

(12) FASCÍCULO DE PATENTE DE INVENÇÃO

(22) Data de pedido: 2005.07.28	(73) Titular(es): NATIONAL RESEARCH COUNCIL OF CANADA 1200 MONTRÉAL ROAD OTTAWA, ONTARIO K1A 0R6 CA
(30) Prioridade(s): 2004.07.28 US 591626 P	
(43) Data de publicação do pedido: 2011.12.21	
(45) Data e BPI da concessão: 2016.05.04 111/2016	(72) Inventor(es): NEIL W ROSS CA STEWART C JOHNSON CA MARK D FAST CA KATHRYN VANYA EWART CA
	(74) Mandatário: ALBERTO HERMÍNIO MANIQUE CANELAS RUA VÍCTOR CORDON, 14 1249-103 LISBOA PT

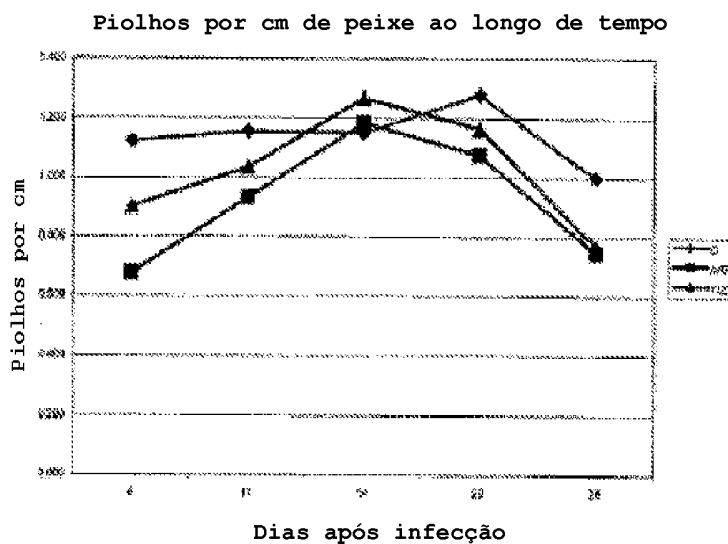
(54) Epígrafe: **VACINAS RECOMBINANTES CONTRA COPÉPODES CALIGÍDEOS (PIOLHOS MARINHOS) E SUAS SEQUÊNCIAS ANTIGÉNICAS**

(57) Resumo:

UMA VACINA RECOMBINANTE CONTRA A INFECÇÃO POR COPÉPODES CALIGÍDEOS EM PEIXES, EM QUE A VACINA COMPREENDE UMA QUANTIDADE IMUNOLOGICAMENTE EFICAZ DE UM ANTIGÉNIO DE PROTEÍNA DE ADESÃO 2 RECOMBINANTE PURIFICADA E UM ADJUVANTE, DILUENTE OU VEÍCULO FARMACEUTICAMENTE ACEITÁVEL.

RESUMO**"VACINAS RECOMBINANTES CONTRA COPÉPODES CALIGÍDEOS (PIOLHOS MARINHOS) E SUAS SEQUÊNCIAS ANTIGÊNICAS"**

Uma vacina recombinante contra a infecção por copépodes caligídeos em peixes, em que a vacina compreende uma quantidade imunologicamente eficaz de um antígeno de proteína de adesão 2 recombinante purificada e um adjuvante, diluente ou veículo farmacêuticamente aceitável.



DESCRIÇÃO

"VACINAS RECOMBINANTES CONTRA COPÉPODES CALIGÍDEOS (PIOLHOS MARINHOS) E SUAS SEQUÊNCIAS ANTIGÉNICAS"

CAMPO DA INVENÇÃO

A presente invenção refere-se, de um modo geral, a vacinas de salmão. Mais particularmente, a presente invenção refere-se a vacinas contra copépodes parasíticos caligídeos (piolhos marinhos) e suas sequências de antigénio.

ANTECEDENTES DA INVENÇÃO

Várias espécies intimamente relacionadas de copépodes parasíticos na família *Caligidae* (copépodes caligídeos) infetam e provocam doença em peixes em cultura. Coletivamente, estas espécies são referidas como piolhos marinhos. Existem três géneros principais de piolhos marinhos: *Pseudocaligus*, *Caligus* e *Lepeophtheirus*. Em relação à produção de salmonídeos ao longo do hemisfério norte, uma espécie, o piolho do salmão (*Lepeophtheirus salmonis*), é responsável pela maioria dos surtos de doença em explorações de salmonídeos. Este parasita é responsável por perdas indiretas e direta em aquacultura de mais de 100 milhões de US\$ anualmente (Johnson, S.C., *et al.*, *Zool Studies* 43: 8-19, 2004). Todos os estágios de

desenvolvimento dos piolhos marinhos, que se ligam ao hospedeiro, alimentam-se do muco, pele e sangue do hospedeiro. As atividades de ligação e de alimentação de piolhos marinhos resultam em lesões que variam na sua natureza e gravidade dependendo de: a espécie de piolhos marinhos, a sua abundância, os estágios de desenvolvimento presentes e a espécie do hospedeiro (Johnson, S.C. et al., "Interactions between sea lice and their hosts". In: Host-Parasite Interactions. Editors: G. Wiegertjes e G. Flik, Garland Science/Bios Science Publications, 2004, pp. 131-160). No hemisfério sul, *Caligus rogercresseyi*, é o principal caligídeo que afeta a indústria de criação de salmão no Chile (González, L. e Carvajal, J. *Aquaculture* 220: 101-117, 2003).

Os copépodes caligídeos possuem ciclos de vida diretos que consistem em dois estágios de Nauplius planctônicos de vida livre, um estágio de copepódico infeccioso que nada livremente, quatro a seis estágios de chalimus ligados, um ou dois estágios pré-adultos, e um estágio adulto (Kabata, Z., Book 1: Crustacea as enemies of fishes. In: Diseases of Fishes., Editors: Snieszko, S.F. e Axelrod, H.R.; New York, T.F.H. Publications, 1970, p. 171). Cada um destes estágios de desenvolvimento é separado por uma muda. Assim que é alcançado o estágio adulto os copépodes caligídeos não sofrem mudas adicionais. No caso de *L. salmonis*, os ovos eclodem no primeiro estágio de *nauplius* que nada livremente, que é seguido por um segundo estágio *nauplius*, e depois o estágio *copepodid* infetante. Assim que o copépode localiza um peixe hospedeiro adequado

continua o ser desenvolvimento através de quatro estágios de *chalimus*, primeiro e segundo estágios pré-adulto, e depois um estágio adulto final (Schram, T.A. "Supplemental descriptions of the developmental stages of *Lepeophtheirus salmonis* (Krøyer, 1837) (Copepoda: Caligidae)". In: Pathogens of Wild and Farmed Fish: Sea lice. Editors: Boxshall, G.A. e Defaye, D., 1993, pp. 30-50). As mudas são caracterizadas por alterações graduais à medida que o animal cresce e sofre modificações físicas que lhe permitem viver como um parasita de livre circulação, alimentando-se e reproduzindo-se na superfície do peixe.

