ala	Leu
			115					120					125			
30	Lys	Gln	Ala	Gln	Asp	Asn	Ala	Arg	Asn	Ile	Leu	Ala	Leu	Lys	Glu	Ala
		130					135					140				
35	Leu	Ser	Lys	Thr	Asn	Glu	Ala	Val	Lys	Glu	Leu	Ser	Ser	Gly	Leu	Gln
	145					150					155					160
	Gln	Thr	Ala	Ile	Ala	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Ser	Phe	Val	Asn	Glu	Glu
				165						170					175	
40	Ile	Leu	Pro	Ser	Ile	Asn	Gln	Leu	Ser	Cys	Glu	Val	Thr	Ala	Asn	Lys
				180					185					190		
45	Leu	Gly	Val	Tyr	Leu	Ser	Leu	Tyr	Leu	Thr	Glu	Leu	Thr	Thr	Ile	Phe
			195					200					205			
50	Gly	Ala	Gln	Leu	Thr	Asn	Pro	Ala	Leu	Thr	Ser	Leu	Ser	Tyr	Gln	Ala
		210					215					220				
55	Leu	Tyr	Asn	Leu	Cys	Gly	Gly	Asn	Met	Ala	Met	Leu	Thr	Gln	Lys	Ile
	225					230					235					240
	Gly	Ile	Lys	Gln	Gln	Asp	Val	Asn	Ser	Leu	Tyr	Glu	Ala	Gly	Leu	Ile
				245						250					255	
60	Thr	Gly	Gln	Val	Ile	Gly	Tyr	Asp	Ser	Gln	Tyr	Gln	Leu	Leu	Val	Ile
				260					265					270		
65	Gln	Val	Asn	Tyr	Pro	Ser	Ile	Ser	Glu	Val	Thr	Gly	Val	Arg	Ala	Thr
			275					280					285			

ES 2 622 087 T3

Glu Leu Val Thr Val Ser Val Thr Thr Asp Lys Gly Glu Gly Lys Ala
 290 295 300
 5 Ile Val Pro Gln Phe Val Ala Glu Ser Arg Val Thr Ile Glu Glu Leu
 305 310 315 320
 10 Asp Val Ala Ser Cys Lys Phe Ser Ser Thr Thr Leu Tyr Cys Arg Gln
 325 330 335
 15 Val Asn Thr Arg Ala Leu Pro Pro Leu Val Ala Ser Cys Leu Arg Gly
 340 345 350
 20 Asn Tyr Asp Asp Cys Gln Tyr Thr Thr Glu Ile Gly Ala Leu Ser Ser
 355 360 365
 25 Arg Tyr Ile Thr Leu Asp Gly Gly Val Leu Val Asn Cys Lys Ser Ile
 370 375 380
 30 Val Cys Arg Cys Leu Asn Pro Ser Lys Ile Ile Ser Gln Asn Thr Asn
 385 390 395 400
 35 Ala Ala Val Thr Tyr Val Asp Ala Thr Ile Cys Lys Thr Ile Gln Leu
 405 410 415
 40 Asp Asp Ile Gln Leu Gln Leu Glu Gly Ser Leu Ser Ser Val Tyr Ala
 420 425 430
 45 Arg Asn Ile Ser Ile Glu Ile Ser Gln Val Thr Thr Ser Gly Ser Leu
 435 440 445
 50 Asp Ile Ser Ser Glu Ile Gly Asn Ile Asn Asn Thr Val Asn Arg Val
 450 455 460
 55 Glu Asp Leu Ile His Gln Ser Glu Glu Trp Leu Ala Lys Val Asn Pro
 465 470 475 480
 60 His Ile Val Asn Asn Thr Thr Leu Ile Val Leu Cys Val Leu Ser Ala
 485 490 495
 65 Leu Ala Val Ile Trp Leu Ala Val Leu Thr Ala Ile Ile Ile Tyr Leu
 500 505 510
 70 Arg Thr Lys Leu Lys Thr Ile Ser Ala Leu Ala Val Thr Asn Thr Ile
 515 520 525
 75 Gln Ser Asn Pro Tyr Val Asn Gln Thr Lys Arg Glu Ser Lys Phe
 530 535 540
 80 <210> 85
 <211> 1734
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>

<223> Gen de HN de FJ619036

5 <400> 85
 atgagtaaca ttgcatccag tttagaaaat attgtggagc aggatagtcg aaaaacaact 60
 tggagggcca tcttttagatg gtccgttctt cttattacaa caggatgctt agccttatcc 120
 10 attgttagca tagttcaaatt tgggaatttg aaaattcctt ctgtagggga tctggcggac 180
 gaggtggtaa cacctttgaa aaccactctg tctgatacac tcaggaatcc aattaaccag 240
 ataaatgaca tattcaggat tgttgccctt gatattccat tgcaagtaac tagtatccaa 300
 15 aaagacctcg caagtcaatt tagcatgttg atagatagtt taaatgctat caaattgggc 360
 aacgggacca accttatcat acctacatca gataaggagt atgcaggagg aattggaaac 420
 20 cctgtcttta ctgtcgaatg tggaggttct ataggattca agcaatttag cttaatagaa 480
 catccgagct ttattgctgg acctacaacg acccgaggct gtacaagaat acccactttt 540
 cacatgtcag aaagtcattg gtgctactca cacaacatca tcgctgctgg ctgtcaagat 600
 25 gccagtgcac ctagtatgta tatctcaatg ggggttctcc atgtgtcttc atctggcact 660
 cctatctttc ttactactgc aagtgaactg atagacgatg gagttaatcg taagtcatgc 720
 30 agtattgtag caaccaatt cggtctgtgac attttgtgca gtattgtcat agagaaggag 780
 ggagatgatt attggtctga tactccgact ccaatgcgcc acggccgttt ttcattcaat 840
 gggagttttg tagaaaccga actaccctg tccagtatgt tctcgtcatt ctctgccaac 900
 35 taccctgctg tgggatcagg cgaaattgta aaagatagaa tattattccc aatttacgga 960
 ggtataaagc agacttcacc agagtttacc gaattagtga aatatggact ctttgtgtca 1020
 40 acacctacaa ctgtatgtca gagtagctgg acttatgacc aggtaaaagc agcgtatagg 1080
 ccagattaca tatcaggccg gttctgggca caagtgatac tcagctgcgc tcttgatgca 1140
 gtcgacttat caagttgtat tgtaaagatt atgaatagca gcacagtgat gatggcagca 1200
 45 gaaggaagga taataaagat agggattgat tacttttact atcagcggtc atcttcttgg 1260
 tggccatttg catttggttac aaaactagac ccgcaagagt tagcagacac aaactcgata 1320
 50 tggctgacca attccatacc aatcccacaa tcaaagttcc ctcggccttc atattcagaa 1380
 aattattgca caaagccagc agtttgcctt gctacttgtg tcaactggtgt atactctgat 1440
 atttggccct tgacctcatc ttcatcactc ccgagcataa tttggatcgg ccagtacctt 1500
 55 gatgcccctg ttggaaggac ttatcccaga tttggaattg caaatcaatc aacttggtac 1560
 cttcaagaag atattctacc cacctccact gcaagtgcgt attcaaccac tacatgtttt 1620
 60 aagaatactg ccaggaatag agtgttctgc gtcaccattg ctgaatttgc agatggggtg 1680
 tttggagagt acaggataac acctcagttg tatgaattag tgagaaataa ttga 1734

65 <210> 86
 <211> 577
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

<220>

<223> Proteína HN de ACN88145

5 <400> 86

Met Ser Asn Ile Ala Ser Ser Leu Glu Asn Ile Val Glu Gln Asp Ser
1 5 10 1510 Arg Lys Thr Thr Trp Arg Ala Ile Phe Arg Trp Ser Val Leu Leu Ile
20 25 3015 Thr Thr Gly Cys Leu Ala Leu Ser Ile Val Ser Ile Val Gln Ile Gly
35 40 4520 Asn Leu Lys Ile Pro Ser Val Gly Asp Leu Ala Asp Glu Val Val Thr
50 55 6025 Pro Leu Lys Thr Thr Leu Ser Asp Thr Leu Arg Asn Pro Ile Asn Gln
65 70 75 80Ile Asn Asp Ile Phe Arg Ile Val Ala Leu Asp Ile Pro Leu Gln Val
85 90 9530 Thr Ser Ile Gln Lys Asp Leu Ala Ser Gln Phe Ser Met Leu Ile Asp
100 105 11035 Ser Leu Asn Ala Ile Lys Leu Gly Asn Gly Thr Asn Leu Ile Ile Pro
115 120 12540 Thr Ser Asp Lys Glu Tyr Ala Gly Gly Ile Gly Asn Pro Val Phe Thr
130 135 14045 Val Asp Ala Gly Gly Ser Ile Gly Phe Lys Gln Phe Ser Leu Ile Glu
145 150 155 160His Pro Ser Phe Ile Ala Gly Pro Thr Thr Thr Arg Gly Cys Thr Arg
165 170 17550 Ile Pro Thr Phe His Met Ser Glu Ser His Trp Cys Tyr Ser His Asn
180 185 19055 Ile Ile Ala Ala Gly Cys Gln Asp Ala Ser Ala Ser Ser Met Tyr Ile
195 200 20560 Ser Met Gly Val Leu His Val Ser Ser Ser Gly Thr Pro Ile Phe Leu
210 215 22065 Thr Thr Ala Ser Glu Leu Ile Asp Asp Gly Val Asn Arg Lys Ser Cys
225 230 235 240Ser Ile Val Ala Thr Gln Phe Gly Cys Asp Ile Leu Cys Ser Ile Val
245 250 255

5 Ile Glu Lys Glu Gly Asp Asp Tyr Trp Ser Asp Thr Pro Thr Pro Met
 260 265 270
 Arg His Gly Arg Phe Ser Phe Asn Gly Ser Phe Val Glu Thr Glu Leu
 275 280 285
 10 Pro Val Ser Ser Met Phe Ser Ser Phe Ser Ala Asn Tyr Pro Ala Val
 290 295 300
 15 Gly Ser Gly Glu Ile Val Lys Asp Arg Ile Leu Phe Pro Ile Tyr Gly
 305 310 315 320
 20 Gly Ile Lys Gln Thr Ser Pro Glu Phe Thr Glu Leu Val Lys Tyr Gly
 325 330 335
 25 Leu Phe Val Ser Thr Pro Thr Thr Val Cys Gln Ser Ser Trp Thr Tyr
 340 345 350
 Asp Gln Val Lys Ala Ala Tyr Arg Pro Asp Tyr Ile Ser Gly Arg Phe
 355 360 365
 30 Trp Ala Gln Val Ile Leu Ser Cys Ala Leu Asp Ala Val Asp Leu Ser
 370 375 380
 35 Ser Cys Ile Val Lys Ile Met Asn Ser Ser Thr Val Met Met Ala Ala
 385 390 395 400
 40 Glu Gly Arg Ile Ile Lys Ile Gly Ile Asp Tyr Phe Tyr Tyr Gln Arg
 405 410 415
 45 Ser Ser Ser Trp Trp Pro Leu Ala Phe Val Thr Lys Leu Asp Pro Gln
 420 425 430
 Glu Leu Ala Asp Thr Asn Ser Ile Trp Leu Thr Asn Ser Ile Pro Ile
 435 440 445
 50 Pro Gln Ser Lys Phe Pro Arg Pro Ser Tyr Ser Glu Asn Tyr Cys Thr
 450 455 460
 55 Lys Pro Ala Val Cys Pro Ala Thr Cys Val Thr Gly Val Tyr Ser Asp
 465 470 475 480
 60 Ile Trp Pro Leu Thr Ser Ser Ser Ser Leu Pro Ser Ile Ile Trp Ile
 485 490 495
 65 Gly Gln Tyr Leu Asp Ala Pro Val Gly Arg Thr Tyr Pro Arg Phe Gly
 500 505 510
 Ile Ala Asn Gln Ser His Trp Tyr Leu Gln Glu Asp Ile Leu Pro Thr
 515 520 525

ES 2 622 087 T3

Ser Thr Ala Ser Ala Tyr Ser Thr Thr Thr Cys Phe Lys Asn Thr Ala
 530 535 540
 5
 Arg Asn Arg Val Phe Cys Val Thr Ile Ala Glu Phe Ala Asp Gly Leu
 545 550 555 560
 10
 Phe Gly Glu Tyr Arg Ile Thr Pro Gln Leu Tyr Glu Leu Val Arg Asn
 565 570 575
 15 Asn
 20
 <210> 87
 <211> 6717
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 25
 <220>
 <223> Gen de L de FJ619036
 <400> 87
 atggatgtaa aacaagttga cctaataata caacccgagg ttcattctcga ttcacccatc 60
 30 atattgaata aactggcact attatggcgc ttgagtgggt taccatgcc tgcagactta 120
 cgacaaaaat ccgtagtgat gcacatccca gaccacatct tagaaaaatc agaatatcgg 180
 atcaagcacc gtctagggaa aatcaagagt gacatagcac attactgtca gtattttaat 240
 35 attaatattg caaatcttga tccgataacc caccacaaa gtttgatttg gttatccaga 300
 ctaacaatag ctagtgctgg aacctttaga catatgaaag atagaatctt atgtacagtt 360
 40 ggctccgaat tcggacacaa aattcaagat ttattttcac tgctgagcca taaattagta 420
 ggtaacggtg atttatttaa tcaaagtctc tcaggtacac gtttgactgc gaggccgta 480
 tcccccttat gcaatcaatt tgtctctgac atcaagtctg cagtcacgac accctgggtc 540
 45 gaagctcggt ggtcttggct tcatatcaaa caaacaatga gatacctgat aaaacaatca 600
 cgactacaa attcagctca tttaacagaa attataaaag aggaatgggg tttagtaggt 660
 50 attactccag atcttgtcat tctttttgac agagtcaata atagtctaac tgcattaaca 720
 tttgagatgg ttctaattga ttcagatgta ttagaatccc gtgacaatat tgtgctagtg 780
 gggcgattat ctacttttct gcagccagta gttagtagac tggagggtgt gtttgatcta 840
 55 gtagattcat tggcaaaaac cttagggtgac acaatatacg aaattattgc ggtgttagag 900
 agcttgtctt atgggtccgt tcaactacat gatgcaagtc actctcatgc agggctcttc 960
 60 ttttcattta acatgaatga acttgataac acactatcaa agaggggtgga tccgaaacac 1020
 aagaacacca taatgagcat tataagacaa tgcttttcta atctagatgt tgatcaagct 1080
 gcagagatgc tatgcctgat gagattattt ggacacccaa tgtaactgc accggatgca 1140
 65 gcagccaaag taaggaaagc aatgtgtgct ccaaaacttg ttgaacatga caccatcttg 1200
 cagacattat ccttcttcaa gggaataatt ataaatgggt acagaagatc acactctggc 1260

	ctgtggccca atgtagagcc gtcttcaatc tatgatgatg atctcagaca gctgtactta	1320
5	gagtcagcag agatttccca tcatttcatg cttaaaaact acaagagttt gagcatgata	1380
	gaattcaaga agagcataga ctacgatctt cacgacgact taagtacttt cttaaaggat	1440
	agagcaatth gccggccaaa atcccagtg gatgttatat tccgtaagtc ttacgcaga	1500
10	tcccacacgc ggtcccagta tatggacgaa attaagagca accgattgct aattgatttt	1560
	cttgattctg ctgattttga ccctgaaaag gaatttgc atgtaaccac aatggattat	1620
	ttgcacgata atgaatthtg tgcttcatat tctctaaagg aaaaggagat caaaactacc	1680
15	gggaggatat ttgcaaaaat gacacgcaat atgagaagtt gccaaagtgat acttgaatct	1740
	ctgttatcaa aacatatatg caagttcttc aaagagaacg gcgtttcgat ggagcaattg	1800
20	tcattgacca agagtctact tgcaatgtct caactctcac caaaagtctc gactctgcag	1860
	gacactgcat cacgtcatgt aggcaactca aaatctcaga tcgcaaccag caacccatct	1920
	cggcatcact caacaaccaa tcagatgtca ctctcaaadc ggaaaacggt ttagcaact	1980
25	ttcttaacaa ctgatttgga aaaatactgc ctgcagtggc gatactcgac tattaagttg	2040
	tttgacaaag ctctaaatca actctttggg attgatcacg gatttgaatg gatacattha	2100
30	agactcatga acagcacctt atttgtcggg gatccttact cgcctcctga agatccaaca	2160
	ctagaggata tagataaagc accaaatgac gatatcttca tagtttctcc aaggggaggc	2220
	atagaggggt tatgtcagaa gatgtggacc atgatatcaa ttagtgcatg aactgtgta	2280
35	gcagagaaaa ttggtgcacg agtggcagca atggtgcagg gtgataatca agtaatagct	2340
	atcaccaaag aactattcag aggagagaaa gcctgtgatg tcagagatga gtagacgag	2400
40	ctcggtcagg tgthttttga tgagttcaag aggcacaatt atgcaattgg acacaacctt	2460
	aagctaaatg agacaataca aagccaatcc thttttgtat attccaaacg aatattcttt	2520
	gaagggcgat tgcttagtca agtcctcaaa aatgctgcca agttatgtat ggttgctgac	2580
45	catctagggtg aaaacacagt atcttctgt agcaacctga gctctacaat tgcccgggtg	2640
	gtggaaaatg ggtttgagaa ggacactgct tttgtgttga acctagtcta catcatgact	2700
50	caaattcttt ttgatgagca ttactcgatt gtatgcgatc acaatagtgt caaaagcttg	2760
	atcggatcaa aaaactatcg gaatctattg tactcatctc taataccagg tcagctcggg	2820
	ggthttcaact tcctcaatat aagtcgggtg ttcactagga atataggtga cccagtaaca	2880
55	tgtagtctgt ctgatctcaa atgcttcata gccgcagggtc tccttccacc ctatgtactt	2940
	aaaaatgtgg ttctgcgtga gcctggtcct gggacatggg tgacgttggt ctctgatcct	3000
60	tacaccctta acataccata cacacagcta ccaaccacat atctcaaaaa gcacaccag	3060
	cgatcgthgc thtcacgtgc agtaaatcct ttattagcag gtgtacaagt gccaaatcag	3120
	catgaggaag aagagatgtt ggctcgctth ctcttgatc gtgaatatgt gatgccccgc	3180
65	gttgctcatg taacactaga aacatcggtc cttggcaaac ggaaacaaat ccaaggctta	3240
	attgatacaa ctccaactat cattagaaca tctctagtca atctaccagt gtctaggaag	3300

	aaatgcgaaa	aaataatcaa	ttattctctc	aattatattg	ctgagtgtca	tgactcctta	3360
5	cttagtcaga	tctgcttcag	tgataataag	gaatacttgt	ggtccacctc	cttaatatca	3420
	gttgagacct	gtagtgtgac	aattgcggac	tatttgagag	ctgtcagctg	gtctaataata	3480
	ttagggggaa	gaagcatatc	cggggtgact	acacctgata	ctattgaatt	aattcaaggt	3540
10	tgtttaatag	gtgaaaattc	cagttgtact	ctttgtgaat	cgcatgacga	cgcattcaca	3600
	tggatgcact	tgcttgcccc	actttacatc	cctgaaccat	cagttactaa	ctctaaaatg	3660
15	cgtgtgccat	atctgggttc	aaaaacagag	gagcgtaaaa	cagcttcaat	ggcagcaata	3720
	aaaggaatgt	cacatcacct	gcgtgcagtc	ttaagaggta	catccgtatt	tatttgggca	3780
	tctggggaca	cagatattaa	ttgggataat	gcattgcaga	ttgcccaatc	acggtgtaac	3840
20	atcacattgg	atcaaagtag	attacttaca	ccaattccta	gcagttcaaa	tatccaacgt	3900
	agactcgatg	acggaatcag	cacgcagaaa	tttactcctg	caagccttgc	tcgaatcaca	3960
25	tcctctgttc	acatctgtaa	tgacagccaa	aggttagaga	aggatggctc	ctctgtcgac	4020
	tcaaacttga	tttaccagca	aattatgtta	cttggactca	gcatctttga	aacaatgtac	4080
	tcaatggacc	aaaagtgggt	attcaataac	cataccttac	atttgcacac	tggacactcc	4140
30	tgttgtccaa	gggaactaga	cataagttta	gtgaacccgc	caagacatca	gaccccgag	4200
	ctgactagca	caacaaccaa	cccgttccta	tatgatcagc	tcccactaaa	tcaggataat	4260
35	ctgacaacac	ttgagattaa	gacattcaaa	tttaatgagc	tcaacattga	tggtttagat	4320
	tttggtgaag	gaatacaatt	attgagtcgt	tgtactgcaa	gattaatggc	agaatgtatt	4380
	ctagaggagg	gaataggctc	gtcagttaaa	aatgaagcaa	ttgtcaattt	tgataattca	4440
40	gtcaattgga	tttcagagtg	cctaattgtgt	gatattcgct	cactttgtgt	taatttaggt	4500
	caagagatac	tatgtagcct	ggcataccaa	atgtattact	tgcgaaatcag	gggtagaagg	4560
45	gccattctta	attacttgga	cacaactttg	caaaggatcc	ctgtgataca	gtagccaac	4620
	attgcactca	ccatttcaca	ccctgagata	tttcgcagaa	ttgtcaacac	cgggatccat	4680
	aaccagatta	agggcccata	tgtggcaaca	acagatttca	tagctgcaag	tagagatatc	4740
50	atattatcag	gtgcaagggg	gtatctatct	tatctaagca	gtggacagga	agactgttac	4800
	acattcttca	actgtcaaga	tggggatctt	actccaaaaa	tggaaacagta	tcttgcaagg	4860
55	agggcattgcc	ttttaacatt	actgtataat	actgggcacc	agatccccc	tatccgatca	4920
	ctgacaccaa	tagagaagtg	caagggtgctc	acagaataca	atcaacaaat	tgagtatgca	4980
	gatcaagagt	ttagctctgt	attgaaagtg	gtcaatgcac	tactacaaaa	tcctaataata	5040
60	gatgcattgg	tttcaaatct	ctacttcacc	accagacgtg	ttttatcaaa	cctcagatca	5100
	tgtgataagg	ctatatcata	tattgaatat	ttgtacactg	aggacttcgg	agaaaaagaa	5160
65	gatacagtac	aatatgacat	catgacaaca	aacgatatca	tacttactca	tggctctattc	5220
	acacagatcg	aaatatctta	ccaagggagt	agtctccata	aattcctaac	tccggataac	5280
	gcgcctggat	cattgatccc	attctctatt	tcaccaaatt	cgcttgcatg	tgatcctctt	5340

caccacttac tcaagtcggt cggtacatca agcacaagct ggtacaagta tgcaatcgcc 5400
 5 tatgcagtgt ctgaaaagag gtcggctcga ttaggagggga gcttgtagatc ttggtgaaggg 5460
 agcgggaagtg tgatgacttt gctagagtat cttgagccat ctgttgacat attttacaat 5520
 tcactcttct caaatgggtat gaacccacca caacgaaatt atgggcttat gccactacaa 5580
 10 tttgtgaatt cggtgggttta taagaactta acggctaaat cagaatgtaa gctaggattt 5640
 gtccagcaat ttaaaccggt gtggagagac atagacattg agactaatgt tacagatcca 5700
 tcatttgtca attttgcatt gaatgaaatc ccaatgcaat cattaaaacg agtaaattgt 5760
 15 gatgtggaat ttgaccgtgg tatgccgatt gaacgggtta ttcagggtta cactcatatc 5820
 ttacttgttg ctacttacgg attgcagcaa gattcaatac tgtgggtgaa agtatatagg 5880
 20 acatctgaaa aagtatttca gttcttactg agtgccatga tcatgatctt tggttatgtc 5940
 aaaatccaca ggaatgggtta tatgtcggca aaggatgagg agtacatatt gatgtctgac 6000
 tgcaaggaac ctgtaaaacta tacagctgtc cctaacattc ttacacgtgt aagtgattta 6060
 25 gtgtcgaaga atctgagtct tatccatcca gaagacctca gaaaggtaag gtgtgaaaca 6120
 gattccctga atttgaagtg caatcatatt tatgagaaaa taattgctag aaaaattcca 6180
 30 ttacaggtgt catcaactga ttctttgctc ctccagttag gcggtgtcat caactcgggtg 6240
 ggctcaactg atcctagaga ggttgcaacg ttatcttcca ttgagtgtat ggactatggt 6300
 gtctcatcaa ttgatttggc tatattagag gcaaattattg tgatctcaga gagtgctgat 6360
 35 cttgacctcg ctttaatggt aggccattc aacttgaata agcttaagaa aattgacaca 6420
 atccttaagt caagcaccta tcagctaata ccgtattggt tgcgctatga gtactctatt 6480
 40 aatccgagat ctttgtcatt tctaactact aaattacaac aatgccgaat ttcattggtca 6540
 gatattgata caatctctga attttgcaag aaatccaagc ggcctatatt tattaaacga 6600
 gtaataggga atcaacggct gaaatcattc tttaatgaaa gctcaagtat tgttttgacc 6660
 45 cgggctgaag tcaaagtctg tataaagttc ctcggtgcga tcatcaagtt gaaataa 6717

50 <210> 88
 <211> 2238
 <212> PRT
 <213> secuencia artificial

55 <220>
 <223> Proteína L de ACN88146
 <400> 88

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

ES 2 622 087 T3

5 Ile Pro Asp His Ile Leu Glu Lys Ser Glu Tyr Arg Ile Lys His Arg
 50 55 60
 10 Leu Gly Lys Ile Lys Ser Asp Ile Ala His Tyr Cys Gln Tyr Phe Asn
 65 70 75 80
 15 Trp Leu Ser Arg Leu Thr Ile Ala Ser Ala Gly Thr Phe Arg His Met
 100 105 110
 20 Lys Asp Arg Ile Leu Cys Thr Val Gly Ser Glu Phe Gly His Lys Ile
 115 120 125
 25 Gln Asp Leu Phe Ser Leu Leu Ser His Lys Leu Val Gly Asn Gly Asp
 130 135 140
 30 Leu Phe Asn Gln Ser Leu Ser Gly Thr Arg Leu Thr Ala Ser Pro Leu
 145 150 155 160
 35 Thr Pro Trp Ser Glu Ala Arg Trp Ser Trp Leu His Ile Lys Gln Thr
 180 185 190
 40 Met Arg Tyr Leu Ile Lys Gln Ser Arg Thr Thr Asn Ser Ala His Leu
 195 200 205
 45 Thr Glu Ile Ile Lys Glu Glu Trp Gly Leu Val Gly Ile Thr Pro Asp
 210 215 220
 50 Leu Val Ile Leu Phe Asp Arg Val Asn Asn Ser Leu Thr Ala Leu Thr
 225 230 235 240
 55 Phe Glu Met Val Leu Met Tyr Ser Asp Val Leu Glu Ser Arg Asp Asn
 245 250 255
 60 Ile Val Leu Val Gly Arg Leu Ser Thr Phe Leu Gln Pro Val Val Ser
 260 265 270
 65 Arg Leu Glu Val Leu Phe Asp Leu Val Asp Ser Leu Ala Lys Thr Leu
 275 280 285
 Gly Asp Thr Ile Tyr Glu Ile Ile Ala Val Leu Glu Ser Leu Ser Tyr
 290 295 300
 Gly Ser Val Gln Leu His Asp Ala Ser His Ser His Ala Gly Ser Phe
 305 310 315 320

ES 2 622 087 T3

5 Phe Ser Phe Asn Met₃₂₅ Asn Glu Leu Asp Asn₃₃₀ Thr Leu Ser Lys Arg₃₃₅ Val
 Asp Pro Lys His₃₄₀ Lys Asn Thr Ile Met₃₄₅ Ser Ile Ile Arg Gln₃₅₀ Cys Phe
 10 Ser Asn Leu₃₅₅ Asp Val Asp Gln Ala₃₆₀ Ala Glu Met Leu Cys₃₆₅ Leu Met Arg
 15 Leu Phe₃₇₀ Gly His Pro Met Leu₃₇₅ Thr Ala Pro Asp Ala₃₈₀ Ala Ala Lys Val
 20 Arg₃₈₅ Lys Ala Met Cys Ala₃₉₀ Pro Lys Leu Val Glu₃₉₅ His Asp Thr Ile Leu₄₀₀
 Gln Thr Leu Ser Phe₄₀₅ Phe Lys Gly Ile Ile₄₁₀ Ile Asn Gly Tyr Arg₄₁₅ Arg
 25 Ser His Ser Gly₄₂₀ Leu Trp Pro Asn Val₄₂₅ Glu Pro Ser Ser Ile₄₃₀ Tyr Asp
 30 Asp Asp Leu₄₃₅ Arg Gln Leu Tyr Leu₄₄₀ Glu Ser Ala Glu Ile₄₄₅ Ser His His
 35 Phe Met₄₅₀ Leu Lys Asn Tyr Lys₄₅₅ Ser Leu Ser Met Ile₄₆₀ Glu Phe Lys Lys
 40 Ser Ile Asp Tyr Asp Leu₄₇₀ His Asp Asp Leu Ser₄₇₅ Thr Phe Leu Lys Asp₄₈₀
 Arg Ala Ile Cys Arg₄₈₅ Pro Lys Ser Gln Trp₄₉₀ Asp Val Ile Phe Arg₄₉₅ Lys
 45 Ser Leu Arg Arg₅₀₀ Ser His Thr Arg Ser₅₀₅ Gln Tyr Met Asp Glu₅₁₀ Ile Lys
 50 Ser Asn Arg₅₁₅ Leu Leu Ile Asp Phe₅₂₀ Leu Asp Ser Ala Asp₅₂₅ Phe Asp Pro
 55 Glu Lys₅₃₀ Glu Phe Ala Tyr Val₅₃₅ Thr Thr Met Asp Tyr₅₄₀ Leu His Asp Asn
 60 Glu₅₄₅ Phe Cys Ala Ser Tyr₅₅₀ Ser Leu Lys Glu Lys₅₅₅ Glu Ile Lys Thr Thr₅₆₀
 Gly Arg Ile Phe Ala₅₆₅ Lys Met Thr Arg Asn₅₇₀ Met Arg Ser Cys Gln₅₇₅ Val
 65 Ile Leu Glu Ser₅₈₀ Leu Leu Ser Lys His₅₈₅ Ile Cys Lys Phe Phe₅₉₀ Lys Glu

ES 2 622 087 T3

5 Asn Gly Val Ser Met Glu Gln Leu Ser Leu Thr Lys Ser Leu Leu Ala
 595 600 605
 Met Ser Gln Leu Ser Pro Lys Val Ser Thr Leu Gln Asp Thr Ala Ser
 610 615 620
 10 Arg His Val Gly Asn Ser Lys Ser Gln Ile Ala Thr Ser Asn Pro Ser
 625 630 635 640
 15 Arg His His Ser Thr Thr Asn Gln Met Ser Leu Ser Asn Arg Lys Thr
 645 650 655
 20 Val Val Ala Thr Phe Leu Thr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Cys Leu Gln
 660 665 670
 25 Trp Arg Tyr Ser Thr Ile Lys Leu Phe Ala Gln Ala Leu Asn Gln Leu
 675 680 685
 Phe Gly Ile Asp His Gly Phe Glu Trp Ile His Leu Arg Leu Met Asn
 690 695 700
 30 Ser Thr Leu Phe Val Gly Asp Pro Tyr Ser Pro Pro Glu Asp Pro Thr
 705 710 715 720
 35 Leu Glu Asp Ile Asp Lys Ala Pro Asn Asp Asp Ile Phe Ile Val Ser
 725 730 735
 40 Pro Arg Gly Gly Ile Glu Gly Leu Cys Gln Lys Met Trp Thr Met Ile
 740 745 750
 45 Ser Ile Ser Ala Ile His Cys Val Ala Glu Lys Ile Gly Ala Arg Val
 755 760 765
 Ala Ala Met Val Gln Gly Asp Asn Gln Val Ile Ala Ile Thr Lys Glu
 770 775 780
 50 Leu Phe Arg Gly Glu Lys Ala Cys Asp Val Arg Asp Glu Leu Asp Glu
 785 790 795 800
 55 Leu Gly Gln Val Phe Phe Asp Glu Phe Lys Arg His Asn Tyr Ala Ile
 805 810 815
 60 Gly His Asn Leu Lys Leu Asn Glu Thr Ile Gln Ser Gln Ser Phe Phe
 820 825 830
 Val Tyr Ser Lys Arg Ile Phe Phe Glu Gly Arg Leu Leu Ser Gln Val
 835 840 845
 65 Leu Lys Asn Ala Ala Lys Leu Cys Met Val Ala Asp His Leu Gly Glu
 850 855 860

ES 2 622 087 T3

5 Asn Thr Val Ser Ser Cys Ser Asn Leu Ser Ser Thr Ile Ala Arg Leu
 865 870 875 880
 Val Glu Asn Gly Phe Glu Lys Asp Thr Ala Phe Val Leu Asn Leu Val
 885 890 895
 10 Tyr Ile Met Thr Gln Ile Leu Phe Asp Glu His Tyr Ser Ile Val Cys
 900 905 910
 15 Asp His Asn Ser Val Lys Ser Leu Ile Gly Ser Lys Asn Tyr Arg Asn
 915 920 925
 20 Leu Leu Tyr Ser Ser Leu Ile Pro Gly Gln Leu Gly Gly Phe Asn Phe
 930 935 940
 25 Leu Asn Ile Ser Arg Leu Phe Thr Arg Asn Ile Gly Asp Pro Val Thr
 945 950 955 960
 Cys Ser Leu Ser Asp Leu Lys Cys Phe Ile Ala Ala Gly Leu Leu Pro
 965 970 975
 30 Pro Tyr Val Leu Lys Asn Val Val Leu Arg Glu Pro Gly Pro Gly Thr
 980 985 990
 35 Trp Leu Thr Leu Cys Ser Asp Pro Tyr Thr Leu Asn Ile Pro Tyr Thr
 995 1000 1005
 40 Gln Leu Pro Thr Thr Tyr Leu Lys Lys His Thr Gln Arg Ser Leu
 1010 1015 1020
 45 Leu Ser Arg Ala Val Asn Pro Leu Leu Ala Gly Val Gln Val Pro
 1025 1030 1035
 50 Asn Gln His Glu Glu Glu Glu Met Leu Ala Arg Phe Leu Leu Asp
 1040 1045 1050
 Arg Glu Tyr Val Met Pro Arg Val Ala His Val Thr Leu Glu Thr
 1055 1060 1065
 55 Ser Val Leu Gly Lys Arg Lys Gln Ile Gln Gly Leu Ile Asp Thr
 1070 1075 1080
 60 Thr Pro Thr Ile Ile Arg Thr Ser Leu Val Asn Leu Pro Val Ser
 1085 1090 1095
 65 Arg Lys Lys Cys Glu Lys Ile Ile Asn Tyr Ser Leu Asn Tyr Ile
 1100 1105 1110
 Ala Glu Cys His Asp Ser Leu Leu Ser Gln Ile Cys Phe Ser Asp
 1115 1120 1125

5	Asn	Lys 1130	Glu	Tyr	Leu	Trp	Ser 1135	Thr	Ser	Leu	Ile	Ser 1140	Val	Glu	Thr
	Cys	Ser 1145	Val	Thr	Ile	Ala	Asp 1150	Tyr	Leu	Arg	Ala	Val 1155	Ser	Trp	Ser
10	Asn	Ile 1160	Leu	Gly	Gly	Arg	Ser 1165	Ile	Ser	Gly	Val	Thr 1170	Thr	Pro	Asp
15	Thr	Ile 1175	Glu	Leu	Ile	Gln	Gly 1180	Cys	Leu	Ile	Gly	Glu 1185	Asn	Ser	Ser
20	Cys	Thr 1190	Leu	Cys	Glu	Ser	His 1195	Asp	Asp	Ala	Phe	Thr 1200	Trp	Met	His
25	Leu	Pro 1205	Gly	Pro	Leu	Tyr	Ile 1210	Pro	Glu	Pro	Ser	Val 1215	Thr	Asn	Ser
	Lys	Met 1220	Arg	Val	Pro	Tyr	Leu 1225	Gly	Ser	Lys	Thr	Glu 1230	Glu	Arg	Lys
30	Thr	Ala 1235	Ser	Met	Ala	Ala	Ile 1240	Lys	Gly	Met	Ser	His 1245	His	Leu	Arg
35	Ala	Val 1250	Leu	Arg	Gly	Thr	Ser 1255	Val	Phe	Ile	Trp	Ala 1260	Ser	Gly	Asp
40	Thr	Asp 1265	Ile	Asn	Trp	Asp	Asn 1270	Ala	Leu	Gln	Ile	Ala 1275	Gln	Ser	Arg
45	Cys	Asn 1280	Ile	Thr	Leu	Asp	Gln 1285	Met	Arg	Leu	Leu	Thr 1290	Pro	Ile	Pro
	Ser	Ser 1295	Ser	Asn	Ile	Gln	Arg 1300	Arg	Leu	Asp	Asp	Gly 1305	Ile	Ser	Thr
50	Gln	Lys 1310	Phe	Thr	Pro	Ala	Ser 1315	Leu	Ala	Arg	Ile	Thr 1320	Ser	Ser	Val
55	His	Ile 1325	Cys	Asn	Asp	Ser	Gln 1330	Arg	Leu	Glu	Lys	Asp 1335	Gly	Ser	Ser
60	Val	Asp 1340	Ser	Asn	Leu	Ile	Tyr 1345	Gln	Gln	Ile	Met	Leu 1350	Leu	Gly	Leu
65	Ser	Ile 1355	Phe	Glu	Thr	Met	Tyr 1360	Ser	Met	Asp	Gln	Lys 1365	Trp	Val	Phe
	Asn	Asn 1370	His	Thr	Leu	His	Leu 1375	His	Thr	Gly	His	Ser 1380	Cys	Cys	Pro

5	Arg	Glu 1385	Leu	Asp	Ile	Ser	Leu 1390	Val	Asn	Pro	Pro	Arg 1395	His	Gln	Thr
	Pro	Glu 1400	Leu	Thr	Ser	Thr	Thr 1405	Thr	Asn	Pro	Phe	Leu 1410	Tyr	Asp	Gln
10	Leu	Pro 1415	Leu	Asn	Gln	Asp	Asn 1420	Leu	Thr	Thr	Leu	Glu 1425	Ile	Lys	Thr
15	Phe	Lys 1430	Phe	Asn	Glu	Leu	Asn 1435	Ile	Asp	Gly	Leu	Asp 1440	Phe	Gly	Glu
20	Gly	Ile 1445	Gln	Leu	Leu	Ser	Arg 1450	Cys	Thr	Ala	Arg	Leu 1455	Met	Ala	Glu
25	Cys	Ile 1460	Leu	Glu	Glu	Gly	Ile 1465	Gly	Ser	Ser	Val	Lys 1470	Asn	Glu	Ala
	Ile	Val 1475	Asn	Phe	Asp	Asn	Ser 1480	Val	Asn	Trp	Ile	Ser 1485	Glu	Cys	Leu
30	Met	Cys 1490	Asp	Ile	Arg	Ser	Leu 1495	Cys	Val	Asn	Leu	Gly 1500	Gln	Glu	Ile
35	Leu	Cys 1505	Ser	Leu	Ala	Tyr	Gln 1510	Met	Tyr	Tyr	Leu	Arg 1515	Ile	Arg	Gly
40	Arg	Arg 1520	Ala	Ile	Leu	Asn	Tyr 1525	Leu	Asp	Thr	Thr	Leu 1530	Gln	Arg	Ile
45	Pro	Val 1535	Ile	Gln	Leu	Ala	Asn 1540	Ile	Ala	Leu	Thr	Ile 1545	Ser	His	Pro
	Glu	Ile 1550	Phe	Arg	Arg	Ile	Val 1555	Asn	Thr	Gly	Ile	His 1560	Asn	Gln	Ile
50	Lys	Gly 1565	Pro	Tyr	Val	Ala	Thr 1570	Thr	Asp	Phe	Ile	Ala 1575	Ala	Ser	Arg
55	Asp	Ile 1580	Ile	Leu	Ser	Gly	Ala 1585	Arg	Glu	Tyr	Leu	Ser 1590	Tyr	Leu	Ser
60	Ser	Gly 1595	Gln	Glu	Asp	Cys	Tyr 1600	Thr	Phe	Phe	Asn	Cys 1605	Gln	Asp	Gly
	Asp	Leu 1610	Thr	Pro	Lys	Met	Glu 1615	Gln	Tyr	Leu	Ala	Arg 1620	Arg	Ala	Cys
65	Leu	Leu 1625	Thr	Leu	Leu	Tyr	Asn 1630	Thr	Gly	His	Gln	Ile 1635	Pro	Ile	Ile