Os copépodes caligídeos (piolhos marinhos) alimentam-se do muco, pele e sangue dos seus hospedeiros que conduzem a lesões que variam na gravidade, com base no(s) estágio(s) de desenvolvimento dos copépodes presentes, o número de copépodes presentes, os seus sítio(s) de ligação e a espécie do hospedeiro. Em situações de doença grave, tal como se observa no salmão do Atlântico (*Salada de salmão* quando infetada por números elevados de *L. salmonis*, podem ser observadas áreas extensas de erosão da pela e hemorragias na cabeça e no dorso, e uma área de erosão distinta e hemorragia sub-epidérmica na região perianal (Grimnes, A. et al. *J Fish Biol* 48: 1179-1194, 1996). Os piolhos marinhos podem provocar alterações fisiológicas nos seus hospedeiros incluindo o desenvolvimento de uma resposta de stress, função imunitária reduzida, falência osmorreguladora e morte se não for tratada (Johnson et al., *supra*).

Existem várias estratégias de gestão que têm sido utilizadas para reduzir a intensidade das infestações do copépode caligídeo (piolhos marinhos). Estas incluem: acompanhar os sítios antes do repovoamento, separação por classe do ano e seleção de sítios de criação para evitar áreas onde existem densidades elevadas de hospedeiros selvagens ou outras condições ambientais adequadas para o estabelecimento de piolhos marinhos (Pike, A.W. *et al.* *Adv Parasitol* 44: 233-337, 1999). Embora a utilização destas estratégias possa, em alguns casos diminuir as taxas de infeção de piolhos marinhos, a sua utilização individualmente ou em combinação não foi eficaz a eliminar a infeção.

Foi utilizada uma variedade de produtos químicos e de fármacos para controlar piolhos marinhos. Estes produtos químicos foram concebidos para o controlo de pestes terrestres e parasitas de plantas e animais domésticos. Estes incluem compostos tais como peróxido de hidrogénio, organofosfatos (e.g., diclorvós e azametifos), ivermectina (e compostos relacionados, tais como benzoato de emamectina), reguladores da muda de insetos e piretrinas (MacKinnon, B.M., *World Aquaculture* 28: 5-10, 1997; Stone J., *et al.*, *J Fish Dis* 22: 261-270, 1999). Os tratamentos contra piolhos marinhos podem ser classificados naqueles que são administrados com banhos (e.g. organofosfatos, piretrinas) e aqueles que são administrados oralmente (e.g. ivermectina). Os tratamentos em banho para controlar os piolhos marinhos são difícil, a sua aplicação é dispendiosa e podem ter efeitos significativos no crescimento do peixe

após os tratamentos (MacKinnon, *supra*). Os produtos químicos utilizados nos tratamentos de banho não são necessariamente eficazes contra todos os estágios de piolhos marinhos que se encontram no peixe. Atualmente, a utilização dos tratamentos orais, tais como SLICE® (benzoato de emamectina) é predominante na indústria de salmonídeos. Ao contrário dos produtos químicos administrados como tratamentos de banho, o SLICE® não proporciona protecção a curto termo contra a reinfeção. Este tratamento embora seja mais fácil de aplicar do que os tratamentos em banho, é ainda dispendioso e, como em ambos os tratamentos, requiere um período de intervalo de segurança antes de os animais poderem ser abatidos para consumo humano (Stone, *supra*). Como observado em pestes e parasitas terrestres, há evidência para o desenvolvimento de resistência em *L. salmonis* a alguns desses tratamentos, especialmente em populações tratadas frequentemente (Denholm, I., *Pest Manag Sci* 58: 528-536, 2002). Para reduzir os custos associados aos tratamentos contra piolhos marinhos e para eliminar os riscos ambientais associados a esses tratamentos, são necessários novos métodos de controlo de piolhos marinhos, tais como vacinas.

Uma característica típica dos sítios de ligação e alimentação de copépodes caligídeos em muitos dos seus hospedeiros é uma falta de uma resposta imunitária do hospedeiro (Johnson *et al.*, *supra*; Jones, M.W., *et al.*, *J Fish Dis* 13: 303-310, 1990; Jónsdóttir, H., *et al.*, *J Fish Dis* 15: 521-527, 1992). Esta falta de uma resposta

imunitária é semelhante à relatada para outros parasitas artrópodes, tais como as carraças em animais terrestres. Nesses casos, a supressão da resposta imunitária do hospedeiro é devida à produção de substâncias imunomoduladoras pelo parasita (Wikel, S. K., et al., "Arthropod modulation of host immune responses". In *The Immunology of Host-Ectoparasitic Arthropod Relationships*. Editors: Wikel, S. K., CAB Int., 1996, pp. 107-130). Estas substâncias estão a ser investigadas para utilização como antigénios de vacina para controlar estes parasitas. Os piolhos marinhos, tais como *L. salmonis*, como outros artrópodes ectoparasitas, produzem substâncias biologicamente ativas no sítio de ligação e alimentação que limitam uma resposta imunitária do hospedeiro. Como estas substâncias possuem potencial para utilização numa vacina contra piolhos marinhos os autores identificaram várias destas substâncias de *L. salmonis* e examinaram os seus efeitos da função imunitária do hospedeiro *in vitro*.

Foram identificados antigénios potenciais utilizando uma combinação de técnicas de biologia molecular, proteómica, bioquímica e imunologia. Por exemplo, foi observado um aumento na atividade de protease no muco de salmão Atlântico infectado com *L. salmonis*, comparado com o peixe não infetado (Ross, N.W., et al., *Dis Aquat Org* 41: 43-51, 2000; Fast, M.D., et al., *Dis Aquat Org* 52: 57-68, 2002). Este aumento da atividade é principalmente devido ao aspeto de uma série de proteínas de peso molecular baixo (18-24 kDa), que são produzidas por *L. salmonis* e foram

identificadas como tripsinas com base na atividade, estudos de inibição e tamanho. Foi identificada a atividade da tripsina em muco de salmão infetado utilizando adsorção de afinidade de aminobenzamidina e zimografia de protease (Firth, K.J., et al., *J Parasitol* 86: 1199-1205, 2000). Foram caracterizados vários genes que codificam para a tripsina a partir de *L. salmonis* e o sítio da expressão da tripsina foi determinado (Johnson, S.C., et al., *Parasitol Res* 88: 789-796, 2002; Kvamme, B.O., et al., *Int. J. Parasitol.* 34, 823-832, 2004; Kvamme, B.O. et al., *Gene* 352:63-72, 2005).

Foram desenvolvidas várias bibliotecas de cDNA a partir dos estágios de copépode, pré-adulto e adulto de *L. salmonis*. Um estudo de marcador de sequência expressa (EST) da biblioteca de pré-adulto resultou na identificação de vários genes que codificam a tripsina e proteases relacionadas (incluindo quimotripsina e outras na família da peptidase S1), proteínas de choque térmico, proteínas da cutícula e enzimas metabólicas. Alguns destes genes, como aqui descrito, têm utilidade como antigénios numa vacina de piolhos marinhos.

A atividade de tipo tripsina é secretada por *L. salmonis* para a pele do salmão e crê-se que seja utilizada pelos piolhos marinhos para se alimentarem no muco, pele e sangue do salmão e para proteger os piolhos marinhos da resposta imunitária do salmão (Firth, et al. *supra*). A tripsina foi descoberta nos produtos de secreção (SPs) dos

piolhos marinhos, após estimulação com dopamina, por sequenciação de aminoácidos utilizando espectrometria de massa. A Tabela 1 apresenta as sequências peptídicas da tripsina secretada por *L. salmonis*. A proteção contra a tripsina de piolhos marinhos pode reduzir a alimentação dos piolhos e reduzir a supressão da resposta imunitária.

Tabela 1: Sumário da tripsina secretada por *L. salmonis* identificada por LC/MS/MS

Emparelhamentos de proteínas de piolhos marinhos	Fração de Assoc. (pool#- fraction#)	Ião Paren- tal (m/z)	Mr (Da)	Erro (ppm) ^a	Valor ^b	Sequência peptídica (início- fim) ^c
Tripsina de	1-2	579,80	1157,77	27	46	²¹⁵ FILWIAEHQ ²²³ (SEQ ID NO:25)
Piolhos marinhos	1-1	638,35	1274,69	38	72	⁷¹ IIVSDITYHEK ⁸¹ (SEQ ID NO:26)
(tipos 1-4)	3-6	920,18	1840,28	13	25	¹¹⁵ DQEFIGDWVSGVGTI SSSGPPSPVLIK ¹⁴¹ (SEQ ID NO:27)
SL-0903	1-1	580,28	1158,48	46	27	NQYDEFESK (SEQ ID NO: 28)
Tipo vitelogenina						
SL-1469 SEP	1-1	724,85	1447,66	17	24	LSFEHETEEFAR (SEQ ID NO: 29)
proteína 3	1-2	879,98	1757,91	29	72	IILGHEFTPGYIENR (SEQ ID NO: 30)
SL-0547 SEP	1-1	604,31	1204,67	19	25	IVLIKELSSGM (SEQ ID NO: 31) + M oxidação ^d
SL-0858 SEP	1-2	1248,71	2495,33	65	35	AGQYGEISGIVLPNIP PSISNLAK (SEQ ID NO: 32)
Proteína 2						

^a Diferença (em partes-por-milhão) entre a massa medida e a massa prevista a partir das sequências de DNA.

^b Classificação da pesquisa de MASCOT™, valores acima de 21 indicam identidade ou homologia extensa (p<0,05)

^c Brometo de cianogênio/sequência de péptido triptico prevista a partir da sequência de DNA.

^d oxidação +M significa que o emparelhamento de MASCOT foi para um péptido que contém um resíduo de metionina oxidado.

A proteína tipo vitelogenina foi descoberta nos produtos de secreção (SPs) de piolhos marinhos após estimulação com dopamina. A vitelogenina foi previamente referida como sendo um antigénio eficaz numa vacina contra as carraças (Tellam, R.I., *et al.*, *Vet Parasitol* 103: 141-156, 2002). A inclusão de vitelogenina numa vacina de piolhos marinhos pode interferir com a fecundidade dos piolhos marinhos e reduzir o número da descendência e desse modo reduzir os futuros números de piolhos marinhos. Adicionalmente, as proteínas tipo vitelogenina foram implicadas na síntese da melanina em invertebrados (Lee, K.M. *et al.*, *Eur J Biochem* 267:3695-3703, 2000). A melanina é uma molécula de defesa importante dos invertebrados.

Os genes do tipo adesão do mexilhão expressam proteínas semelhantes às que se encontram nos filamentos do bisso do mexilhão que os mexilhões utilizam para se fixarem a superfícies sólidas. O modo como estes genes se relacionam com a infestação de piolhos marinhos ainda não é totalmente compreendida, mas eles podem estar envolvidos na produção de filamentos frontais. O filamento frontal é utilizado pelos estágios chalimus para se ligarem eles próprios fisicamente ao hospedeiro (Gonzalez-Alanis, P., *et al.*, *J Parasitol* 87: 561-574, 2001).

Os genes BCS-1 são expressos pelas cracas quando eles mudam de uma forma planctónica para uma forma agarrada (Okazaki, Y., *et al.*, *Gene* 250 (1-2): 127-135, 2000). Há

presentemente evidências que sugerem que estas são proteínas de ligação à cutícula. A disrupção destas proteínas pelos anticorpos pode interferir com a muda, a integridade da cutícula dos piolhos marinhos e o crescimento normal dos piolhos.

As proteínas de secreção produzidas pelos piolhos marinhos podem atuar como agentes imunomoduladores ou auxiliar nas actividades de alimentação do hospedeiro (Fast, M.D., et al., *Exp Parasitol*. 107:5-13, 2004; Fast, M.D., et al., *J Parasitol* 89: 7-13, 2003). A neutralização destas atividades pelos anticorpos derivados do hospedeiro pode prejudicar o crescimento e a sobrevivência dos piolhos marinhos no salmão.

As vacinas são geralmente mais seguras do que os tratamentos químicos, tanto para os peixes como para o ambiente. Todavia, ainda não foram desenvolvidas até à data vacinas comerciais contra piolhos marinhos. O desenvolvimento de vacinas tem sido dificultado por uma falta de conhecimento das interações hospedeiro-patogénio entre piolhos marinhos e os seus hospedeiros. Parece haver uma resposta de anticorpo muito limitada em hospedeiros infetados naturalmente. Foram produzidas vacinas experimentais, particularmente através de extratos totalmente animais, contra *L. salmonis*. Investigações no desenvolvimento de vacinas contra piolhos marinhos tiveram como alvo proteínas imunogénicas de piolhos marinhos e, em particular, tiveram como alvo antigénios do trato gastro-

intestinal. Estas vacinas, baseadas em extratos totalmente animais, não demonstraram ser protetoras embora a sua administração tenha resultado em pequenas alterações em fecundidade de *L. salmonis* (Grayson T.H., et al., *J Fish Biol* 47: 85-94, 1995). Este estudo particular, todavia, foi um ensaio único e não foram relatados resultados adicionais deste grupo. Também foram exploradas vacinas de peixe à base de lipossomas em certas espécies de peixes (Keough, Pedido PCT WO 03/101482) mas não em combinação com antigénios de piolhos marinhos.

Uma discussão mais recente de possíveis alvos de vacina no trato gastrointestinal foi apresentada por Raynard et al.; contudo, os seus estudos encontraram um sucesso limitado (Raynard, R.S., et al., *Pest Manag Sci* 58: 569-575, 2002).

Epitopos de células T promíscuas

Os epitopos de células T promíscuas (ou "epitopos de PTC") são péptidos altamente imunogénicos que podem ser caracterizados em parte pela sua capacidade para se ligarem a várias formas isotípicas e alotípicas de moléculas de MHC classe II humana. Ao auxiliar por bypass de restrição de MHC, eles podem induzir as respostas de células T e anticorpo em membros de uma população geneticamente diversa expressando diversos haplotipos de MHC. Os epitopos de PTC podem por isso ser combinados com antigénios que, por si próprios, são fracamente imunogénicos, para criar

imunogénios de péptido potentes. Na presente invenção, estes epitopos são incorporados na composição para aumentar a imunogenicidade do antigénio, e a composição global, numa vasta gama de espécies.

Os epitopos de células T promíscuos podem ser derivados de imunogénios que ocorrem naturalmente de origem viral e bacteriana. Os epitopos de PTC que ocorrem naturalmente podem também ser modificados de forma conservadora por adições de aminoácidos simples ou múltiplas, eliminações ou substituições (e.g. em classes de aminoácidos carregados, hidrofílicos/hidrofóbico, estéricos) para obter sequências candidatas que podem ser rastreados quanto à sua capacidade para aumentar a imunogenicidade.