ES 2 622 087 T3

5	Arg 1640	Ser 1640	Leu	Thr	Pro	Ile	Glu 1645	Lys	Cys	Lys	Val	Leu 1650	Thr	Glu	Tyr
10	Asn 1655	Gln 1655	Gln	Ile	Glu	Tyr	Ala 1660	Asp	Gln	Glu	Phe	Ser 1665	Ser	Val	Leu
15	Lys 1670	Val	Val	Asn	Ala	Leu	Leu 1675	Gln	Asn	Pro	Asn	Ile 1680	Asp	Ala	Leu
20	Val 1685	Ser 1685	Asn	Leu	Tyr	Phe	Thr 1690	Thr	Arg	Arg	Val	Leu 1695	Ser	Asn	Leu
25	Arg 1700	Ser 1700	Cys	Asp	Lys	Ala	Ile 1705	Ser	Tyr	Ile	Glu	Tyr 1710	Leu	Tyr	Thr
30	Glu 1715	Asp 1715	Phe	Gly	Glu	Lys	Glu 1720	Asp	Thr	Val	Gln	Tyr 1725	Asp	Ile	Met
35	Thr 1730	Thr 1730	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu 1735	Thr	His	Gly	Leu	Phe 1740	Thr	Gln	Ile
40	Glu 1745	Ile 1745	Ser	Tyr	Gln	Gly	Ser 1750	Ser	Leu	His	Lys	Phe 1755	Leu	Thr	Pro
45	Asp 1760	Asn 1760	Ala	Pro	Gly	Ser	Leu 1765	Ile	Pro	Phe	Ser	Ile 1770	Ser	Pro	Asn
50	Ser 1775	Leu 1775	Ala	Cys	Asp	Pro	Leu 1780	His	His	Leu	Leu	Lys 1785	Ser	Val	Gly
55	Thr 1790	Ser 1790	Ser	Thr	Ser	Trp	Tyr 1795	Lys	Tyr	Ala	Ile	Ala 1800	Tyr	Ala	Val
60	Ser 1805	Glu 1805	Lys	Arg	Ser	Ala	Arg 1810	Leu	Gly	Gly	Ser	Leu 1815	Tyr	Ile	Gly
65	Glu 1820	Gly 1820	Ser	Gly	Ser	Val	Met 1825	Thr	Leu	Leu	Glu	Tyr 1830	Leu	Glu	Pro
	Ser 1835	Val 1835	Asp	Ile	Phe	Tyr	Asn 1840	Ser	Leu	Phe	Ser	Asn 1845	Gly	Met	Asn
	Pro 1850	Pro 1850	Gln	Arg	Asn	Tyr	Gly 1855	Leu	Met	Pro	Leu	Gln 1860	Phe	Val	Asn
	Ser 1865	Val 1865	Val	Tyr	Lys	Asn	Leu 1870	Thr	Ala	Lys	Ser	Glu 1875	Cys	Lys	Leu
	Gly 1880	Phe 1880	Val	Gln	Gln	Phe	Lys 1885	Pro	Leu	Trp	Arg	Asp 1890	Ile	Asp	Ile

5	Glu Thr 1895	Asn Val Thr Asp	Pro 1900	Ser Phe Val Asn Phe 1905	Ala Leu Asn
10	Glu Ile 1910	Pro Met Gln Ser	Leu 1915	Lys Arg Val Asn Cys 1920	Asp Val Glu
15	Phe Asp 1925	Arg Gly Met Pro	Ile 1930	Glu Arg Val Ile Gln 1935	Gly Tyr Thr
20	His Ile 1940	Leu Leu Val Ala	Thr 1945	Tyr Gly Leu Gln Gln 1950	Asp Ser Ile
25	Leu Trp 1955	Val Lys Val Tyr	Arg 1960	Thr Ser Glu Lys Val 1965	Phe Gln Phe
30	Leu Leu 1970	Ser Ala Met Ile	Met 1975	Ile Phe Gly Tyr Val 1980	Lys Ile His
35	Arg Asn 1985	Gly Tyr Met Ser	Ala 1990	Lys Asp Glu Glu Tyr 1995	Ile Leu Met
40	Ser Asp 2000	Cys Lys Glu Pro	Val 2005	Asn Tyr Thr Ala Val 2010	Pro Asn Ile
45	Leu Thr 2015	Arg Val Ser Asp	Leu 2020	Val Ser Lys Asn Leu 2025	Ser Leu Ile
50	His Pro 2030	Glu Asp Leu Arg	Lys 2035	Val Arg Cys Glu Thr 2040	Asp Ser Leu
55	Asn Leu 2045	Lys Cys Asn His	Ile 2050	Tyr Glu Lys Ile Ile 2055	Ala Arg Lys
60	Ile Pro 2060	Leu Gln Val Ser	Ser 2065	Thr Asp Ser Leu Leu 2070	Leu Gln Leu
65	Gly Gly 2075	Val Ile Asn Ser	Val 2080	Gly Ser Thr Asp Pro 2085	Arg Glu Val
	Ala Thr 2090	Leu Ser Ser Ile	Glu 2095	Cys Met Asp Tyr Val 2100	Val Ser Ser
	Ile Asp 2105	Leu Ala Ile Leu	Glu 2110	Ala Asn Ile Val Ile 2115	Ser Glu Ser
	Ala Asp 2120	Leu Asp Leu Ala	Leu 2125	Met Leu Gly Pro Phe 2130	Asn Leu Asn
	Lys Leu 2135	Lys Lys Ile Asp	Thr 2140	Ile Leu Lys Ser Ser 2145	Thr Tyr Gln

ES 2 622 087 T3

5	Leu	Ile	Pro	Tyr	Trp	Leu	Arg	Tyr	Glu	Tyr	Ser	Ile	Asn	Pro	Arg
		2150					2155					2160			
	Ser	Leu	Ser	Phe	Leu	Ile	Thr	Lys	Leu	Gln	Gln	Cys	Arg	Ile	Ser
		2165					2170					2175			
10	Trp	Ser	Asp	Met	Ile	Thr	Ile	Ser	Glu	Phe	Cys	Lys	Lys	Ser	Lys
		2180					2185					2190			
15	Arg	Pro	Ile	Phe	Ile	Lys	Arg	Val	Ile	Gly	Asn	Gln	Arg	Leu	Lys
		2195					2200					2205			
20	Ser	Phe	Phe	Asn	Glu	Ser	Ser	Ser	Ile	Val	Leu	Thr	Arg	Ala	Glu
		2210					2215					2220			
25	Val	Lys	Val	Cys	Ile	Lys	Phe	Leu	Gly	Ala	Ile	Ile	Lys	Leu	Lys
		2225					2230					2235			

REIVINDICACIONES

1. Vacuna que comprende (i) un vector viral AMPV recombinante y (ii) un portador farmacéutica o veterinariamente aceptable, en la que el vector viral AMPV es AMPV-8 y en la que el vector viral AMPV comprende un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como está expuesta en la SEQ ID NO: 1 o un polinucleótido complementario a un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1; en la que el vector viral APMV comprende además un polinucleótido aislado que codifica un antígeno de un patógeno, en la que el patógeno es un patógeno aviar, felino, canino, equino, bovino, ovino, caprino o porcino, en la que el polinucleótido se inserta en una región no esencial del genoma de APMV, y además en la que la región no esencial se selecciona entre las regiones que consisten en la región no traducida situada en dirección 5' del marco de lectura abierto de NP, las regiones intergénicas entre dos marcos de lectura abiertos del genoma de APMV, y la región no traducida localizada en dirección 3' del marco de lectura abierto de L.
2. Composición farmacéutica o vacuna que comprende un vector viral APMV recombinante, en la que el vector viral APMV recombinante comprende un polinucleótido heterólogo que codifica y expresa un antígeno de un patógeno para un animal, para usar en la inducción de una respuesta inmunológica en un animal a dicho antígeno, en la que el uso comprende la inoculación del animal con la composición farmacéutica o vacuna, en la que el vector viral APMV es APMV-8 y en la que el vector viral APMV comprende un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1 o un polinucleótido complementario a un polinucleótido que tiene al menos un 90% de identidad de secuencia con un polinucleótido que tiene la secuencia como se expone en SEQ ID NO: 1, en la que el patógeno es aviar, felino, canino, equino, bovino, ovino, caprino o porcino, y además en la que el polinucleótido heterólogo se inserta en una región no esencial del genoma de APMV seleccionado entre regiones que consisten en la región no traducida situada en dirección 5' del marco de lectura abierto de NP, las regiones intergénicas entre dos marcos de lectura abiertos del genoma de APMV, y la región no traducida localizada en dirección 3' del marco de lectura abierto de L.
3. Composición farmacéutica o vacuna para usar, según la reivindicación 2, en la que la respuesta inmunológica en un animal al antígeno es inducida en un régimen de sensibilización-refuerzo.
4. Composición farmacéutica o vacuna para usar, según la reivindicación 2 ó 3, en la que dicho animal es aviar, equino, canino, felino, porcino, bovino u ovino.

Figura 1

Día de necropsia	Órgano	Control	APMV-2	APMV-4	APMV-6
2	Tráquea	0/5	0/5	2/5	0/5
	Pulmón	0/5	0/5	1/5	2/5
	Intestino	0/5	0/5	0/5	0/5
	Páncreas	0/5	0/5	1/5	2/5
4	Tráquea	0/5	2/5	0/5	1/5
	Pulmón	0/5	2/5	0/5	1/5
	Intestino	0/5	0/5	0/5	0/5
	Páncreas	0/5	0/5	0/5	1/5
7	Tráquea	0/5	0/5	0/5	0/5
	Pulmón	0/5	0/5	0/5	2/5
	Intestino	0/5	1/5	0/5	0/5
	Páncreas	0/5	0/5	0/5	1/5
14	Tráquea	0/5	0/5	0/5	0/5
	Pulmón	0/5	0/5	0/5	0/5
	Intestino	0/5	0/5	0/5	0/5
	Páncreas	0/5	0/5	0/5	0/5
28	Tráquea	0/5	0/5	0/5	0/5
	Pulmón	0/5	0/5	0/5	0/5
	Intestino	0/5	0/5	0/5	0/5
	Páncreas	0/5	2/5	1/5	1/5

Figura 2

Día de necropsia	Órgano	Control	Serotipo de APMV		
			2	4	6
2	Tráquea - Traqueítis traqueal	+	+	+	+
	Intestino - Enteritis leve	-	+	+	+
4	Tráquea - Ulceración focal del epitelio respiratorio, traqueítis leve	-	+	+	+
	Pulmón - Hiperplasia de BALT focal	-	-	+	-
	Páncreas - Pancreatitis linfocítica multifocal	-	-	+	+
7	Tráquea - Atenuación traqueal focal	-	+	-	-
	Pulmón - Hiperplasia de BALT focal	-	-	+	+
	Intestino - Enteropatía cística, enteritis focal	-	-	-	+
	Páncreas - Infiltrados linfocíticos en el páncreas	-	-	-	+
14	Tráquea - Atenuación traqueal, traqueítis traqueal	-	+	+	+
	Pulmón - Neumonía intersticial leve, hiperplasia de BALT	-	-	+	+
	Intestino - Hiperplasia de GALT	-	-	+	+
28	Pulmón - Bronquitis linfocítica	-	+	+	+
	Intestino - Hiperplasia de GALT	-	+	+	+
	Páncreas - Pancreatitis linfocítico	-	+	+	+

Figura 3

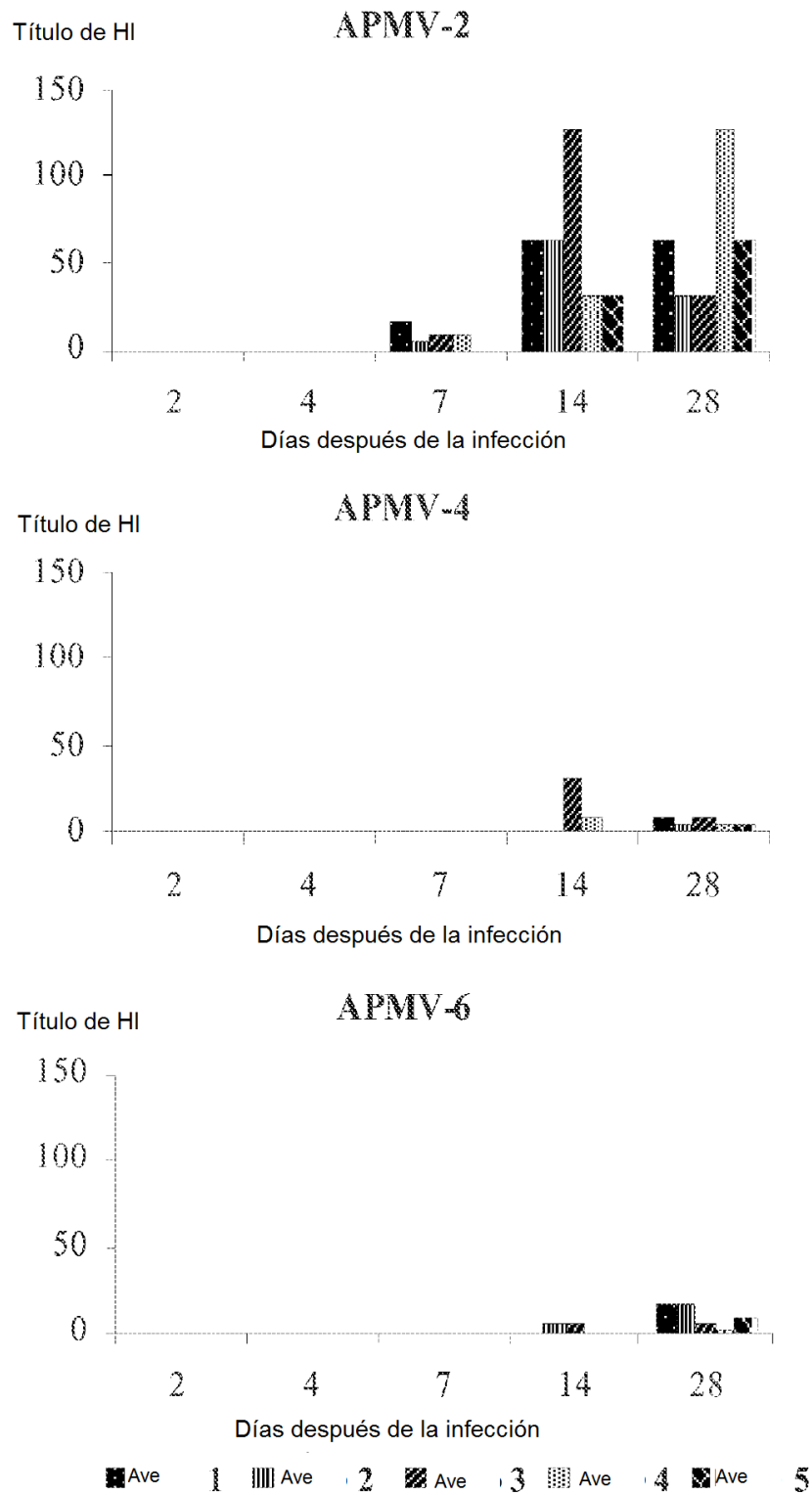


Figura 4

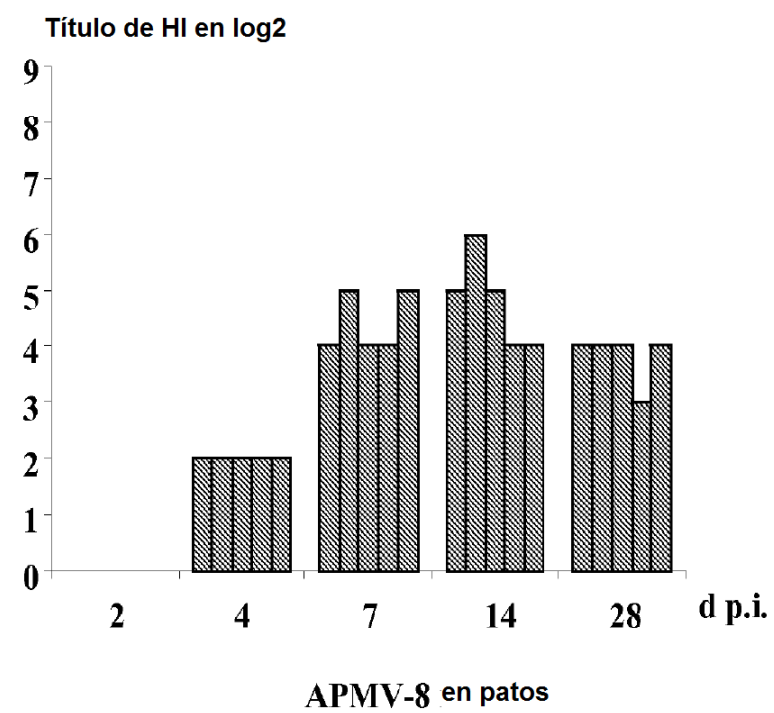
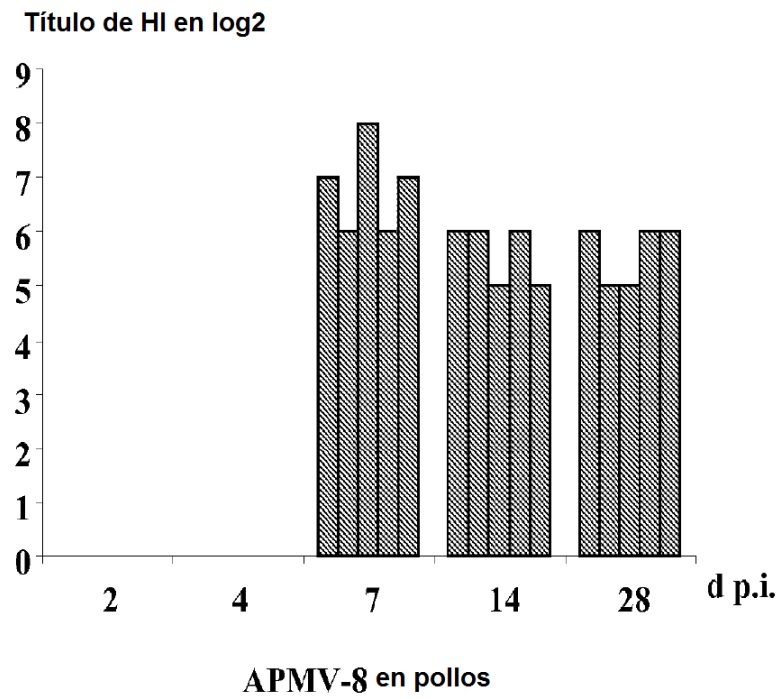


Figura 5

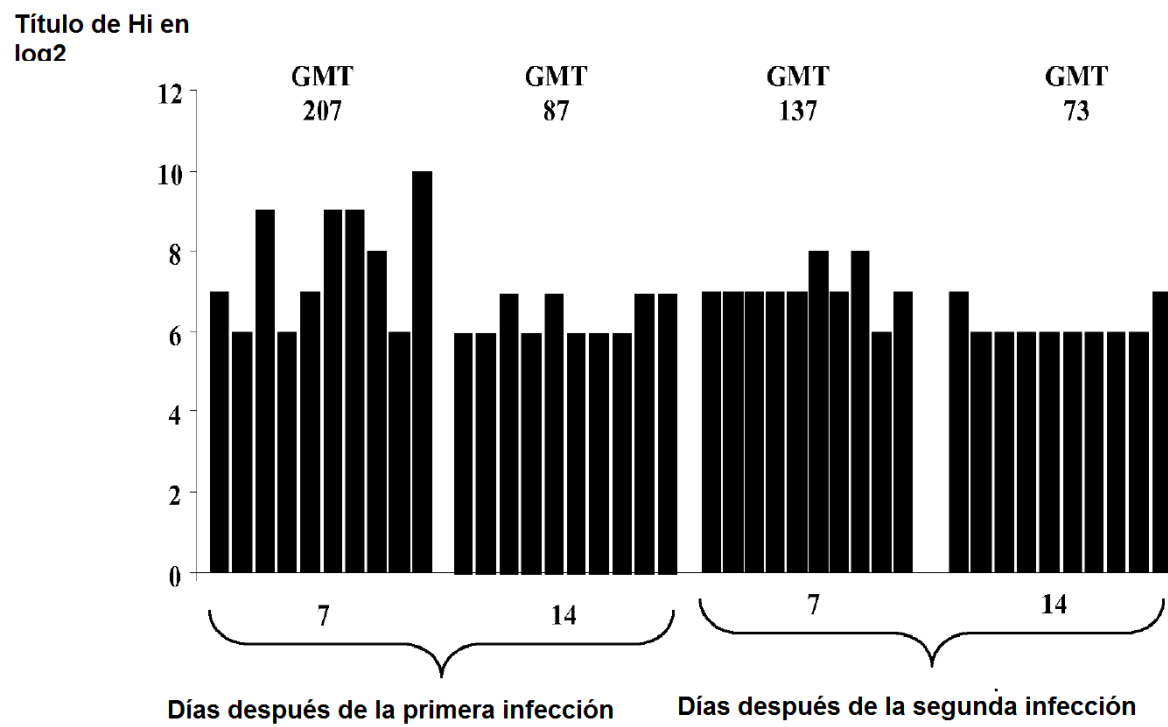


Figura 6

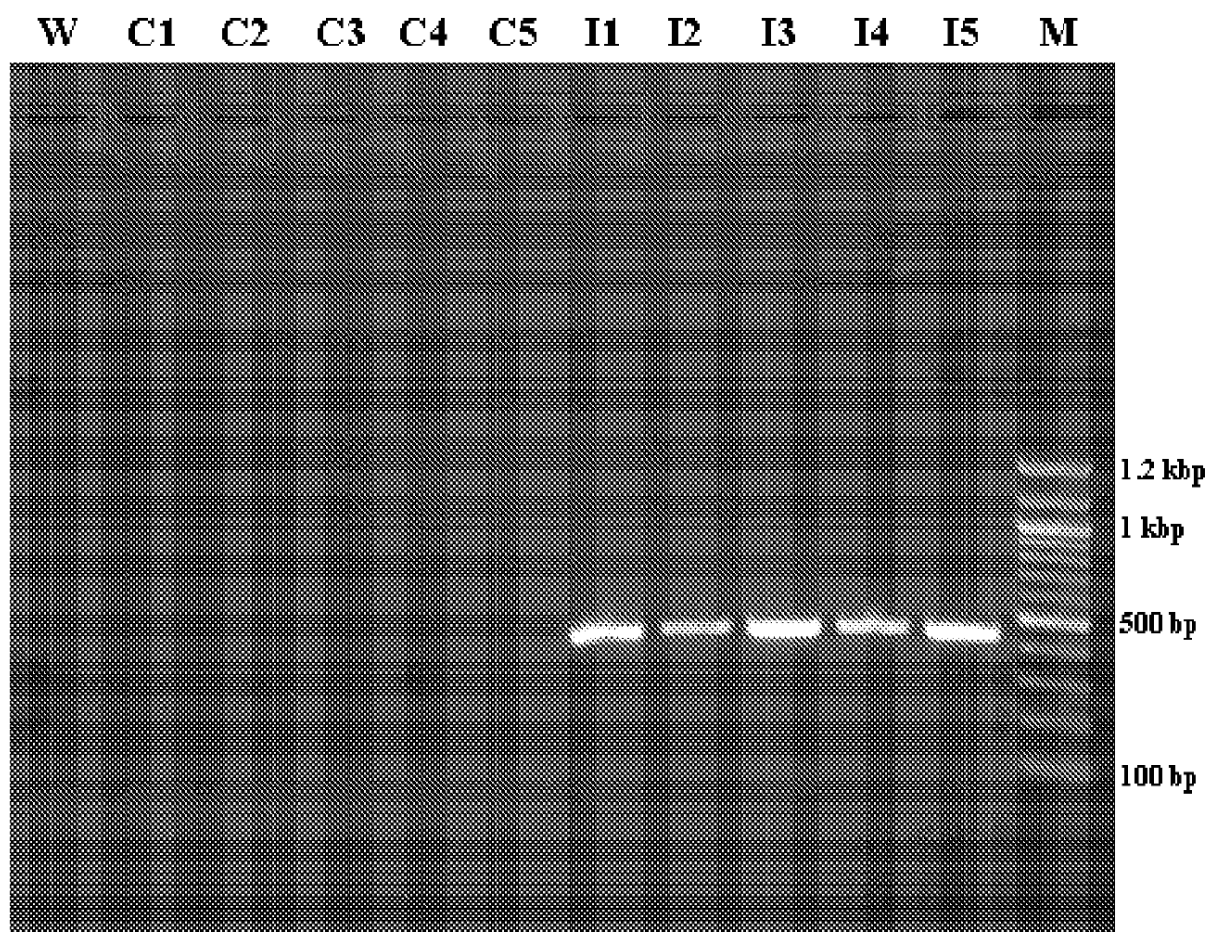


Figura 7

Día después de la infección	Órgano	Pollo		Patos	
		Control	APMV-8	Control	APMV-8
		Aislamiento de virus ^a		RT-PCR	
2	Tráquea	0/5 ^b	5/5	0/5	5/5
	Pulmón	0/5	3/5	0/5	3/5
	Intestino	0/5	2/5	0/5	2/5
	Páncreas	0/5	0/5	0/5	0/5
4	Tráquea	0/5	5/5	0/5	5/5
	Pulmón	0/5	1/5	0/5	1/5
	Intestino	0/5	1/5	0/5	1/5
	Páncreas	0/5	1/5	0/5	1/5
7	Tráquea	0/5	0/5	0/5	0/5
	Pulmón	0/5	0/5	0/5	0/5
	Intestino	0/5	0/5	0/5	0/5
	Páncreas	0/5	2/5	0/5	2/5
14	Tráquea	0/5	0/5	0/5	0/5
	Pulmón	0/5	0/5	0/5	0/5
	Intestino	0/5	0/5	0/5	0/5
	Páncreas	0/5	0/5	0/5	0/5
28	Tráquea	0/5	0/5	0/5	0/5
	Pulmón	0/5	0/5	0/5	0/5
	Intestino	0/5	1/5	0/5	1/5
	Páncreas	0/5	0/5	0/5	0/5

^a Procedimiento utilizado para la detección de virus

^b Número de muestras de tejido con resultado positivo/número total analizadas

5

Figura 8

Día después de la infección	Órgano	Pollo		Pato	
		Control	APMV- 8	Control	APMV- 8
2	Tráquea - Traqueítis traqueal	0/5 ^a	5/5	0/5	3/5
	Pulmón - Pneumonía intersticial	0/5	0/5	0/5	1/5
	Intestino - Enteritis leve	0/5	0/5	0/5	1/5
4	Tráquea - Regeneración de epitelio respiratorio, traqueítis mínima	0/5	1/5	0/5	5/5
	Páncreas - Pancreatitis linfocítica multifocal leve	0/5	1/5	0/5	0/5
7	Tráquea - Traqueítis traqueal	0/5	5/5	0/5	2/5
	Pulmón - BALT de moderado a severo	0/5	4/5	0/5	0/5
	Páncreas - Pancreatitis linfocítica multifocal	0/5	3/5	0/5	1/5
14	Tráquea - Traqueítis traqueal	0/5	5/5	0/5	4/5
	Páncreas - Pancreatitis linfocítica	0/5	2/5	0/5	1/5
28	Tráquea - Traqueítis traqueal	0/5	5/5	0/5	4/5
	Pulmón - Hiperplasia de BALT	0/5	2/5	0/5	2/5
	Intestino - Enteritis leve	0/5	3/5	0/5	0/5

^a Número de tejidos que muestran los cambios histopatológicos/número total analizados

Figura 9

Título de Hi en log2

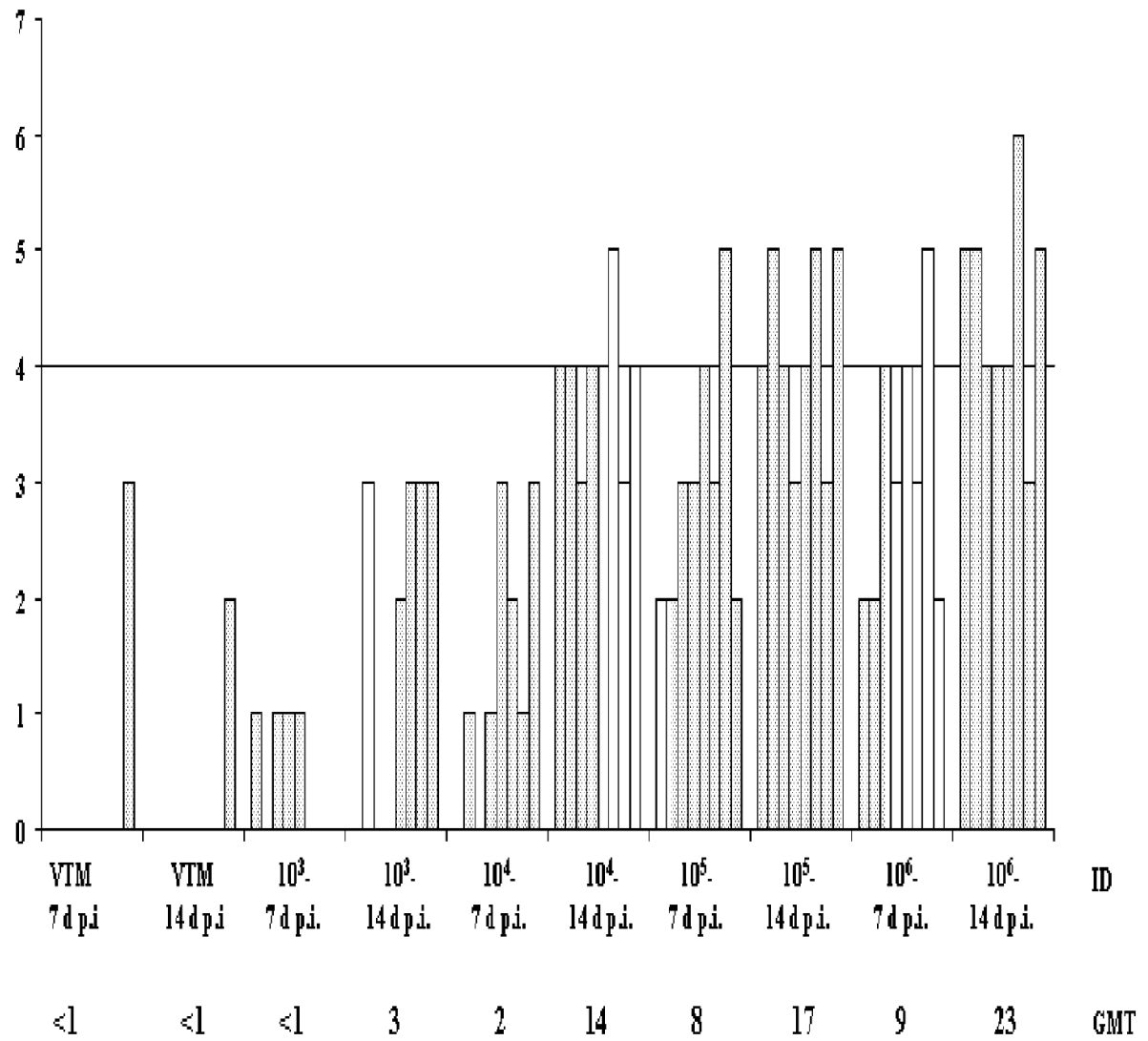


Figura 10

Título de HI en log2

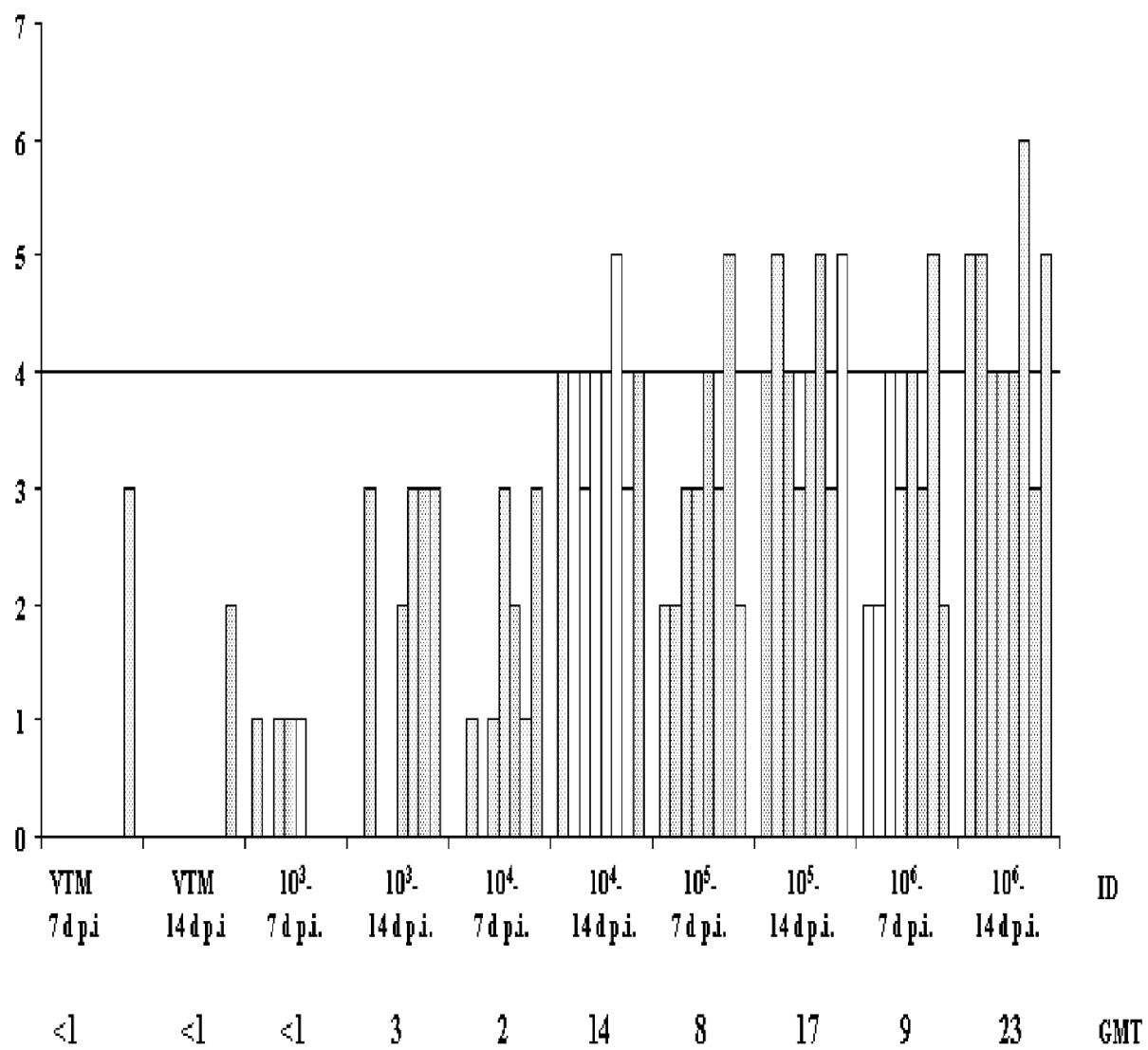


Figura 11 (1/3)

SEQ ID N°:	Tipo	Nombre de gen
1	ADN	ADN genómico de APMV-8
2	ADN	ADN de nucleoproteína (NP) de APMV-8
3	Proteína	Proteína de nucleoproteína (NP) de APMV-8
4	ADN	ADN de fosfoproteína (P) de APMV-8
5	Proteína	Proteína de fosfoproteína (NP) de APMV-8
6	ADN	ADN de proteína de la matriz (M) de APMV-8
7	Proteína	Proteína de la matriz (M) de APMV-8
8	ADN	ADN de proteína de fusión (F) de APMV-8
9	Proteína	Proteína de fusión (F) de APMV-8
10	ADN	ADN de hemaglutinina/neuraminidasa (HN) de APMV-8
11	Proteína	Proteína de hemaglutinina/neuraminidasa (HN) de APMV-8
12	ADN	ADN de polimerasa (L) de APMV-8
13	Proteína	Proteína 1 de polimerasa (L) de APMV-8
14	Proteína	Proteína 2 de polimerasa (L) de APMV-8
15	ADN	ADN genómico de APMV-1 (AF077761)
16	ADN	ADN genómico de APMV-2 (EU338414)
17	ADN	ADN genómico de APMV-3 (EU403085)
18	ADN	ADN genómico de APMV-4 (FJ177514)
19	ADN	ADN genómico de APMV-6 (EU622637)
20	ADN	ADN genómico de APMV-7 N° de Genbank FJ231524
21	Oligo	AMPV-poliT (sentido)
22	Oligo	8NPf1 (sentido)
23	Oligo	8NPr (antisentido)
24	Oligo	Secuencia de comienzo de gen de NP
25	Oligo	Secuencia de comienzo de gen de P
26	Oligo	Secuencia de comienzo de gen de M
27	Oligo	Secuencia de comienzo de gen de F
28	Oligo	Secuencia de comienzo de gen de HN
29	Oligo	Secuencia de comienzo de gen de L
30	Oligo	Secuencia de final de gen de NP
31	Oligo	Secuencia de final de gen de P
32	Oligo	Secuencia de final de gen de M
33	Oligo	Secuencia de final de gen de F
34	Oligo	Secuencia de final de gen de HN
35	Oligo	Secuencia de final de gen (1) de HN
36	Oligo	Secuencia de final de gen (2) de HN
37	ADN	ADN genómico de APMV-8 N° de Genbank FJ215863.1
38	ADN	ADN genómico de APMV-8 N° de Genbank FJ215864.1
39	ADN	ADN genómico de APMV-8 N° de Genbank FJ619036
40	AND	ADN genómico de APMV-9 N° de Genbank EU910942
41	Oligo	Cebador de NP-FP-pc3

Figura 11 (2/3)