Os epitopos de PTC que não ocorrem naturalmente podem ser sintetizados artificialmente para obter sequências que possuem imunogenicidade comparável ou melhor. Os epitopos de PTC artificiais podem variar em tamanho desde cerca de 15 até cerca de 50 resíduos de aminoácidos em resíduos de aminoácidos de comprimento e podem possuir características estruturais, tais como hélices anfipáticas, que são estruturas de alfa-hélice com os resíduos de aminoácidos hidrofóbicos a dominar uma face da hélice e resíduos carregados ou polares a dominar as faces circundantes. Os epitopos de PTC também podem conter padrões de aminoácidos primários adicionais, tais como um resíduo Gly ou um resíduo carregado seguido por dois a três

resíduos hidrofóbicos, seguido por sua vez por um resíduo carregado ou polar (uma sequência Rothbard). Adicionalmente, os epitopos de PTC obedecem frequentemente à regra 1, 4, 5, 8, em que um resíduo carregado positivamente é seguido por resíduos hidrofóbicos nas quarta, quinta, e oitava posições após o resíduo carregado.

Estas características podem ser incorporadas nas construções de epitopos de PTC artificiais. Posições variáveis e aminoácidos preferidos estão disponíveis para motivos de ligação a MHC (Meister et al., *Vaccine*, 1995; 13:581-591). Por exemplo, o epitopo de PTC degenerado descrito em WO 95/11998 como SSAL1TH1 possui a sequência degenerada (Asp/Glu)-(Leu/Ile/Val/Phe)-Ser-(Asp/Gly)-(Leu/Ile/Val/Phe)-(Lys/Arg)-Gly-(Leu/Ile/Val/Phe)-(Leu/Ile/Val/Phe)-(Leu/Ile/Val/Phe)-His-(Lys/Arg)-Leu/Ile/Val/Phe)-(Asp/Glu)-Gly-(Leu/Ile/Val/Phe)-.

Exemplos específicos de epitopos de PTC

Epitopos de células T promíscuas particularmente úteis são a proteína F do vírus do sarampo LSEIKGVIVHRLEGV (SEQ ID NO: 33); ou sequência do tétano QYIKANSKFIGITEL (SEQ ID NO: 34).

Exemplos de epitopos de células T particularmente úteis são listados na Tabela 2:

Tabela 2: Exemplos de Epitopos de células T, promíscuos

<i>descrição</i>	<i>sequência de aminoácidos</i>	<i>SEQ ID NO:</i>
sarampo 289-302	LSEIKGVIVHRLEGV	33
Toxina do tétano 830-844	QYIKANSKFIGITEL	34

Devido a uma falta de entendimento dos mecanismos e da patologia que circundam a infestação do salmão com piolhos marinhos, a identificação de alvos adequados para tratar a doença não foi bem sucedida. Isto dificultou o progresso de investigação de vacina e como tal, apesar da promessa e do sucesso de terapias à base de vacina noutras áreas de infeção, uma vacina adequada de piolhos marinhos vacina ainda tem que ser desenvolvida. Consequentemente, existe uma necessidade para proporcionar alvos moleculares efetivos adequados (antigénios) e uma vacina contra infeção com piolhos marinhos.

SUMÁRIO DA INVENÇÃO

É um objetivo da presente invenção obviar ou mitigar pelo menos uma desvantagem de tratamentos prévios contra a infeção de piolhos marinhos em peixes.

Num primeiro aspeto, a presente invenção proporciona uma vacina contra infeção pelo copépode caligídeo em peixes, compreendendo a vacina uma quantidade imunologicamente eficaz de antigénio. Particularmente, o copépode caligídeo é *Lepeophtheirus salmonis*, embora qualquer

infecção por copépode possa ser tratada. Numa forma de realização, a vacina compreende um fragmento de nucleótidos ou péptido de tripsina de *L. salmonis* e um adjuvante, diluente ou veículo farmacêuticamente aceitável.

Noutro aspeto da presente invenção são proporcionadas sequências de DNA e de aminoácidos que codificam antigénios para utilização na preparação de formulações de vacina para o tratamento de infecção pelo copépode caligídeo em peixes. Formas de realização destas sequências incluem proteínas de adesão.

Outros aspetos da invenção incluem um DNA que codifica a proteína de adesão 2.

Ainda outros aspetos da invenção incluem uma sequência de aminoácidos que codifica a proteína de adesão 2.

Está também incluída uma vacina de DNA que compreende um DNA que codifica a proteína de adesão 2 e um adjuvante, diluente ou veículo farmacêuticamente aceitáveis.

Um outro aspeto é uma vacina de péptido que compreende, uma sequência de aminoácidos que codifica a proteína de adesão 2, e um adjuvante, diluente ou veículo farmacêuticamente aceitáveis.

Outros aspetos e caraterísticas da presente invenção tornar-se-ão óbvios para as pessoas com experiência na técnica após a revisão da seguinte descrição de formas de realização específicas da invenção em conjunção com as figuras acompanhantes.

BREVE DESCRIÇÃO DAS FIGURAS

Serão agora descritas formas de realização da presente invenção, apenas a título de exemplo, com referência às Figuras anexas, em que:

A Fig. 1 apresenta a) a sequência de ácido nucleico e b) sequência de aminoácidos da proteína do tipo vitelogenina (SEQ ID NO: 1, 2).

A Fig. 2 apresenta a) a sequência de ácido nucleico e b) a sequência de aminoácidos da proteína SEP 1 (SEQ ID NO: 3, 4).

A Fig. 3 apresenta a) a sequência de ácido nucleico e b) a sequência de aminoácidos da proteína SEP 2 (SEQ ID NO: 5, 6).

A Fig. 4 apresenta a) a sequência de ácido nucleico e b) a sequência de aminoácidos da proteína SEP 3 (SEQ ID NO: 7, 8).

A Fig. 5 apresenta a) a sequência de ácido nucleico e b) a sequência de aminoácidos da proteína de adesão 2, homóloga ao precursor da proteína da matriz da placa de adesão do mexilhão (SEQ ID NO: 9, 10).

A Fig. 6 apresenta a) a sequência de ácido nucleico e b) a sequência de aminoácidos da proteína de adesão 1, homóloga ao precursor da proteína da matriz da placa de adesão do mexilhão (proteína do pé 1) (SEQ ID NO: 11, 12)

A Fig. 7 apresenta a) a sequência de ácido nucleico e b) a sequência de aminoácidos da proteína 1 de ligação à cutícula, homóloga à proteína de tipo BSC-1 (morán 9-15) (SEQ ID NO: 13, 14).

A Fig. 8 é um gráfico de piolhos por cm de peixe ao longo do tempo de duração pós-infecção, utilizando vacinas (A/B = gene expresso da tripsina de piolhos marinhos com o epítipo das células T; Y/Z = gene da tripsina expresso em piolhos marinhos; C = controlo) da presente invenção.

A Fig. 9 é um gráfico de piolhos por grama de peixe ao longo do tempo de duração pós-infecção, utilizando vacinas (A/B = gene expresso da

tripsina de piolhos marinhos com o epitopo das células T; Y/Z = gene da tripsina expresso em piolhos marinhos; C = controlo) da presente invenção.