SEQ ID N°:	Tipo	Nombre de gen
42	Oligo	Cebador de NP-PR-pc3
43	Oligo	Cebador de P-FP-pc3
44	Oligo	Cebador de P-RP-FP-pc3
45	Oligo	Cebador de L-FP-pc3
46	Oligo	Cebador de L-RP-pc3
47	ADN	5'-FLG de genoma de APMV-8
48	ADN	3'-FLG de genoma de APMV-8
49	ADN	Polimerasa T7 codón-optimizada (no sitio EcoRI o NotI)
50	Oligo	Cebador de EGFP-FP
51	Oligo	Cebador de EGFP-RP
52	ADN	Minigenoma de APMV-8
53	ADN	Gen de NP de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank FJ215863
54	Proteína	Proteína de NP de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank ACO48297
55	ADN	Gen de P de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank FJ215863
56	Proteína	Proteína de P de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank ACO48298
57	ADN	Gen de M de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank FJ215863
58	Proteína	Proteína de M de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank ACO48299
59	ADN	Gen de F de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank FJ215863
60	Proteína	Proteína de F de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank ACO48300
61	ADN	Gen de HN de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank FJ215863
62	Proteína	Proteína de HN de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank ACO48301
63	ADN	Gen de L de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank FJ215863
64	Proteína	Proteína de L de APMV-8 (FJ215863.1) Genbank ACO48302
65	ADN	Gen de NP de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank FJ215864
66	Proteína	Proteína de NP de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank ACO48303
67	ADN	Gen de P de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank FJ215864
68	Proteína	Proteína de P de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank ACO48304
69	ADN	Gen de M de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank FJ215864
70	Proteína	Proteína de M de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank ACO48305
71	ADN	Gen de F de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank FJ215864
72	Proteína	Proteína de F de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank ACO48306
73	ADN	Gen de HN de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank FJ215864
74	Proteína	Proteína de HN de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank ACO48307
75	ADN	Gen de L de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank FJ215864
76	Proteína	Proteína de L de APMV-8 (FJ215864.1) Genbank ACO48308
77	ADN	Gen de NP de APMV-8 (FJ619036) Genbank FJ619036
78	Proteína	Proteína de NP de APMV-8 (FJ619036) Genbank ACN88139
79	ADN	Gen de P de APMV-8 (FJ619036) Genbank FJ619036
80	Proteína	Proteína de P de APMV-8 (FJ619036) Genbank ACN88140
81	ADN	Gen de M de APMV-8 (FJ619036) Genbank FJ619036
82	Proteína	Proteína de M de APMV-8 (FJ619036) Genbank ACN88143
83	ADN	Gen de F de APMV-8 (FJ619036) Genbank FJ619036
84	Proteína	Proteína de F de APMV-8 (FJ619036) Genbank ACN88144

Figura 11 (3/3)

SEQ ID N°:	Tipo	Nombre de gen
85	ADN	Gen de HN de APMV-8 (FJ619036) Genbank FJ619036
86	Proteína	Proteína de HN de APMV-8 (FJ619036) Genbank ACN88145
87	ADN	Gen de L de APMV-8 (FJ619036) Genbank FJ619036
88	Proteína	Proteína de L de APMV-8 (FJ619036) Genbank ACN88146

Figura 12 (1/5)

SEQ ID NO:1 secuencia de genoma de longitud completa de APMV-8

15342 BP ADN (antigenoma 5' a 3')

RECuento DE BASES 4850 A 3168 C 3159 G 4165 T

ORIGEN

```

1  ACCAAACAAG  GAATGCAAGA  CCAACGGGAA  CTTTAAATAA  AACAAATCGAA  TTATTGGGGG
61  GAGCAAGT  GGATCTCGAG  CTCGAGGCCG  AAACCTGAA  TTTCAGTGA  GGTTTTGAAT
121 AGGTCGCTAT  AGGACTCAAT  ATGTCATCTG  TGTTCATGA  GTATCAGGCG  CTTCAAGAAC
181 AACTTGTGAA  GCCGGCTGTC  AGGAGACCTG  ATGTTGCCTC  AACGGGTTTA  CTCAGAGCGG
241 AAATACCTGT  CTGTGTTACA  TTATCTCAAG  ACCCGGTGA  GAGATGGAGC  CTTGCTTGCT
301 TGAATATTAG  ATGGCTTGCG  AGTGATTCAT  CAACCACACC  AATGAAGCAA  GGAGCAATAT
361 TGTCACTGCT  GAGTCTACAT  TCAGACAATA  TCGGAGCTCA  CGCAACATTA  GCAGCAAGGT
421 CTGCAGATGC  TTCCTCACC  ATACTTGAGG  TAGATGAAGT  AGATATTAGC  AACTCACTAA
481 TCAAATTCAA  CGCCAGAAGT  GGTGTATCTG  ACAAACGCTC  AAATCAATTG  CTTGCAATTG
541 CGGATGACAT  CCCCCAAAGT  TGCAGTAATG  GGCATCCATT  TCTTGACACA  GACATTGAGA
601 CCAGAGACCC  GCTCGATCTA  TCAGAGACTA  TAGATCGCCT  GCAGGTATT  GCAGCTCAGA
661 TATGGGTGTC  AGCCATAAAG  AGCATGACAG  CGCTGACAC  CGCATCAGAG  TCAGAAAGTA
721 AGAGGCTGGC  CAAATATCAA  CAACAAGGCC  GACTGGTTAA  GCAAGTACTC  TTGCATTCTG
781 TAGTCAGGAC  AGAATTTATG  AGAGTTATTC  GGGGCAGCTT  GGTACTGCGC  CAGTTTATGG
841 TTAGCGAGTG  CAAGAGGGCT  TCAGCCATGG  GCGGAGACAC  ATCTAGGTAC  TATGCTATGG
901 TGGGTGACAT  CAGTCTTTAC  ATCAAGAATG  CAGGATTGAC  TGCATTTTTC  CTCACCTGA
961 AGTTCGGAGT  TGGTACCCAG  TATCCAACCT  TAGCAATGAG  TGTTTTCTCC  AGTGACCTTA
1021 AAAGGCTTGC  TGCACTCATC  AGGCTATACA  AAACCAAGGG  AGACAATGCA  CCATACATGG
1081 CATTCTCGGA  GGACTCCGAT  ATGGGAAATT  TTGCTCCAGC  AAATTATAGC  ACAATGTACT
1141 CTTATCTGGA  GGGCATTGGG  ACAATTCTGG  AAGCATCTGT  ATCTCGATAC  CAGTATGCCA
1201 GAGACTTTAC  CAGTGAGAAT  TATTTCCGTC  TTGGAGTTGA  GACAGCCCAA  AGCCAGCAGG
1261 GAGCATTGTA  CGAGAGAACA  GCCCAGAGAA  TGGGCTTGAC  TGAGGAATCA  AAACAGCAGG
1321 TTAGATCACT  GCTAATGTCA  GTAGACATGG  GTCCCAGTTC  AATTCATGAG  CCATCTCGCC
1381 CTGCATTTAT  CAGTCAAGAA  GAAAATAGGC  AGCCTGCCCA  GAACTTGTC  GATACTCAGG
1441 GTCAGACCAA  GCCAGTCCCG  AAGCAGCCCG  CACCAAGGGC  CGACTCAGAT  GACATTGATC
1501 CATAAGAGAA  CGGGCTAGAA  TGGTAATTCA  ACCACCCCGA  CACATCCACC  TATACACCAA
1561 TTCCGTGACA  TATTAACCCA  ATCAAACATT  TCATAAACTA  TAGTAGTCAT  TGATTTAAGA
1621 AAAAAATTGG  GCGGACCTCA  ATTGTGAAAC  ATACCAGATC  CGTCCACAAC  ACCACTCAAC
1681 AACCACACA  CAATGGATTT  CGCCAATGAT  GAAGAAATTG  CAGAACTTTT  GAATCTCAGC
1741 ACCAATGTAA  TCAAGGAGAT  TCAGAAATCC  GAACTCAAGC  CTCCCCAAAC  CACCGGACGA
1801 CCACCTGTCA  GTCAAGGGAA  CACAAGAAAT  CTAAGTATG  TATGGGAAAA  GGAGACTGCA
1861 AGTCAGACCA  AGACACCGGC  CCAATCTACA  CAAACCACAC  AAGTTCAGTC  TGATGAAAT
1921 GAGGAGGGAG  AAATCAAGTC  CGAGTCAACT  GATGGCCACA  TCAGAGGAAC  TGTTAATCAA
1981 TCAGAGCAAG  TCCCAGAACA  AAACCAGAGC  AGATCTTCAC  CAGGTGATGA  TCTCGACAGA
2041 GCTCTCAACA  AGCTTGAAGG  GAGAATCAAT  TTAATCAGCT  CAATGGACAA  AGAAATTAAA
2101 AAGGGCCCTC  GCATCCAGAA  TCTCCCTGGG  TCCCAGGCCG  CAACTCAACA  GGCAGCCAC
2161 CCATTGGCAG  GGGACACCCC  GAACATGCAA  GCACAGACAA  AAGCCCTGGC  GAAGCCACAT
2221 CAAGAGGCAA  TCAATCCTGG  CAACCAGGAC  ACAGGAGAGA  GTATTCATTT  ACCACCTTCC
2281 ATGGCACCAC  CAGAGTCATT  AGTTGGTGCA  ATCCGCAATG  CACCCCAATT  CGTGCCAGAC
2341 CAATCTATGA  CGAATGTAGA  TCGGGGGAGT  GTCCAACTAC  ATGCATCATG  TGCAGAGATG
2401 ATAAGTAGAA  TGTTTGTAGA  AGTTATATCC  AAGCTTGATA  AACTCGAGTC  GAGACTGAAT
2461 GATATAGCAA  AAGTTGTGAA  CACTACCCCC  CTTATTAGGA  ATGATATTAA  CCAACTTAAG
2521 GCCACAACCG  CACTGATGTC  TAACCAAATT  GCCTCCATAC  AAATTCTTGA  CCCAGGGAAT
2581 GCAGGGGTGA  GGTCCCTCTC  TGAAATGAAA  TCTGTGACGA  AGAAAGCTGC  TGTTGTAATT
2641 GCAGGGTTTG  GAGACGACCC  AACTCAAATT  ATTGAAGAAG  GCATTATGGC  CAAAGATGCT
2701 CTTGGAAAAC  CTGTGCCTCC  AACATCTGTT  ATCTCAGCCA  AAGCTCAGAC  TTCTTCCGGT
2761 GTGAGTAAGG  GTGAAATAGA  AGGATTGATT  GCATTGGTGG  AAACATTAGT  TGACAATGAC
2821 AAGAAGGCAG  CAAAATGAT  TAAAATGATT  GATCAAGTTA  AATCCCATGC  CGATTACGCC
2881 CGAGTCAAGC  AGGCAATATA  TAATGCGTAA  TACTGTAACT  ACACAAACAA  TCAATACTGC
2941 TGTCGGTTGC  ACCACCTCA  GCAAATCAAT  AATCTTTTAG  AATTTATTGA  TTAAGAAAAA
3001 ATTGACTACT  ATAAGAAAAG  AACACCAAGT  TGGGGCGA  GACACGATTG  ACCACAGTCG

```

Figura 12 (2/5)

```

3061 CTATCTGTAA GGCTCCTCAC CAAAAATGGC ATATACAACA TTGAAACTGT GGGTGGATGA
3121 GGGTGACATG TCGTCTTCGC TCCTATCATT CCCGTTGGTA CTAAGAGAGA CAGACAGAGG
3181 CACAAAGGAG CTTCAACCAC AGGTAAGGGT AGATTCAATT GCGGATGTGC AGAACGCCAA
3241 AGAGTCCTCG ATATTCTGTA CTCCTATATGG TTTTCATCCAA GCAATTAAGG AGAGTTCAGA
3301 TCGATCGAAA TTCTTCCATC CAAAAGATGA CTTCAAACCT GAGACAGTCA CTGCAGGACT
3361 GGTAGTGGTA GGTGCGATCC GAATGATGGC TGATGTTAAT ACCATCTCTA ATGACGCACT
3421 AGCGCTGGAG ATCACTGTTA AGAAATCTGC AACTTCTCAA GAGAAAATGA CGGTGATGTT
3481 CCACAATAGC CCCCCTTCAT TGAGAACTGC AATAACTATC CGAGCAGGAG GTTTCATCTC
3541 GAATGCAGAC GAGAAATATA AATGTGCCAG CAAATTGACT GCAGGAGTGC AGTACATATT
3601 CCGCCAATG TTTGTTTCAA TCACTAAATT ACACAATGGC AAATATATA GGGTGCCCAA
3661 AAGCATCCAC AGCATCTCAT CCACTCTACT GTATAGTGTG ATGTTGGAGG TAGGATTCAA
3721 AGTGGATATT GGGAAAGGATC ATCCCAAGGC AAAGATGCTG AAGAAGGTCA CAATCGGCCA
3781 TGCAGACACA TACTGGGGGT TTGCATGGTT CCACCTGTGC AATTTCAAAA AGACATCCTC
3841 TAAGGAAAAG CCAAGAACGC TAGACGAACT AAAGACAAA GTCAAAAATA TGGGGTTGAA
3901 ATTGGAGTTA CATGACCTGT GGGGTCCGAC TATTGTGGTC CAAATCACTG GCAAGAGCAG
3961 CAAATATGCT CAAGGATTTT TTTCTCCAA TGGTACTTGT TGTCTCCAA TCAGCAGATC
4021 TGCACCAGAC CTTGGGAAGC TTCTGTGGTC TTGTTGAGCA ACTATAGGTG ACGCAACAGT
4081 TGTATCCAA TCAAGCGAGA AAGGGAACT CCTAAGGTCT GATGACCTCG AGATACGAGG
4141 TGCTGTGGCC TCCAAGAAAG GTAGACTGGG CTCATTTCAC CCCTTCAAAA AATGATGCAG
4201 GACATAGTAC AGAGAATTAG AGAGCCATTA GATGTGCGCA AAAAACATAA TCTGCGATGA
4261 ACTGCCCAGA CTCCACTTTA ATCTAGGTTG CAGGGAAATA GTACACGACA TGCGAAATAC
4321 TATCACGGTC ACCAGCAATC AATAAAGCTG ATCAATCACT ATATTAGGAA TCAAATAGGA
4381 TAACAATTAT TAATCCAATT TCCTAATTAT AAAAAATTGC TTTAAAGGTT ATTGACGAGT
4441 CCGGSCCGA ATCTTGCCAC TTAGTCTGCA GTCAATCTTA GAATCTACAT ATTGAACTAT
4501 GGGTCAAATA TCAGTATATC TAATTAATAG CGTGCTATTA TTGCTGGTAT ATCCTGTGAA
4561 TTCGATTGAC AATACTCAAT TTGCCCAAT CGGAGTTGCC AGCGCAAATG AATGGCAGCT
4621 TGCTGCATAT ACAACATCAC TTTCAGGGAC AATTGCCGTG CGATTCTTAC CTGTGCTCCC
4681 GGATAATATG ACTACCTGTC TTAAAGAAAC AATCACTACA TACAATAATA CTGTCAACAA
4741 CATCTTAGGC CCACTCAAAAT CCAATCTGGA TGCATGCTC TCATCTGAGA CTTATCCCCA
4801 GACAAGATTA ATTGGGGCAG TTATAGGTTT AATTGCTCTC GGTGTTGCAA CATCGGCTCA
4861 AATCACTGCT GCAGTTGCTC TCAAGCAAGC GCAAGACAAT GCAAGGAACA TACTAGCACT
4921 CAAAGAAGCA CTGTCCAAA CCAATGAGGC GGTCAAGGAG CTTAGTAGTG GGTTACAACA
4981 AACAGCTATT GCACTTGGTA AGATACAGAG TTTTGTGAAT GAGGAAATTC TGCCATCTAT
5041 CAACCAACTG AGCTGCGAGG TGACAGCCAA TAAACTTGGG GTGTATTAT CTCTGTATCT
5101 CACAGAACTG ACCACCATAT TCGGTGCACA GCTGACCAAC CCTGCATTGA CTTCAATTATC
5161 ATATCAAGCA CTGTACAACC TGTGTGGTGG CAACATGGCA ATGCTTACTC AGAAGATTGG
5221 AATTAAACAG CAAGACGTTA ATTCGCTATA TGAAGCCGGA CTAATCACAG GACAAGTCAT
5281 TGGTTATGAC TCTCATTACC AGCTGCTGGT CATCCAGGTC AATTATCCAA GCATTTCTGA
5341 GGTCACTGGT GTACGTGCGA CAGAATTAGT CACTGTTAGT GTAACAACAG ACAAGGGTGA
5401 AGGGAAGCA ATTGTACCCC AATTTGTAGC TGAAAGTCGG GTGACTATTG AAGAGCTTGA
5461 TGTCGCATCT TGTAATTCA GCAGCACGAC CCTATATTGC AGGCAGGTCA ACACAAGGGC
5521 ACTTCCCCCG CTAGTAGCTA GCTGTCTTCG AGGTAACATAT GATGATTGTC AATATACCAC
5581 AGAGATTGGA GCATTATCAT CCCGGTATAT AACACTAGAT GGGGGGGTCT TAGTTAATTG
5641 CAAGTCAATT GTTTGTAGGT GCCTTAATCC AAGTAAGATC ATCTCTCAA ATACAAACGC
5701 TGCAGTAACA TATGTTGATG CCACAATCTG CAAAACAATT CAATTGGATG ATATACAAC
5761 CCAGCTGGAA GGGTCACTAT CATCAGTTTA TGCAAGAAAC ATCTCAATTG AGATCAGTCA
5821 GGTGACCAGA TCCGGGTCTT TAGATATCAG CAGTGAGATA GGAAACATCA ATAATACGGT
5881 GAATCGTGTG GAGGATTTAA TTCACCAATC AGAGGAATGG CTGGCAAAGG TTAACCCACA
5941 CATTGTAAAT AATACAACAC TAATTGTACT CTGTGTGTTA AGTGCCTTG CTGTGATCTG
6001 GCTGGCAGTA TTAACGGCTA TTATAATATA CTTGAGAACA AAGTTGAAGA CTATATCGGC
6061 ATTAGCTGTA ACCAATACAA TACAGTCTAA CCCCTATGTT AACCAAACGA AACATGAATC
6121 TAAGTTTGA TCATTCAAGC CAAAACAGAG GATCTAGGCT CAGGTTAATA ATAGTTCAAT
6181 CAATATTGTA TTTATTAGGT TTTTTCCTA AATTATTAAT ATACTCGTGA TTAGATGATA
6241 ACGTTAAAG TCTTAGATAT TTAATAAAAA ATGTAACCTG GGGGCGA CCC ATTTATAGGT
6301 GAGTATATAT TAGGAAGTCC TTATATTGCA CTGTGATTTC AAACAATTAT ATTACCTCAT
6361 ATCTACCTTG TCTAAAGACA TCATGAGTAA CATTGCATCC AGTTTAGAAA ACATTGTAGA
6421 GCAGGATAGT CGAAAAACAA CTTGGAGGGC CATCTTTAGA TGGTCCGTTT TTCTTATTAC
6481 AACAGGATGC TTAGCCTTAT CCATTGTTAG CATAGTTCAA ATTGGAAATT TGAAATTC

```

Figura 12 (3/5)

```

6541 TTCTGTAGGG GATCTGGCTG ATGAAGTGGT GACACCCTTG AAAACCACTC TGTCAGATAC
6601 ACTCAGGAAT CCAATTAACC AGATAAATGA TATATTTAGG ATTGTTGCC TTGATATTCC
6661 ATTGCAAGTG ACCAGTATCC AAAAAGACCT TGCAAGTCAA TTTAACATGT TGATAGATAG
6721 TTTAAATGCT ATCAAATTAG GCAACGGGAC CAACCTTATC ATACCTACAT CAGACAAGGA
6781 GTATGCAGGA GGAATTGGAA ACCCTGTATT TACTGTGCAT GCTGGAGGTT CTATAGGATT
6841 CAAACAGTTT AGCTTAATAG AACATCCGAG CTTTATTGCT GGACCTACAA CGACCCGAGG
6901 CTGTACAAGA ATACCCACTT TTCACATGTC AGAAAGTCAT TGGTGCTACT CACACAACAT
6961 CATCGCTGCT GGCTGTCAAG ATGCCAGTGC ATCCAGTATG TATATCTCAA TGGGAGTTCT
7021 CCATGTGTCC TCATCTGGCA CTCCCATTTT TCTTACTACT GCAAGTGAGC TGATAGACGA
7081 TGGAGTTAAC CGTAAGTCAT GCAGCATTGT AGCAACCCAA TTTGGCTGTG ACATTTTGTG
7141 CAGTATTGTC ACAGAGAAGG AGGGAGATGA TTAGTGGTCT GATACTCCGA CTCCAATGCG
7201 CCACGGCCGT TTTTCATTCA ATGGTAGTTT TGTAGAAGCC GAACTACCAG TGTCCAGTAT
7261 GTTCTCATCA TTCTCTGCCA ACTACCCTGC TGTGGGATCA GGCGAAATTG TAAAAGATAG
7321 AATATTATTC CCAATTTACG GAGGTATAAA GCAGACTTCA CCAGAGTTTA CCGAATTAGT
7381 GAAATACGGA CTCTTTGTAT CAACACCTAC AACTGTGTGC CAGAGTAGCT GGACTTATGA
7441 CCAGGTAAAA GCTGCGTATA GGCCAGATTA CATATCAGGC CGGTTCTGGG CACAAGTGAT
7501 ACTCAGCTGC GCTCTTGATG CAGTCGACTT ATCAAGTTGT ATTGTAAAGA TTATGAATAG
7561 CAGCACAGTG ATGATGGCAG CGGAAGGAAG GATAATGAAG ATAGGGATTG ATTACTTTTA
7621 CTATCAGCGG TCATCTTCTT GGTGGCCATT GGCATTTGTC ACAAAAC TAG ACCCGCAAGA
7681 GTTGGCAGAC ACAAACCTCA TATGGCTGAC CAATTCCATA CCAATCCCGC AATCAAAGTT
7741 CCCTCGGCC T CATATTTCAG AAAATTATTG CACAAAGCCA GCAGTTTGCC CTGCTACTTG
7801 TGTCACTGGT GTGTACTCTG ATATTTGGCC CCTGACCTCA TCTTCATCAC TCCCGAGCAT
7861 AATTTGGATC GGCCAGTACC TTGATGCTCC TGTGGGAAGG ACTTATCCTA GATTTGGAAT
7921 TGCAAATCAG TCACACTGGT ACCTCCAAGA AGATATTCTA CCCACTTCCA CCGCAAGTGC
7981 GTATTCAACC ACTACATGTT TTAAGAATAC TGCCAGGAAT AGAGTGTTCT GCGTCACCAT
8041 TGCCGAATTT GCAGATGGGT TGTTTGGAGA GTACAGGATA ACACCTCAGT TGTACGAATT
8101 AGTGAGAAAT AATTGAATAA CAATAATTTT GGGACTCATT TTGTCGCAA GTGAAATTGT
8161 CATCTTTAAA AATAATCAAT TCGATGATTT TTATTGAACA TGATTAAGCA ATCATGTGGG
8221 AAATTTATTA TCTCATAAAT TCTAATAGTT GTAAATGATG AATTAAGAAA AAATGGAGGG
8281 CGACCTCTAC ACAAACATGG ATATAAAACA AGTTGACCTG ATAATACAAC CCGAGGTTCA
8341 TCTCGATTCA CCCATCATAT TGAATAAACT GGCACTATTA TGGCGCTTGA GTGGTTTACC
8401 CATGCCGTGA GACCTACGAC AAAAATCCGT AGTGATGCAC ATCCCGGACC ACATCTTAGA
8461 AAAATCAGAA TATCGGATCA AGCACCCTCT AGGGAAAATC AAGAGTGACA TAACACATTA
8521 CTGTCAGTAT TTTAATATTA ATTTGGCAAA TATTGATCCG ATAACCCACC CCAAAGTTT
8581 GTATTGGTTA TCCAGACTAA CAATAGCTAG TGCTGGAAGT TTAGGCATA TGAAAGATAG
8641 AATCTTGTGT ACAGTTGGCT CTGAATTTGG ACACAAAATT CAAGATTTAT TTTCACTGCT
8701 GAGCCATAAA CTAGTAGGTA ACGGGGATTT ATTTAATCAA AGTCTCTCAG GTACACGTTT
8761 GACTGCAAGT CCGTTATCCC CTTTATGCAA TCAATTTGTC TCTGACATCA AGTCTGCAGT
8821 CACGACACCC TGGTCAGAAG CTCGTTGGTC TTGGCTTCAT ATCAAACAAA CAATGAGATA
8881 TCTGATAAAA CAATCACGCA CTACAAATTC GGCTCATTTA ACAGAAATCA TAAAAGAAGA
8941 ATGGGGTTTA GTAGGTATTA CTCCAGATCT TGTCAATCTT TTTGACAGAG TCAATAATAG
9001 TCTGACTGCA TTAACATTTG AGATGGTTCT AATGTATTCA GATGTATTAG AATCCCGTGA
9061 CAATATTGTG TTAGTGGGGC GACTATCTAC CTTTCTACAG CCAGTAGTTA GTAGACTGGA
9121 GGTGTTGTTT GATCTAGTAG ATTCATTGGC AAAAATCTTA GGTGACACAA TATATGAGAT
9181 TATTGCAGTG TTAGAGAGCT TGTCTTATGG GTCAGTTCAA CTACATGATG CAAGTCACTC
9241 TCATGCAGGG TCTTTTTTTT CATTTAACAT GAATGAAGTT GATAACACAC TATCAAAGAG
9301 GGTAGATCCG AAACACAAGA ACACTATAAT GAGCATTATA AGACAATGCT TTTCTAATCT
9361 AGATGTTGAT CAAGCTGCAG AGATGCTATG CCTGATGAGA TTATTCGGAC ACCCAATGTT
9421 AACTGCACCG GATGCAGCAG CCAAAGTGAG GAAAGCAATG TGTGCTCCAA AACTTGTTGA
9481 ACACGACACC ATCTTGCAAG CATTATCTTT CTTCAAGGGG ATAATTATAA ATGGGTACAG
9541 AAGATCACAC TCTGGCCTGT GGCCCAATGT AGAGCCGTCT TCAATTTATG ATGATGATCT
9601 CAGACAGCTG TACTTAGAGT CAGCAGAGAT TTCCCATCAT TTTATGCTTA AAACTACAA
9661 GAGTTTAAGC ATGATAGAAT TCAAGAAGAG CATAGACTAC GATCTTCATG ATGACCTAAG
9721 TACTTTCTTA AAGGATAGAG CAATTTGCCG GCCGAAATCC CAGTGGGATG TCATATTTCTG
9781 TAAGTCTTTA CGCAGATCTC ATACGCAGTC CCAGTATCTG GACGAAATTA AGAGCAACCG
9841 ATTGCTAATT GATTTTCTTG ATTCTGCTGA ATTTGACCCT GGAAAAGAAT TTGCATATGT
9901 AACCACAATG GATTATTTGC ACGATAATGA ATTTTGTGCT TCATATTCTC TAAAGGAAAA
9961 GGAGATCAAA ACTACTGGGA GGATATTTGC AAAAATGACA CGCAATATGA GAAAGTTGCCA

```

Figura 12 (4/5)

```

10021 AGTAATACTT GAATCTTTGT TATCAAAGCA TATATGCAAG TTCTTCAAAG AGAATGGCGT
10081 TTCGATGGAG CAATTGTCAT TGACCAAGAG TCTACTTGCA ATGTCTCAAC TCTCACAAA
10141 AGTCTCGACT TTGCAGGACA CTGCATCAGC TCATGTAGGT AACTCAAAAT CTCAGATTGC
10201 AACCAGCAAC CCATCTCGGC ATCACTCGAC ACCCAATCAG ATGTCACTCT CAAATCGAAA
10261 AACGGTTGTA GCAACTTTCT TAACAACCTGA CTTGGAAAAA TACTGCCTGC AGTGGCGATA
10321 TTCAACTATT AAATTGTTTG CACAAGCTCT AAATCAACTC TTTGGGATTG ATCACGGATT
10381 TGAATGGATA CATTTAAGAC TTATGAACAG CACCTTATTT GTTGGCGATC CTTACTCGCC
10441 TCCTGAAGAT CCAACACTAG AAGATATAGA TAAAGCACCA AATGATGATA TCTTCATAGT
10501 TTCTCCAAGG GGAGGCATAG AGGGTTTATG TCAGAAAATG TGGACCATGA TATCAATTAG
10561 TGCTATACAC TGTGTAGCAG AGAAAATTGG TGCACGAGTG GCAGCAATGG TGCAGGGTGA
10621 TAATCAAGTA ATAGCTATCA CCAAAGAATT ATTCAGAGGA GAGAAAGCTT GTGATGTCAG
10681 AGATGAGTTA GACGAGCTTG GTCAAGTGTT TTTTGATGAG TTCAAGAGAC ACAATTATGC
10741 AATTGGACAC AATCTTAAGC TAAATGAGAC AATACAAAGC CAATCCTTTT TTGTATATTC
10801 CAAACGAATA TTCTTTGAAG GCGGATTGCT TAGTCAAGTC CTCAAAAATG CTGCCAAGTT
10861 ATGTATGGTT GCTGACCATC TAGGTGAAAA CACTGTATCT TCCTGTAGCA ACCTGAGCTC
10921 GACAATTGCC CGCTTAGTGG AAAATGGGTT TGAGAAGGAC ACTGCTTTTG TGTGAACCTT
10981 AGTCTACATC ATGACTCAGA TTCTTTTGA TGAGCATTAC TCGATTGTAT GCGATCACCA
11041 TAGTGTCAAA AGCTTGATTG GATCAAAAAA CCATCGGAAT TTATTGTATT CATCTCTAAT
11101 ACCAGGTCAG CTCGGCGGTT TCAACTTCCT CAATATAAGT CGGTTGTTCA CTAGGAATAT
11161 AGGTGACCCA GTAACATGTA GTCTGTCTGA TCTCAAATGC TTCATAGCCG CAGGTCTCCT
11221 TCCACCCTAT GTCCTAAAAA ATGTGGTTCT GCGTGAGCCT GGTCTGGGA CATGGTTGAC
11281 GTTGTGCTCT GATCCTTACA CCCTTAACAT ACCATACACA CAGCTTCCAA CCACATATCT
11341 CAAAAAGCAC ACCCAGCGAT CATTGCTTTC ACGTGCAGTA AATCCTTTAT TAGCCGGTGT
11401 ACAAGTGCCA AATCAGCATG AGGAAGAAGA GATGTTGGCT CGCTTCTCC TTGATCGTGA
11461 ATATGTGATG CCCCAGCGTT CTCATGTAAT ACTAGAATCA TCAGTCCTTG GCAAACGGAA
11521 ACAAATCCAA GGCTTAATTG ATACAACCTC AACCATCATT AGAACATCTC TAGTTAATCT
11581 GCCAGTGTCT AGAAAGAAAT GCGAAAAAAT AATCAATTAC TCTCTCAATT ATATTGCTGA
11641 GTGTCATGAC TCCTTACTTA GCCAGGCTG CTTCAGTGAT AATAAGGAAT ACTTGTGGTC
11701 AACCTCCTTA ATATCAGTTG AGACCTGTAG TGTGACAATT GCGGACTATC TGAGAGCTGT
11761 CAGCTGGTCT AATATATTAG GGGGAAGAAA CATATCCGGG GTGACTACAC CTGATACTAT
11821 TGAATTAATT CAAGGTTGTT TAATAGGTGA AAATTCTAGT TGTACTCTTT GTGAATCGCA
11881 TGATGACGCA TTCACGTGGA TGCATTGCCC TGGCCCACTT TACATCCCTG AACCATCAGT
11941 TACTAACTCT AAAATGCGTG TGCCATCTCT GGGTTCAAAA ACAGAGGAGC GGAAAACAGC
12001 CTCAATGGCA GCAATAAAAG GAATGTCACA TCACCTGCGT GCAGTCTTAA GAGGCACATC
12061 CGTATTTATT TGGGCATTTG GGGATACAGA TATCAATTGG GATAATGCAT TGCAGATTGC
12121 CCAATCACGG TGTAACATCA CATTGGATCA AATGAGATTA CTTACACCAA TTCCTAGCAG
12181 TTCAATATT CAACATAGAC TCGATGACGG AATCAGCACG CAGAAATTTA CTCCTGCAAG
12241 CTTGCTCGA ATCACATCCT TCGTTCACAT CTGTAATGAC AGCCAGAGGT TAGAGAAGGA
12301 TGGCTCATCT GTCGACTCAA ACTTGATTTA CCAGCAAATT ATGTTACTTG GACTCAGCAT
12361 CTTTGAAACA ATGTACTCAA TGGACCAAAA GTGGGTATTC AATAACCATA CCTTGCATTT
12421 GCACACTGGA CACTCCTGTT GTCCAAGGGA ACTAGACATA AGTTTGGTGA ACCCGCCGAG
12481 ACATCAGACC CCGGAGCTGA CTAGCACAAC AACCAACCCG TTCCTATATG ATCAGCTCCC
12541 ATTAAATCAA GAAAACCTGA CAACACTTGA GATTAAGACA TTTAAATTCA ATGAGCTCAA
12601 CATTGATGGT TTAGATTTTG GTGAAGGAAT ACAATTATTG AGTCGTTGTA CTGCAAGATT
12661 AATGGCAGAA TGTATTCTAG AGGAGGGAAT AGGCTCGTCA GTTAAAAATG AAGCAATTGT
12721 CAATTTTGAT AATTCAGTCA ATTGGATTTT AGAGTGCCTA ATGTGTGATA TTCGCTCACT
12781 TTGTGTTAAT TTAGGTCAAG AGATACTATG TAGCCTGGCA TACCAAATGT ATTACTTGCG
12841 AATCAGGGGT AGACGGGCCA TTCTTAATTA CTTGGACACA ACTTTGCAA GGATCCCCTGT
12901 GATACAAATTA GCCAACATTG CACTACCAT TTGCGACCCT GAGATATTTT GCAGAATTTG
12961 CAACACCGGG ATCCATAACC AGATTAAGGG CCCATATGTG GCAACAACGG ATTTCATAGC
13021 TGCAAGTAGA GATATCATAT TATCAGGTGC AAGGGAGTAT CTATCTTATT TAAGCAGTGG
13081 GCAGGAAGAC TGTTACACAT TCTTCAACTG TCAAGATGGG GATCTTACTC CAAAAATGGA
13141 ACAGTATCTT GCAAGGAGGG CATGCCTTTT AACATTATTG TATAATACTG GGCACCAGAT
13201 CCCCCTTATC CGATCACTGA CGCCAATAGA GAAGTGCAAG GTGCTCACAG AATACAATCA
13261 ACAAATTGAG TACGCAGATC AAGAGTTTAG CTCTGTACTA AAAGTGGTCA ATGCACTACT
13321 ACAAATCCTT AAGATAGATG CATTAGTTTC AAATCTCTAC TTCACCACCA GACGTGTTCT
13381 ATCAAACCTC AGATCATGTG ATAAGGCTAG ATCATATATT GAATATTTGT ACACTGAGGA
13441 CTTGCGAGAG AAAGAGGATA CAGTACAATA TGACATCATG ACAACAAACG ATATCATACT

```

Figura 12(5/5)

```

13501 TACTCATGGT CTATTCACAC AGATCGAAAT ATCTTATCAA GGAATAGTC TCCATAAGTT
13561 CCTTACTCCG GATAACGCGC CTGGATCTTT GATCCCATTG TCTATTTTAC CAAATTCACT
13621 TGCATGTGAC CCTCTTCATC ACTTGCTCAA GTCGGTCGGT ACATCAAGCA CAAGTTGGTA
13681 CAAGTATGCA ATCGCCTATG CAGTGTCTGA AAAGAGGTCA GCTCGATTAG GAGGGAGCTT
13741 GTACATTGGT GAAGGGAGCG GAAGTGTGAT GACTTTACTC GAGTATCTTG AGCCATCTGT
13801 TGACATATTT TACAATTCAC TCTTCTCAA TGGTATGAAC CCACCACAAC GAAATTATGG
13861 GCTTATGCCA CTACAATTTG TGAATTCGGT GGTTTATAAG AACTTAACGG CTAAATCAGA
13921 ATGTAAGCTA GGGTTTGTCC AGCAATTTAA ACCGTTGTGG AGAGACATAG ACATTGAGAC
13981 TAATGTTACA GATCCATCAT TTATCAATTT TGCATTGAAT GAAATCCCAA TGCAATCATT
14041 AAAACGAGTA AATTGTGATG TGGAAATTTGA CCGTGGTATG CCGATTGAAC GGGTTATTCA
14101 GGGTTACACC CATATCTTAC TTGTTGCCAC TTACGGATTA CAGCAAGATT CAATACTGTG
14161 GGTGAAGGTA TATAGGACAT CTGAAAAAGT ATTTCAATTC TTACTGAGTG CCATGATCAT
14221 GATCTTTGGT TATGTAAAAA TCCACAGGAA TGGTTATATG TCGACAAAGG ATGAAGAGTA
14281 CATATTGATG TCTGACTGCA AGGAACCTGT AAATAATACA GCTGTCCCTA ACATTCTTAC
14341 ACGTGTAAGT GATTTAGTGT CGAAGAATCT GAGTCTTATC CATCCAGAAG ACCTCAGAAA
14401 AGTAAGGTGT GAAACAGATT CCCTGAATTT GAAGTGCAAT CATATTTATG AGAAAATAAT
14461 TGCCAGAAAA ATTCCATTAC AGGTATCATC AACTGACTCT TTGCTCCTCC AATTAGGCGG
14521 TGTTATCAAC TCGGTGGGCT CAACTGATCC TAGAGAGGTT GCAACATTAT CTTCTATTGA
14581 GTGTATGGAC TATGTTGTCT CATCAATTGA TTTGGCTATA TTGGAGGCAA ATATTGTAAT
14641 CTCAGAGAGT GCTGGTCTTG ACCTCGCTTT AATGTTAGGC CCATTCAACT TAAATAAGCT
14701 TAAGAAAATT GACACAATCC TTAAGTCAAG CACCTATCAG CTAATCCCGT ACTGGTTGCG
14761 CTATGAGTAC TCTATTAATC CGAGATCTTT GTCATTTCTA ATCACTAAAT TACAACAATG
14821 CCGAATTTCA TGGTCAGATA TGATCACGAT TTCTGAATTT CGTAAGAAAT CCAAGCGGCC
14881 TATATTTATC AAACGAGTAA TAGGGAATCA ACAGCTAAAA TCATTCTTTA ATGAAAGCTC
14941 AAGTATTGTT TTGACTCGGG CTGAAGTTAA AGTCTGTATA AAGTTCCTCG GTGCAATCAT
15001 CAAGTTGAAA TAAATTTCTGC GATTTTAAAG GGGTGTAATG TTCTAATTTG CACTTGAAGT
15061 AATATAGCTT GTAATCATTC GCTAGGGGAT AGGATAATTT CTCTAACCTC TGAATCTATA
15121 TTCCTAGAGT ATAACAAATA TATACATAAT AAAAATGATT TTAAGAAAAA ATCCGACACT
15181 CAAAGAAAAT TGGTGCCTGT AATATTCTTC TTGCCAAATG ATTGTGAAGT GTCTAGCCTA
15241 ACTTAAAACA ATCGTATTCT ATAGGGAAGA ATGATATATA AAATAACTAA TAAAAAATTG
15301 TATTAGTAAA AATTACCGTA TTTCTGTAT TCCATTTCTG GT

```



Figura 12

SEQ ID NO:2 Secuencia de ADN que codifica la nucleoproteína (NP) de APMV-8

1	ATG TCA TCT GTG TTC AAT GAG TAT CAG GCG CTT CAA GAA CAA CTT GTG	48
49	AAG CCG GCT GTC AGG AGA CCT GAT GTT GCC TCA ACG GGT TTA CTC AGA	96
97	GCG GAA ATA CCT GTC TGT GTT ACA TTA TCT CAA GAC CCC GGT GAG AGA	144
145	TGG AGC CTT GCT TGC TTG AAT ATT AGA TGG CTT GCG AGT GAT TCA TCA	192
193	ACC ACA CCA ATG AAG CAA GGA GCA ATA TTG TCA CTG CTG AGT CTA CAT	240
241	TCA GAC AAT ATG CGA GCT CAC GCA ACA TTA GCA GCA AGG TCT GCA GAT	288
289	GCT TCA CTC ACC ATA CTT GAG GTA GAT GAA GTA GAT ATT AGC AAC TCA	336
337	CTA ATC AAA TTC AAC GCC AGA AGT GGT GTA TCT GAC AAA CGC TCA AAT	384
385	CAA TTG CTT GCA ATT GCG GAT GAC ATC CCC AAA AGT TGC AGT AAT GGG	432
433	CAT CCA TTT CTT GAC ACA GAC ATT GAG ACC AGA GAC CCG CTC GAT CTA	480
481	TCA GAG ACT ATA GAT CGC CTG CAG GGT ATT GCA GCT CAG ATA TGG GTG	528
529	TCA GCC ATA AAG AGC ATG ACA GCG CCT GAC ACC GCA TCA GAG TCA GAA	576
577	AGT AAG AGG CTG GCC AAA TAT CAA CAA CAA GGC CGA CTG GTT AAG CAA	624
625	GTA CTC TTG CAT TCT GTA GTC AGG ACA GAA TTT ATG AGA GTT ATT CGG	672
673	GGC AGC TTG GTA CTG CGC CAG TTT ATG GTT AGC GAG TGC AAG AGG GCT	720
721	TCA GCC ATG GGC GGA GAC ACA TCT AGG TAC TAT GCT ATG GTG GCT GAC	768
769	ATC AGT CTT TAC ATC AAG AAT GCA GGA TTG ACT GCA TTT TTC CTC ACC	816
817	CTG AAG TTC GGA GTT GGT ACC CAG TAT CCA ACC TTA GCA ATG AGT GTT	864
865	TTC TCC AGT GAC CTT AAA AGG CTT GCT GCA CTC ATC AGG CTA TAC AAA	912
913	ACC AAG GGA GAC AAT GCA CCA TAC ATG GCA TTC CTG GAG GAC TCC GAT	960
961	ATG GGA AAT TTT GCT CCA GCA AAT TAT AGC ACA ATG TAC TCT TAT GCC	1008
1009	ATG GGC ATT GGG ACA ATT CTG GAA GCA TCT GTA TCT CGA TAC CAG TAT	1056
1057	GCC AGA GAC TTT ACC AGT GAG AAT TAT TTC CGT CTT GGA GTT GAG ACA	1104
1105	GCC CAA AGC CAG CAG GGA GCA TTT GAC GAG AGA ACA GCC CGA GAA ATG	1152
1153	GGC TTG ACT GAG GAA TCA AAA CAG CAG GTT AGA TCA CTG CTA ATG TCA	1200
1201	GTA GAC ATG GGT CCC AGT TCA ATT CAT GAG CCA TCT CGC CCT GCA TTT	1248
1249	ATC AGT CAA GAA GAA AAT AGG CAG CCT GCC CAG AAC TTG TCA GAT ACT	1296
1297	CAG GGT CAG ACC AAG CCA GTC CCG AAG CAG CCC GCA CCA AGG GCC GAC	1344
1345	TCA GAT GAC ATT GAT CCA TAC GAG AAC GGG CTA GAA TGG TAA	1386

SEQ ID NO:3 Secuencia de proteína de la nucleoproteína (NP) de APMV-8

1	MSSVFNEYQALQEQLVKPAVRRPDVASTGLLRAEIPVCVTLSQDPGER	48
49	WSLACLNIRWLASDSSTTPMKQGAILSLLSLHSDNMRAHATLAARSAD	96
97	ASLTILEVDEVDISNSLIKFNARSGVSDKRSNQLLAIADDIPKSCSNG	144
145	HPFLDTDIETRDPLDLSETIDRLQGIAAQIWVSAIKSMTAPDTASESE	192
193	SKRLAKYQQQGRLVKQVLLHSVVRTEFMRVIRGSLVLRQFMVSECKRA	240
241	SAMGGDTSRYIAMVGDISLYIKNAGLTAFFLTILKFGVGTQYPTLAMSV	288
289	FSSDLKRLAALIRLYKTKGDNAPYMAFLEDSMDGNFAPANYSTMYSYA	336
337	MGIGTILEASVSRYQYARDFTSENYFRLGVETAQSQQGAFDERTAREM	384
385	GLTEESKQQVRSLLMSVDMGPSSIHEPSRPAFISQEEENRQPAQNLSDT	432
433	QQQTKPVPKQPAPRADSDDDIDPYENGLEW*	462

Figura 13

SEQ ID NO:4 Secuencia de ADN que codifica la fosfoproteína (P) de APMV-8

1	ATG GAT TTC GCC AAT GAT GAA GAA ATT GCA GAA CTT TTG AAT CTC AGC	48
49	ACC AAT GTA ATC AAG GAG ATT CAG AAA TCC GAA CTC AAG CCT CCC CAA	96
97	ACC ACC GGA CGA CCA CCT GTC AGT CAA GGG AAC ACA AGA AAT CTA ACT	144
145	GAT CTA TGG GAA AAG GAG ACT GCA AGT CAG ACC AAG ACA CCG GCC CAA	192
193	TCT ACA CAA ACC ACA CAA GTT CAG TCT GAT GAA AAT GAG GAG GGA GAA	240
241	ATC AAG TCC GAG TCA ACT GAT GGC CAC ATC AGA GGA ACT GTT AAT CAA	288
289	TCA GAG CAA GTC CCA GAA CAA AAC CAG AGC AGA TCT TCA CCA GGT GAT	336
337	GAT CTC GAC AGA GCT CTC AAC AAG CTT GAA GGG AGA ATC AAT TTA ATC	384
385	AGC TCA ATG GAC AAA GAA ATT AAA AAG GGC CCT CGC ATC CAG AAT CTC	432
433	CCT GGG TCC CAG GCG GCA ACT CAA CAG GCG ACC CAC CCA TTG GCA GGG	480
481	GAC ACC CCG AAC ATG CAA GCA CAG ACA AAA GCC CTG GCG AAG CCA CAT	528
529	CAA GAG GCA ATC AAT CCT GGC AAC CAG GAC ACA GGA GAG AGT ATT CAT	576
577	TTA CCA CCT TCC ATG GCA CCA CCA GAG TCA TTA GTT GGT GCA ATC CGC	624
625	AAT GCA CCC CAA TTC GTG CCA GAC CAA TCT ATG ACG AAT GTA GAT GCG	672
673	GGG AGT GTC CAA CTA CAT GCA TCA TGT GCA GAG ATG ATA AGT AGA ATG	720
721	TTT GTA GAA GTT ATA TCC AAG CTT GAT AAA CTC GAG TCG AGA CTG AAT	768
769	GAT ATA GCA AAA GTT GTG AAC ACT ACC CCC CTT ATT AGG AAT GAT ATT	816
817	AAC CAA CTT AAG GCC ACA ACC GCA CTG ATG TCT AAC CAA ATT GCC TCC	864
865	ATA CAA ATT CTT GAC CCA GGG AAT GCA GGG GTG AGG TCC CTC TCT GAA	912
913	ATG AAA TCT GTG ACG AAG AAA GCT GCT GTT GTA ATT GCA GGG TTT GGA	960
961	GAC GAC CCA ACT CAA ATT ATT GAA GAA GGC ATT ATG GCC AAA GAT GCT	1008
1009	CTT GGA AAA CCT GTG CCT CCA ACA TCT GTT ATC TCA GCC AAA GCT CAG	1056
1057	ACT TCT TCC GGT GTG AGT AAG GGT GAA ATA GAA GGA TTG ATT GCA TTG	1104
1105	GTG GAA ACA TTA GTT GAC AAT GAC AAG AAG GCA GCA AAA CTG ATT AAA	1152
1153	ATG ATT GAT CAA GTT AAA TCC CAT GCC GAT TAC GCC CGA GTC AAG CAG	1200
1201	GCA ATA TAT AAT GCG TAA	1218

SEQ ID NO:5 Secuencia de proteína de la fosfoproteína (P) de APMV-8

1	MDFANDEEIAELLNLSTNVIKEIQKSELKPPQTTGRPPVSQGNTRNLT	48
49	DLWEKETASQTKTPAQSTQTTQVQSDENEEGEIKSESTDGHIRGTVNQ	96
97	SEQVPEQNQSRSSPGDDLDRALNKLEGRINLISSMDKEIKKGPRIQNL	144
145	PGSQAATQQATHPLAGDTPNMQAQTKALAKPHQEAINPGNQDTGESIH	192
193	LPPSMAPPESLVGAIRNAPQFVPDQSMTNVDAGSVQLHASCAEMISRM	240
241	FVEVISKLDKLESRLNDIAKVNTTPLIRNDINQLKATTALMSNQIAS	288
289	IQILDPGNAGVRSLSSEMKSVTKKAAVVIAGFGDDPTQIIIEGIMAKDA	336
337	LGKFPVPPTSVISAKAQTSSEGVSKGEIEGLIALVETLVDNDKKAALIK	384
385	MIDQVKSHADYARVKQAIYNA*	406

Figura 14

SEQ ID NO:6 Secuencia de ADN que codifica la proteína de matriz (M) de APMV-8

1	ATG GCA TAT ACA ACA TTG AAA CTG TGG GTG GAT GAG GGT GAC ATG TCG	48
49	TCT TCG CTC CTA TCA TTC CCG TTG GTA CTA AAA GAG ACA GAC AGA GGC	96
97	ACA AAG GAG CTT CAA CCA CAG GTA AGG GTA GAT TCA ATT GGC GAT GTG	144
145	CAG AAC GCC AAA GAG TCC TCG ATA TTC GTG ACT CTA TAT GGT TTC ATC	192
193	CAA GCA ATT AAG GAG AGT TCA GAT CGA TCG AAA TTC TTC CAT CCA AAA	240
241	GAT GAC TTC AAA CCT GAG ACA GTC ACT GCA GGA CTG GTA GTG GTA GGT	288
289	GCG ATC CGA ATG ATG GCT GAT GTT AAT ACC ATC TCT AAT GAC GCA CTA	336
337	GCG CTG GAG ATC ACT GTT AAG AAA TCT GCA ACT TCT CAA GAG AAA ATG	384
385	ACG GTG ATG TTC CAC AAT AGC CCC CCT TCA TTG AGA ACT GCA ATA ACT	432
433	ATC CGA GCA GGA GGT TTC ATC TCG AAT GCA GAC GAG AAT ATA AAA TGT	480
481	GCC AGC AAA TTG ACT GCA GGA GTG CAG TAC ATA TTC CGC CCA ATG TTT	528
529	GTT TCA ATC ACT AAA TTA CAC AAT GGC AAA CTA TAT AGG GTG CCC AAA	576
577	AGC ATC CAC AGC ATC TCA TCC ACT CTA CTG TAT AGT GTG ATG TTG GAG	624
625	GTA GGA TTC AAA GTG GAT ATT GGG AAG GAT CAT CCC CAG GCA AAG ATG	672
673	CTG AAG AAG GTC ACA ATC GGC GAT GCA GAC ACA TAC TGG GGG TTT GCA	720
721	TGG TTC CAC CTG TGC AAT TTC AAA AAG ACA TCC TCT AAG GGA AAG CCA	768
769	AGA ACG CTA GAC GAA CTA AAG ACA AAA GTC AAA AAT ATG GGG TTG AAA	816
817	TTG GAG TTA CAT GAC CTG TGG GGT CCG ACT ATT GTG GTC CAA ATC ACT	864
865	GGC AAG AGC AGC AAA TAT GCT CAA GGA TTT TTT TCC TCC AAT GGT ACT	912
913	TGT TGT CTC CCA ATC AGC AGA TCT GCA CCA GAG CTT GGG AAG CTT CTG	960
961	TGG TCT TGT TCA GCA ACT ATA GGT GAC GCA ACA GTT GTT ATC CAA TCA	1008
1009	AGC GAG AAA GGG GAA CTC CTA AGG TCT GAT GAC CTC GAG ATA CGA GGT	1056
1057	GCT GTG GCC TCC AAG AAA GGT AGA CTG GGC TCA TTT CAC CCC TTC AAA	1104
1105	AAA TGA	1110

SEQ ID NO:7 Secuencia de proteína de la proteína de matriz (M) de APMV-8

1	MAYTTLKLWVDEGDMSSSLLSFPLVLKETDRGTELQPQVRVDSIGDV	48
49	QNAKESSIFVTLYGFIQAIKESSDRSKFFHPKDDFKPETVTAGLVVVG	96
97	AIRMMADVNTISNDALALEITVKKSATSQEKMTVMFHNSPPSLRTAIT	144
145	IRAGGFISNADENIKCASKLTAGVQYIFRPMFVSITKLHNGKLYRVPK	192
193	SIHSISSTLLYSVMLEVGFKVDIGKDHQPQAKMLKKVTIGDADTYWGFA	240
241	WFHLCNFKKTSSKGPRTLDELKTKVKNMGLKLELHDLWGPTIVVQIT	288
289	GKSSKYAQGFFSSNGTCCLPISRSAPELGKLLWSCSATIGDATVVIQS	336
337	SEKGELLRSDDLEIRGAVASKKGRLGFSFHPFKK*	370

Figura 15

SEQ ID NO:8 Secuencia de ADN que codifica la proteína de fusión (F) de APMV-8

1	ATG GGT CAA ATA TCA GTA TAT CTA ATT AAT AGC GTG CTA TTA TTG CTG	48
49	GTA TAT CCT GTG AAT TCG ATT GAC AAT ACA CTC ATT GCC CCA ATC GGA	96
97	GTT GCC AGC GCA AAT GAA TGG CAG CTT GCT GCA TAT ACA ACA TCA CTT	144
145	TCA GGG ACA ATT GCC GTG CGA TTC CTA CCT GTG CTC CCG GAT AAT ATG	192
193	ACT ACC TGT CTT AAA GAA ACA ATC ACT ACA TAC AAT AAT ACT GTC AAC	240
241	AAC ATC TTA GGC CCA CTC AAA TCC AAT CTG GAT GCA CTG CTC TCA TCT	288
289	GAG ACT TAT CCC CAG ACA AGA TTA ATT GGG GCA GTT ATA GGT TCA ATT	336
337	GCT CTC GGT GTT GCA ACA TCG GCT CAA ATC ACT GCT GCA GTT GCT CTC	384
385	AAG CAA GCG CAA GAC AAT GCA AGG AAC ATA CTA GCA CTC AAA GAA GCA	432
433	CTG TCC AAA ACC AAT GAG GCG GTC AAG GAG CTT AGT AGT GGG TTA CAA	480
481	CAA ACA GCT ATT GCA CTT GGT AAG ATA CAG AGT TTT GTG AAT GAG GAA	528
529	ATT CTG CCA TCT ATC AAC CAA CTG AGC TGC GAG GTG ACA GCC AAT AAA	576
577	CTT GGG GTG TAT TTA TCT CTG TAT CTC ACA GAA CTG ACC ACC ATA TTC	624
625	GGT GCA CAG CTG ACC AAC CCT GCA TTG ACT TCA TTA TCA TAT CAA GCA	672
673	CTG TAC AAC CTG TGT GGT GGC AAC ATG GCA ATG CTT ACT CAG AAG ATT	720
721	GGA ATT AAA CAG CAA GAC GTT AAT TCG CTA TAT GAA GCC GGA CTA ATC	768
769	ACA GGA CAA GTC ATT GGT TAT GAC TCT CAT TAC CAG CTG CTG GTC ATC	816
817	CAG GTC AAT TAT CCA AGC ATT TCT GAG GTC ACT GGT GTA CGT GCG ACA	864
865	GAA TTA GTC ACT GTT AGT GTA ACA ACA GAC AAG GGT GAA GGG AAA GCA	912
913	ATT GTA CCC CAA TTT GTA GCT GAA AGT CGG GTG ACT ATT GAA GAG CTT	960
961	GAT GTC GCA TCT TGT AAA TTC AGC AGC ACC CTA TAT TGC AGG CAG	1008
1009	GTC AAC ACA AGG GCA CTT CCC CCG CTA GTA GCT AGC TGT CTT CGA GGT	1056
1057	AAC TAT GAT GAT TGT CAA TAT ACC ACA GAG ATT GGA GCA TTA TCA TCC	1104
1105	CGG TAT ATA ACA CTA GAT GGG GGG GTC TTA GTT AAT TGC AAG TCA ATT	1152
1153	GTT TGT AGG TGC CTT AAT CCA AGT AAG ATC ATC TCT CAA AAT ACA AAC	1200
1201	GCT GCA GTA ACA TAT GTT GAT GCC ACA ATC TGC AAA ACA ATT CAA TTG	1248
1249	GAT GAT ATA CAA CTC CAG CTG GAA GGG TCA CTA TCA TCA GTT TAT GCA	1296
1297	AGA AAC ATC TCA ATT GAG ATC AGT CAG GTG ACC ACA TCC GGG TCT TTA	1344
1345	GAT ATC AGC AGT GAG ATA GGA AAC ATC AAT AAT ACG GTG AAT CGT GTG	1392
1393	GAG GAT TTA ATT CAC CAA TCA GAG GAA TGG CTG GCA AAG GTT AAC CCA	1440
1441	CAC ATT GTT AAT AAT ACA ACA CTA ATT GTA CTC TGT GTG TTA AGT GCG	1488
1489	CTT GCT GTG ATC TGG CTG GCA GTA TTA ACG GCT ATT ATA ATA TAC TTG	1536
1537	AGA ACA AAG TTG AAG ACT ATA TCG GCA TTA GCT GTA ACC AAT ACA ATA	1584
1585	CAG TCT AAC CCC TAT GTT AAC CAA ACG AAA CAT GAA TCT AAG TTT TGA	1632

SEQ ID NO:9 Secuencia de proteína de la proteína de fusión (F) de APMV-8

1	MGQISVYLINSVLLLLVYPVNSIDNTLIAPIGVASANEWQLAAYTTSI	48
49	SGTIAVRFLPVLDPNMTTCLKETITTYNNTVNNILGPLKSNLDALLSS	96
97	ETYPQTRLIGAVIGSIALGVATSAQITAVALKQAQDNARNILALKEA	144
145	LSKTNEAVKELSSGLQQTALALGKIQSFSVNEEILPSINQLSCEVTANK	192
193	LGVYLSLYLTELTTIFGAQLTNPALTSLSYQALYNLCGGNMAMLTQKI	240
241	GIKQQDVNSLYEAGLITGQVIGYDSHYQLLVIQVNYPSISEVTGVRAT	288
289	ELVTVSVTTDKGEGKAIVPQFVAESRVTIEELDVASCKFSSTTLTCRQ	336
337	VNTRALPPLVASCLRGNYDDCQYTTIEIGALSSRYITLDGGVLVNCKSI	384
385	VCRCLNPSKIISQNTNAAVTYVDATICKTIQLDDIQLQLEGLSSVYA	432
433	RNISIEISQVTTSGSLDISSEIGNINNTVNRVEDLIHQSEEWLAKVNP	480
481	HIVNNTTLIVLCVLSALAVIWLAVLTATIIYLRTKLKTISALAVTNTI	528
529	QSNPYVNQTKHESKF*	544

Figura 16

SEQ ID NO:10 |Secuencia de ADN que codifica la hemaglutinina/neuraminidasa (HN) de APMV-8

1	ATG AGT AAC ATT GCA TCC AGT TTA GAA AAC ATT GTA GAG CAG GAT AGT	48
49	CGA AAA ACA ACT TGG AGG GCC ATC TTT AGA TGG TCC GTT CTT CTT ATT	96
97	ACA ACA GGA TGC TTA GCC TTA TCC ATT GTT AGC ATA GTT CAA ATT GGA	144
145	AAT TTG AAA ATT CCT TCT GTA GGG GAT CTG GCT GAT GAA GTG GTG ACA	192
193	CCC TTG AAA ACC ACT CTG TCA GAT ACA CTC AGG AAT CCA ATT AAC CAG	240
241	ATA AAT GAT ATA TTT AGG ATT GTT GCC CTT GAT ATT CCA TTG CAA GTG	288
289	ACC AGT ATC CAA AAA GAC CTT GCA AGT CAA TTT AAC ATG TTG ATA GAT	336
337	AGT TTA AAT GCT ATC AAA TTA GGC AAC GGG ACC AAC CTT ATC ATA CCT	384
385	ACA TCA GAC AAG GAG TAT GCA GGA GGA ATT GGA AAC CCT GTA TTT ACT	432
433	GTC GAT GCT GGA GGT TCT ATA GGA TTC AAA CAG TTT AGC TTA ATA GAA	480
481	CAT CCG AGC TTT ATT GCT GGA CCT ACA ACG ACC CGA GGC TGT ACA AGA	528
529	ATA CCC ACT TTT CAC ATG TCA GAA AGT CAT TGG TGC TAC TCA CAC AAC	576
577	ATC ATC GCT GCT GGC TGT CAA GAT GCC AGT GCA TCC AGT ATG TAT ATC	624
625	TCA ATG GGA GTT CTC CAT GTG TCC TCA TCT GGC ACT CCC ATT TTT CTT	672
673	ACT ACT GCA AGT GAG CTG ATA GAC GAT GGA GTT AAC CGT AAG TCA TGC	720
721	AGC ATT GTA GCA ACC CAA TTT GGC TGT GAC ATT TTG TGC AGT ATT GTC	768
769	ACA GAG AAG GAG GGA GAT GAT TAC TGG TCT GAT ACT CCG ACT CCA ATG	816
817	CGC CAC GGC CGT TTT TCA TTC AAT GGT AGT TTT GTA GAA GCC GAA CTA	864
865	CCA GTG TCC AGT ATG TTC TCA TCA TTC TCT GCC AAC TAC CCT GCT GTG	912
913	GGA TCA GGC GAA ATT GTA AAA GAT AGA ATA TTA TTC CCA ATT TAC GGA	960
961	GGT ATA AAG CAG ACT TCA CCA GAG TTT ACC GAA TTA GTG AAA TAC GGA	1008
1009	CTC TTT GTA TCA ACA CCT ACA ACT GTG TGC CAG AGT AGC TGG ACT TAT	1056
1057	GAC CAG GTA AAA GCT GCG TAT AGG CCA GAT TAC ATA TCA GGC CGG TTC	1104
1105	TGG GCA CAA GTG ATA CTC AGC TGC GCT CTT GAT GCA GTC GAC TTA TCA	1152
1153	AGT TGT ATT GTA AAG ATT ATG AAT AGC AGC ACA GTG ATG ATG GCA GCG	1200
1201	GAA GGA AGG ATA ATG AAG ATA GGG ATT GAT TAC TTT TAC TAT CAG CGG	1248
1249	TCA TCT TCT TGG TGG CCA TTG GCA TTT GTC ACA AAA CTA GAC CCG CAA	1296
1297	GAG TTG GCA GAC ACA AAC TCA ATA TGG CTG ACC AAT TCC ATA CCA ATC	1344
1345	CCG CAA TCA AAG TTC CCT CGG CCT TCA TAT TCA GAA AAT TAT TCC ACA	1392
1393	AAG CCA GCA GTT TGC CCT GCT ACT TGT GTC ACT GGT GTG TAC TCT GAT	1440
1441	ATT TGG CCC CTG ACC TCA TCT TCA TCA CTC CCG AGC ATA ATT TGG ATC	1488
1489	GGC CAG TAC CTT GAT GCT CCT GTT GGA AGG ACT TAT CCT AGA TTT GGA	1536
1537	ATT GCA AAT CAG TCA CAC TGG TAC CTC CAA GAA GAT ATT CTA CCC ACT	1584
1585	TCC ACC GCA AGT GCG TAT TCA ACC ACT ACA TGT TTT AAG AAT ACT GCC	1632
1633	AGG AAT AGA GTG TTC TGC GTC ACC ATT GCC GAA TTT GCA GAT GGG TTG	1680
1681	TTT GGA GAG TAC AGG ATA ACA CCT CAG TTG TAC GAA TTA GTG AGA AAT	1728
1729	AAT TGA	1734

SEQ ID NO:11 |Secuencia de proteína de la hemaglutinina/neuraminidasa (HN) de APMV-8

1	MSNIASSLENIVEQDSRKTTWRAIFRWSVLLITTGCLALSIVSIVQIG	48
49	NLKIPSVGDLADEVVTPLKTTLSDTLRNPINQINDIFRIVALDIPLQV	96
97	TSIQKDLASQFNMLIDSLNAIKLNGNTNLIIPTSKEYAGGIGNPVFT	144
145	VDAGGSIGFKQFSLIEHPSFIAGPTTTRGCTRIPTFHMSESHWCYSHN	192
193	IIAAGCQDASASSMYISMVGLHVSSSGTPIFLTTASELIDDGVNRKSC	240
241	SIVATQFGCDILCSIVTEKEGDDYWSDTPTPMRHGRFSFNGSFVEAEL	288
289	PVSSMFSSFSANYPVAGSGEIVKDRILFPIYGGIKQTSPEFTLVKYG	336
337	LFVSTPTTVCQSSWTYDQVKAAYRPDIYSGRFWAQVILSCALDAVDLS	384
385	SCIVKIMNSSTVMMAAEGRIMKIGIDYFYQSSSWPLAFVTKLDPQ	432
433	ELADTNSIWLNTNSIPIQSKFPRPSYSENYCTKPAVCPATCVTVGYSD	480
481	IWPLTSSSSSLPSIIWIGQYLDAPVGRTPYPRFGIANQSHWYLQEDILPT	528
529	STASAYSTTTCKNTARNRVFCVTIAEFADGLFGEYRITPQLYELVRN	576
577	N*	578

Figura 17 (1/4)

SEQ ID NO:12 Secuencia de ADN que codifica la polimerasa (L) de APMV-8

1	ATG	GAG	GGC	GAC	CTC	TAC	ACA	AAC	ATG	GAT	ATA	AAA	CAA	GTT	GAC	CTG	48
49	ATA	ATA	CAA	CCC	GAG	GTT	CAT	CTC	GAT	TCA	CCC	ATC	ATA	TTG	AAT	AAA	96
97	CTG	GCA	CTA	TTA	TGG	CGC	TTG	AGT	GGT	TTA	CCC	ATG	CCT	GCA	GAC	CTA	144
145	CGA	CAA	AAA	TCC	GTA	GTG	ATG	CAC	ATC	CCG	GAC	CAC	ATC	TTA	GAA	AAA	192
193	TCA	GAA	TAT	CGG	ATC	AAG	CAC	CGT	CTA	GGG	AAA	ATC	AAG	AGT	GAC	ATA	240
241	ACA	CAT	TAC	TGT	CAG	TAT	TTT	AAT	ATT	AAT	TTG	GCA	AAT	ATT	GAT	CCG	288
289	ATA	ACC	CAC	CCC	AAA	AGT	TTG	TAT	TGG	TTA	TCC	AGA	CTA	ACA	ATA	GCT	336
337	AGT	GCT	GGA	ACT	TTT	AGG	CAT	ATG	AAA	GAT	AGA	ATC	TTG	TGT	ACA	GTT	384
385	GGC	TCT	GAA	TTT	GGA	CAC	AAA	ATT	CAA	GAT	TTA	TTT	TCA	CTG	CTG	AGC	432
433	CAT	AAA	CTA	GTA	GGT	AAC	GGG	GAT	TTA	TTT	AAT	CAA	AGT	CTC	TCA	GGT	480
481	ACA	CGT	TTG	ACT	GCA	AGT	CCG	TTA	TCC	CCT	TTA	TGC	AAT	CAA	TTT	GTC	528
529	TCT	GAC	ATC	AAG	TCT	GCA	GTC	ACG	ACA	CCC	TGG	TCA	GAA	GCT	CGT	TGG	576
577	TCT	TGG	CTT	CAT	ATC	AAA	CAA	ACA	ATG	AGA	TAT	CTG	ATA	AAA	CAA	TCA	624
625	CGC	ACT	ACA	AAT	TCG	GCT	CAT	TTA	ACA	GAA	ATC	ATA	AAA	GAA	GAA	TGG	672
673	GGT	TTA	GTA	GGT	ATT	ACT	CCA	GAT	CTT	GTC	ATT	CTT	TTT	GAC	AGA	GTC	720
721	AAT	AAT	AGT	CTG	ACT	GCA	TTA	ACA	TTT	GAG	ATG	GTT	CTA	ATG	TAT	TCA	768
769	GAT	GTA	TTA	GAA	TCC	CGT	GAC	AAT	ATT	GTG	TTA	GTG	GGG	CGA	CTA	TCT	816
817	ACC	TTT	CTA	CAG	CCA	GTA	GTT	AGT	AGA	CTG	GAG	GTG	TTG	TTT	GAT	CTA	864
865	GTA	GAT	TCA	TTG	GCA	AAA	ATC	TTA	GGT	GAC	ACA	ATA	TAT	GAG	ATT	ATT	912
913	GCA	GTG	TTA	GAG	AGC	TTG	TCT	TAT	GGG	TCA	GTT	CAA	CTA	CAT	GAT	GCA	960
961	AGT	CAC	TCT	CAT	GCA	GGG	TCT	TTT	TTT	TCA	TTT	AAC	ATG	AAT	GAA	CTT	1008
1009	GAT	AAC	ACA	CTA	TCA	AAG	AGG	GTA	GAT	CCG	AAA	CAC	AAG	AAC	ACT	ATA	1056
1057	ATG	AGC	ATT	ATA	AGA	CAA	TGC	TTT	TCT	AAT	CTA	GAT	GTT	GAT	CAA	GCT	1104
1105	GCA	GAG	ATG	CTA	TGC	CTG	ATG	AGA	TTA	TTC	GGA	CAC	CCA	ATG	TTA	ACT	1152
1153	GCA	CCG	GAT	GCA	GCA	GCC	AAA	GTG	AGG	AAA	GCA	ATG	TGT	GCT	CCA	AAA	1200
1201	CTT	GTT	GAA	CAC	GAC	ACC	ATC	TTG	CAG	ACA	TTA	TCT	TTC	TTC	AAG	GGG	1248
1249	ATA	ATT	ATA	AAT	GGG	TAC	AGA	AGA	TCA	CAC	TCT	GGC	CTG	TGG	CCC	AAT	1296
1297	GTA	GAG	CCG	TCT	TCA	ATT	TAT	GAT	GAT	GAT	CTC	AGA	CAG	CTG	TAC	TTA	1344
1345	GAG	TCA	GCA	GAG	ATT	TCC	CAT	CTT	ATG	CTT	AAA	AAC	TAC	AAG	AGT		1392
1393	TTA	AGC	ATG	ATA	GAA	TTC	AAG	AAG	AGC	ATA	GAC	TAC	GAT	CTT	CAT	GAT	1440
1441	GAC	CTA	AGT	ACT	TTC	TTA	AAG	GAT	AGA	GCA	ATT	TGC	CGG	CCG	AAA	TCC	1488
1489	CAG	TGG	GAT	GTC	ATA	TTT	CGT	AAG	TCT	TTA	CGC	AGA	TCT	CAT	ACG	CAG	1536
1537	TCC	CAG	TAT	CTG	GAC	GAA	ATT	AAG	AGC	AAC	CGA	TTG	CTA	ATT	GAT	TTT	1584
1585	CTT	GAT	TCT	GCT	GAA	TTT	GAC	CCT	GGA	AAA	GAA	TTT	GCA	TAT	GTA	ACC	1632
1633	ACA	ATG	GAT	TAT	TTG	CAC	GAT	AAT	GAA	TTT	TGT	GCT	TCA	TAT	TCT	CTA	1680
1681	AAG	GAA	AAG	GAG	ATC	AAA	ACT	ACT	GGG	AGG	ATA	TTT	GCA	AAA	ATG	ACA	1728
1729	CGC	AAT	ATG	AGA	AGT	TGC	CAA	GTA	ATA	CTT	GAA	TCT	TTG	TTA	TCA	AAG	1776
1777	CAT	ATA	TGC	AAG	TTC	TTC	AAA	GAG	AAT	GGC	GTT	TCG	ATG	GAG	CAA	TTG	1824
1825	TCA	TTG	ACC	AAG	AGT	CTA	CTT	GCA	ATG	TCT	CAA	CTC	TCA	CCA	AAA	GTC	1872
1873	TCG	ACT	TTG	CAG	GAC	ACT	GCA	TCA	CGT	CAT	GTA	GGT	AAC	TCA	AAA	TCT	1920
1921	CAG	ATT	GCA	ACC	AGC	AAC	CCA	TCT	CGG	CAT	CAC	TCG	ACA	CCC	AAT	CAG	1968
1969	ATG	TCA	CTC	TCA	AAT	CGA	AAA	ACG	GTT	GTA	GCA	ACT	TTC	TTA	ACA	ACT	2016
2017	GAC	TTG	GAA	AAA	TAC	TGC	CTG	CAG	TGG	CGA	TAT	TCA	ACT	ATT	AAA	TTG	2064
2065	TTT	GCA	CAA	GCT	CTA	AAT	CAA	CTC	TTT	GGG	ATT	GAT	CAC	GGA	TTT	GAA	2112
2113	TGG	ATA	CAT	TTA	AGA	CTT	ATG	AAC	AGC	ACC	TTA	TTT	GTT	GGC	GAT	CCT	2160
2161	TAC	TCG	CCT	CCT	GAA	GAT	CCA	ACA	CTA	GAA	GAT	ATA	GAT	AAA	GCA	CCA	2208
2209	AAT	GAT	GAT	ATC	TTC	ATA	GTT	TCT	CCA	AGG	GGA	GGC	ATA	GAG	GGT	TTA	2256
2257	TGT	CAG	AAA	ATG	TGG	ACC	ATG	ATA	TCA	ATT	AGT	GCT	ATA	CAC	TGT	GTA	2304
2305	GCA	GAG	AAA	ATT	GGT	GCA	CGA	GTG	GCA	GCA	ATG	GTG	CAG	GGT	GAT	AAT	2352
2353	CAA	GTA	ATA	GCT	ATC	ACC	AAA	GAA	TTA	TTC	AGA	GGA	GAG	AAA	GCT	TGT	2400
2401	GAT	GTC	AGA	GAT	GAG	TTA	GAC	GAG	CTT	GGT	CAA	GTG	TTT	TTT	GAT	GAG	2448
2449	TTC	AAG	AGA	CAC	AAT	TAT	GCA	ATT	GGA	CAC	AAT	CTT	AAG	CTA	AAT	GAG	2496
2497	ACA	ATA	CAA	AGC	CAA	TCC	TTT	TTT	GTA	TAT	TCC	AAA	CGA	ATA	TTC	TTT	2544
2545	GAA	GGG	CGA	TTG	CTT	AGT	CAA	GTC	CTC	AAA	AAT	GCT	GCC	AAG	TTA	TGT	2592
2593	ATG	GTT	GCT	GAC	CAT	CTA	GGT	GAA	AAC	ACT	GTA	TCT	TCC	TGT	AGC	AAC	2640

Figura 17 (2/4)