A Fig. 10 apresenta um gráfico de dados em pilha que apresenta as percentagens de diferentes estágios de piolhos marinhos presentes em peixes imunizados com a vacina da tripsina de *L. salmonis* em comparação com o peixe de controlo a cada tempo de amostragem.

A Fig. 11 apresenta uma sequência de ácido nucleico parcial (SEQ ID NO: 15) da proteína do tipo vitelogenina SL-903 semelhante a, mas mais comprida do que, a da Fig. 1. Os codões a negrito, sublinhados e em itálico **TGA**, **TAA** ou **TAG** são códdões de terminação previstos.

A Fig. 12 apresenta a sequência de ácido nucleico de comprimento total da proteína SEP 1 SL-0547 (SEQ ID NO: 16). Os códdões a negrito e sublinhados **ATG** são códdões de partida presumidos. Os codões a negrito, sublinhados e em itálico **TGA**, **TAA** ou **TAG** são códdões de terminação previstos.

A Fig. 13 apresenta a sequência de ácido nucleico putativa de comprimento total da proteína SEP 2

SL-0858 (SEQ ID NO: 17). Os códões a negrito e sublinhados **ATG** são códões de partida presumidos. Os codões a negrito, sublinhados e em itálico **TGA**, **TAA** ou **TAG** são códões de terminação previstos.

A Fig. 14 apresenta a sequência putativa de comprimento total da proteína SEP 3 SL-1469 (SEQ ID NO: 18). Os códões a negrito e sublinhados **ATG** são códões de partida presumidos. Os codões a negrito, sublinhados e em itálico **TGA**, **TAA** ou **TAG** são códões de terminação previstos.

A Fig. 15 apresenta a sequência putativa de comprimento total da proteína de adesão do mexilhão SL-0927 (SEQ ID NO: 19). Os códões a negrito e sublinhados **ATG** são códões de partida presumidos. Os codões a negrito, sublinhados e em itálico **TGA**, **TAA** ou **TAG** são códões de terminação previstos.

A Fig. 16 apresenta uma sequência de aminoácidos parcial da proteína do tipo vitelogenina SL-903 (SEQ ID NO: 20), juntamente com os pontos comuns do BLAST™ da sequência. Os aminoácidos sublinhados são os fragmentos peptídicos dos dados de Proteômica por Espectrometria de Massa.

A Fig. 17 apresenta a sequência de aminoácidos putativa de comprimento total da proteína SEP 1 SL-0547 (SEQ ID NO: 21), juntamente com os pontos comuns do BLAST da sequência. Os aminoácidos sublinhados são os fragmentos peptídicos dos dados de Proteômica por Espetrometria de Massa.

A Fig. 18 apresenta a sequência de aminoácidos putativa de comprimento total da proteína SEP 2 SL-0858 (SEQ ID NO: 22), juntamente com os pontos comuns do BLAST da sequência. Os aminoácidos sublinhados são os fragmentos peptídicos dos dados de Proteômica por Espetrometria de Massa.

A Fig. 19 apresenta a sequência de aminoácidos putativa de comprimento total da proteína SEP 3 SL-1469 (SEQ ID NO: 23), juntamente com os pontos comuns do BLAST da sequência. Os aminoácidos sublinhados são os fragmentos peptídicos dos dados de Proteômica por Espetrometria de Massa.

A Fig. 20 apresenta a sequência de aminoácidos putativa de comprimento total da proteína de adesão do mexilhão SL-0927 (SEQ ID NO: 24), juntamente com pontos comuns do BLAST da sequência. Os aminoácidos sublinhados são os fragmentos peptídicos dos dados de Proteômica por Espetrometria de Massa.

A Figura 21 apresenta a expressão média (\pm SEM) do gene da interleucina-1 β , relativo à β -actina, em células SHK-1 incubadas com e sem lipopolissacáridos (LPS), fracção 1 do produto de secreção/excreção de *L. salmonis* reunida, fracção 2 do produto de secreção/excreção de *L. salmonis* reunida, e fracção 3 do produto de secreção/excreção de *L. salmonis* reunida. * indica diferenças significativas em relação ao controlo; † indica diferenças significativas em relação a LPS + controlo.

A Figura 22 apresenta a expressão média (\pm SEM) do gene da interleucina-1 β , relativo à β -actina, em células SHK-1 incubadas com e sem lipopolissacáridos (LPS), LPS e solvente de cromatografia líquida liofilizado (LC), fracção 1 do produto de secreção/excreção de *L. salmonis*, fracção 2 do produto de secreção/excreção de *L. salmonis*, e produtos de secreção/excreção não fraccionados de *L. salmonis*. * indica diferenças significativas em relação ao controlo; † indica diferenças significativas em relação a LPS + controlo.

DESCRIÇÃO DETALHADA

De um modo geral, a presente invenção proporciona uma vacina para o tratamento de infecção de piolhos marinhos em peixes, particularmente infeção de *L. salmonis*.

Também se refere à sequência de DNA e de aminoácidos dos alvos moleculares para utilização na preparação destas vacinas.

As vacinas da presente invenção foram criadas com base em estudos realizados pelo grupo dos autores e outros sobre a expressão genética em piolhos marinhos. Existem vários genes em piolhos marinhos que possuem potencial como produtores de antigénios em formulações de vacina concebidas para proteger o salmão contra piolhos marinhos, especialmente *L. salmonis*. Os genes incluem: 1) um gene para a tripsina de piolhos marinhos; 2) um gene que possui uma semelhança elevada com uma proteína do tipo vitelogenina que se encontra em produtos de secreção; 3) um gene que possui uma semelhança de sequência elevada com o gene da proteína 1 de adesão ao mexilhão; 4) um gene que possui uma sequência elevada com o gene da proteína-2 de adesão do mexilhão; 5) vários genes que possuem uma semelhança de sequências elevada com o gene que codifica para a proteína BCS-1 específica do estágio de *Balanus amphrite*; e, 6) genes que codificam para três proteínas de produtos de secreção (SP) em piolhos marinhos que, atualmente, não possuem uma semelhança significativa com proteínas conhecidas nas bases de dados públicas.

Como aqui utilizado, um "antigénio" refere-se a uma molécula que contém um ou mais epitopos que irão estimular o sistema imunitário de um hospedeiro para produzir uma resposta humoral e/ou celular específica para

o antigénio. O termo é também aqui utilizado indistintamente com "imunogénio".

Como aqui utilizado, o termo "epitopo" refere-se ao sítio de um antigénio ou hapteno ao qual uma molécula de anticorpo específica se liga. O termo é também aqui utilizado indistintamente com "determinante antigénico" ou "sítio determinante antigénico".

As Figuras 1 até 6 apresentam as sequências dos genes da presente invenção acima descritas e sequenciadas no laboratório dos autores, com a exceção da tripsina, da qual a sequência de ácido nucleico foi publicada (Johnson, 2002, *supra*). Os autores identificaram o produto do gene da tripsina nas secreções dos piolhos marinhos por sequenciação de aminoácidos, utilizando espectrometria de massa. Estes genes foram selecionados e investigados com base num entendimento anterior da sua função putativa.

As Figuras 11 até 20 apresentam sequências de nucleótidos e de aminoácidos mais longas ou putativas de comprimento total dos genes e das proteínas como aqui descritas.