2641	CTG	AGC	TCG	ACA	ATT	GCC	CGC	TTA	GTG	GAA	AAT	GGG	TTT	GAG	AAG	GAC	2688
2689	ACT	GCT	TTT	GTG	TTG	AAC	CTA	GTC	TAC	ATC	ATG	ACT	CAG	ATT	CTT	TTT	2736
2737	GAT	GAG	CAT	TAC	TCG	ATT	GTA	TGC	GAT	CAC	CAT	AGT	GTC	AAA	AGC	TTG	2784
2785	ATT	GGA	TCA	AAA	AAC	CAT	CGG	AAT	TTA	TTG	TAT	TCA	TCT	CTA	ATA	CCA	2832
2833	GGT	CAG	CTC	GGC	GGT	TTC	AAC	TTC	CTC	AAT	ATA	AGT	CGG	TTG	TTC	ACT	2880
2881	AGG	AAT	ATA	GGT	GAC	CCA	GTA	ACA	TGT	AGT	CTG	TCT	GAT	CTC	AAA	TGC	2928
2929	TTC	ATA	GCC	GCA	GGT	CTC	CTT	CCA	CCC	TAT	GTC	CTA	AAA	AAT	GTG	GTT	2976
2977	CTG	CGT	GAG	CCT	GGT	CCT	GGG	ACA	TGG	TTG	ACG	TTG	TGC	TCT	GAT	CCT	3024
3025	TAC	ACC	CTT	AAC	ATA	CCA	TAC	ACA	CAG	CTT	CCA	ACC	ACA	TAT	CTC	AAA	3072
3073	AAG	CAC	ACC	CAG	CGA	TCA	TTG	CTT	TCA	CGT	GCA	GTA	AAT	CCT	TTA	TTA	3120
3121	GCC	GGT	GTA	CAA	GTG	CCA	AAT	CAG	CAT	GAG	GAA	GAA	GAG	ATG	TTG	GCT	3168
3169	CGC	TTT	CTC	CTT	GAT	CGT	GAA	TAT	GTG	ATG	CCC	CGC	GTT	GCT	CAT	GTA	3216
3217	ATA	CTA	GAA	TCA	TCA	GTC	CTT	GGC	AAA	CGG	AAA	CAA	ATC	CAA	GGC	TTA	3264
3265	ATT	GAT	ACA	ACT	CCA	ACC	ATC	ATT	AGA	ACA	TCT	CTA	GTT	AAT	CTG	CCA	3312
3313	GTG	TCT	AGA	AAG	AAA	TGC	GAA	AAA	ATA	ATC	AAT	TAC	TCT	CTC	AAT	TAT	3360
3361	ATT	GCT	GAG	TGT	CAT	GAC	TCC	TTA	CTT	AGC	CAG	GTC	TGC	TTC	AGT	GAT	3408
3409	AAT	AAG	GAA	TAC	TTG	TGG	TCA	ACC	TCC	TTA	ATA	TCA	GTT	GAG	ACC	TGT	3456
3457	AGT	GTG	ACA	ATT	GCG	GAC	TAT	CTG	AGA	GCT	GTC	AGC	TGG	TCT	AAT	ATA	3504
3505	TTA	GGG	GGA	AGA	AAC	ATA	TCC	GGG	GTG	ACT	ACA	CCT	GAT	ACT	ATT	GAA	3552
3553	TTA	ATT	CAA	GGT	TGT	TTA	ATA	GGT	GAA	AAT	TCT	AGT	TGT	ACT	CTT	TGT	3600
3601	GAA	TCG	CAT	GAT	GAC	GCA	TTC	ACG	TGG	ATG	CAC	TTG	CCT	GGC	CCA	CTT	3648
3649	TAC	ATC	CCT	GAA	CCA	TCA	GTT	ACT	AAC	TCT	AAA	ATG	CGT	GTG	CCA	TAT	3696
3697	CTG	GGT	TCA	AAA	ACA	GAG	GAG	CGG	AAA	ACA	GCC	TCA	ATG	GCA	GCA	ATA	3744
3745	AAA	GGA	ATG	TCA	CAT	CAC	CTG	CGT	GCA	GTC	TTA	AGA	GGC	ACA	TCC	GTA	3792
3793	TTT	ATT	TGG	GCA	TTT	GGG	GAT	ACA	GAT	ATC	AAT	TGG	GAT	AAT	GCA	TTG	3840
3841	CAG	ATT	GCC	CAA	TCA	CGG	TGT	AAC	ATC	ACA	TTG	GAT	CAA	ATG	AGA	TTA	3888
3889	CTT	ACA	CCA	ATT	CCT	AGC	AGT	TCA	AAT	ATT	CAA	CAT	AGA	CTC	GAT	GAC	3936
3937	GGA	ATC	AGC	ACG	CAG	AAA	TTT	ACT	CCT	GCA	AGC	CTT	GCT	CGA	ATC	ACA	3984
3985	TCC	TTC	GTT	CAC	ATC	TGT	AAT	GAC	AGC	CAG	AGG	TTA	GAG	AAG	GAT	GGC	4032
4033	TCA	TCT	GTC	GAC	TCA	AAC	TTG	ATT	TAC	CAG	CAA	ATT	ATG	TTA	CTT	GGA	4080
4081	CTC	AGC	ATC	TTT	GAA	ACA	ATG	TAC	TCA	ATG	GAC	CAA	AAG	TGG	GTA	TTC	4128
4129	AAT	AAC	CAT	ACC	TTG	CAT	TTG	CAC	ACT	GGA	CAC	TCC	TGT	TGT	CCA	AGG	4176
4177	GAA	CTA	GAC	ATA	AGT	TTG	GTG	AAC	CCG	CCG	AGA	CAT	CAG	ACC	CCG	GAG	4224
4225	CTG	ACT	AGC	ACA	ACA	ACC	AAC	CCG	TTC	CTA	TAT	GAT	CAG	CTC	CCA	TTA	4272
4273	AAT	CAA	GAA	AAC	TTG	ACA	ACA	CTT	GAG	ATT	AAG	ACA	TTT	AAA	TTC	AAT	4320
4321	GAG	CTC	AAC	ATT	GAT	GGT	TTA	GAT	TTT	GGT	GAA	GGA	ATA	CAA	TTA	TTG	4368
4369	AGT	CGT	TGT	ACT	GCA	AGA	TTA	ATG	GCA	GAA	TGT	ATT	CTA	GAG	GAG	GGA	4416
4417	ATA	GGC	TCG	TCA	GTT	AAA	AAT	GAA	GCA	ATT	GTC	AAT	TTT	GAT	AAT	TCA	4464
4465	GTC	AAT	TGG	ATT	TCA	GAG	TGC	CTA	ATG	TGT	GAT	ATT	CGC	TCA	CTT	TGT	4512
4513	GTT	AAT	TTA	GGT	CAA	GAG	ATA	CTA	TGT	AGC	CTG	GCA	TAC	CAA	ATG	TAT	4560
4561	TAC	TTG	CGA	ATC	AGG	GGT	AGA	CGG	GCC	ATT	CTT	AAT	TAC	TTG	GAC	ACA	4608
4609	ACT	TTG	CAA	AGG	ATC	CCT	GTG	ATA	CAA	TTA	GCC	AAC	ATT	GCA	CTC	ACC	4656
4657	ATT	TCG	CAC	CCT	GAG	ATA	TTT	CGC	AGA	ATT	GTC	AAC	ACC	GGG	ATC	CAT	4704
4705	AAC	CAG	ATT	AAG	GGC	CCA	TAT	GTG	GCA	ACA	ACG	GAT	TTC	ATA	GCT	GCA	4752
4753	AGT	AGA	GAT	ATC	ATA	TTA	TCA	GGT	GCA	AGG	GAG	TAT	CTA	TCT	TAT	TTA	4800
4801	AGC	AGT	GGG	CAG	GAA	GAC	TGT	TAC	ACA	TTC	TTC	AAC	TGT	CAA	GAT	GGG	4848
4849	GAT	CTT	ACT	CCA	AAA	ATG	GAA	CAG	TAT	CTT	GCA	AGG	AGG	GCA	TGC	CTT	4896
4897	TTA	ACA	TTA	TTG	TAT	AAT	ACT	GGG	CAC	CAG	ATC	CCC	GTT	ATC	CGA	TCA	4944
4945	CTG	ACG	CCA	ATA	GAG	AAG	TGC	AAG	GTG	CTC	ACA	GAA	TAC	AAT	CAA	CAA	4992
4993	ATT	GAG	TAC	GCA	GAT	CAA	GAG	TTT	AGC	TCT	GTA	CTA	AAA	GTG	GTC	AAT	5040
5041	GCA	CTA	CTA	CAA	AAT	CCT	AAG	ATA	GAT	GCA	TTA	GTT	TCA	AAT	CTC	TAC	5088
5089	TTC	ACC	ACC	AGA	CGT	GTT	CTA	TCA	AAC	CTC	AGA	TCA	TGT	GAT	AAG	GCT	5136
5137	AGA	TCA	TAT	ATT	GAA	TAT	TTG	TAC	ACT	GAG	GAC	TTC	GGA	GAG	AAA	GAG	5184
5185	GAT	ACA	GTA	CAA	TAT	GAC	ATC	ATG	ACA	ACA	AAC	GAT	ATC	ATA	CTT	ACT	5232
5233	CAT	GGT	CTA	TTC	ACA	CAG	ATC	GAA	ATA	TCT	TAT	CAA	GGG	AAT	AGT	CTC	5280
5281	CAT	AAG	TTC	CTT	ACT	CCG	GAT	AAC	GCG	CCT	GGA	TCT	TTG	ATC	CCA	TTC	5328

Figura 17 (3/4)

5329	TCT	ATT	TCA	CCA	AAT	TCA	CTT	GCA	TGT	GAC	CCT	CTT	CAT	CAC	TTG	CTC	5376
5377	AAG	TCG	GTC	GGT	ACA	TCA	AGC	ACA	AGT	TGG	TAC	AAG	TAT	GCA	ATC	GCC	5424
5425	TAT	GCA	GTG	TCT	GAA	AAG	AGG	TCA	GCT	CGA	TTA	GGA	GGG	AGC	TTG	TAC	5472
5473	ATT	GGT	GAA	GGG	AGC	GGA	AGT	GTG	ATG	ACT	TTA	CTC	GAG	TAT	CTT	GAG	5520
5521	CCA	TCT	GTT	GAC	ATA	TTT	TAC	AAT	TCA	CTC	TTC	TCA	AAT	GGT	ATG	AAC	5568
5569	CCA	CCA	CAA	CGA	AAT	TAT	GGG	CTT	ATG	CCA	CTA	CAA	TTT	GTG	AAT	TCG	5616
5617	GTG	GTT	TAT	AAG	AAC	TTA	ACG	GCT	AAA	TCA	GAA	TGT	AAG	CTA	GGG	TTT	5664
5665	GTC	CAG	CAA	TTT	AAA	CCG	TTG	TGG	AGA	GAC	ATA	GAC	ATT	GAG	ACT	AAT	5712
5713	GTT	ACA	GAT	CCA	TCA	TTT	ATC	AAT	TTT	GCA	TTG	AAT	GAA	ATC	CCA	ATG	5760
5761	CAA	TCA	TTA	AAA	CGA	GTA	AAT	TGT	GAT	GTG	GAA	TTT	GAC	CGT	GGT	ATG	5808
5809	CCG	ATT	GAA	CGG	GTT	ATT	CAG	GGT	TAC	ACC	CAT	ATC	TTA	CTT	GTT	GCC	5856
5857	ACT	TAC	GGA	TTA	CAG	CAA	GAT	TCA	ATA	CTG	TGG	GTG	AAG	GTA	TAT	AGG	5904
5905	ACA	TCT	GAA	AAA	GTA	TTT	CAA	TTC	TTA	CTG	AGT	GCC	ATG	ATC	ATG	ATC	5952
5953	TTT	GGT	TAT	GTA	AAA	ATC	CAC	AGG	AAT	GGT	TAT	ATG	TCG	ACA	AAG	GAT	6000
6001	GAA	GAG	TAC	ATA	TTG	ATG	TCT	GAC	TGC	AAG	GAA	CCT	GTA	AAC	TAT	ACA	6048
6049	GCT	GTC	CCT	AAC	ATT	CTT	ACA	CGT	GTA	AGT	GAT	TTA	GTG	TCG	AAG	AAT	6096
6097	CTG	AGT	CTT	ATC	CAT	CCA	GAA	GAC	CTC	AGA	AAA	GTA	AGG	TGT	GAA	ACA	6144
6145	GAT	TCC	CTG	AAT	TTG	AAG	TGC	AAT	CAT	ATT	TAT	GAG	AAA	ATA	ATT	GCC	6192
6193	AGA	AAA	ATT	CCA	TTA	CAG	GTA	TCA	TCA	ACT	GAC	TCT	TTG	CTC	CTC	CAA	6240
6241	TTA	GGC	GGT	GTT	ATC	AAC	TCG	GTG	GGC	TCA	ACT	GAT	CCT	AGA	GAG	GTT	6288
6289	GCA	ACA	TTA	TCT	TCT	ATT	GAG	TGT	ATG	GAC	TAT	GTT	GTC	TCA	TCA	ATT	6336
6337	GAT	TTG	GCT	ATA	TTG	GAG	GCA	AAT	ATT	GTA	ATC	TCA	GAG	AGT	GCT	GGT	6384
6385	CTT	GAC	CTC	GCT	TTA	ATG	TTA	GGC	CCA	TTC	AAC	TTA	AAT	AAG	CTT	AAG	6432
6433	AAA	ATT	GAC	ACA	ATC	CTT	AAG	TCA	AGC	ACC	TAT	CAG	CTA	ATC	CCG	TAC	6480
6481	TGG	TTG	CGC	TAT	GAG	TAC	TCT	ATT	AAT	CCG	AGA	TCT	TTG	TCA	TTT	CTA	6528
6529	ATC	ACT	AAA	TTA	CAA	CAA	TGC	CGA	ATT	TCA	TGG	TCA	GAT	ATG	ATC	ACG	6576
6577	ATT	TCT	GAA	TTT	CGT	AAG	AAA	TCC	AAG	CGG	CCT	ATA	TTT	ATC	AAA	CGA	6624
6625	GTA	ATA	GGG	AAT	CAA	CAG	CTA	AAA	TCA	TTC	TTT	AAT	GAA	AGC	TCA	AGT	6672
6673	ATT	GTT	TTG	ACT	CGG	GCT	GAA	GTT	AAA	GTC	TGT	ATA	AAG	TTC	CTC	GGT	6720
6721	GCA	ATC	ATC	AAG	TTG	AAA	TAA										6741

Hay dos codones **ATG** (negrita y subrayado) que podrían ser el codón de inicio para la polimerasa (L) de APMV-8

Figura 17 (4/4)

SEQ ID NO:13 Secuencia de proteína (1) de la polimerasa (L) de
APMV-8

1	ME GDLYTN MD IKQVDLIIQPEVHLDSPIIILNKLALLWRLSGLPMPADL	48
49	RQKSVVMH IP PDHILEKSEYRIKHRLGKIKSDITHYCYFNINLANIDP	96
97	ITHPKSLYWLSRLTIASAGTFRHMKDRILCTVGSEFGHKIQDLFSLLS	144
145	HKLVGNGDLFNQSLSGTRLTASPLSPLCNQFVSDIKSAVTPWSEARW	192
193	SWLHIKQTMRYLIKQSRTTNSAHLTEIIKEEWGLVGITPDLVILFDRV	240
241	NNSLTALT F FEMVLMYSDVLESRDNIIVLVGRLSTFLQPVVSRLEVLFDL	288
289	VDSLAKILGD TI YEIIAVLESLSYGSVQLHDASHSHAGSFFSFNMNEL	336
337	DNTLSKRVDPKHKNTIMSIIRQCFSNLDVDQAAEMLCLMRLFGHPMLT	384
385	APDAAAKVRKAMCAPKLVEHDTILQTL S FFKGIIINGYRRSHSGLWPN	432
433	VEPSSIIYDDDLRQLYLESAEISHHFMLKNYKSLSMIEFKKSIDYDLHD	480
481	DLSTFLKDRAICRPKSQWDVIFRKS L RRSHTQSQYLDEIKSNRLIDF	528
529	LDSAEFDPGKEFAYVT TM DYLDHNEFCASYSLKEKEIKTTGRIFAKMT	576
577	RNMRSQVILESLLSKHICKFFKENGVSMEQLSLTKSLLAMSQ L SPKV	624
625	STLQDTASRHVGNSKSQIATSNPSRHSTPNQMSLSNRKTVVATFLTT	672
673	DLEKYCLQWRYSTIKLFAQALNQ L FGIDHGFEWIHLRLMNSTLFVGD	720
721	YSPPEPTLEDIDKAPND D IFIVSPRGGIEGLCQKMWTMISISAIHCV	768
769	AEKIGARVAAMVQGD N QVIAITKELFRGEKACDVRDELDELGOVFFDE	816
817	FKRHNYAIGHNLKLNETIQSQ S FFVYSKRIFFEGRLLSQVLKNAAKLC	864
865	MYADHLGENTVSSCSNLSSTIARLVENGFEKDTAFVLNLVYIMTQILF	912
913	DEHYSIVCDHHSVKSLIGSKNHRNLLYSS L IPGQLGGFNFLNISRLFT	960
961	RNIGDPVTC S LSDLKCFIAAGLLPPYVLKNVVLREP G PGTWLTLCSDP	1008
1009	YTLNIPYTQLPTTYLK K HTQ R SLLSRAVNPLLAGVQVPNQHEEE E MLA	1056
1057	RFLLDREYVMP R VAHVILESSVLGKRKQIQGLIDTTPTI I RTSLVNLP	1104
1105	VS R KKCEKIINYS L NYIAECHDSL S QVCFSDNKEYLWSTSLIS V ETC	1152
1153	SVTIADYLRAVSWSNILGGRNISGVTT P DTIELIQGCLIGENSS C TLC	1200
1201	ESHDDAFTWMHLP G PLYIPEPSVTNSKMRVPYLGSKTEERKTASMAAI	1248
1249	KGM S HHLRAVLRGTSVFIWAFGDTDINWDNALQIAQSRCNITLDQ M RL	1296
1297	LTPI P SSSNIQHRLDDGISTQKFTPASLARIT S FBVHICNDSQRLEKDG	1344
1345	SSVDSNLIYQ Q IMLLGLSIFETMY S MDQKWVFNNHTLHLHTGHSCC P R	1392
1393	ELDISLVNPPRHQ T PELTSTTTNPFLYDQLPLNQENLT L EIKTFKFN	1440
1441	ELNIDGLDFGEGIQLLSRCTAR L MAECILEEGIGSSVKNEAIVNFDNS	1488
1489	VNWISECLMCDIRSLCVNLGQEILCSLAYQMY L RIRRRAILNYLD T	1536
1537	TLQ R IPV I QLANIALTISHPEIFRRIVNTGIHNQIKGPYVAT T DFIAA	1584
1585	SRDIILSGAREYLSYLSSGQEDCYTF F NCQDGD L TPKMEQYLARRAC L	1632
1633	LTLLYNTGHQIPVIRSL T PIEKCKVLTEYNQ Q IEYADQEFSSVLK V VN	1680
1681	ALLQNP K IDALVSNLYFTTRVLSNLRSCDKARSYIEYLYTED F GEKE	1728
1729	DTVQYD I MTTNDIILTHGLFTQIEISYQGN S LHKFLTPDNAPGSL I PF	1776
1777	SISPNSLACDPLHLLK S VGTSSTSWYKYA I AYAVSEKRSARLGGS L Y	1824
1825	IGEGSGSVMTLLEYLEPSVDIFYN S LSFNGMNPPQ R NYGLMPLQFV N S	1872
1873	VVYKNLTAKSECKLGFVQ Q FKPLWRDID I ETNVTDP S FINFALNE I PM	1920
1921	QSLKRVNCDVEFDRGMPIERV I QGYTHILLVATYGLQ Q DSILWVKV Y R	1968
1969	TSEKVFQ L LSAMIMIFGYVKIHRNGYMSTKDEEYILMSDCKEPV N Y T	2016
2017	AVPNILTRVSDLVSKNLSLIHPEDLRKVR C ETDSNLKCNHIY E KII A	2064
2065	RKIPLQVSS T DSLLQLGGVINSVGSTDPREVATLSSIECMDYV V SSI	2112
2113	DLAILEANIVISESAGLDLALMLGPFNLK L KKIDTILKSSTYQ L IPY	2160
2161	WLRYEYSINPRSL S FLITKLQ Q CRISWSDMITISEFRK K SKRP I FIK R	2208
2209	VIGNQQLKSFFNESSIVLTRA E VKVCIKFLGAI I KLK*	2247

Figura 18

SEQ ID NO:14 Secuencia de proteína (2) de la polimerasa (L) de APMV-8

```

1   MDIKQVDLII QPEVHLDSP I IINKLALLWR LSGLPMPADL RQKSVVMHIP
51  DHILEKSEYR IKHRLGKIKS DITHYCQYFN INLANIDPIT HPKSLYWLSR
101 LTIASAGTFR HMKDRILCTV GSEFGHKIQD LFSLLSHKLV GNGDLFNQSL
151 SGTRLTASPL SPLCNQFVSD IKS AVTTPWS EARWSWLHIK QTMRYLIKQS
201 RTTNSAHLTE I IKEEWGLVG ITPDLVILFD RVNNSLTALT FEMVLMYSDV
251 LESRDNIVLV GRLSTFLQPV VSRLEVLFDL VDSLAKILGD TIYEIIAVLE
301 SLSYGSVQLH DASHSHAGSF FSNMNELDN TSKRVDPKH KNTIMSIIRQ
351 CFSNLDVDQA AEMLCLMRLF GHPMLTAPDA AAKVRKAMCA PKLVEHDTIL
401 QTL SFFKGII INGYRRSHSG LWP NVEPSSI YDDDLRQLYL ESAEISHHFM
451 LKNYKSLSMI EFKKSIDYDL HDDLSTFLKD RAICRPKSQW DVIFRKSLRR
501 SHTQSQYLDE I KSNRLIDF LDSAEFDPGK EFAYVTMDY LHDNEFCASY
551 SLKEKEIKTT GRIFAKMTRN MRSCQVILES LLSKHICKFF KENGVSMEQL
601 SLTKSLLAMS QLSPKVSTLQ DTASRHVGNS KSQIATSNPS RHHSTPNQMS
651 LSNRKTVVAT FLTTDLEKYC LQWRYSTIKL FAQALNQLFG IDHGFEWIHL
701 RLMNSTLFBG DPYSPPEDPT LEDIDKAPND DIFIVSPRGG IEGLCQKMWT
751 MISISAIHCV AEKIGARVAA MVQGDNQVIA ITKELFRGEK ACDVRDELDE
801 LGQVFFDEFK RHNYAIGHNL KLN ETIQSQS FFVYSKRIF EGRLLSQVLK
851 NAAKLCMVAD HLGENTVSSC SNLSSTIARL VENGFEKDTA FVLNLVYIMT
901 QILFDEHYSI VCDHHSVKSL IGSKNHRNLL YSSLIPGQLG GFNFLNISRL
951 FTRNIGDPVT CSLSDLKCFI AAGLLPPYVL KNVVLREPGP GTWLTLCSDP
1001 YTLNIPYTQL PTTYLKKHTQ RSLLSRAVNP LLAGVQVPNQ HEEEEMLARF
1051 LLDREYVMPR VAHVILESSV LGKRKQIQGL IDTTPTIIRT SLVNLVPSRK
1101 KCEKIINYSL NYIAECHDSL LSQVCFSDNK EYLWSTSLIS VETCSVTIAD
1151 YLRAVWSNI LGGRNISGVT TPD TIELIQG CLIGENSSCT LCESHDDAFT
1201 WMHLPGLYI PEP SVTNSKM RVPYLGSKTE ERKTASMAAI KGMSHHLRAV
1251 LRGTSVFIWA FGDTDINWDN ALQIAQSRCN ITLDQMRLLT PIPSSSNIQH
1301 RLDDGISTQK FTPASLARIT SFVHICNDSQ RLEKDGSSVD SNLIYQQIML
1351 LGLSIFETMY SMDQKWFVFN HTLHLHTGHS CCPRELDISL VNPPRHQTPE
1401 LTSTTTNPFL YDQLPLNQEN LTTLEIKTEK FNELNIDGLD FGEGIQLLSR
1451 CTARLMAECI LEEGIGSSVK NEAIVNFDNS VNWISECLMC DIRSLCVNLG
1501 QEILCSLAYQ MYYLRIRGRR AILNYLDTTL QRIPVIQLAN IALTISHPEI
1551 FRRIVNTGIH NQIKGPYVAT TDFIAASRDI ILSGAREYLS YLSSGQEDCY
1601 TFFNCQDGL TPKMEQYLAR RACLLTLLYN TGHQIPVIRS LTPIEKCKVL
1651 TEYNQQIEYA DQEFSSVLKV VNALLQNPKI DALVSNLYFT TRRVLSNLSR
1701 CDKARSYIEY LYTEDFGEKE DTVQYDIMTT NDIILTHGLF TQIEISYQGN
1751 SLHKFLTPDN APGSLIPFSI SPNSLACDPL HHLLKSVGTS STSWYKYAIA
1801 YAVSEKRSAR LGGS LYIGEG SGSVMTLLEY LEPSVDIFYN SLFSNGMNPP
1851 QRNYGLMPLQ FVNSVYKNL TAKSECKLGF VQQFKPLWRD IDIETNVTDP
1901 SFINFALNEI PMQSLKRVNC DVEFDRGMPI ERVIQGYTHI LLVATYGLQQ
1951 DSILWVKVYR TSEKVFQFL SAMIMIFGYV KIHNRGYMST KDEEYILMSD
2001 CKEPVNYTAV PNILTRVSDL VSKNLSLIHP EDLRKVCET DSLNLKCNHI
2051 YEKIIARKIP LQVSSTD SLL LQLGGVINSV GSTDPREVAT LSSIECMDYV
2101 VSSIDLAIL E ANIVISESAG LDLALMLGPF NLNKLKKIDT ILKSSTYQLI
2151 PYWLRYEYSI NPRSLSFLIT KIQQCRISWS DMITISEFRK KSKRPIFIKR
2201 VIGNQQLKSF FNESSSIVLT RAEVKVCIKF LGAI IKLK

```

Figura 19A (1/2)

Sistema de genética inversa de APMV-8

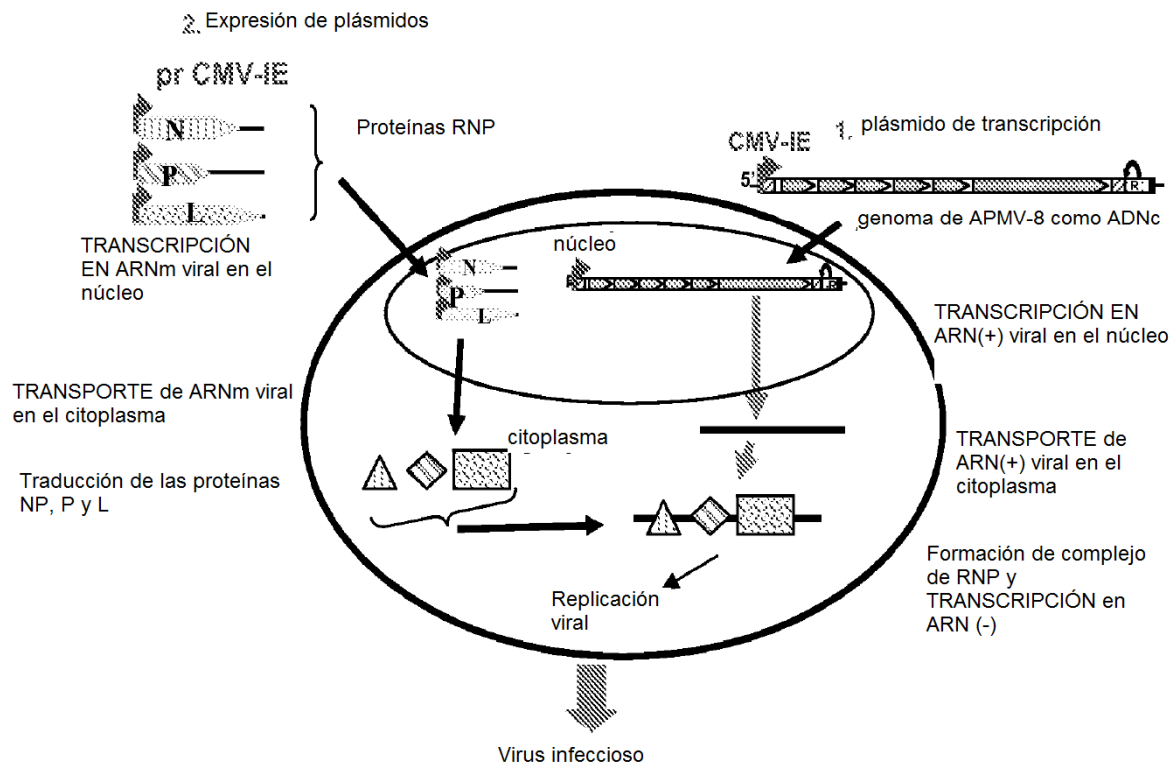


Figura 19B (2/2)

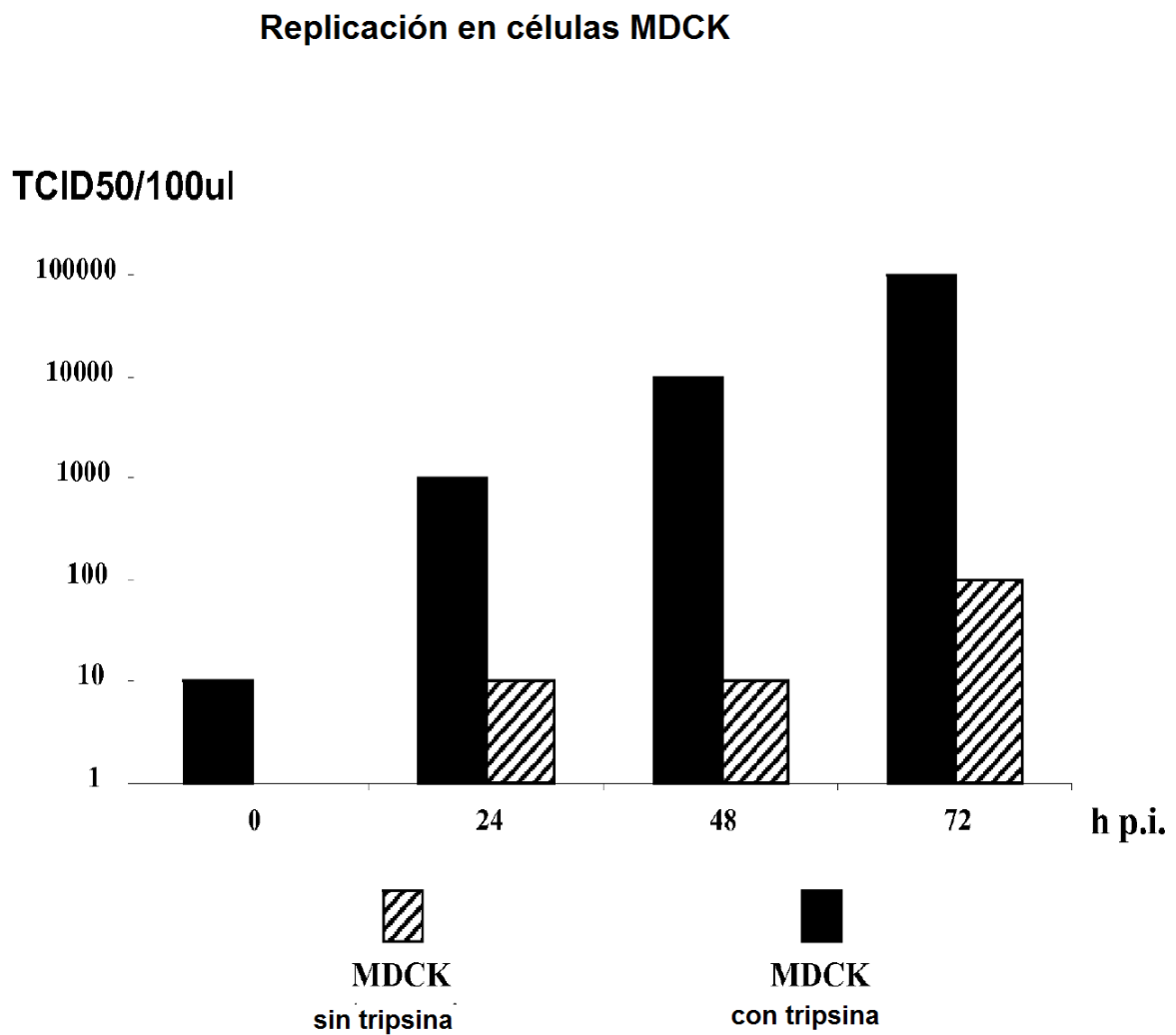


Figura 20

Pollo joven comercial 2 semanas después de la vacuna de APMV-8

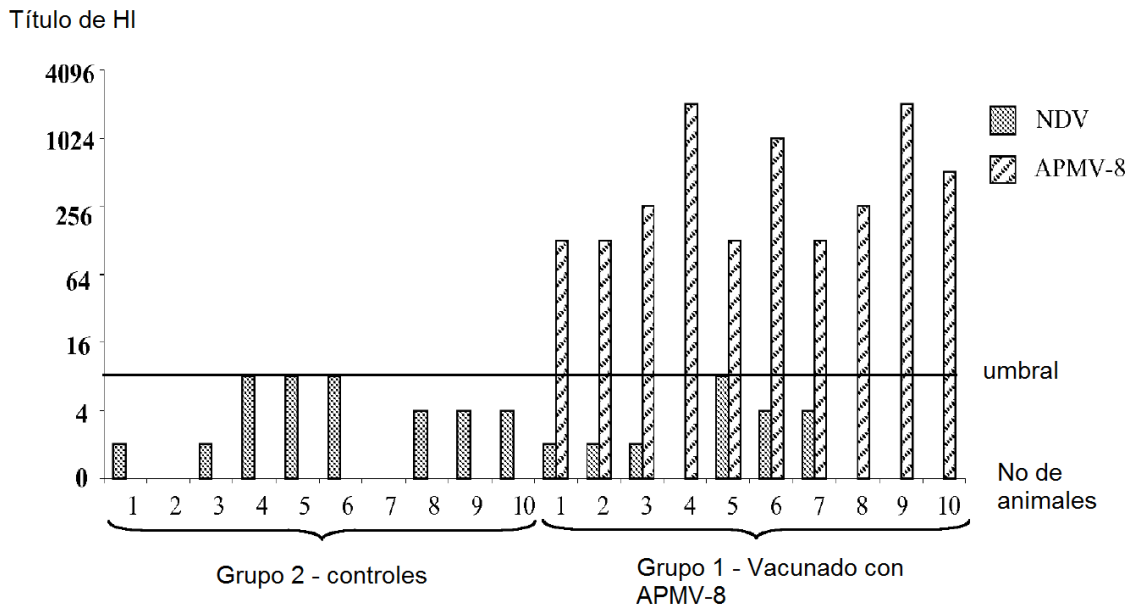


Figura 21

Pollo joven comercial 4 semanas después de la vacunación de APMV-8

Título de HI

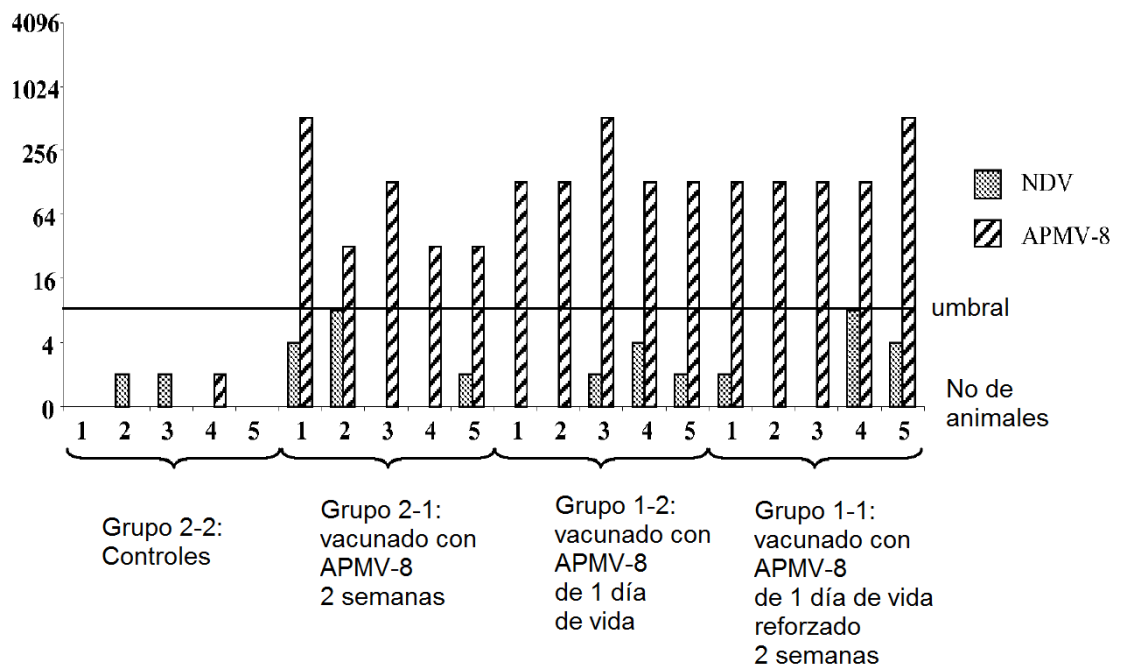


Figura 22

Estudio 1, vacunado in ovo en el día 18

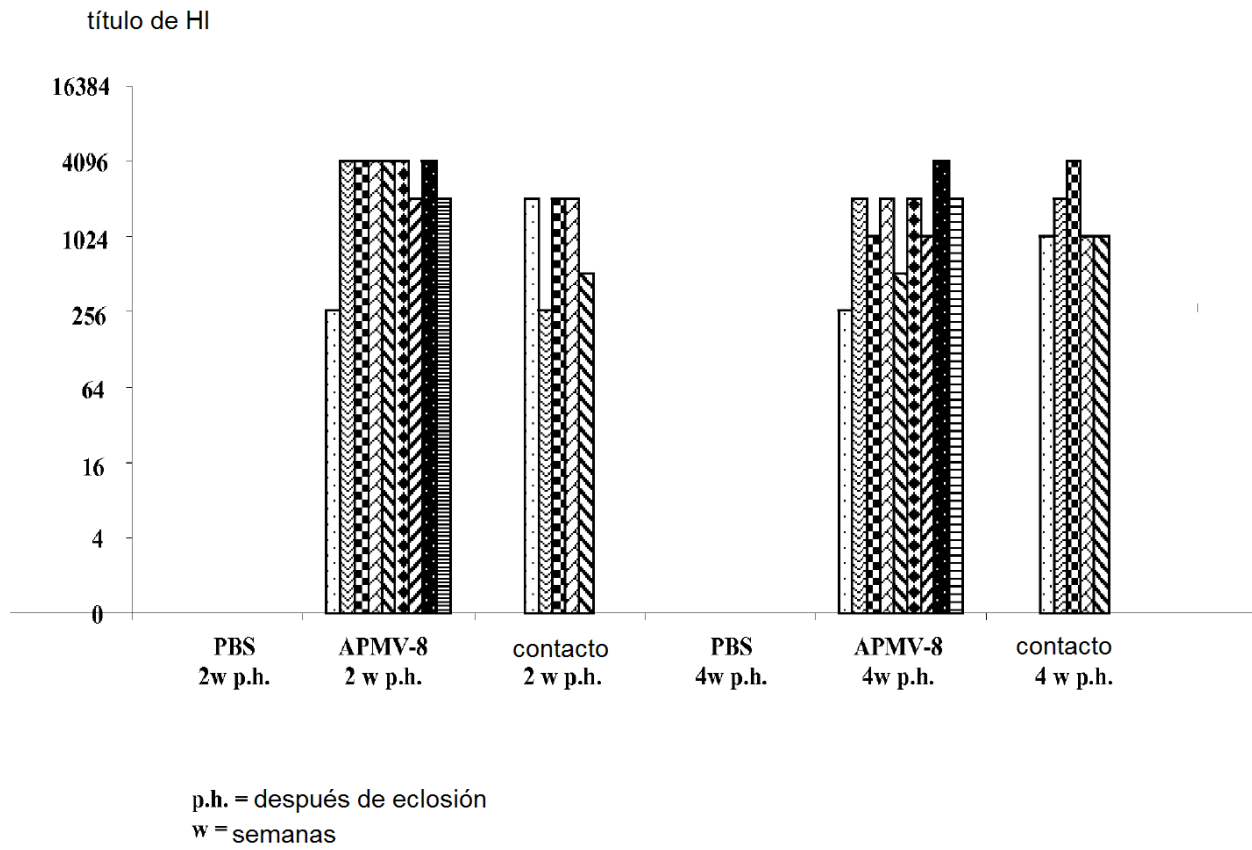
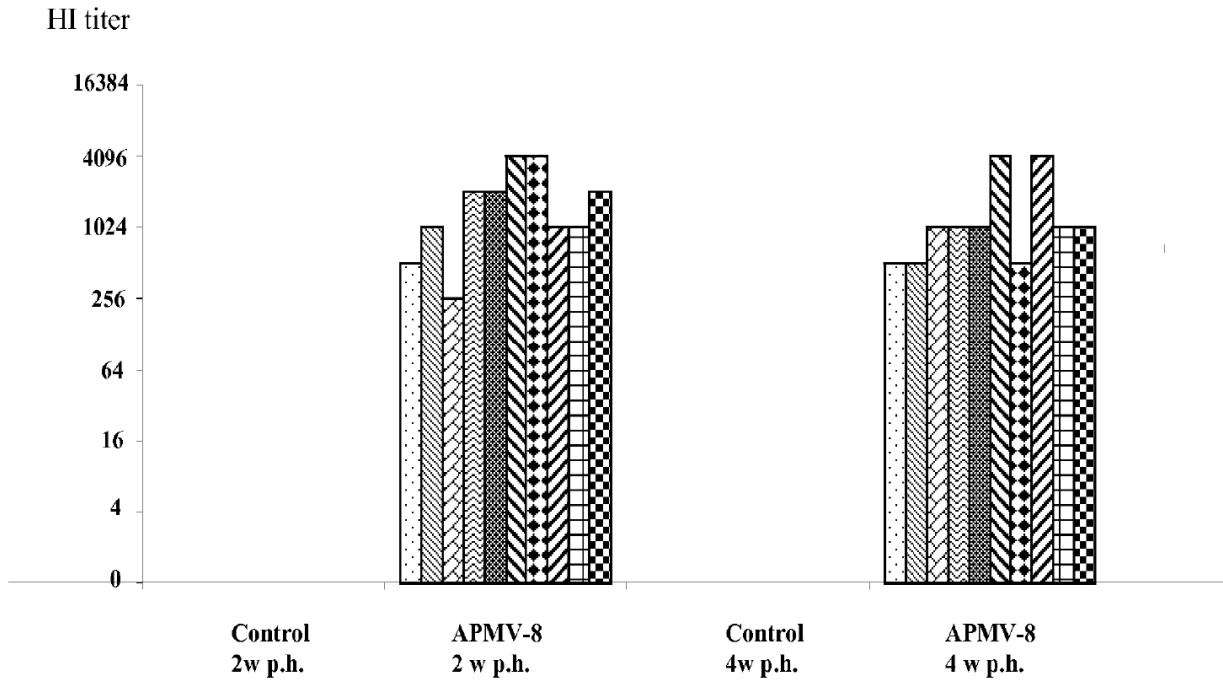