Os antigénios derivados de *L. salmonis* devem proporcionar proteção aos peixes contra outras espécies de piolhos marinhos na medida em que eles devem utilizar métodos altamente conservados para se ligarem de modo a permitir-lhes alimentarem-se com sucesso no hospedeiro.

Adjuvantes que podem ser utilizados no contexto da presente invenção incluem os Adjuvantes Montanide™ ISA e IMS (Seppic, Paris, France), outros adjuvantes de óleo-em-água, água-em-óleo, e água-em-óleo-em-água, Adjuvantes de Ribi (Ribi ImmunoChem Research, Inc., Hamilton, MT), adjuvantes de Hunter TiterMax (CytRx Corp., Norcross, GA), adjuvantes de sal de alumínio, proteínas adsorvidas em nitrocelulose, antigénios encapsulados, nanopartículas contendo adjuvantes. Os adjuvantes preferidos incluem Seppic Montanide 720, Montanide IMS111x, Montanide IMS131x, Montanide IMS221x, Montanide IMS301x, Montanide ISA206, Montanide ISA 207, Montanide ISA25, Montanide ISA27, Montanide ISA28, Montanide ISA35, Montanide ISA50A, Montanide ISA563, Montanide ISA70, Montanide ISA51, Montanide ISA720, Montanide ISA264. São particularmente preferidos os adjuvantes incluídos em Montanide ISA740, Montanide ISA773, Montanide ISA 708, Montanide ISA266. O adjuvante recomendado é Montanide ISA763.

Resultados de estudos que utilizaram as vacinas da presente invenção para o tratamento de infecção com piolhos marinhos são aqui apresentados através dos seguintes exemplos.

EXEMPLO 1

Foram expostos salmões à tripsina de *L. salmonis* como antigénio. Os peixes foram imunizados com dois grupos

de formulação da vacina de tripsina: A/B (tripsina de piolhos marinhos recombinante com um epitopo de células T) e Y/Z (apenas tripsina de piolhos marinhos recombinante). Certos peixes foram administrados com uma vacina de controlo, C, contendo apenas adjuvante. A proteção do peixe foi visível nos dias 6, 11 e 20 (Figuras 8 e 9). O número de piolhos marinhos por cm e por grama do peixe é reduzida nos peixes vacinados, em comparação com os controlos. A formulação da vacina A/B resultou em números de piolhos mais baixos do que a formulação Y/Z demonstrando que a inclusão de epitopos de células T com antigénios de piolhos marinhos proporciona mais proteção contra piolhos marinhos.

A Figura 10 apresenta resultados de dados em pilha das experiências de exposição e vacinação. A formulação de vacina A/B (tripsina de piolhos marinhos recombinante com um epitopo de células T) aparenta abrandar o desenvolvimento de *L. salmonis*, aos dias 6, 11 e 20, observaram-se percentagens mais baixas de piolhos que sofreram muda para um estágio mais avançado em comparação com os peixes do controlo

EXEMPLO 2

Cromatografia por Exclusão de Tamanho e Determinação da Proteína

Foram reconstituídos produtos de secreção e excreção liofilizados (SEPs) com acetato de amónio a 1,0 M

(AMA) (pH 6,0). Foram utilizados um HPLC Agilent 1100 equipado com um detetor de array de díodo (monitorizando a 230 e 256 nm) e uma coluna Taso Haas (G3000PWX2, 6 μ m d_p (7,8 mm x 300 mm)) para separar as proteínas/péptidos nas secreções. Estas amostras foram então fracionadas utilizando um coletor Waters Fraction de acordo com os intervalos de tempo. As frações como apresentadas na Tabela 1 foram recolhidas durante 6 corridas de HPLC separadas e reunidas para cada intervalo de tempo. Estas amostras foram então liofilizadas (-80°C) antes da determinação da proteína. A coluna foi mantida à temperatura ambiente e eluída isocraticamente com 98:2 AMA: acetonitrilo (ACN) durante 30 minutos a 0,2 ml min⁻¹. As soluções padrão de albumina do soro de bovino (BSA) (20 μ g, 2,0 μ g, e 0,2 μ g), SW + DA, e tripsina de bovino (40 μ g) foram todas corridas como controlos para comparação de picos com SEPs.

As concentrações de proteína das frações de secreção de *L. salmonis* foram determinadas utilizando um método de ligação ao corante (Bradford, M.M. *Anal Biochem* 72: 248-254, 1976). Todos os ensaios foram corridos num Thermomax™ Microplate Reader (Molecular Devices). As amostras foram reconstituídas em ddH₂O e depois, após deformação de proteínas, foram igualmente separadas entre ensaios funcionais de base celular e análise de proteómica.

Cultura de Células de SHK

As células SHK-1 foram cultivadas a 18 °C em

frascos tratados para cultura de tecidos, de 75 cm² (Costar), em meio L-15 (com 300 mg/L de L-glutamina) suplementado com 500 µl de sulfato de gentamicina (50 mg/mL destilado em água), 365 µl de 2-mercaptoetanol (55 mM em D-PBS) e 5% de soro bovino fetal (FBS), como descrito por Fast *et al.* 2004 *supra*. Todos os componentes do meio forma adquiridos à Gibco. Os frascos confluentes foram passados semanalmente por divisão de células e de meio igualmente entre dois frascos e adicionando um volume igual de meio novo para cada frasco. As células utilizadas neste estudo foram passadas entre 64 e 68 vezes.

As células SHK-1 foram semeadas a aproximadamente 4×10^6 células/frasco em meio L-15 suplementado como descrito acima. A estimulação celular seguiu o mesmo procedimento que Fast, M.D. *et al.* *Dev. Comp. Immunol.* 29: 951-963, 2005. Resumidamente, após um período de 48 h, para permitir qualquer expressão gênica induzida por manipulação para regressar a níveis constitutivos, o meio foi removido e foi adicionado 20 ml de meio fresco. Foi adicionado lipopolissacárido (LPS) a todos os frascos, exceto aos controles, para obter uma concentração final de 5 mg/mL.

No primeiro ensaio, as frações de SEP foram reunidas em 3 grupos (Tabela 1), cada um contendo intervalos de tempo iguais (10 min) e volumes a partir da cromatografia por exclusão de tamanho. Isto resultou em 13 µg de proteína (fração 1 reunida), 8,0 µg de proteína (fração 2 reunida) e <0,1 µg de proteína (fração 3 reunida)

a ser adicionada a cada frasco. Estas incubações foram realizadas durante 4 h a 18 °C antes de o meio ser removido e as células serem armazenadas em RNAlater a -80 °C até à extração de RNA. Este ensaio foi repetido duas vezes com frascos em triplicado para cada condição.

No Segundo ensaio, as frações 1 e 2 de SEP da fracção 1 reunida (Tabela 1) foram adicionadas a 1,0 e 1,4 µg por frasco, respetivamente. Estas concentrações foram obtidas após concentrar 4 corridas de exclusão por tamanho para cada fração. Para testar qualquer efeito do solvente residual no ensaio à base de células, 4 corridas de um branco de AMA sofreram o mesmo tratamento e foram incluídas na experiência como controlos. Finalmente, as SEPs não fracionadas utilizadas nas incubações de macrófagos foram aqui incubadas à mesma concentração (660 ng).

Estas incubações foram realizadas em triplicado e seguiram o mesmo procedimento que o primeiro ensaio.

PCR em Tempo Real em genes do salmão Atlântico

O RNA total foi isolado a partir de células SHK-1 armazenados em RNAlater™ com o kit Nucleospin™ RNA II (Clontech) e a concentração foi medida por espectrofotómetro. As amostras de RNA foram sujeitas a PCR para verificar a falta de contaminação de DNA. As sequências

para os iniciadores da PCR em Tempo Real (Real-time PCR) foram concebidas, testadas e os seus produtos sequenciados, como previamente descritos por Fast *et al.*, *supra* (2004; 2005). A PCR quantitativa em Tempo Real foi realizada utilizando um sistema de detecção iCycler iQ™ Real-Time e kits SYBR green (Bio-Rad) também previamente descrito por Fast *et al.*, *supra* (2004; 2005). Para garantir que não haveria contaminação de DNA genómico adicionada ao cDNA quantificado, não foram corridos controlos não-RT para cada isolamento de RNA em PCR e observados por electroforese em gel de agarose a 2,5%.

O perfil da reacção de PCR foi como se segue: um passo inicial de desnaturação de 3 min a 95 °C, seguido por 40 ciclos de desnaturação (30 s a 95 °C), emparelhamento (30 s a 58 °C) e extensão (30 s a 72 °C), e finalizando com um passo de extensão final de 72 °C durante 5 min. A sensibilidade das reacções e a amplificação de produtos contaminantes, tais como dímeros de iniciadores, indiscriminadamente detetados por SYBR green (*i.e.* O SYBR green liga-se a todo o DNA de cadeia dupla), foram avaliados por amplificação de diluições de 10 vezes dos clones (10^{-2} até 10^{-8} ng) e das amostras em duplicado assim como realizando um branco sem cDNA em cada corrida. A relação entre o ciclo do limiar (Ct) e o log (RNA) foi linear ($-3,5 < \text{rampa} < -3,2$) para todas as reacções. Os números de cópias foram estimados com base no peso molecular dos clones e OD 260.

Atividade imunomoduladora das proteínas SEP

As SEPs foram fracionadas com base no tamanho e nas frações que foram recolhidas. No primeiro ensaio (Fig. 21), as frações reunidas (PF1, PF2, PF3) foram incubadas com células SHK-1 (uma linha de células do tipo macrófago de salmão) em combinação com lipopolissacáridos (LPS) e a expressão do gene da interleucina-1 β foi monitorizada de modo a determinar o efeito imunomodulador das proteínas SEP fracionadas na expressão génica imunitária. O gene da interleucina-1 β foi reduzido na sua expressão em todas as três frações reunidas em comparação com as células estimuladas apenas com LPS (Fig. 21). Quando as frações individuais que contêm proteínas foram testadas, a expressão do gene da interleucina-1 β foi reduzida pela fração 2. A análise de LC-MS mostrou que a Fração 2 da mistura 1 continha a proteína 1 SEP, proteína SEP 2 e tripsina. A evidência para a atividade imunomoduladora da SEP, que contém todas as proteínas descritas, é apresentada na Fig. 22 em que existe uma diminuição significativa na expressão induzida por LPS de interleucina-1 β na presença de SEPs totais.

As formas de realização acima descritas da presente invenção pretendem ser apenas exemplos. As alterações, modificações e variações podem ser realizadas

em formas de realização particulares pelos especialistas na técnica sem se afastar do âmbito da invenção, que é definido apenas pelas reivindicações anexas.

LISTAGEM DE SEQUÊNCIAS

<110> National Research Council of Canada

<120> VACINAS RECOMBINANTES CONTRA COPÉPODES CALIGÍDEOS (PIOLHOS MARINHOS) E SUAS SEQUÊNCIAS ANTIGÉNICAS

<130> PAT 2116WEP-81

<140> 05770065.0

<141> 2005-07-28

<150> US 60/591,626

<151> 2004-07-28

<160> 34

<170> PatentIn versão 3.0

<210> 1

<211> 594

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 1

gcaatacaaaa	attatccatg	gatgtactac	cacaattgac	catgtatata	ctcttgacaa	60
tgtracatat	ccttacacac	ctacctcatg	ctggacgttg	gttctctggac	actgttcccc	120
acatccaact	tatgcagttt	ttgtcaaaaa	gtctgcagga	tctcatttag	atgctaaaaa	180
ttatttgggc	ggtcacagca	tcgaattcca	aacaagtggc	ccaaagaaga	ttaatgrrct	240
catcaacggt	gaagctattg	atgtaggaga	ggagyaacat	gttcatgaac	aagacggaca	300
agaaattttc	aaggtcttaa	aatggggatc	aagttacagt	gtttactcct	tcttgaaaaa	360
ctgggtagtg	tatgatggcc	atgcagtcag	cttaatccct	gctccatctg	ttacgggtca	420
acattgcggt	ttgtgtggaa	acttcaacag	aaaccaatat	gatgaatttg	aaagcaagga	480
tgctcatcaa	ttgaagacat	ccgacgagct	tgttgaagat	tataaatgga	agtgttgaga	540
atrratttcc	ttcatcgatt	gatggagata	ttttttacaa	tgattctatt	atat	594

<210> 2

<211> 178

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 2

```

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

```

```

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

```

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (503)
<223> n = qualquer nucleótido

```

```

<400> 3

```

```

gtcgggttcg gcaaatctaa aatgtaccan aagaaggcaa tctataaatt cttgaagaaq      60
aaaactccca aaaagggttga ggcacagtaag cccgccttcg ttgagaagaa ggtcggaggt      120
gccaaagaatg ggggtactcg tatgggttcg gtcaagaagt tgaagaacga cttccccacc      180
atggaagac gtgctcatag aatcgccaag aagcctgaaa agctctctcg cagggtccgt      240
cctacccctca cccctggaac tattgcagtt attcttgacg gtatccacas aggaagaga      300
atggtcattc tcaaggagct ctccagtga atgcttctga ttcttgccc cttcaagett      360
aataactgcc caattagaag gattaatcaa cgctatttct tggccacatc aaccaagetc      420
gatgtttcat ccattaaaaat gcccgagasc attaatgatg attacttcg tegtttaaga      480
gccgccaaga agccagctgg tantgtat      508

```

```

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

```

```

<220>
<221> misc_feature

```

<222> (168)

<223> Xaa = qualquer aminoácido

<400> 4

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

<210> 5

<211> 433

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 5

aagccctctt	tgatcttcag	aaggacctcg	atggagatgt	ggatgttgaa	ctcaagttgg	60
tcaagsaagg	aattgtcttc	attcccatcc	cctgcattga	aagcccttca	ggcctgcatt	120
tgggtctctg	ttctacaaa	ctggaggaga	ttgtcagcaa	atatgcgtat	ttcttgtgtc	180
cagactatct	tcagaggggc	caaagctggt	ctttcccttt	gaaggcagga	caatatggag	240
gtgagatctc	tggatattgt	ctacctgaca	tccaccttc	catttccaac	ctgcacaagg	300
gaaccattca	tggaaacttc	tctgtgacca	gaacggggga	agaagtttct	tgtatcaatg	360
gagatttgaa	aatgacaaat	taatccttgt	ttctgtatcc	atatttgaag	tcataaaaat	420
acttcattaa	tct					433

<210> 6

<211> 126

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 6

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

<210> 7

<211> 605

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<220>

<221> misc_feature

<222> (573)

<223> n = qualquer nucleótido

<400> 7