Figura 23

Estudio 2: vacunado in ovo en el día 19



p.h. = después de la eclosión
w = semanas

Figura 24

Estudio 3: vacunado in ovo en el día 18

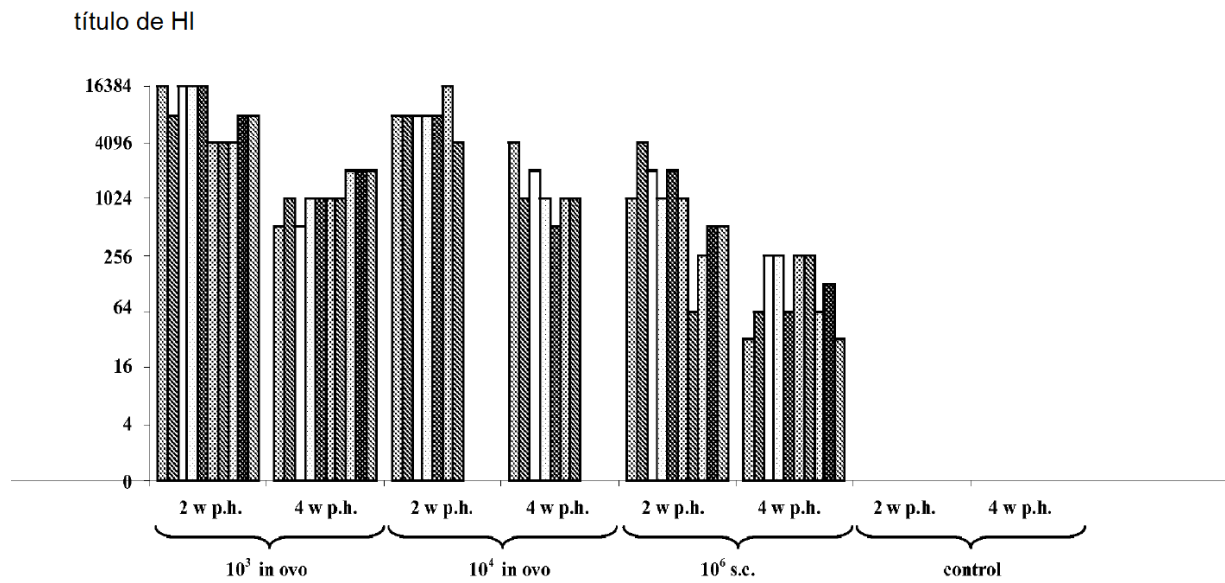


Figura 25 (1/5)

5'-parte, genoma de longitud completa (5'-FLG) SEQ ID NO:47:

ggGCGGCCGCGTTGACATTGATTATTGACTAGTTATTAATAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTCATAGCCCATATA
 TGGAGTTCGCGGTACATAACTTACGGTAAATGGCCCGCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCGCCATTGACGTCAAT
 AATGACGTATGTTCCCATAGTAACGCCAATAGGGACTTTCATTGACGTCAATGGGTGGAGTATTACGGTAAACTGCC
 CACTTGGCAGTACATCAAGTGTATCATATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCTGGC
 ATTATGCCAGTACATGACCTTATGGGACTTTCCTACTTGGCAGTACATCTACGTATTAGTCATCGCTATTACCATGGT
 GATGCGGTTTTGGCAGTACATCAATGGGCGTGGATAGCGGTTGACTCACGGGGATTTCAGTCTCCACCCATTGAC
 GTCAATGGGAGTTGTTTTGGCACAAAATCAACGGGACTTTCAAAATGTCGTAACAACCCGCCCCATTGACGCAA
 TGGGCGGTAGGCGTGTACGGTGGGAGGTCTATATAAGCAGAGCTCCCGGGtggttaagcgtctgatgagtcgcgtgaggac
 gaaactataggaaaggaattcctatagtcACCAACAAGGAATGCAAGACCAACGGGAACTTAAATAAAACAATCGAA
 TTATTGGGGCGAAGCAAGTGGATCTCGAGCTCGAGGCCGAAACCTGAATTTCACTGGAGGTTTTGAATAGGTCGCTA
 TAGGACTCAATATGTCTATCTGTGTTCAATGAGTATCAGGCGCTTCAAGAACAACCTGTGAAGCCGGCTGTGAGGAGACC
 TGATGTTGCCCTCAACGGGTTTACTCAGAGCGGAAATACCTGTCTGTGTTACATTATCTCAGACCCCGGTGAGAGATGG
 AGCCTTGCTTGCTTGAATATTAGATGGCTTGCAGTGTATTCATCAACCACACCAATGAAGCAAGGAGCAATATTGTCAC
 TGCTGAGTCTACATTGAGACAAATATGCGAGCTCACGCAACATTAGCAGCAAGGTCTGCAGATGCTTCACTCACCATACT
 TGAGGTAGATGAAGTAGATATTAGCAACTCACTAATCAAAATCAACGCCAGAAGTGGTGATCTGACAAACGCTCAAT
 CAATTGCTTGCAATTGCGGATGACATCCCCAAAAGTTGCAGTAATGGGCATCCATTTCTTGACACAGACATTGAGACCA
 GAGACCCGCTCGATCTATCAGAGACTATAGATCGCCTGCAGGCTATTGCAGCTCAGATATGGGTGTGAGCCATAAAGAG
 CATGACAGCGCTGACACCGCATCAGAGTCAGAAAGTAAGAGGCTGGCCAAATATCAACACAAGGCCGACTGGTTAAG
 CAAGTACTCTTGCAATTCTGTAGTCAGGACAGAATTTATGAGAGTTATTGCGGGCAGCTTGGTACTGCGCCAGTTTATGG
 TTAGCGAGTGCAAGAGGGCTTCAGCCATGGGCGGAGACACATCTAGGTACTATGCTATGGTGGGTGACATCAGTCTTTA
 CATCAAGAATGCAGGATTGACTGCATTTTCTCACCCTGAAGTTTCGGAGTTGGTACCCAGTATCCAACCTTAGCAATG
 AGTGTCTTCTCAGTGACCTTAAAGGCTTGCTGCACTCATCAGGCTATACAAAACCAAGGAGACAATGCACCATACA
 TGGCATTCTCGGAGGACTCCGATATGGGAAATTTGCTCCAGCAAATATAGCACAATGTACTCTTATGCCATGGGCAT
 TGGGACAATCTGGAAGCATCTGTATCTCGATACCAGTATGCCAGAGACTTACCAGTGAGAATTATTTCCGTCTTGGA
 GTTGAGACAGCCCAAAGCCAGCAGGGAGCATTTGACGAGAGAACAGCCCGAGAAATGGGCTTGACTGAGGAATCAAAAC
 AGCAGGTTAGATCACTGCTAATGTCTAGTAGACATGGGTCCAGTTCAATTCATGAGCCATCTCGCCCTGCATTTATCAG
 TCAAGAAGAAAATAGGCAGCTGCCAGAACTTGTGAGATACTCAGGCTCAGACCAAGCCAGTCCCGAAGCAGCCCGCA
 CCAAGGGCCGACTCAGATGACATTGATCCATACGAGAACGGGCTAGAATGGTAATCAACCACCCGACACATCCACCT
 ATACACCAATTCGCTGACATATTAACCAATCAAACTTTCATAAACTATAGTAGTCATTGATTTAAGAAAAAATTGGG
 GCGACCTCAATTGTGAACATACAGATCCGTCCACAACACCACTCAACAACCCACACACAATGGATTTCGCCAATGA
 TGAAGAAATTCGAGAATTTTGAATCTCAGCACCAATGTAATCAAGGAGATTGAGAAATCCGAATCAAGCCTCCCCAA
 ACCACCGGACGACCACTGTCTAGTCAAGGGAACACAAGAAATCTAATGATCTATGGGAAAAGGAGACTGCAAGTCAGA
 CCAAGACACCGGCCAATCTACACAAACACACAAGTTGAGTCTGATGAAAATGAGGAGGGAGAAATCAAGTCCGAGTC
 AACTGATGGCCACATCAGAGGAATGTTAATCAATCAGAGCAAGTCCCAGAACAAAACAGAGCAGATCTTACCAGGT
 GATGATCTCGACAGAGCTCTCAACAAGCTTGAAGGGAGAATCAATTTAATCAGCTCAATGGACAAAGAAATTAAGAGG
 GCCCTCGCATCCAGAATCTCCCTGGGTCCAGGCGGCAACTCAACAGGCGACCCACCCATTGGCAGGGGACACCCGAA
 CATGCAAGCACAGACAAAAGCCCTGGCGAAGCCACATCAAGAGGCAATCAATCCTGGCAACCAGGACACAGGAGAGAT
 ATTCAATTTACCACCTTCCATGGCACCACCAGAGTCATTAGTTGGTGCAATCCGCAATGCACCCCAATTCGTGCCAGACC
 AATCTATGACGAATGTAGATGCGGGGAGTGTCCAATACATGCATCATGTGCAGAGATGATAAGTAGAATGTTGTAGA
 AGTTATATCCAAGCTTGATAAACTCGAGTCGAGACTGAATGATATAGCAAAAGTTGTGAACACTACCCCTTATTAGG
 AATGATATTAACCAACTTAAGGCCACAACCGCACTGATGTCTAACCATAATGCCTCCATACAAATCTTGACCCAGGGA
 ATGCAGGGGTGAGGTCCCTCTGAAATGAAATCTGTGACGAAGAAAGCTGCTGTTGTAATTGCAGGGTTTGGAGACGA
 CCAACTCAAATTATTGAAGAGGCATTATGGCCAAAGATGCTCTTGGAACCTGTGCTCCAACATCTGTTATCTCA
 GCCAAAGCTCAGACTTCTCCGGTGTGAGTAAGGGTGAATAGAAGGATTGATTGCATTGGTGGAACATTAGTTGACA
 ATGACAAGAAGGCAGCAAACTGATTAAATGATTGATCAAGTTAAATCCCATGCCGATTACGCCCGAGTCAAGCAGGC
 AATATATAATGCGTAATACTGTAACACAAACAATCAATACTGCTGTGCGTTGCACCCACCTCAGCAATCAATAAT
 CTTTTAGAATTTATTGATTAAAGAAAAATGACTACTATAAGAAAAGAACCAAGTTGGGGGCGAAGACACGATTGAC
 CACAGTCGTATCTGTAAGGCTCCTCACCAAAATGGCATATACAACATTGAACTGTGGGTGGATGAGGGTGACATGT
 CGTCTTCGTCTCTATCATTCCCGTTGGTACTAAAAGAGACAGACAGAGGCACAAAGGAGCTTCAACCACAGGTAAGGGT
 AGATTCAATTGGCGATGTGCAGAACGCCAAAGAGTCTCGATATTGCTGACTCTATATGGTTTCATCCAAGCAATTAAG
 GAGAGTTCAGATCGATCGAAATTTCTCCATCCAAAAGATGACTTCAAACCTGAGACAGTCACTGCAGGACTGGTAGTGG
 TAGGTGCGATCCGAATGATGGCTGATGTTAATACCATCTAATGACGCACTAGCGCTGGAGATCACTGTTAAGAAATC
 TGCAACTTCTCAAGAAAAATGACGGTGATGTTCCACAATAGCCCCCTTCAATTGAGAACTGCAATAACTATCCGAGCA
 GGAGGTTTTCATCTCGAATGCAGACGAGAATATAAAATGTGCCAGAAATGACTGCAGGAGTGCAGTACATATCCGCC
 CAATGTTTTGTTTCAATCACTAAATTACACAATGGCAAACATATAGGGTGGCCAAAAGCATCCACAGCATCTCATCCAC
 TCTACTGTATAGTGTGATGTTGGAGGTAGGATTCAAAGTGGATATTGGGAAGGATCATCCCAGGCAAAGATGCTGAAG

Figura 25 (2/5)

AAGGTCACAATCGGCGATGCAGACACATACTGGGGGTTTGCATGGTTCCACCTGTGCAATTTCAAAAAGACATCCTCTA
AGGGAAAGCCAAGAACGCTAGACGAACATAAGACAAAAGTCAAAAATATGGGGTTGAAATTGGAGTTACATGACCTGTG
GGGTCCGACTATTGTGGTCCAAATCACTGGCAAGAGCAGCAAAATATGCTCAAGGATTTTTTCTCCAATGGTACTTGT
TGTCTCCCAATCAGCAGATCTGCACCAGAGCTTGGGAAGCTTCTGTGGTCTTGTTCAGCAACTATAGGTGACGCAACAG
TTGTTATCCAATCAAGCGAGAAAGGGGAACCTCTAAGGTCTGATGACCTCGAGATACGAGGTGCTGTGGCCTCCAAGAA
AGGTAGACTGGGCTCATTTCACCCCTTCAAAAATGATGCAGGACATAGTACAGAGAATTAGAGAGCCATTAGATGTGC
GCAAAAACATAATCTGCGATGAAGTCCCGAGACTCCACTTTAATCTAGGTTGCAGGGAAATAGTACACGACATGCGAA
ATACTATCACGGTCACCAGCAATCAATAAAGCTGATCAATCACTATATTAGGAATCAAAATAGGATAACAATTATTAATC
CAATTTCTAATTATAAAAAATTGCTTTAAAGGTTATTGACGAGTCGGGGGCGAAATCTTGCCACTTAGTCTGCAGTCA
ATCTTAGAATCTACATATTGAAGTATGGGTCAAATATCAGTATATCTAATTAATAGCGTGCTATTATTGCTGGTATATC
CTGTGAATTCGATTGACAATACACTCATTGCCCAATCGGAGTTGCCAGCGCAAATGAATGGCAGCTTGCTGCATATAC
AACATCACTTTTCAGGGACAATTGCCGTGCGATTCTACCTGTGCTCCCGGATAATATGACTACCTGTCTTAAAGAAACA
ATCACTACATAACAATAACTGTCAACAACATCTTAGGCCCACTCAAATCCAATCTGGATGCACTGCTCTCATCTGAGA
CTTATCCCCAGACAAGATTAAATGGGGCAGTTATAGGTTCAATTGCTCTCGGTGTTGCAACATCGGCTCAAATCACTGC
TGCAGTTGCTCTCAAGCAAGCGCAAGACAATGCAAGGAACATACTAGCACTCAAAGAAGCACTGTCCAAAACCAATGAG
GCGGTCAAGGAGCTTAGTAGTGGGTACAACAAACAGCTATTGCACCTGGTAAGATACAGAGTTTGTGAATGAGGAAA
TTCTGCCATCTATCAACCAACTGAGCTGCGAGGTGACAGCCAATAAACTTGGGGTGTATTTATCTCTGTATCTCACAGA
ACTGACCACCATATTTCGGTGCACAGCTGACCAACCCCTGCATTGACTTCATTATCATATCAAGCACTGTACAACCTGTGT
GGTGGCAACATGGCAATGCTTACTCAGAAGATTGGAATTAACAGCAAGACGTTAATTCGCTATATGAAGCCGGACTAA
TCACAGGACAAGTCATTGGTTATGACTCTCATTACCAGCTGCTGGTCATCCAGGTCAATTATCCAAGCATTCTGAGGT
CACTGGTGTACGTGCGACAGAATTAGTCACTGTTAGTGTAAACAACAGACAAGGGTGAAGGGAAGCAATTGTACCCCAA
TTTGTAGCTGAAAGTCGGGTGACTATTGAAGAGCTTGATGTGCGATCTTGTAATTCAGCAGCACGACCTATATTGCA
GGCAGGTCAACACAAGGGCACTTCCCCGCTAGTAGCTAGCTGTCTTCGAGGTAACCTATGATGCCCGG

Sitios de escisión por enzimas de restricción: mayúscula, negrita y subrayado
Promotor temprano inmediato de citomegalovirus humano: mayúscula, negrita, cursiva
Secuencia de ribozima hammerhead: minúscula
Marco de lectura abierto para las proteínas virales: mayúscula, negrita
Secuencias no codificantes: mayúscula

Not I: **GCGGCCGC**
 Bmt I: **GCTAGC**
 Sac II: **CCGCGG**

3'-parte, genoma de longitud completa (3'-FLG) SEQ ID NO:48:

GCGGCCGCAGGTCAACACAAGGGCACTTCCCCGCTAGTAGCTAGCTGTCTTCGAGGTAACCTATGATGATTGTCAATA
TACCACAGAGATTGGAGCATTATCATCCCGGTATATAACACTAGATGGGGGGTCTTAGTTAATTGCAAGTCAATTGTT
TGTAGGTGCCTTAATCCAAGTAAGATCATCTCTCAAAATACAAACGCTGCAGTAACATATGTTGATGCCACAATCTGCA
AAACAATTCATTGGATGATATACAACCTCCAGCTGGAAGGGTCATATCATCAGTTTATGCAAGAAACATCTCAATTGA
GATCAGTCAGGTGACCACATCCGGTCTTTAGATATCAGCAGTGAGATAGGAAACATCAATAACGGTGAATCGTGTG
GAGGATTTAATTCACCAATCAGAGGAATGGCTGGCAAAGGTTAACCACACATTGTTAATAATACAACTAATTGTAC
TCTGTGTGTTAAGTGCGCTTGTGTGCTGGCTGGCAGTATTAAACGGCTATTATAATATACCTTGAGAACAAGTTGAA
GACTATATCGGCATTAGCTGTAACCAATACAATACAGTCTAACCCTATGTTAACCACAAACGAAACATGAATCTAAGTTT
TGATCATTCAAGCCAAAACAGAGGATCTAGGCTCAGGTTAATAATAGTTCAATCAATATTTGATTTATTAGGTTTTTTT
CACTAATTATTAATATACTCGTGATTAGATGATAACGTTAAAAGTCTTAGATATTTAATAAAAAATGTAACCTGGGGGC
GACCATTTTATAGGTGAGTATATATTAGGAAGTCCTTATATTGCACTGTGATTTCAACAATTATATTACCTCATATCT
ACCTGTCTAAAGACATCATGAGTAACATTGCATCCAGTTTAGAAAACATTGTAGAGCAGGATAGTCGAAAAACCACTT
GGAGGGCCATCTTTAGATGTTCCGTTCTTTCTTATTACAACAGGATGCTTAGCCTTATCCATTGTTAGCATAGTTCAAAT
TGGAATTTGAAAATTCCTCTGTAGGGGATCTGGCTGATGAAGTGGTGACACCCTTGAAAACCACTCTGTGAGATACA
CTCAGGAATCCAATTAACAGATAAATGATATATTTAGGATTGTTGCCCTTGATATTCCATTGCAAGTGACCAGTATCC
AAAAAGACCTTGCAAGTCAATTTAACATGTTGATAGATAGTTAAATGCTATCAAATAGGCAACGGGACCAACCTTAT
CATACCTACATCAGACAAGGAGTATGCAGGAGGAATTGAAACCCCTGATTTACTGTGCGATGCTGAGGTTCTATAGGA
TTCAAAACAGTTTAGCTTAATAGAACATCCGAGCTTTATTGCTGGACCTACAACGACCCGAGGCTGTACAAGAATACCCA
CTTTTCACATGTCAGAAAGTCATTGGTGTACTCACACAACATCATCGCTGCTGGCTGTCAAGATGCCAGTGATCCAG
TATGTATATCTCAATGGGAGTTCTCCATGTGTCCTCATCTGGCACTCCCATTTTTCTTACTACTGCAAGTGAGCTGATA
GACGATGGAGTTAACGTAAGTCATGCAGCATTGTAGCAACCAATTTGGCTGTGACATTTTGTGCAGTATTGTACAG

Figura 25 (3/5)

AGAAGGAGGGAGATGATTACTGGTCTGATACTCCGACTCCAATGCGCCACGGCCGTTTTTCATTCAATGGTAGTTTTGT
 AGAAGCCGAACACTACCAGTGTCCAGTATGTTCTCATCATTTCTCTGCCAACTACCCTGCTGTGGGATCAGGCGAAATTGTA
 AAAGATAGAATATTATTTCCCAATTTACGGAGGTATAAAGCAGACTTCACCAGAGTTTACCGAATTAGTGAAATACGGAC
 TCTTTGTATCAACACCTACAACCTGTGTGCCAGAGTAGCTGGACTTATGACCAGGTAAAAGCTGCGTATAGGCCAGATTA
 CATATCAGGCCGGTTCTGGGCACAAGTGATACTCAGCTGCGCTCTTGATGCAGTCGACTTATCAAGTTGTATTGTAAAG
 ATTTAGATAGCAGCACAGTGATGATGGCAGCGGAAGGAAGGATAATGAAGATAGGGATTGATTACTTTTACTATCAGC
 GGTCACTCTTCTTGGTGGCCATTGGCATTTGTACAAAACTAGACCCGCAAGAGTTGGCAGACACAACTCAATATGGCT
 GACCAATTTCCATACCAATCCCGCAATCAAAGTTCCCTCGGCCTTCATATTCAGAAAAATTATTGCACAAAGCCAGCAGTT
 TGCCCTGCTACTTGTGTCACTGGTGTGTACTCTGATATTTGGCCCTGACCTCATCTTCATCACTCCCGAGCATAATTT
 GGATCGGCCAGTACCTTTGATGCTCCTGTTGGAAGGACTTATCCTGATTTTGAATTTGCAAAATCAGTCACACTGGTACCT
 CCAAGAAGATATTTTACCCACTTCCACCGCAAGTGCCTATTCAACCACTACATGTTTTAAGAATACTGCCAGGAATAGA
 GTGTTCTGCGTCACCATTGCCGAATTTGCAGATGGTTGTTTGGAGAGTACAGGATAACACCTCAGTTGTACGAATTAG
 TGAGAAATAATTGAATAACAATAATTTTGGGACTCATTTTGTGCGAAAGTGAAATTTGTCATCTTTAAAAATAATCAATT
 CGATGATTTTTATTGAACATGATTAAGCAATCATGTGGGAAATTTATTATCTCATAAATTTCTAATAGTTGTAAATGATG
 AATTAAGAAAAAATGGAGGGCGACCTCTACACAAACATGGATATAAAACAAGTTGACCTGATAATACAACCCGAGGTTT
 ATCTCGATTACCCATCATATTGAATAAACTGGCACTATTATGGCGCTTGAGTGGTTTACCCATGCCGTCAGACCTACG
 ACAAATCCGTTAGTGATGCACATCCCGGACCACATCTTAGAAAAATCAGAATATCGGATCAAGCACCGTCTAGGGAAA
 ATCAAGAGTGACATAACACATTACTGTCAGTATTTTAAATTAATTTGGCAAATATTGATCCGATAACCCACCCAAAA
 GTTTGTATTGGTTATCCAGACTAACAAATAGCTAGTGTGGAACCTTTTAGGCATATGAAAGATAGAATCTTGTGTACAGT
 TGGCTCTGAATTTGGACACAAATTCAGATTTATTTTCACTGCTGAGCCATAAACTAGTAGGTAACGGGGATTTATTT
 AATCAAAGTCTCTCAGGTACACGTTTGAAGTCAAGTCCGTTATCCCTTTATGCAATCAATTTGTCTCTGACATCAAGT
 CTGCAGTCACGACACCCCTGGTCAGAAGCTCGTTGGTCTTGGCTTCATATCAAACAAACATGAGATATCTGATAAAACA
 ATCAGCAGTACAAAATTCGGCTCATTTAACAGAAATCATAAAAGAAGAAATGGGGTTTGTAGGTATTACTCCAGATCTT
 GTCATTTCTTTTGGACAGAGTCAATAATAGTCTGACTGCATTAAACATTTGAGATGGTTCTAATGTATTACAGATGTATTAG
 AATCCCGTGACAATATTGTGTTAGTGGGGCGACTATCTACCTTTCTACAGCCAGTAGTTAGTAGACTGGAGGTGTTGTT
 TGATCTAGTAGATTCAATGGCAAAATCTTAGGTGACACAATATATGAGATTATTGCAGTGTTAGAGAGCTTGTCTTAT
 GGGTCAGTTCAACTACATGATGCAAGTCACTCTCATGCAAGGTCTTTTTTTTCAATTTAACATGAATGAACCTTGATAACA
 CACTATCAAAGAGGGTAGATCCGAAACACAAGAACACTATAATGAGCATTATAAGACAATGCTTTTCTAATCTAGATGT
 TGATCAAGCTGCAGAGATGCTATGCCTGATGAGATTATTGCGACACCCAATGTTAACTGCACCCGATGCAGCAGCCAAA
 GTGAGGAAAGCAATGTGTGCTCCAAACTTGTGTAACACGACACCATCTGACAGATTATCTTTCTTCAAGGGGATAA
 TTATAAATGGGTACAGAAGATCACACTCTGGCCTGTGCCCAATGTAGAGCCGCTTTCAATTTATGATGATGATCTCAG
 ACAGCTGTACTTAGAGTCAGCAGAGATTTCCCATCATTTTATGCTTAAAACTACAAGAGTTTAAAGCATGATAGAATTC
 AAGAAGAGCATAGACTACGATCTTCATGATGACCTAAGTACTTTCTTAAAGGATAGAGCAATTTGCCGGCCGAAATCCC
 AGTGGGATGTCAATTTTCGTAAGTCTTTACGCAGATCTCATACGCAGTCCAGTATCTGGACGAAATTAAGAGCAACCG
 ATTGCTAATTGATTTTCTTGATTCTGCTGAATTTGACCCTGGAAAAGAATTTGCATATGTAACCACAATGGATTATTTG
 CACGATAATGAATTTTGTGCTCATATTCTCTAAAGGAAAAGGAGATCAAACTACTGGGAGGATATTGTCAAAATGA
 CACGCAATATGAGAAGTTGCCAAGTAATACTTGAATCTTTGTTATCAAGCATATATGCAAGTTCTTCAAAGAGAATGG
 CGTTTCGATGGAGCAATTGTCAATTGACCAAGAGTCTACTTGCAATGTCTCAACTCTCAACAAAGTCTCGACTTTGCAG
 GACACTGCATCAGTCATGTAGGTAACTCAAAATCTCAGATTGCAACCAGCAACCCATCTCGGCATCACTCGACACCCA
 ATCAGATGTCACTCTCAAAATCGAAAAACGGTTGTAGCAACTTTCTTAACAACTGACTTGGAAAAATACTGCCTGCAGTG
 GCGATATTCAACTATTAAATTTGTTGCACAAGCTCTAAATCAACTCTTTGGGATTGATCAGGATTTGAATGGATACAT
 TTAAGACTTATGAACAGCACCTTATTTGTTGGCGATCCTTACTCGCCTCCTGAAGATCCAACACTAGAAGATATAGATA
 AAGCACCAATGATGATATCTTCATAGTTTCTCCAAGGGGAGGCATAGAGGGTTTATGTCAGAAAATGTGGACCATGAT
 ATCAATTAGTGCTATACACTGTGTAGCAGAGAAAAATGGTGACGAGTGGCAGCAATGGTGAGGGTGATAATCAAGTA
 ATAGCTATACCAAAGAATTATTTCAGAGGAGAGAAAGCTTGTGATGTGAGAGATGAGTTAGACGAGCTTGGTCAAGTGT
 TTTTGTGATGAGTTCAAGAGACACAATTATGCAATTTGGACACAATCTTAAAGCTAAATGAGACAATACAAGCCAATCCTT
 TTTTGTATATTCCAAACGAATATTTTGAAGGGCGATTGCTTAGTCAAGTCTCAAAAATGCTGCCAAGTTATGTATG
 GTTGCTGACCATCTAGGTGAAAACACTGTATCTTCTGTAGCAACCTGAGCTCGACAATTTGCCCGCTTAGTGAAAAATG
 GGTGTGAGAAGGACACTGCTTTTGTGTTGAACCTAGTCTACATCATGACTCAGATTCTTTTGTAGGACATTACTCGAT
 TGTATGCGATCACCATAGTGTCAAAAGCTTGATTGGATCAAAAAACCATCGGAATTTATTGTATTCTCTAATAACCA
 GGTCACTCGCGGTTTCAACTTCTCAATATAAGTCGGTTGTTTCACTAGGAATATAGGTGACCCAGTAAACATGTAGTC
 TGTCTGATCTCAAAATGCTTCATAGCCGAGGTCTCCTTCCACCCTATGTCTTAAAAATGTGGTTCTGCGTGAGCCTGG
 TCCTGGGACATGGTTGACGTTGTGCTCTGATCCTTACACCTTAAACATACCATAACACAGCTTCCAACCACATATCTC
 AAAAGCACACCCAGCGATCATTGCTTTCAGTGCAGTAAATCCTTTATTAGCCGGTGTACAAGTGCCAAATCAGCATG
 AGGAAGAAGAGATGTTGGCTCGCTTTCTCCTTGATCGTGAATATGTGATGCCCCGCGTTGCTCATGTAATACTAGAATC
 ATCAGTCTTGGCAAACGGAACAAATCCAAGGCTTAATTGATACAACTCCAACCATCATTAGAACATCTCTAGTTAAT
 CTGCCAGTGTCTAGAAAGAAATGCGAAAAAATAATCAATTACTCTCTCAATTATATTGCTGAGTGTCTGACTCCTTAC
 TTAGCCAGGTCTGCTTCAGTGATAATAAGGAATACTTGTGGTCAACCTCCTTAATATCAGTTGAGACCTGTAGTGTGAC
 AATTGCGGACTATCTGAGAGCTGTGACGTGGTCTAATATATTAGGGGGAAGAAACATATCCGGGGTGACTACACCTGAT

Figura 25 (4/5)

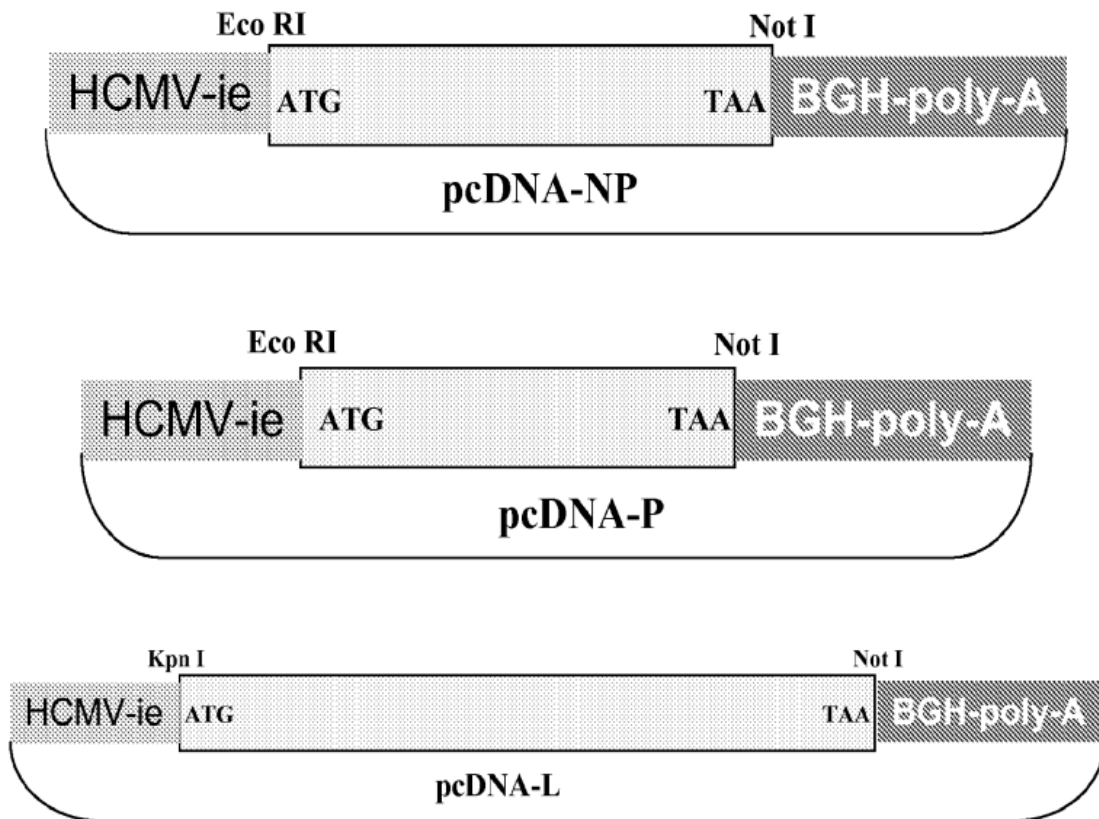
ACTATTGAATTAATTCAAGGTTGTTTAATAGGTGAAAATCTAGTTGTACTCTTTGTGAATCGCATGATGACGCATTCA
CGTGGATGCACCTTGCTGGCCACTTTACATCCCTGAACCATCAGTTACTAACTCTAAAATGCGTGTGCCATATCTGGG
TTCAAAAACAGAGGAGCGGAAAACAGCCTCAATGGCAGCAATAAAGGAATGTACATCACCTGCGTGCAGTCTTAAGA
GGCACATCCGTATTTATTTGGGCATTTGGGGATACAGATATCAATTGGGATAATGCATTGCAGATTGCCAATCACGGT
GTAACATCACATTGGATCAAATGAGATTACTTACACCAATTCCTAGCAGTTCAAATATTCAACATAGACTCGATGACGG
AATCAGCACGCAGAAATTTACTCCTGCAAGCCTTGCTCGAATCACATCCTTCGTTACATCTGTAATGACAGCCAGAGG
TTAGAGAAGGATGGCTCATCTGTCGACTCAAACCTTGATTTACCAGCAAATTTATGTTACTTGGACTCAGCATCTTTGAAA
CAATGTACTCAATGGACCAAAGTGGGTATTCAATAACCATACCTTGCAATTTGCACACTGGACACTCCTGTGTCCAAG
GGAAC TAGACATAAGTTTGGTGAACCCGCGAGACATCAGACCCCGGAGCTGACTAGCACAAACAACCCCGTTCCTA
TATGATCAGCTCCCATTAAATCAAGAAAACCTTGACAACACTTGAGATTAAGACATTTAAATTC AATGAGCTCAACATTG
ATGGTTTAGATTTTGGTGAAGGAATACAATTATTGAGTCGTTGTACTGCAAGATTAATGGCAGAATGTATTCTAGAGGA
GGGAATAGGCTCGTCAGTTAAAAATGAAGCAATTGTCAATTTTGATAATTCAGTCAATTGGATTTCAGAGTGCCTAATG
TGTGATATTGCTCACTTTGTGTTAATTTAGGTCAAGAGATACTATGTAGCCTGGCATAACCAATGTATTACTTGCAGAA
TCAGGGGTAGACGGGCCATTCTTAATTACTTGGACACAACCTTGCAAAGGATCCCTGTGATACAATTAGCCAACATTGC
ACTCACCATTTTCGCACCTGAGATATTTTCGCAGAAATGTCAACACCGGGATCCATAACAGATTAAGGGCCCATATGTG
GCAACAACGGATTTCTAGCTGCAAGTAGAGATATCATATTATCAGGTGCAAGGGAGTATCTATCTTATTTAAGCAGTG
GGCAGGAAGACTGTTACACATTCTTCAACTGTCAAGATGGGGATCTTACTCCAAAAATGGAACAGTATCTTGCAAGGAG
GGCATGCCCTTTTAACATTATTGTATAATACTGGGCACCAGATCCCGTTATCCGATCACTGACGCCAATAGAGAAGTGC
AAGGTGCTCACAGAATACAATCAACAAATTGAGTACGCAGATCAAGAGTTTAGCTCTGTACTAAAAGTGGTCAATGCAC
TACTACAAAATCCTAAGATAGATGATTAGTTTCAAATCTCTACTTACCACCAGACGTGTTCTATCAAACCTCAGATC
ATGTGATAAGGCTAGATCATATATTGAATATTTGTACACTGAGGACTTCGGAGAGAAAGAGGATACAGTACAATATGAC
ATCATGACAACAAACGATATCATACTTACTCATGGTCTATTACACAGATCGAAATATCTTATCAAGGGAATAGTCTCC
ATAAGTTCCTTACTCCGATAACGCGCCTGGATCTTTGATCCCATTCTCTATTTACC A AATTC A CTTGCTGTGACCC
TCTTCATCACTTGCTCAAGTCGGTACATCAAGCACAAGTTGGTACAAGTATGCAATCGCCTATGCAGTGTCTGAA
AAGAGGTGAGCTCGATTAGGAGGGAGCTTGTACATTGGTGAAGGGAGCGGAAGTGTGATGACTTTACTCGAGTATCTTG
AGCCATCTGTTGACATATTTTACAATTC A CTTCTCAAATGGTATGAACCCACCACAACGAAATATGGGCTTATGCC
ACTACAATTTGTGAATTCGGTGGTTTATAAGAACTTAACGGCTAAATCAGAATGTAAGCTAGGGTTTGTCCAGCAATTT
AAACCGTTGTGGAGAGACATAGACATTGAGACTAATGTTACAGATCCATCATTATCAATTTTGCATTGAATGAAATCC
CAATCGAATCATTAAACGAGATAAATGTGATGTGGAATTTGACCGTGGTATGCCGATTGAACGGGTATTTCAGGGTTA
CACCCATATCTTACTTGTGCACTTACGGATTACAGCAAGATTCAATACTGTGGGTGAAGGTATATAGGACATCTGAA
AAAGTATTTCAATTTCTTACTGAGTGCATGATCATGATCTTTGGTTATGTATAAAATCCACAGGAATGGTTATATGTGCA
CAAAGGATGAAGAGTACATATTGATGTCTGACTGCAAGGAACCTGTAAACTATACAGCTGTCCCTAACATTCTTACACG
TGTAAGTGATTTAGTGTGGAAGATCTGAGTCTTATCCATCCAGAAGACCTCAGAAAAGTAAGGTGTGAAACAGATTCC
CTGAATTTGAAGTGCAATCATATTTATGAGAAAATAATTGCCAGAAAATTCATTACAGGTATCATCACTGACTCTT
TGCTCCTCCAATTAGCGGTGTTATCAACTCGGTGGGCTCACTGATCCTAGAGAGGTTGCAACATTATCTTCTATTGA
GTGTATGACTATGTTGTCTCATCAATTGATTTGGCTATATTGGAGGCAAATATTGTAATCTCAGAGAGTGCTGGTCTT
GACCTCGCTTTAATGTTAGGCCCATTTCAACTTAAATAAGCTTAAGAAAATTGACACAATCCTTAAGTCAAGCACCTATC
AGCTAATCCCGTACTGGTTGCGCTATGAGTACTCTATTAATCCGAGATCTTTGTCAATTTCTAATCACTAAATTACAACA
ATGCCGAATTTTCATGGTCAGATATGATCACGATTTCTGAATTTCTGAAGAAATCCAAGCGGCCTATATTTATCAAACGA
GTAATAGGGAATCAACAGCTAAAATCATTCTTTAATGAAAGCTCAAGTATTGTTTGTACTCGGGCTGAAGTTAAAGTCT
GTATAAAGTTCCTCGTGCATCATCAAGTTGAAATAAATTTCTGCGATTTTAAAGGGGTGAATGTTCTAATTTGCACCT
TGAAGTAAATATAGCTTGTAATCATTCGCTAGGGGATAGGATAATTTCTCTAACCTCTGAATCTATATTCCTAGAGTATA
ACAAATATATACATAATAAAATGATTTTAAAGAAAAATCCGACACTCAAAGAAAATTTGGTGCTGTAAATATTCTTCTT
GCCAAATGATTGTGAAGTGTCTAGCCTAACTTAAACAATCGTATTCGATAGGGAAGAATGATATATAAAATAACTAAT
AAAAAATGTATTAGTAAAAATTACCGTATTTCTGTATTCCATTCTGGTgggtcggtatggcatctccacctctcg
cggtccgacctgggcatccgaaggaggacgcacgtccactcggtatggctaaggaggggcgctagagctcgctgatcagc
ctcgactgtgccttctagttgccagccatctgtgtttgcccctcccccgctgccttccttgacctggaaggtgccact
cccactgtcccttccctaataaaatgaggaaattgcatcgcatgtgtctgagttaggtgtcattctattctgtgggggtgggg
tggggcaggacagcaagggggaggattgggaagacaa tagcagggcatgctggggatgctgggtgggctctatgCCGCGG

Sitios de escisión por enzimas de restricción: mayúscula, negrita y subrayado
Promotor temprano inmediato de citomegalovirus humano: mayúscula, negrita, cursiva
Secuencia de ribozima de hepatitis delta: minúscula
Marco de lectura abierto para las proteínas virales: mayúscula, negrita
Secuencias no codificantes: mayúscula
Secuencia de poli A de hormona de crecimiento bovino: minúscula, subrayado.

Not I: **GCGGCCGC**
Bmt I: **GCTAGC**
Sac II: **CCGCGG**

Figura 26

Plásmido que codifica las proteínas que son parte del complejo de riboproteínas de APMV-8



Plásmido que codifica la T7 polimerasa

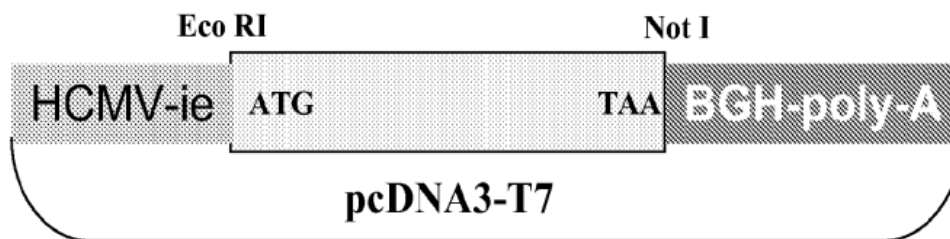
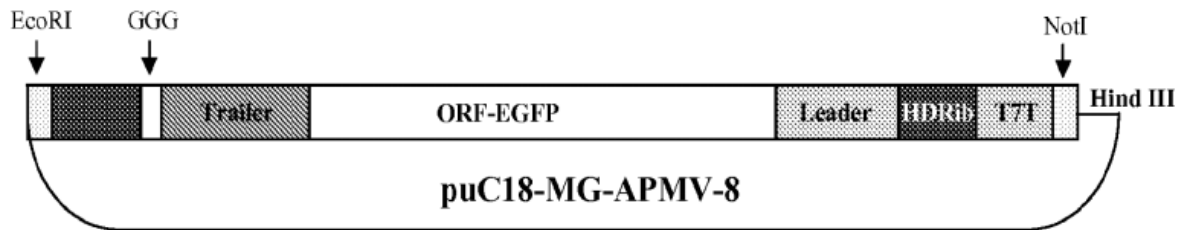


Figura 27

Plásmido que contiene un minigenoma para APMV-8



T7Pro: Promotor T7

GGG: triplete base que consiste en tres G

Trailer: secuencia completa de la secuencia tráiler del virus APMV-8

Líder: secuencia completa de la secuencia líder del virus APMV-8

ORF-EGFP: marco de lectura abierto de la proteína verde fluorescente mejorada

HDRib: secuencia de la ribozima de hepatitis delta

T7T: Terminador T7

Sitios de escisión por enzimas de restricción: EcoRI, NotI, HindIII

Plásmido que codifica la EGFP bajo el control del promotor SITE



T7Pro: Promotor T7

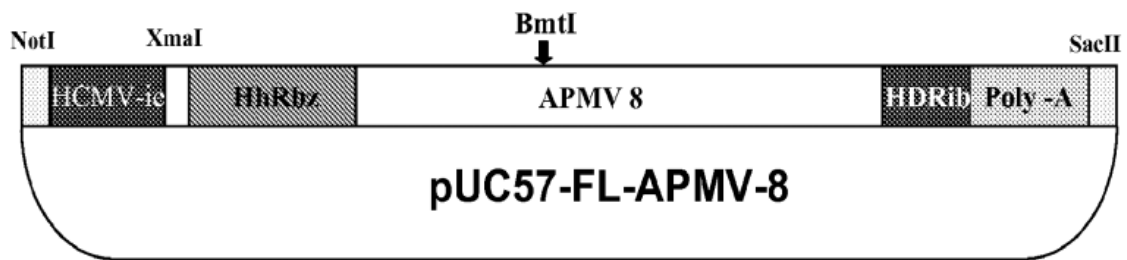
Sitio: Sitio de entrada de ribosoma interno

ORF-EGFP: marco de lectura abierto de la proteína verde fluorescente mejorada

Sitios de escisión por enzimas de restricción: BamHI, NotI

Figura 28

Plásmido que contiene la secuencia de longitud completa de APMV-8



HCMV-ie: promotor temprano inmediato de citomegalovirus humano

APMV 8: secuencia de longitud completa de APMV 8 en orientación antígenica

HhRbz: secuencia de ribozima hammerhead

HDRib: secuencia de ribozima de hepatitis delta

Poli A: secuencia de señal de poliadenilación de hormona de crecimiento bovino

Sitios de escisión por enzimas de restricción: NotI, XmaI, BmtI, SacII

Figura 29

Construcción del minigenoma**Eco RI**

GAATTC**TAATACGACTCACTATA**GGGaccagaaatggaatacaggaaatacggtaatttttactaatacaattttttat
tagttattttatataatcattcttccctatcgaatacagattgttttaagttaggctagacacttcacaatcatttggcaa
gaagaatattacaggcaccaattttctttgagtgtcggattttttcttaaaatcatttttattatgtatataatttgta
tactctaggaatatagattcagaggttagagaaattatcctatcccttagcgaatgattacaagctatattacttcaag
tgcaaattagaacattacacccctttaaaatcgagaaa**TTACAAGCTATATTACTTCAAGTGCAAATTAGAACATTAC**
ACCCCTTTAAAATCGCAGAAATTACTTGTACAGCTCGTCCATGCCGAGAGTGATCCCGCGGCGGGTCACGAACTCCAGC
AGGACCATGTGATCGCGCTTCTCGTTGGGGTCTTTGCTCAGGGCGGACTGGGTGCTCAGGTAGTGTTGTCTGGGCAGCA
GCACGGGGCCGTCGCCGATGGGGGTGTTCTGCTGGTAGTGGTCGGCGAGCTGCACGCTGCCGTCTCGATGTTGTGGCG
GATCTTGAAGTTACCTTGATGCCGTTCTTCTGCTTGTGGCCATGATATAGACGTTGTGGCTGTTGTAGTTGTACTCC
AGCTTGTGCCCCAGGATGTTGCCGTCTCCTCTTGAAGTCGATGCCCTTCAGCTCGATGCGGTTTACCAGGGTGTGCGCCT
CGAACTTCACCTCGGCGCGGGTCTTGTAGTTGCCGTCTGCTTGAAGAAGATGGTGCGCTCTCGACGTAGCCTTCGGG
CATGGCGGACTTGAAGAAGTCGTGCTGCTTCATGTGGTCGGGGTAGCGGCTGAAGCACTGCACGCCGTAGGTGAGGGTG
GTCACGAGGGTGGGCCAGGGCAGGGCAGCTTGCCGGTGGTGCAGATGAACCTCAGGGTCAGCTTGCCGTAGGTGGCAT
CGCCCTCGCCCTCGCCGGACACGCTGAACCTTGTGGCCGTTTACGTCGCCGTCCAGCTCGACCAGGATGGGCACCACCCC
GGTGAACAGCTCCTCGCCCTTGCTCACCATattgagtcctatagcgacatttcaaaacctccagtgaatttcaggggtt
tcggcctcgagctcgagatccacttgcttcgcccccaataattcgattgttttatttaaagttcccggttggtcttgcac
tccttggttggt**gggtcgccatggcatctccacctcctcgcggtccgacctgggcatccgaaggaggacgcacgtccac**
tcggatggctaaggaggggcgTAGCATAAACCCCTTGGGGCCTCTAAACGGGTCTTGAGGGGTTTTTGGCGGCCGC

Not I

Promotor de T7 polimerasa: mayúscula, negrita y subrayado

Tres nucleótidos de G adicionales: mayúscula y subrayado

Secuencia tráiler con secuencia genómica: minúscula

Secuencia del marco de lectura abierto de la proteína verde fluorescente mejorada en orientación antisentido: mayúscula, negrita

Secuencia líder con secuencia genómica: minúscula y subrayado

Secuencia de ribozima de hepatitis delta: minúscula, subrayado y negrita

Secuencia de terminador T7: mayúscula

Figura 30

Alineación de proteína NP

		1	50
SEQ ID NO:3 (NP)	(1)	MSEVFNEYQALQEQLVKPAVRFPDVASTGLLRAEIPVCVTLSQDPGERWS	
SEQ ID NO:54 (NP)	(1)	MSEVFNEYQALQEQLVKPAVRFPDVASTGLLRAEIPVCVTLSQDPGERWS	
SEQ ID NO:66 (NP)	(1)	MSEVFNEYQALQEQLVKPAVRFPDVASTGLLRAEIPVCVTLSQDPGERWS	
SEQ ID NO:78 (NP)	(1)	MSEVFNEYQALQEQLVKPAVRFPDVASTGLLRAEIPVCVTLSQDPGERWS	
		51	100
SEQ ID NO:3 (NP)	(51)	LACLNIRWLVEDSSTTPMKQGAISLLSLHSDNMRHAATLAARSADASLT	
SEQ ID NO:54 (NP)	(51)	LACLNIRWLVEDSSTTPMKQGAISLLSLHSDNMRHAATLAARSADASLT	
SEQ ID NO:66 (NP)	(51)	LACLNIRWLVEDSSTTPMKQGAISLLSLHSDNMRHAATLAARSADASLT	
SEQ ID NO:78 (NP)	(51)	LACLNIRWLVEDSSTTPMKQGAISLLSLHSDNMRHAATLAARSADASLT	
		101	150
SEQ ID NO:3 (NP)	(101)	IIEVDEVDIQNSLIKFNARSGVSDKRSNQLLAIAADDIPKSCSNGHPFLDT	
SEQ ID NO:54 (NP)	(101)	IIEVDEVDIQNSLIKFNARSGVSDKRSNQLLAIAADDIPKSCSNGHPFLDT	
SEQ ID NO:66 (NP)	(101)	IIEVDEVDIQNSLIKFNARSGVSDKRSNQLLAIAADDIPKSCSNGHPFLDT	
SEQ ID NO:78 (NP)	(101)	IIEVDEVDIQNSLIKFNARSGVSDKRSNQLLAIAADDIPKSCSNGHPFLDT	
		151	200
SEQ ID NO:3 (NP)	(151)	DIETRDPLDLSETIDRLQGIAAQIWVSAIKSMTAPDTASESESKRLAKYQ	
SEQ ID NO:54 (NP)	(151)	DIETRDPLDLSETIDRLQGIAAQIWVSAIKSMTAPDTASESESKRLAKYQ	
SEQ ID NO:66 (NP)	(151)	DIETRDPLDLSETIDRLQGIAAQIWVSAIKSMTAPDTASESESKRLAKYQ	
SEQ ID NO:78 (NP)	(151)	DIETRDPLDLSETIDRLQGIAAQIWVSAIKSMTAPDTASESESKRLAKYQ	
		201	250
SEQ ID NO:3 (NP)	(201)	QQGRLVKQVLLHSVVRTEFMRVIRGSLVLQPMVSECKRASAMGGDTERY	
SEQ ID NO:54 (NP)	(201)	QQGRLVKQVLLHSVVRTEFMRVIRGSLVLQPMVSECKRASAMGGDTERY	
SEQ ID NO:66 (NP)	(201)	QQGRLVKQVLLHSVVRTEFMRVIRGSLVLQPMVSECKRASAMGGDTERY	
SEQ ID NO:78 (NP)	(201)	QQGRLVKQVLLHSVVRTEFMRVIRGSLVLQPMVSECKRASAMGGDTERY	
		251	300
SEQ ID NO:3 (NP)	(251)	YAMVGDISLYIKNAGLTAFFLTLEKPGVGTQYPTLAMEVFSDDLKRLAALI	
SEQ ID NO:54 (NP)	(251)	YAMVGDISLYIKNAGLTAFFLTLEKPGVGTQYPTLAMEVFSDDLKRLAALI	
SEQ ID NO:66 (NP)	(251)	YAMVGDISLYIKNAGLTAFFLTLEKPGVGTQYPTLAMEVFSDDLKRLAALI	
SEQ ID NO:78 (NP)	(251)	YAMVGDISLYIKNAGLTAFFLTLEKPGVGTQYPTLAMEVFSDDLKRLAALI	
		301	350
SEQ ID NO:3 (NP)	(301)	RLYKTKGDNAFYMAFLEDSMDGNFAPANYSTMYSYAMGIGTILEASVRY	
SEQ ID NO:54 (NP)	(301)	RLYKTKGDNAFYMAFLEDSMDGNFAPANYSTMYSYAMGIGTILEASVRY	
SEQ ID NO:66 (NP)	(301)	RLYKTKGDNAFYMAFLEDSMDGNFAPANYSTMYSYAMGIGTILEASVRY	
SEQ ID NO:78 (NP)	(301)	RLYKTKGDNAFYMAFLEDSMDGNFAPANYSTMYSYAMGIGTILEASVRY	
		351	400
SEQ ID NO:3 (NP)	(351)	QYARDFTSENYFRLGVETAQSQQGAFDERTAREMGLTERESKQQVRSLLMS	
SEQ ID NO:54 (NP)	(351)	QYARDFTSENYFRLGVETAQSQQGAFDERTAREMGLTERESKQQVRSLLMS	
SEQ ID NO:66 (NP)	(351)	QYARDFTSENYFRLGVETAQSQQGAFDERTAREMGLTERESKQQVRSLLMS	
SEQ ID NO:78 (NP)	(351)	QYARDFTSENYFRLGVETAQSQQGAFDERTAREMGLTERESKQQVRSLLMS	
		401	450
SEQ ID NO:3 (NP)	(401)	VDMGPSSVHEPSRPAPISQRENRPQPNESDTQGGTKPVFKQAPAPRADPD	
SEQ ID NO:54 (NP)	(401)	VDMGPSSVHEPSRPAPISQRENRPQPNESDTQGGTKPVFKQAPAPRADPD	
SEQ ID NO:66 (NP)	(401)	VDMGPSSVHEPSRPAPISQRENRPQPNESDTQGGTKPVFKQAPAPRADPD	
SEQ ID NO:78 (NP)	(401)	VDMGPSSVHEPSRPAPISQRENRPQPNESDTQGGTKPVFKQAPAPRADPD	
		451	462
SEQ ID NO:3 (NP)	(451)	DIDPYENGLEW-	
SEQ ID NO:54 (NP)	(451)	DIDPYENGLEW-	
SEQ ID NO:66 (NP)	(451)	DIDPYENGLEW-	
SEQ ID NO:78 (NP)	(451)	DIDPYENGLEW-	

Identidad de secuencia de proteínas

SEQ ID NO:3 v. SEQ ID NO:54: 99% identidad de secuencia
 SEQ ID NO:3 v. SEQ ID NO:66: 99% identidad de secuencia
 SEQ ID NO:3 v. SEQ ID NO:78: 99% identidad de secuencia

Identidad de secuencia de ADN

SEQ ID NO:2 v. SEQ ID NO:53: 99% identidad de secuencia
 SEQ ID NO:2 v. SEQ ID NO:65: 97% identidad de secuencia
 SEQ ID NO:2 v. SEQ ID NO:77: 97% identidad de secuencia

Figura 31
Alineación de proteína P

		1	50
SEQ ID NO:5 (P)	(1)	MDFANDEEIAELLNLSTNVKEIQKSELKPPQTTGRPPVSGQNTNLTDL	
SEQ ID NO:56 (P)	(1)	MDFANDEEIAELLNLSTNVKEIQKSELKPPQTTGRPPVSGQNTNLTDL	
SEQ ID NO:68 (P)	(1)	MDFANDEEIAELLNLSTNVKEIQKSELKPPQTTGRPPVSGQNTNLTDL	
SEQ ID NO:80 (P)	(1)	MDFANDEEIAELLNLSTNVKEIQKSELKPPQTTGRPPVSGQNTNLTDL	
		51	100
SEQ ID NO:5 (P)	(51)	WEKETASQNTTFAQSTQTTQVQSDNEEEIKSESDGHIRGTVNOLEQV	
SEQ ID NO:56 (P)	(51)	WEKETASQNTTFAQSTQTTQVQSDNEEEIKSESDGHIRGTVNOLEQV	
SEQ ID NO:68 (P)	(51)	WEKETASQNTTFAQSTQTTQVQSDNEEEIKSESDGHIRGTVNOLEQV	
SEQ ID NO:80 (P)	(51)	WEKETASQNTTFAQSTQTTQVQSDNEEEIKSESDGHIRGTVNOLEQV	
		101	150
SEQ ID NO:5 (P)	(101)	PEQNQSRSSPGDLDRLANKLEGRINISISMDKEIKKGPRIQNLPGSQAA	
SEQ ID NO:56 (P)	(101)	PEQNQSRSSPGDLDRLANKLEGRINISISMDKEIKKGPRIQNLPGSQAA	
SEQ ID NO:68 (P)	(101)	PEQNQSRSSPGDLDRLANKLEGRINISISMDKEIKKGPRIQNLPGSQAA	
SEQ ID NO:80 (P)	(101)	PEQNQSRSSPGDLDRLANKLEGRINISISMDKEIKKGPRIQNLPGSQAA	
		151	200
SEQ ID NO:5 (P)	(151)	TQQATHPLAGDTFNMQAQTKALAKPHQEAINEGNDTGEIHLPPSMAPP	
SEQ ID NO:56 (P)	(151)	TQQATHPLAGDTFNMQAQTKALAKPHQEAINEGNDTGEIHLPPSMAPP	
SEQ ID NO:68 (P)	(151)	TQQATHPLAGDTFNMQAQTKALAKPHQEAINEGNDTGEIHLPPSMAPP	
SEQ ID NO:80 (P)	(151)	TQQATHPLAGDTFNMQAQTKALAKPHQEAINEGNDTGEIHLPPSMAPP	
		201	250
SEQ ID NO:5 (P)	(201)	ESLVGAIRNAPQFVPDQSMTEVDAGSVQLHASCAMISRMFVEVISKLDK	
SEQ ID NO:56 (P)	(201)	ESLVGAIRNAPQFVPDQSMTEVDAGSVQLHASCAMISRMFVEVISKLDK	
SEQ ID NO:68 (P)	(201)	ESLVGAIRNAPQFVPDQSMTEVDAGSVQLHASCAMISRMFVEVISKLDK	
SEQ ID NO:80 (P)	(201)	ESLVGAIRNAPQFVPDQSMTEVDAGSVQLHASCAMISRMFVEVISKLDK	
		251	300
SEQ ID NO:5 (P)	(251)	LESRLNDIAKVNTTFLIRNDINQLKATTALMSNQIASIQILDPGNAGVR	
SEQ ID NO:56 (P)	(251)	LESRLNDIAKVNTTFLIRNDINQLKATTALMSNQIASIQILDPGNAGVR	
SEQ ID NO:68 (P)	(251)	LESRLNDIAKVNTTFLIRNDINQLKATTALMSNQIASIQILDPGNAGVR	
SEQ ID NO:80 (P)	(251)	LESRLNDIAKVNTTFLIRNDINQLKATTALMSNQIASIQILDPGNAGVR	
		301	350
SEQ ID NO:5 (P)	(301)	SLSEMSVTFKAAVVIAGFGDDPTQIIEGIMAKDALGKPVPTSVIAAK	
SEQ ID NO:56 (P)	(301)	SLSEMSVTFKAAVVIAGFGDDPTQIIEGIMAKDALGKPVPTSVIAAK	
SEQ ID NO:68 (P)	(301)	SLSEMSVTFKAAVVIAGFGDDPTQIIEGIMAKDALGKPVPTSVIAAK	
SEQ ID NO:80 (P)	(301)	SLSEMSVTFKAAVVIAGFGDDPTQIIEGIMAKDALGKPVPTSVIAAK	
		351	400
SEQ ID NO:5 (P)	(351)	AQTSSGVSKGEIEGLIALVETLVNDNKKAAKLIKIDQVKSHADYARVQ	
SEQ ID NO:56 (P)	(351)	AQTSSGVSKGEIEGLIALVETLVNDNKKAAKLIKIDQVKSHADYARVQ	
SEQ ID NO:68 (P)	(351)	AQTSSGVSKGEIEGLIALVETLVNDNKKAAKLIKIDQVKSHADYARVQ	
SEQ ID NO:80 (P)	(351)	AQTSSGVSKGEIEGLIALVETLVNDNKKAAKLIKIDQVKSHADYARVQ	
		401	
SEQ ID NO:5 (P)	(401)	AIYNA-	
SEQ ID NO:56 (P)	(401)	AIYNA-	
SEQ ID NO:68 (P)	(401)	AIYNA-	
SEQ ID NO:80 (P)	(401)	AIYNA-	

Identidad de secuencia de proteínas

SEQ ID NO:5 v. SEQ ID NO:56:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:5 v. SEQ ID NO:68:	96%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:5 v. SEQ ID NO:80:	95%	identidad de secuencia

Identidad de secuencia de ADN

SEQ ID NO:4 v. SEQ ID NO:55:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:4 v. SEQ ID NO:67:	96%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:4 v. SEQ ID NO:79:	96%	identidad de secuencia

Figura 32

Alineación de proteína M

		1	50
SEQ ID NO:58 (M)	(1)	MAYTTLKLWVDEGDMSSSLLSFPLVLKETDRGTEKLQPVVRVDSIGDVQN	
SEQ ID NO:7 (M)	(1)	MAYTTLKLWVDEGDMSSSLLSFPLVLKETDRGTEKLQPVVRVDSIGDVQN	
SEQ ID NO:70 (M)	(1)	MAYTTLKLWVDEGDMSSSLLSFPLVLKETDRGTEKLQPVVRVDSIGDVQN	
SEQ ID NO:82 (M)	(1)	MAYTTLKLWVDEGDMSSSLLSFPLVLKETDRGTEKLQPVVRVDSIGDVQN	
		51	100
SEQ ID NO:58 (M)	(51)	AKESSIFVTLYGFIQAIKESDRSKFFHPKDDFKPETVTAGLVVVGAIRM	
SEQ ID NO:7 (M)	(51)	AKESSIFVTLYGFIQAIKESDRSKFFHPKDDFKPETVTAGLVVVGAIRM	
SEQ ID NO:70 (M)	(51)	AKESSIFVTLYGFIQAIKESDRSKFFHPKDDFKPETVTAGLVVVGAIRM	
SEQ ID NO:82 (M)	(51)	AKESSIFVTLYGFIQAIKESDRSKFFHPKDDFKPETVTAGLVVVGAIRM	
		101	150
SEQ ID NO:58 (M)	(101)	MADVNTIENDALALEITVKKSATSQEKMTVMFHNPPSLRTAITIRAGGF	
SEQ ID NO:7 (M)	(101)	MADVNTIENDALALEITVKKSATSQEKMTVMFHNPPSLRTAITIRAGGF	
SEQ ID NO:70 (M)	(101)	MADVNTIENDALALEITVKKSATSQEKMTVMFHNPPSLRTAITIRAGGF	
SEQ ID NO:82 (M)	(101)	MADVNTIENDALALEITVKKSATSQEKMTVMFHNPPSLRTAITIRAGGF	
		151	200
SEQ ID NO:58 (M)	(151)	ISNADENIKCASKLTAGVQYIFRPMFVSITKLHNGKLYRVPKSIHSISST	
SEQ ID NO:7 (M)	(151)	ISNADENIKCASKLTAGVQYIFRPMFVSITKLHNGKLYRVPKSIHSISST	
SEQ ID NO:70 (M)	(151)	ISNADENIKCASKLTAGVQYIFRPMFVSITKLHNGKLYRVPKSIHSISST	
SEQ ID NO:82 (M)	(151)	ISNADENIKCASKLTAGVQYIFRPMFVSITKLHNGKLYRVPKSIHSISST	
		201	250
SEQ ID NO:58 (M)	(201)	LLYSVMLEVGFQVDIGKDHQAKMLKVTIGDADTYWGFANFHLGNFKET	
SEQ ID NO:7 (M)	(201)	LLYSVMLEVGFQVDIGKDHQAKMLKVTIGDADTYWGFANFHLGNFKET	
SEQ ID NO:70 (M)	(201)	LLYSVMLEVGFQVDIGKDHQAKMLKVTIGDADTYWGFANFHLGNFKET	
SEQ ID NO:82 (M)	(201)	LLYSVMLEVGFQVDIGKDHQAKMLKVTIGDADTYWGFANFHLGNFKET	
		251	300
SEQ ID NO:58 (M)	(251)	SEKGGKPTLDELKTKVKNMGLKLELHDLWGPTIVVQITGKSSKYAQGFPS	
SEQ ID NO:7 (M)	(251)	SEKGGKPTLDELKTKVKNMGLKLELHDLWGPTIVVQITGKSSKYAQGFPS	
SEQ ID NO:70 (M)	(251)	SEKGGKPTLDELKTKVKNMGLKLELHDLWGPTIVVQITGKSSKYAQGFPS	
SEQ ID NO:82 (M)	(251)	SEKGGKPTLDELKTKVKNMGLKLELHDLWGPTIVVQITGKSSKYAQGFPS	
		301	350
SEQ ID NO:58 (M)	(301)	SNGTCCLPISRSAPFLGKLLWSCSATIGDATVVIQSSSEKGLLRSDLEI	
SEQ ID NO:7 (M)	(301)	SNGTCCLPISRSAPFLGKLLWSCSATIGDATVVIQSSSEKGLLRSDLEI	
SEQ ID NO:70 (M)	(301)	SNGTCCLPISRSAPFLGKLLWSCSATIGDATVVIQSSSEKGLLRSDLEI	
SEQ ID NO:82 (M)	(301)	SNGTCCLPISRSAPFLGKLLWSCSATIGDATVVIQSSSEKGLLRSDLEI	
		351	370
SEQ ID NO:58 (M)	(351)	RGAVASKEGRLSSPHPFKN-	
SEQ ID NO:7 (M)	(351)	RGAVASKEGRLSSPHPFKN-	
SEQ ID NO:70 (M)	(351)	RGAVASKEGRLSSPHPFKN-	
SEQ ID NO:82 (M)	(351)	RGAVASKEGRLSSPHPFKN-	

Identidad de secuencia de proteína

SEQ ID NO:7 v. SEQ ID NO:58:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:7 v. SEQ ID NO:70:	98%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:7 v. SEQ ID NO:82:	98%	identidad de secuencia

Identidad de secuencia de ADN

SEQ ID NO:6 v. SEQ ID NO:57:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:6 v. SEQ ID NO:69:	97%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:6 v. SEQ ID NO:81:	97%	identidad de secuencia

Figura 33

Alineación de proteína F

		1	50
SEQ ID NO:60 (F)	(1)	MGQISVYLINSVLLLVYPVNSIDNTLAPICVASANEWQLAAYTTSLSG	
SEQ ID NO:72 (F)	(1)	MGKISVYLINSVLLLVYPVNSIDNTLAPICVASANEWQLAAYTTSLSG	
SEQ ID NO:84 (F)	(1)	MGKISVYLINSVLLLVYPVNSIDNTLAPICVASANEWQLAAYTTSLSG	
SEQ ID NO:9 (F)	(1)	MGKISVYLINSVLLLVYPVNSIDNTLAPICVASANEWQLAAYTTSLSG	
		51	100
SEQ ID NO:60 (F)	(51)	TIAVRFLPVLFDNMTTCLRETITTYNTVNNILGPKSNLDALLSSETYP	
SEQ ID NO:72 (F)	(51)	TIAVRFLPVLFDNMTTCLRETITTYNTVNNILGPKSNLDALLSSETYP	
SEQ ID NO:84 (F)	(51)	TIAVRFLPVLFDNMTTCLRETITTYNTVNNILGPKSNLDALLSSETYP	
SEQ ID NO:9 (F)	(51)	TIAVRFLPVLFDNMTTCLRETITTYNTVNNILGPKSNLDALLSSETYP	
		101	150
SEQ ID NO:60 (F)	(101)	QTRLIGAVIGSIALGVATSAQITAVALKQAQDNARNILALKEALSKTNE	
SEQ ID NO:72 (F)	(101)	QTRLIGAVIGSIALGVATSAQITAVALKQAQDNARNILALKEALSKTNE	
SEQ ID NO:84 (F)	(101)	QTRLIGAVIGSIALGVATSAQITAVALKQAQDNARNILALKEALSKTNE	
SEQ ID NO:9 (F)	(101)	QTRLIGAVIGSIALGVATSAQITAVALKQAQDNARNILALKEALSKTNE	
		151	200
SEQ ID NO:60 (F)	(151)	AVKELSSGLQQTALALGKIQSFWNEELPSINQLSCEVTANKLGVYLSLY	
SEQ ID NO:72 (F)	(151)	AVKELSSGLQQTALALGKIQSFWNEELPSINQLSCEVTANKLGVYLSLY	
SEQ ID NO:84 (F)	(151)	AVKELSSGLQQTALALGKIQSFWNEELPSINQLSCEVTANKLGVYLSLY	
SEQ ID NO:9 (F)	(151)	AVKELSSGLQQTALALGKIQSFWNEELPSINQLSCEVTANKLGVYLSLY	
		201	250
SEQ ID NO:60 (F)	(201)	LTELTFIFGAQLTNPALTSLSYQALYNLCGGNMAMLTQKIGIQQDVNSL	
SEQ ID NO:72 (F)	(201)	LTELTFIFGAQLTNPALTSLSYQALYNLCGGNMAMLTQKIGIQQDVNSL	
SEQ ID NO:84 (F)	(201)	LTELTFIFGAQLTNPALTSLSYQALYNLCGGNMAMLTQKIGIQQDVNSL	
SEQ ID NO:9 (F)	(201)	LTELTFIFGAQLTNPALTSLSYQALYNLCGGNMAMLTQKIGIQQDVNSL	
		251	300
SEQ ID NO:60 (F)	(251)	YEAGLITGQVIGYDSQYQLLVIQVNYPSISEVTGVRATELVTVSVTTDRG	
SEQ ID NO:72 (F)	(251)	YEAGLITGQVIGYDSQYQLLVIQVNYPSISEVTGVRATELVTVSVTTDRG	
SEQ ID NO:84 (F)	(251)	YEAGLITGQVIGYDSQYQLLVIQVNYPSISEVTGVRATELVTVSVTTDRG	
SEQ ID NO:9 (F)	(251)	YEAGLITGQVIGYDSQYQLLVIQVNYPSISEVTGVRATELVTVSVTTDRG	
		301	350
SEQ ID NO:60 (F)	(301)	EGKAIVPQFVARESVTIEELDVASCKFSSTTLVCRQVNTALPPLVASCL	
SEQ ID NO:72 (F)	(301)	EGKAIVPQFVARESVTIEELDVASCKFSSTTLVCRQVNTALPPLVASCL	
SEQ ID NO:84 (F)	(301)	EGKAIVPQFVARESVTIEELDVASCKFSSTTLVCRQVNTALPPLVASCL	
SEQ ID NO:9 (F)	(301)	EGKAIVPQFVARESVTIEELDVASCKFSSTTLVCRQVNTALPPLVASCL	
		351	400
SEQ ID NO:60 (F)	(351)	RGNYDDCQYTTTEIGALSRRYITLDGGVLVNCISIVCRCLNPSKIIISQNTN	
SEQ ID NO:72 (F)	(351)	RGNYDDCQYTTTEIGALSRRYITLDGGVLVNCISIVCRCLNPSKIIISQNTN	
SEQ ID NO:84 (F)	(351)	RGNYDDCQYTTTEIGALSRRYITLDGGVLVNCISIVCRCLNPSKIIISQNTN	
SEQ ID NO:9 (F)	(351)	RGNYDDCQYTTTEIGALSRRYITLDGGVLVNCISIVCRCLNPSKIIISQNTN	
		401	450
SEQ ID NO:60 (F)	(401)	AAVTVVDATICKTIQLDDIQLQLEGSLSSVYARNISIEISQVTTSGSLDI	
SEQ ID NO:72 (F)	(401)	AAVTVVDATICKTIQLDDIQLQLEGSLSSVYARNISIEISQVTTSGSLDI	
SEQ ID NO:84 (F)	(401)	AAVTVVDATICKTIQLDDIQLQLEGSLSSVYARNISIEISQVTTSGSLDI	
SEQ ID NO:9 (F)	(401)	AAVTVVDATICKTIQLDDIQLQLEGSLSSVYARNISIEISQVTTSGSLDI	
		451	500
SEQ ID NO:60 (F)	(451)	SSEIGNINNTVNRVEDLIHQSEEWLAKVNPPIVNTTLIVLCVLSALAVI	
SEQ ID NO:72 (F)	(451)	SSEIGNINNTVNRVEDLIHQSEEWLAKVNPPIVNTTLIVLCVLSALAVI	
SEQ ID NO:84 (F)	(451)	SSEIGNINNTVNRVEDLIHQSEEWLAKVNPPIVNTTLIVLCVLSALAVI	
SEQ ID NO:9 (F)	(451)	SSEIGNINNTVNRVEDLIHQSEEWLAKVNPPIVNTTLIVLCVLSALAVI	
		501	544
SEQ ID NO:60 (F)	(501)	WLAVLTATIIYLRTELKLTISALAVTNTIQSNPYVNTKKESEKF-	
SEQ ID NO:72 (F)	(501)	WLAVLTATIIYLRTELKLTISALAVTNTIQSNPYVNTKKESEKF-	
SEQ ID NO:84 (F)	(501)	WLAVLTATIIYLRTELKLTISALAVTNTIQSNPYVNTKKESEKF-	
SEQ ID NO:9 (F)	(501)	WLAVLTATIIYLRTELKLTISALAVTNTIQSNPYVNTKKESEKF-	

Identidad de secuencia de proteína

SEQ ID NO:9 v. SEQ ID NO:60:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:9 v. SEQ ID NO:72:	98%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:9 v. SEQ ID NO:84:	98%	identidad de secuencia

Identidad de secuencia de ADN

SEQ ID NO:8 v. SEQ ID NO:59:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:8 v. SEQ ID NO:71:	97%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:8 v. SEQ ID NO:83:	97%	identidad de secuencia

Figura 34 (1/2)

Alineación de proteína
HN

		1	50
SEQ ID NO:11 (HN)	(1)	MSNIASSLENIVEQDSRKTTWRAIFRWSVLLITTCGLALSIVSIVQIGNL	
SEQ ID NO:62 (HN)	(1)	MSNIASSLENIVEQDSRKTTWRAIFRWSVLLITTCGLALSIVSIVQIGNL	
SEQ ID NO:74 (HN)	(1)	MSNIASSLENIVEQDSRKTTWRAIFRWSVLLITTCGLALSIVSIVQIGNL	
SEQ ID NO:86 (HN)	(1)	MSNIASSLENIVEQDSRKTTWRAIFRWSVLLITTCGLALSIVSIVQIGNL	
		51	100
SEQ ID NO:11 (HN)	(51)	KIPSVGDLADEVVTPLKTTLSDTLRNPINQINDIFRIVALDIPLOVTNIQ	
SEQ ID NO:62 (HN)	(51)	KIPSVGDLADEVVTPLKTTLSDTLRNPINQINDIFRIVALDIPLOVTNIQ	
SEQ ID NO:74 (HN)	(51)	KIPSVGDLADEVVTPLKTTLSDTLRNPINQINDIFRIVALDIPLOVTNIQ	
SEQ ID NO:86 (HN)	(51)	KIPSVGDLADEVVTPLKTTLSDTLRNPINQINDIFRIVALDIPLOVTNIQ	
		101	150
SEQ ID NO:11 (HN)	(101)	KDLASQFNMILIDSLNAIKLNGCTNLIPTSDKEYAGGIGNPVFTVDAGGS	
SEQ ID NO:62 (HN)	(101)	KDLASQFNMILIDSLNAIKLNGCTNLIPTSDKEYAGGIGNPVFTVDAGGS	
SEQ ID NO:74 (HN)	(101)	KDLASQFNMILIDSLNAIKLNGCTNLIPTSDKEYAGGIGNPVFTVDAGGS	
SEQ ID NO:86 (HN)	(101)	KDLASQFNMILIDSLNAIKLNGCTNLIPTSDKEYAGGIGNPVFTVDAGGS	
		151	200
SEQ ID NO:11 (HN)	(151)	IGFKQFSLIEHPSFIAGPTTTRGCTRIPTFHMSESHWCYSHNIIAAGCQD	
SEQ ID NO:62 (HN)	(151)	IGFKQFSLIEHPSFIAGPTTTRGCTRIPTFHMSESHWCYSHNIIAAGCQD	
SEQ ID NO:74 (HN)	(151)	IGFKQFSLIEHPSFIAGPTTTRGCTRIPTFHMSESHWCYSHNIIAAGCQD	
SEQ ID NO:86 (HN)	(151)	IGFKQFSLIEHPSFIAGPTTTRGCTRIPTFHMSESHWCYSHNIIAAGCQD	
		201	250
SEQ ID NO:11 (HN)	(201)	ASASSMYISMGLVHVSSSGTFIFLTTASELIDGYNRKSCSIVATQFGCD	
SEQ ID NO:62 (HN)	(201)	ASASSMYISMGLVHVSSSGTFIFLTTASELIDGYNRKSCSIVATQFGCD	
SEQ ID NO:74 (HN)	(201)	ASASSMYISMGLVHVSSSGTFIFLTTASELIDGYNRKSCSIVATQFGCD	
SEQ ID NO:86 (HN)	(201)	ASASSMYISMGLVHVSSSGTFIFLTTASELIDGYNRKSCSIVATQFGCD	
		251	300
SEQ ID NO:11 (HN)	(251)	ILCSIVIEKEGDDYWSDTPTPMRNGRFSFNGSFVEAELPVSEMFSSFSAN	
SEQ ID NO:62 (HN)	(251)	ILCSIVIEKEGDDYWSDTPTPMRNGRFSFNGSFVEAELPVSEMFSSFSAN	
SEQ ID NO:74 (HN)	(251)	ILCSIVIEKEGDDYWSDTPTPMRNGRFSFNGSFVEAELPVSEMFSSFSAN	
SEQ ID NO:86 (HN)	(251)	ILCSIVIEKEGDDYWSDTPTPMRNGRFSFNGSFVEAELPVSEMFSSFSAN	
		301	350
SEQ ID NO:11 (HN)	(301)	YPAVGSGEIVKDRILFPPIYGGIKQTSPEFTLVKYGFLVSTPTTVQCSW	
SEQ ID NO:62 (HN)	(301)	YPAVGSGEIVKDRILFPPIYGGIKQTSPEFTLVKYGFLVSTPTTVQCSW	
SEQ ID NO:74 (HN)	(301)	YPAVGSGEIVKDRILFPPIYGGIKQTSPEFTLVKYGFLVSTPTTVQCSW	
SEQ ID NO:86 (HN)	(301)	YPAVGSGEIVKDRILFPPIYGGIKQTSPEFTLVKYGFLVSTPTTVQCSW	
		351	400
SEQ ID NO:11 (HN)	(351)	TYDQVKAAYRPDIYISGRFQAQVILSCALDAVDLSSCIVKIMNSSTVMMAA	
SEQ ID NO:62 (HN)	(351)	TYDQVKAAYRPDIYISGRFQAQVILSCALDAVDLSSCIVKIMNSSTVMMAA	
SEQ ID NO:74 (HN)	(351)	TYDQVKAAYRPDIYISGRFQAQVILSCALDAVDLSSCIVKIMNSSTVMMAA	
SEQ ID NO:86 (HN)	(351)	TYDQVKAAYRPDIYISGRFQAQVILSCALDAVDLSSCIVKIMNSSTVMMAA	
		401	450
SEQ ID NO:11 (HN)	(401)	EGRIKIGIDYFYQSSSSWWPLAFVTKLPQELADTNSIWLNTSIPIPQ	
SEQ ID NO:62 (HN)	(401)	EGRIKIGIDYFYQSSSSWWPLAFVTKLPQELADTNSIWLNTSIPIPQ	
SEQ ID NO:74 (HN)	(401)	EGRIKIGIDYFYQSSSSWWPLAFVTKLPQELADTNSIWLNTSIPIPQ	
SEQ ID NO:86 (HN)	(401)	EGRIKIGIDYFYQSSSSWWPLAFVTKLPQELADTNSIWLNTSIPIPQ	
		451	500
SEQ ID NO:11 (HN)	(451)	SKFPRPSYSENYCTKPAVCPATCVTVGVYSDIWELTSSSSLPSTIWIQYQL	
SEQ ID NO:62 (HN)	(451)	SKFPRPSYSENYCTKPAVCPATCVTVGVYSDIWELTSSSSLPSTIWIQYQL	
SEQ ID NO:74 (HN)	(451)	SKFPRPSYSENYCTKPAVCPATCVTVGVYSDIWELTSSSSLPSTIWIQYQL	
SEQ ID NO:86 (HN)	(451)	SKFPRPSYSENYCTKPAVCPATCVTVGVYSDIWELTSSSSLPSTIWIQYQL	
		501	550
SEQ ID NO:11 (HN)	(501)	DAPVGRITYPRFGIANQSHWYLQEDILPTSTASAYSTTTCFKNATARNRVFC	
SEQ ID NO:62 (HN)	(501)	DAPVGRITYPRFGIANQSHWYLQEDILPTSTASAYSTTTCFKNATARNRVFC	
SEQ ID NO:74 (HN)	(501)	DAPVGRITYPRFGIANQSHWYLQEDILPTSTASAYSTTTCFKNATARNRVFC	
SEQ ID NO:86 (HN)	(501)	DAPVGRITYPRFGIANQSHWYLQEDILPTSTASAYSTTTCFKNATARNRVFC	
		551	578
SEQ ID NO:11 (HN)	(551)	VTIAEFADGLFGEYRITPQLYELVRNN-	
SEQ ID NO:62 (HN)	(551)	VTIAEFADGLFGEYRITPQLYELVRNN-	
SEQ ID NO:74 (HN)	(551)	VTIAEFADGLFGEYRITPQLYELVRNN-	
SEQ ID NO:86 (HN)	(551)	VTIAEFADGLFGEYRITPQLYELVRNN-	

Figura :34 (2/2)

Identidad de secuencia de proteína

SEQ ID NO:11	v.	SEQ ID NO:62:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:11	v.	SEQ ID NO:74:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:11	v.	SEQ ID NO:86:	99%	identidad de secuencia

Identidad de secuencia de ADN

SEQ ID NO:10	v.	SEQ ID NO:61:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:10	v.	SEQ ID NO:73:	97%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:10	v.	SEQ ID NO:85:	97%	identidad de secuencia

Figura: 35 (1/5)

Alineación de proteína L

	1	50
SEQ ID NO:13 (L1)	(1) MEGDLYTNM	MEKQVDLITQPEVRLDSPITLNKLALLWRLSGLPMPADLRQ
SEQ ID NO:14 (L2)	(1) -----	MDIKQVDLITQPEVRLDSPITLNKLALLWRLSGLPMPADLRQ
SEQ ID NO:64 (L)	(1) -----	MDIKQVDLITQPEVRLDSPITLNKLALLWRLSGLPMPADLRQ
SEQ ID NO:76 (L)	(1) -----	MUKQVDLITQPEVRLDSPITLNKLALLWRLSGLPMPADLRQ
SEQ ID NO:88 (L)	(1) -----	MUKQVDLITQPEVRLDSPITLNKLALLWRLSGLPMPADLRQ
	51	100
SEQ ID NO:13 (L1)	(51) KSVVMHIFDHI	LEKSEYRIKHLGKIKSDITHYQYFNINLANEDPITHP
SEQ ID NO:14 (L2)	(43) KSVVMHIFDHI	LEKSEYRIKHLGKIKSDITHYQYFNINLANEDPITHP
SEQ ID NO:64 (L)	(43) KSVVMHIFDHI	LEKSEYRIKHLGKIKSDITHYQYFNINLANEDPITHP
SEQ ID NO:76 (L)	(43) KSVVMHIFDHI	LEKSEYRIKHLGKIKSDITHYQYFNINLANEDPITHP
SEQ ID NO:88 (L)	(43) KSVVMHIFDHI	LEKSEYRIKHLGKIKSDITHYQYFNINLANEDPITHP
	101	150
SEQ ID NO:13 (L1)	(101) KSLYWLRLTI	ASAGTFRHMKDRI
SEQ ID NO:14 (L2)	(93) KSLYWLRLTI	ASAGTFRHMKDRI
SEQ ID NO:64 (L)	(93) KSLYWLRLTI	ASAGTFRHMKDRI
SEQ ID NO:76 (L)	(93) KSLYWLRLTI	ASAGTFRHMKDRI
SEQ ID NO:88 (L)	(93) KSLYWLRLTI	ASAGTFRHMKDRI
	151	200
SEQ ID NO:13 (L1)	(151) GDLFNQSLSG	TLTASPLSPLCQFVSDIKSAVTPWSEARNSWLHIKQT
SEQ ID NO:14 (L2)	(143) GDLFNQSLSG	TLTASPLSPLCQFVSDIKSAVTPWSEARNSWLHIKQT
SEQ ID NO:64 (L)	(143) GDLFNQSLSG	TLTASPLSPLCQFVSDIKSAVTPWSEARNSWLHIKQT
SEQ ID NO:76 (L)	(143) GDLFNQSLSG	TLTASPLSPLCQFVSDIKSAVTPWSEARNSWLHIKQT
SEQ ID NO:88 (L)	(143) GDLFNQSLSG	TLTASPLSPLCQFVSDIKSAVTPWSEARNSWLHIKQT
	201	250
SEQ ID NO:13 (L1)	(201) MRYLIKQSE	TTNSAHLTEI
SEQ ID NO:14 (L2)	(193) MRYLIKQSE	TTNSAHLTEI
SEQ ID NO:64 (L)	(193) MRYLIKQSE	TTNSAHLTEI
SEQ ID NO:76 (L)	(193) MRYLIKQSE	TTNSAHLTEI
SEQ ID NO:88 (L)	(193) MRYLIKQSE	TTNSAHLTEI
	251	300
SEQ ID NO:13 (L1)	(251) MVLMSDVLES	RDNIIVLGR
SEQ ID NO:14 (L2)	(243) MVLMSDVLES	RDNIIVLGR
SEQ ID NO:64 (L)	(243) MVLMSDVLES	RDNIIVLGR
SEQ ID NO:76 (L)	(243) MVLMSDVLES	RDNIIVLGR
SEQ ID NO:88 (L)	(243) MVLMSDVLES	RDNIIVLGR
	301	350
SEQ ID NO:13 (L1)	(301) YEIIAVLES	SLSYGSQLHDASHHAGSFFSFMNMLDNTLSKRVDPKHK
SEQ ID NO:14 (L2)	(293) YEIIAVLES	SLSYGSQLHDASHHAGSFFSFMNMLDNTLSKRVDPKHK
SEQ ID NO:64 (L)	(293) YEIIAVLES	SLSYGSQLHDASHHAGSFFSFMNMLDNTLSKRVDPKHK
SEQ ID NO:76 (L)	(293) YEIIAVLES	SLSYGSQLHDASHHAGSFFSFMNMLDNTLSKRVDPKHK
SEQ ID NO:88 (L)	(293) YEIIAVLES	SLSYGSQLHDASHHAGSFFSFMNMLDNTLSKRVDPKHK
	351	400
SEQ ID NO:13 (L1)	(351) TIMSIIRQC	FSNLDVDQAAEMLCIMRLPGHPMLTAPDAAAKVRKAMCAPK
SEQ ID NO:14 (L2)	(343) TIMSIIRQC	FSNLDVDQAAEMLCIMRLPGHPMLTAPDAAAKVRKAMCAPK
SEQ ID NO:64 (L)	(343) TIMSIIRQC	FSNLDVDQAAEMLCIMRLPGHPMLTAPDAAAKVRKAMCAPK
SEQ ID NO:76 (L)	(343) TIMSIIRQC	FSNLDVDQAAEMLCIMRLPGHPMLTAPDAAAKVRKAMCAPK
SEQ ID NO:88 (L)	(343) TIMSIIRQC	FSNLDVDQAAEMLCIMRLPGHPMLTAPDAAAKVRKAMCAPK
	401	450
SEQ ID NO:13 (L1)	(401) LVERDTILQ	TLSFFKGII
SEQ ID NO:14 (L2)	(393) LVERDTILQ	TLSFFKGII
SEQ ID NO:64 (L)	(393) LVERDTILQ	TLSFFKGII
SEQ ID NO:76 (L)	(393) LVERDTILQ	TLSFFKGII
SEQ ID NO:88 (L)	(393) LVERDTILQ	TLSFFKGII
	451	500
SEQ ID NO:13 (L1)	(451) AEISHHFML	KNYKSLSMIEFKKSIDYDLHDDLSTFLKDRACRPSQWQV
SEQ ID NO:14 (L2)	(443) AEISHHFML	KNYKSLSMIEFKKSIDYDLHDDLSTFLKDRACRPSQWQV
SEQ ID NO:64 (L)	(443) AEISHHFML	KNYKSLSMIEFKKSIDYDLHDDLSTFLKDRACRPSQWQV
SEQ ID NO:76 (L)	(443) AEISHHFML	KNYKSLSMIEFKKSIDYDLHDDLSTFLKDRACRPSQWQV
SEQ ID NO:88 (L)	(443) AEISHHFML	KNYKSLSMIEFKKSIDYDLHDDLSTFLKDRACRPSQWQV

Figura : 35 (2/5)

	501	550
SEQ ID NO:13 (L1)	(501)	IFPKSLRRSHTSQYDEIKENRLLIDFLDSAEFDPCKEFAYVTMDYLH
SEQ ID NO:14 (L2)	(493)	IFPKSLRRSHTSQYDEIKENRLLIDFLDSAEFDPCKEFAYVTMDYLH
SEQ ID NO:64 (L)	(493)	IFPKSLRRSHTSQYDEIKENRLLIDFLDSAEFDPCKEFAYVTMDYLH
SEQ ID NO:76 (L)	(493)	IFPKSLRRSHTSQYDEIKENRLLIDFLDSAEFDPCKEFAYVTMDYLH
SEQ ID NO:88 (L)	(493)	IFPKSLRRSHTSQYDEIKENRLLIDFLDSAEFDPCKEFAYVTMDYLH
	551	600
SEQ ID NO:13 (L1)	(551)	DNEFCASYSLEKEIKTTGRIFAKMTFRNMRSQVILESLLSKNICKPFKE
SEQ ID NO:14 (L2)	(543)	DNEFCASYSLEKEIKTTGRIFAKMTFRNMRSQVILESLLSKNICKPFKE
SEQ ID NO:64 (L)	(543)	DNEFCASYSLEKEIKTTGRIFAKMTFRNMRSQVILESLLSKNICKPFKE
SEQ ID NO:76 (L)	(543)	DNEFCASYSLEKEIKTTGRIFAKMTFRNMRSQVILESLLSKNICKPFKE
SEQ ID NO:88 (L)	(543)	DNEFCASYSLEKEIKTTGRIFAKMTFRNMRSQVILESLLSKNICKPFKE
	601	650
SEQ ID NO:13 (L1)	(601)	NGVSEMEQLSLTKSLLAMSQLSPFVSTLQDTASRHVGNSKSKSIATSNPSRH
SEQ ID NO:14 (L2)	(593)	NGVSEMEQLSLTKSLLAMSQLSPFVSTLQDTASRHVGNSKSKSIATSNPSRH
SEQ ID NO:64 (L)	(593)	NGVSEMEQLSLTKSLLAMSQLSPFVSTLQDTASRHVGNSKSKSIATSNPSRH
SEQ ID NO:76 (L)	(593)	NGVSEMEQLSLTKSLLAMSQLSPFVSTLQDTASRHVGNSKSKSIATSNPSRH
SEQ ID NO:88 (L)	(593)	NGVSEMEQLSLTKSLLAMSQLSPFVSTLQDTASRHVGNSKSKSIATSNPSRH
	651	700
SEQ ID NO:13 (L1)	(651)	HSTPNQMSLSEKKTIVATFLTTDLKYCLQWRYSTIKLFAQALNQLFGID
SEQ ID NO:14 (L2)	(643)	HSTPNQMSLSEKKTIVATFLTTDLKYCLQWRYSTIKLFAQALNQLFGID
SEQ ID NO:64 (L)	(643)	HSTPNQMSLSEKKTIVATFLTTDLKYCLQWRYSTIKLFAQALNQLFGID
SEQ ID NO:76 (L)	(643)	HSTPNQMSLSEKKTIVATFLTTDLKYCLQWRYSTIKLFAQALNQLFGID
SEQ ID NO:88 (L)	(643)	HSTPNQMSLSEKKTIVATFLTTDLKYCLQWRYSTIKLFAQALNQLFGID
	701	750
SEQ ID NO:13 (L1)	(701)	HGFWEIHLRLMNSTLFGDPYSPFPEPTLEDIDKAPNDIDFIVSPRGIE
SEQ ID NO:14 (L2)	(693)	HGFWEIHLRLMNSTLFGDPYSPFPEPTLEDIDKAPNDIDFIVSPRGIE
SEQ ID NO:64 (L)	(693)	HGFWEIHLRLMNSTLFGDPYSPFPEPTLEDIDKAPNDIDFIVSPRGIE
SEQ ID NO:76 (L)	(693)	HGFWEIHLRLMNSTLFGDPYSPFPEPTLEDIDKAPNDIDFIVSPRGIE
SEQ ID NO:88 (L)	(693)	HGFWEIHLRLMNSTLFGDPYSPFPEPTLEDIDKAPNDIDFIVSPRGIE
	751	800
SEQ ID NO:13 (L1)	(751)	GLCQKMTWMTISISAIHCVAEKIGARVAAMVQSDNQVIAITKELFRGEKAC
SEQ ID NO:14 (L2)	(743)	GLCQKMTWMTISISAIHCVAEKIGARVAAMVQSDNQVIAITKELFRGEKAC
SEQ ID NO:64 (L)	(743)	GLCQKMTWMTISISAIHCVAEKIGARVAAMVQSDNQVIAITKELFRGEKAC
SEQ ID NO:76 (L)	(743)	GLCQKMTWMTISISAIHCVAEKIGARVAAMVQSDNQVIAITKELFRGEKAC
SEQ ID NO:88 (L)	(743)	GLCQKMTWMTISISAIHCVAEKIGARVAAMVQSDNQVIAITKELFRGEKAC
	801	850
SEQ ID NO:13 (L1)	(801)	DVRDELDELQGVFFDEFKRNHYAIGHNKLNETIQSQSFFVYSKRIFPEG
SEQ ID NO:14 (L2)	(793)	DVRDELDELQGVFFDEFKRNHYAIGHNKLNETIQSQSFFVYSKRIFPEG
SEQ ID NO:64 (L)	(793)	DVRDELDELQGVFFDEFKRNHYAIGHNKLNETIQSQSFFVYSKRIFPEG
SEQ ID NO:76 (L)	(793)	DVRDELDELQGVFFDEFKRNHYAIGHNKLNETIQSQSFFVYSKRIFPEG
SEQ ID NO:88 (L)	(793)	DVRDELDELQGVFFDEFKRNHYAIGHNKLNETIQSQSFFVYSKRIFPEG
	851	900
SEQ ID NO:13 (L1)	(851)	RLLSQVLKNAAKLCMVADHLGENTVSSCSNLSSTIARLVENGFEKDTAFV
SEQ ID NO:14 (L2)	(843)	RLLSQVLKNAAKLCMVADHLGENTVSSCSNLSSTIARLVENGFEKDTAFV
SEQ ID NO:64 (L)	(843)	RLLSQVLKNAAKLCMVADHLGENTVSSCSNLSSTIARLVENGFEKDTAFV
SEQ ID NO:76 (L)	(843)	RLLSQVLKNAAKLCMVADHLGENTVSSCSNLSSTIARLVENGFEKDTAFV
SEQ ID NO:88 (L)	(843)	RLLSQVLKNAAKLCMVADHLGENTVSSCSNLSSTIARLVENGFEKDTAFV
	901	950
SEQ ID NO:13 (L1)	(901)	LNLVYIMTQILFDEHYISIVCDHNSVKSLLIGSKNERNLLYSSLIPOGLGGF
SEQ ID NO:14 (L2)	(893)	LNLVYIMTQILFDEHYISIVCDHNSVKSLLIGSKNERNLLYSSLIPOGLGGF
SEQ ID NO:64 (L)	(893)	LNLVYIMTQILFDEHYISIVCDHNSVKSLLIGSKNERNLLYSSLIPOGLGGF
SEQ ID NO:76 (L)	(893)	LNLVYIMTQILFDEHYISIVCDHNSVKSLLIGSKNERNLLYSSLIPOGLGGF
SEQ ID NO:88 (L)	(893)	LNLVYIMTQILFDEHYISIVCDHNSVKSLLIGSKNERNLLYSSLIPOGLGGF
	951	1000
SEQ ID NO:13 (L1)	(951)	NFLNISRLFTRNIGDPVTCSLSDLKCFIAAGLLPPYVLKNVVLREPGPGT
SEQ ID NO:14 (L2)	(943)	NFLNISRLFTRNIGDPVTCSLSDLKCFIAAGLLPPYVLKNVVLREPGPGT
SEQ ID NO:64 (L)	(943)	NFLNISRLFTRNIGDPVTCSLSDLKCFIAAGLLPPYVLKNVVLREPGPGT
SEQ ID NO:76 (L)	(943)	NFLNISRLFTRNIGDPVTCSLSDLKCFIAAGLLPPYVLKNVVLREPGPGT
SEQ ID NO:88 (L)	(943)	NFLNISRLFTRNIGDPVTCSLSDLKCFIAAGLLPPYVLKNVVLREPGPGT
	1001	1050
SEQ ID NO:13 (L1)	(1001)	WLTLCSDPYTLNIPTTQLEPTTYLKKHTQRELLSRVNPPLAGVQVPNGHE
SEQ ID NO:14 (L2)	(993)	WLTLCSDPYTLNIPTTQLEPTTYLKKHTQRELLSRVNPPLAGVQVPNGHE
SEQ ID NO:64 (L)	(993)	WLTLCSDPYTLNIPTTQLEPTTYLKKHTQRELLSRVNPPLAGVQVPNGHE
SEQ ID NO:76 (L)	(993)	WLTLCSDPYTLNIPTTQLEPTTYLKKHTQRELLSRVNPPLAGVQVPNGHE
SEQ ID NO:88 (L)	(993)	WLTLCSDPYTLNIPTTQLEPTTYLKKHTQRELLSRVNPPLAGVQVPNGHE

Figura 35 (3/5)

		1051		1100
SEQ ID NO:13 (L1)	(1051)	EEEMLARFLDREYVMPVAVHVELESVLGKPKQIQGLIDTPTTIIRTEL		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1043)	EEEMLARFLDREYVMPVAVHVELESVLGKPKQIQGLIDTPTTIIRTEL		
SEQ ID NO:64 (L)	(1043)	EEEMLARFLDREYVMPVAVHVELESVLGKPKQIQGLIDTPTTIIRTEL		
SEQ ID NO:76 (L)	(1043)	EEEMLARFLDREYVMPVAVHVELESVLGKPKQIQGLIDTPTTIIRTEL		
SEQ ID NO:88 (L)	(1043)	EEEMLARFLDREYVMPVAVHVELESVLGKPKQIQGLIDTPTTIIRTEL		
		1101		1150
SEQ ID NO:13 (L1)	(1101)	VNLPVSRKKCEKIINYSLNYYIABCHDSLLSQVCFSDNKEYLWSTSLISVE		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1093)	VNLPVSRKKCEKIINYSLNYYIABCHDSLLSQVCFSDNKEYLWSTSLISVE		
SEQ ID NO:64 (L)	(1093)	VNLPVSRKKCEKIINYSLNYYIABCHDSLLSQVCFSDNKEYLWSTSLISVE		
SEQ ID NO:76 (L)	(1093)	VNLPVSRKKCEKIINYSLNYYIABCHDSLLSQVCFSDNKEYLWSTSLISVE		
SEQ ID NO:88 (L)	(1093)	VNLPVSRKKCEKIINYSLNYYIABCHDSLLSQVCFSDNKEYLWSTSLISVE		
		1151		1200
SEQ ID NO:13 (L1)	(1151)	TCSVTIADYLRAVSWSNILGGRNISGVTTPTDTELIQCLIGENSSCTLC		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1143)	TCSVTIADYLRAVSWSNILGGRNISGVTTPTDTELIQCLIGENSSCTLC		
SEQ ID NO:64 (L)	(1143)	TCSVTIADYLRAVSWSNILGGRNISGVTTPTDTELIQCLIGENSSCTLC		
SEQ ID NO:76 (L)	(1143)	TCSVTIADYLRAVSWSNILGGRNISGVTTPTDTELIQCLIGENSSCTLC		
SEQ ID NO:88 (L)	(1143)	TCSVTIADYLRAVSWSNILGGRNISGVTTPTDTELIQCLIGENSSCTLC		
		1201		1250
SEQ ID NO:13 (L1)	(1201)	ESHDDAFTWMHLPGLYIPEPSVTNSKMRVPYLGSKTEERKTASMAAIG		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1193)	ESHDDAFTWMHLPGLYIPEPSVTNSKMRVPYLGSKTEERKTASMAAIG		
SEQ ID NO:64 (L)	(1193)	ESHDDAFTWMHLPGLYIPEPSVTNSKMRVPYLGSKTEERKTASMAAIG		
SEQ ID NO:76 (L)	(1193)	ESHDDAFTWMHLPGLYIPEPSVTNSKMRVPYLGSKTEERKTASMAAIG		
SEQ ID NO:88 (L)	(1193)	ESHDDAFTWMHLPGLYIPEPSVTNSKMRVPYLGSKTEERKTASMAAIG		
		1251		1300
SEQ ID NO:13 (L1)	(1251)	MSHHLRAVLGTSVFIWAFGDTDINWDNALQIAQSRCNITLDQMRLTPI		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1243)	MSHHLRAVLGTSVFIWAFGDTDINWDNALQIAQSRCNITLDQMRLTPI		
SEQ ID NO:64 (L)	(1243)	MSHHLRAVLGTSVFIWAFGDTDINWDNALQIAQSRCNITLDQMRLTPI		
SEQ ID NO:76 (L)	(1243)	MSHHLRAVLGTSVFIWAFGDTDINWDNALQIAQSRCNITLDQMRLTPI		
SEQ ID NO:88 (L)	(1243)	MSHHLRAVLGTSVFIWAFGDTDINWDNALQIAQSRCNITLDQMRLTPI		
		1301		1350
SEQ ID NO:13 (L1)	(1301)	PSSSNIQRLDDGISTQKTPASLARITSEVHICNDGSRLEKDGSSVDGN		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1293)	PSSSNIQRLDDGISTQKTPASLARITSEVHICNDGSRLEKDGSSVDGN		
SEQ ID NO:64 (L)	(1293)	PSSSNIQRLDDGISTQKTPASLARITSEVHICNDGSRLEKDGSSVDGN		
SEQ ID NO:76 (L)	(1293)	PSSSNIQRLDDGISTQKTPASLARITSEVHICNDGSRLEKDGSSVDGN		
SEQ ID NO:88 (L)	(1293)	PSSSNIQRLDDGISTQKTPASLARITSEVHICNDGSRLEKDGSSVDGN		
		1351		1400
SEQ ID NO:13 (L1)	(1351)	LIYQQIMLLGLSIFETMYEMDQKWVFNHNLHLETCGHSCCPRELDISLVN		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1343)	LIYQQIMLLGLSIFETMYEMDQKWVFNHNLHLETCGHSCCPRELDISLVN		
SEQ ID NO:64 (L)	(1343)	LIYQQIMLLGLSIFETMYEMDQKWVFNHNLHLETCGHSCCPRELDISLVN		
SEQ ID NO:76 (L)	(1343)	LIYQQIMLLGLSIFETMYEMDQKWVFNHNLHLETCGHSCCPRELDISLVN		
SEQ ID NO:88 (L)	(1343)	LIYQQIMLLGLSIFETMYEMDQKWVFNHNLHLETCGHSCCPRELDISLVN		
		1401		1450
SEQ ID NO:13 (L1)	(1401)	EPRHQTFELSTTTNPFYDQLPLNQNLTLEIKTFKFNLNIDGLDFG		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1393)	EPRHQTFELSTTTNPFYDQLPLNQNLTLEIKTFKFNLNIDGLDFG		
SEQ ID NO:64 (L)	(1393)	EPRHQTFELSTTTNPFYDQLPLNQNLTLEIKTFKFNLNIDGLDFG		
SEQ ID NO:76 (L)	(1393)	EPRHQTFELSTTTNPFYDQLPLNQNLTLEIKTFKFNLNIDGLDFG		
SEQ ID NO:88 (L)	(1393)	EPRHQTFELSTTTNPFYDQLPLNQNLTLEIKTFKFNLNIDGLDFG		
		1451		1500
SEQ ID NO:13 (L1)	(1451)	ESIQLLSERTARLMACILEEGIGSSVKNBAIVNFDNSVNWISECLMCDI		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1443)	ESIQLLSERTARLMACILEEGIGSSVKNBAIVNFDNSVNWISECLMCDI		
SEQ ID NO:64 (L)	(1443)	ESIQLLSERTARLMACILEEGIGSSVKNBAIVNFDNSVNWISECLMCDI		
SEQ ID NO:76 (L)	(1443)	ESIQLLSERTARLMACILEEGIGSSVKNBAIVNFDNSVNWISECLMCDI		
SEQ ID NO:88 (L)	(1443)	ESIQLLSERTARLMACILEEGIGSSVKNBAIVNFDNSVNWISECLMCDI		
		1501		1550
SEQ ID NO:13 (L1)	(1501)	RSLCVNLQGEILCSLAYQMYYLRIKGRRAILNYLDTTLQRIPIVIGLANIA		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1493)	RSLCVNLQGEILCSLAYQMYYLRIKGRRAILNYLDTTLQRIPIVIGLANIA		
SEQ ID NO:64 (L)	(1493)	RSLCVNLQGEILCSLAYQMYYLRIKGRRAILNYLDTTLQRIPIVIGLANIA		
SEQ ID NO:76 (L)	(1493)	RSLCVNLQGEILCSLAYQMYYLRIKGRRAILNYLDTTLQRIPIVIGLANIA		
SEQ ID NO:88 (L)	(1493)	RSLCVNLQGEILCSLAYQMYYLRIKGRRAILNYLDTTLQRIPIVIGLANIA		
		1551		1600
SEQ ID NO:13 (L1)	(1551)	LTISEPPIFRIVNTGIHNQIKGPYVATTDPIAASRDIILSGAREYLSYL		
SEQ ID NO:14 (L2)	(1543)	LTISEPPIFRIVNTGIHNQIKGPYVATTDPIAASRDIILSGAREYLSYL		
SEQ ID NO:64 (L)	(1543)	LTISEPPIFRIVNTGIHNQIKGPYVATTDPIAASRDIILSGAREYLSYL		
SEQ ID NO:76 (L)	(1543)	LTISEPPIFRIVNTGIHNQIKGPYVATTDPIAASRDIILSGAREYLSYL		
SEQ ID NO:88 (L)	(1543)	LTISEPPIFRIVNTGIHNQIKGPYVATTDPIAASRDIILSGAREYLSYL		

Figura 35 (4/5)

		1601	1650
SEQ ID NO:13 (L1)	(1601)	SSGQEDCYTFFNCQDGLTPKMEQYLARRACLLTLLYNTGHIPIVIRSLT	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1593)	SSGQEDCYTFFNCQDGLTPKMEQYLARRACLLTLLYNTGHIPIVIRSLT	
SEQ ID NO:64 (L)	(1593)	SSGQEDCYTFFNCQDGLTPKMEQYLARRACLLTLLYNTGHIPIVIRSLT	
SEQ ID NO:76 (L)	(1593)	SSGQEDCYTFFNCQDGLTPKMEQYLARRACLLTLLYNTGHIPIVIRSLT	
SEQ ID NO:88 (L)	(1593)	SSGQEDCYTFFNCQDGLTPKMEQYLARRACLLTLLYNTGHIPIVIRSLT	
		1651	1700
SEQ ID NO:13 (L1)	(1651)	PIEKCKVLTEYNQIIEYADQEFSSVLKVVNALLQNPIDALVSNLYFTTR	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1643)	PIEKCKVLTEYNQIIEYADQEFSSVLKVVNALLQNPIDALVSNLYFTTR	
SEQ ID NO:64 (L)	(1643)	PIEKCKVLTEYNQIIEYADQEFSSVLKVVNALLQNPIDALVSNLYFTTR	
SEQ ID NO:76 (L)	(1643)	PIEKCKVLTEYNQIIEYADQEFSSVLKVVNALLQNPIDALVSNLYFTTR	
SEQ ID NO:88 (L)	(1643)	PIEKCKVLTEYNQIIEYADQEFSSVLKVVNALLQNPIDALVSNLYFTTR	
		1701	1750
SEQ ID NO:13 (L1)	(1701)	RVLSNLRSCDKARISYIEVLYTEDFGKEEDTVQYDINTNDIILTHGLFTQ	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1693)	RVLSNLRSCDKARISYIEVLYTEDFGKEEDTVQYDINTNDIILTHGLFTQ	
SEQ ID NO:64 (L)	(1693)	RVLSNLRSCDKARISYIEVLYTEDFGKEEDTVQYDINTNDIILTHGLFTQ	
SEQ ID NO:76 (L)	(1693)	RVLSNLRSCDKARISYIEVLYTEDFGKEEDTVQYDINTNDIILTHGLFTQ	
SEQ ID NO:88 (L)	(1693)	RVLSNLRSCDKARISYIEVLYTEDFGKEEDTVQYDINTNDIILTHGLFTQ	
		1751	1800
SEQ ID NO:13 (L1)	(1751)	IEISYQGSLSLHFLTPDNAPGSLIPFSISFNSLACDPLHLLKSVGTSET	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1743)	IEISYQGSLSLHFLTPDNAPGSLIPFSISFNSLACDPLHLLKSVGTSET	
SEQ ID NO:64 (L)	(1743)	IEISYQGSLSLHFLTPDNAPGSLIPFSISFNSLACDPLHLLKSVGTSET	
SEQ ID NO:76 (L)	(1743)	IEISYQGSLSLHFLTPDNAPGSLIPFSISFNSLACDPLHLLKSVGTSET	
SEQ ID NO:88 (L)	(1743)	IEISYQGSLSLHFLTPDNAPGSLIPFSISFNSLACDPLHLLKSVGTSET	
		1801	1850
SEQ ID NO:13 (L1)	(1801)	SWYKYAIAYAVSEKRSARLGGSLYIGEGSGSVMTLLEYLPSVDIFYNSL	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1793)	SWYKYAIAYAVSEKRSARLGGSLYIGEGSGSVMTLLEYLPSVDIFYNSL	
SEQ ID NO:64 (L)	(1793)	SWYKYAIAYAVSEKRSARLGGSLYIGEGSGSVMTLLEYLPSVDIFYNSL	
SEQ ID NO:76 (L)	(1793)	SWYKYAIAYAVSEKRSARLGGSLYIGEGSGSVMTLLEYLPSVDIFYNSL	
SEQ ID NO:88 (L)	(1793)	SWYKYAIAYAVSEKRSARLGGSLYIGEGSGSVMTLLEYLPSVDIFYNSL	
		1851	1900
SEQ ID NO:13 (L1)	(1851)	FSEGMNPPQPNYGLMPLQFVNSVVKNTAKSECKLGFVQQPKPLWRDID	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1843)	FSEGMNPPQPNYGLMPLQFVNSVVKNTAKSECKLGFVQQPKPLWRDID	
SEQ ID NO:64 (L)	(1843)	FSEGMNPPQPNYGLMPLQFVNSVVKNTAKSECKLGFVQQPKPLWRDID	
SEQ ID NO:76 (L)	(1843)	FSEGMNPPQPNYGLMPLQFVNSVVKNTAKSECKLGFVQQPKPLWRDID	
SEQ ID NO:88 (L)	(1843)	FSEGMNPPQPNYGLMPLQFVNSVVKNTAKSECKLGFVQQPKPLWRDID	
		1901	1950
SEQ ID NO:13 (L1)	(1901)	IETNVTDPSPFNALNEIFMQSLKRVNCDVEFDGMPIERVIQGYTHILL	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1893)	IETNVTDPSPFNALNEIFMQSLKRVNCDVEFDGMPIERVIQGYTHILL	
SEQ ID NO:64 (L)	(1893)	IETNVTDPSPFNALNEIFMQSLKRVNCDVEFDGMPIERVIQGYTHILL	
SEQ ID NO:76 (L)	(1893)	IETNVTDPSPFNALNEIFMQSLKRVNCDVEFDGMPIERVIQGYTHILL	
SEQ ID NO:88 (L)	(1893)	IETNVTDPSPFNALNEIFMQSLKRVNCDVEFDGMPIERVIQGYTHILL	
		1951	2000
SEQ ID NO:13 (L1)	(1951)	VATYGLQDQDILWVKVYRTSEKVFQFLSAMIMIFGYVKIHRNGYMSAKD	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1943)	VATYGLQDQDILWVKVYRTSEKVFQFLSAMIMIFGYVKIHRNGYMSAKD	
SEQ ID NO:64 (L)	(1943)	VATYGLQDQDILWVKVYRTSEKVFQFLSAMIMIFGYVKIHRNGYMSAKD	
SEQ ID NO:76 (L)	(1943)	VATYGLQDQDILWVKVYRTSEKVFQFLSAMIMIFGYVKIHRNGYMSAKD	
SEQ ID NO:88 (L)	(1943)	VATYGLQDQDILWVKVYRTSEKVFQFLSAMIMIFGYVKIHRNGYMSAKD	
		2001	2050
SEQ ID NO:13 (L1)	(2001)	EERYILMEDCKEPVNYTAVPNILTRVSDLVSKNLSLIHPEDLRKVRCEQDS	
SEQ ID NO:14 (L2)	(1993)	EERYILMEDCKEPVNYTAVPNILTRVSDLVSKNLSLIHPEDLRKVRCEQDS	
SEQ ID NO:64 (L)	(1993)	EERYILMEDCKEPVNYTAVPNILTRVSDLVSKNLSLIHPEDLRKVRCEQDS	
SEQ ID NO:76 (L)	(1993)	EERYILMEDCKEPVNYTAVPNILTRVSDLVSKNLSLIHPEDLRKVRCEQDS	
SEQ ID NO:88 (L)	(1993)	EERYILMEDCKEPVNYTAVPNILTRVSDLVSKNLSLIHPEDLRKVRCEQDS	
		2051	2100
SEQ ID NO:13 (L1)	(2051)	LNLEKCNHIEYKI IARKIPLQVSSTDLSLLQLGGVINSVGSTDPREVATLS	
SEQ ID NO:14 (L2)	(2043)	LNLEKCNHIEYKI IARKIPLQVSSTDLSLLQLGGVINSVGSTDPREVATLS	
SEQ ID NO:64 (L)	(2043)	LNLEKCNHIEYKI IARKIPLQVSSTDLSLLQLGGVINSVGSTDPREVATLS	
SEQ ID NO:76 (L)	(2043)	LNLEKCNHIEYKI IARKIPLQVSSTDLSLLQLGGVINSVGSTDPREVATLS	
SEQ ID NO:88 (L)	(2043)	LNLEKCNHIEYKI IARKIPLQVSSTDLSLLQLGGVINSVGSTDPREVATLS	
		2101	2150
SEQ ID NO:13 (L1)	(2101)	SIECMDYVVSSIDLAILANIVISESAGLDLALMLGFPNINLKKIDTIL	
SEQ ID NO:14 (L2)	(2093)	SIECMDYVVSSIDLAILANIVISESAGLDLALMLGFPNINLKKIDTIL	
SEQ ID NO:64 (L)	(2093)	SIECMDYVVSSIDLAILANIVISESAGLDLALMLGFPNINLKKIDTIL	
SEQ ID NO:76 (L)	(2093)	SIECMDYVVSSIDLAILANIVISESAGLDLALMLGFPNINLKKIDTIL	
SEQ ID NO:88 (L)	(2093)	SIECMDYVVSSIDLAILANIVISESAGLDLALMLGFPNINLKKIDTIL	

Figura 35 (5/5)

		2151	2200
SEQ ID NO:13 (L1)	(2151)	KSSTYQLIPYWLRYEYSINPRSLSPFLITKLQQCRISWSDMITISEFCKKS	
SEQ ID NO:14 (L2)	(2143)	KSSTYQLIPYWLRYEYSINPRSLSPFLITKLQQCRISWSDMITISEFCKKS	
SEQ ID NO:64 (L)	(2143)	KSSTYQLIPYWLRYEYSINPRSLSPFLITKLQQCRISWSDMITISEFCKKS	
SEQ ID NO:76 (L)	(2143)	KSSTYQLIPYWLRYEYSINPRSLSPFLITKLQQCRISWSDMITISEFCKKS	
SEQ ID NO:88 (L)	(2143)	KSSTYQLIPYWLRYEYSINPRSLSPFLITKLQQCRISWSDMITISEFCKKS	
		2201	2247
SEQ ID NO:13 (L1)	(2201)	KRPFIKRVIGNQQLKSPFNESSEIVLTRAENVKVCIKFLGAIKIKL-	
SEQ ID NO:14 (L2)	(2193)	KRPFIKRVIGNQQLKSPFNESSEIVLTRAENVKVCIKFLGAIKIKL-	
SEQ ID NO:64 (L)	(2193)	KRPFIKRVIGNQQLKSPFNESSEIVLTRAENVKVCIKFLGAIKIKL-	
SEQ ID NO:76 (L)	(2193)	KRPFIKRVIGNQQLKSPFNESSEIVLTRAENVKVCIKFLGAIKIKL-	
SEQ ID NO:88 (L)	(2193)	KRPFIKRVIGNQQLKSPFNESSEIVLTRAENVKVCIKFLGAIKIKL-	

Identidad de secuencia de proteína

SEQ ID NO:14	v.	SEQ ID NO:64:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:14	v.	SEQ ID NO:76:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:14	v.	SEQ ID NO:88:	98%	identidad de secuencia

Identidad de secuencia de ADN

SEQ ID NO:12	v.	SEQ ID NO:63:	99%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:12	v.	SEQ ID NO:75:	97%	identidad de secuencia
SEQ ID NO:12	v.	SEQ ID NO:87:	97%	identidad de secuencia