```

agaaattgaa atctcaactaa gatttaatac ttctoccaat ggtgagcgtt tatatttcag      60
aggtagaaaa tgggctctta ctgggtatcgt caaagccaaa ggagaaccac aagatagggg      120
atcacaaatt attttggggac atgaattcac tcttggatcc attgagaatc gtctcaaagt      180
tagaatgcaa agagttgcag tccctgggct ttgtgtgat tattctattt gctttaatat      240
ggaaaacaag taccagact ttggagaaga gtttatgact tatgacaaga gcaactcaatt      300
aaaaatgtct ggaaatgcaa gacttcaata tgggtgctgt gcagactgtg actetactcc      360
tggagaaatg aaatttaagct tcgaacatga aaccaattgaa gaagcaagag aggttatgaa      420
acacacgttg tactatgaaa agtgratgga acagaagcaa catccagaat gggcaagcag      480
aggtgacaga ctccatttca cagaagcctg ccacatgaca acatgggatg caactactgc      540
tcgtaaata cacatggaag atgaacttgg tttagatgac tgatgcatt gaatgctatt      600
gtttc

```

<210> 8

<211> 181

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 8

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

<210> 9

<211> 689

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 9

tacatgtctt	gaacctgtct	gtccatctaa	tttgtgtaaa	aatgggtggaa	aatgtaaagt	60
ttatcgttga	gtatgttatt	ggatgtgtaa	aggtacttgt	tttgaagggt	caaatgttca	120
tcaaccaact	tgcacacctt	caacatgtcc	taaaatgtct	gtttgtgaac	tggatttggtc	180
taataaaaaa	acacgtcgta	catgtaaaaa	aggatttgct	ggtgcaaat	gtcttgataa	240
tgcttgctcc	cagttttocat	gtgaasatgg	atctgaatgt	gttgtaaaat	atggatctca	300
accacaatgt	gattgttaagc	ctggattttt	tggcaatttc	tgccaatcac	atttttgtga	360
acattttcaaa	tattcagctg	taggtggtaa	atgtgaaatt	atggaagacg	aaaaaaactt	420
gggagtttat	aaacctgttt	gtaaaatgitt	agaaggatat	gaaggtaaaa	tttgcagcga	480
aattttcttg	tctgaatcat	tctgtcatta	tcgaggaaaa	tgttccttta	gtaaagatat	540
aagaagctgc	aaahgtgaca	gaggaattca	aggcagcgcc	tgtgaacatc	ctaaacottg	600
tgaaggttgc	gacaaagcag	attgtgtttag	agaaaaacct	ggcagtgcca	attttgtttg	660
tgcataaaaa	tagacataat	ataattaa				689

<210> 10

<211> 223

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 10

```

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

```

<210> 11

<211> 585

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 11

```

cceaaccaaa gtagcctcaa aaacaaagtc atatacccg cctctttact ccaaaaagaa      60
cttcttaacgc aagaaaccct ctgtatatta cxaagttaag aaaaatcccg tcaagttaag      120
aaaagttaag aaaattctga gatctgtgag ttactcaact cctcagactc atccgagcag      180
cacgactgtt tcaaccacaa gagactatcc aagtaaatct cttgaaaagt taacgcacac      240
taagagtcca gaaatagtat cggcctttac tccggtctca gtctcaaaaa agtctattaa      300
atcattgaat gctcgaaaat ccatttatgc aagtcacatc accccatctt ttagatatcc      360
accacacaca ccttcttcac atcaaaagtc taagccatct gagcccaaac ctattcatag      420
attcagatct aagccaggct cgaagctctac cagatccasa cctacttatg ttctgtcaac      480
gaccacccac ccagcgtatg tatcatctac tattagtcca gctatgcat catctagtgt      540
tagtccagcc tatgcacat etagtgttag ccagcctat gcac      585

```

<210> 12

<211> 194

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 12

```

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

```

<210> 13

<211> 507

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 13

```

agcgtgggtcg cggccgaggt acgcggggaa tcagtacaaa gtttacaggc aacaatgata 60
atgtacacct cagtattcct tcttccatc gtcttttcat gtgcctttgg agcaccctaa 120
tatcaagcct ctcagcctgc ttatgctcca gttgcaagagc ctacagctta tcaatcagcc 180
gttcadgata cccaatcagg aatgacttt tctgccgaag aatcctctga tggacaagtc 240
atctctggat cctatcaagt ggtctctccc gatggtcgta ttcaaatgt gacctacact 300
gtgagtgag atagtggata cgttgcigat gttcagtatg aaggaactcc atcctatccc 360
gaagctcttc agcaaccag atatgtttaa aaagtttggc attgatgaat attcattast 420
tgatttatat ttatgttaaa tataatfatc atagttgaas ttgatattgt ttactctcaa 480
agaaatacaa atttatattt atattttt
507

```

<210> 14

<211> 129

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 14

```

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

```

```

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

```

<210> 15

<211> 4203

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 15

```

tattccaacg taacatgac agaggatggg ctcaagagact ccaatigaac atggataaaa      60
tcaccaatca tggacatgga ttccattctg aagagcaatc catcttggga gatttgtgata    120
ctctttacac tgttagtgat catassattg tgaaatctgt aagtcatact aaagattgca    180
aaaacagagt acgtgtcttc attgatgatt ggagggggcga acgtgtgac attgaaccag    240
agcatccaga aagcagagaa atccaaatg gtctttactc tgcttccacc accatttatg    300
tcgtggacaa gaaggagat ctttccacc ctaaggccat cattggatca tcttcagttg    360
ttgcacaatt ctatcaaatg gaaggagtct cctttattgc tcaactcaat tcaacatcta    420
ttttgaaatc tgttgaagat atctcagaac ctatggttgt tgttggaatc ccagtcagg      480

```


atctcaata	cgaatttgaa	gataaagaat	atcaatggaa	ttctgacaga	gacctcaagg	540
ctcgtgaaga	acatttatcc	actggtagat	tttttgagag	tgacatgtcc	actttgtcaa	600
aatatgttaa	ggaaaagctc	aacaagttcc	atgacatcat	gcaacatctt	tcaaatgaca	660
aagatgccat	tgcagaagct	catgataatg	gagtaaacag	tatggtaccc	ggtatgttgg	720
ctatggacta	caatacattg	aaggctatgt	ctgaagaact	tcactcagac	aaatctgatg	780
aaggtgtatt	caaatacaat	cttttcaatg	aaactttggg	aagtttagga	accagcgctt	840
ctgcactcct	gggtccgtgac	atgatcatgg	aagacaaaat	tgaanaactc	agggatgctg	900
tcctgtctct	tactgccatt	cttttccata	ttcgtcacc	taacaagcaa	cttttgagtg	960
aattcgaagc	tttgtacaac	tacgatggag	atcaactcct	caaagatgcc	gtcccaattg	1020
ttcttggaca	cttagcacga	gttacctgog	aaagagccgg	agtaatgcac	tcccttgctt	1080
ctaaagaatg	tttccactct	gttgtcgatg	gatacccgga	taaaaacaat	gaaaaaatta	1140
tgggtgcctc	tgaacacaaa	gagcaaaatta	agcttcttgg	aatgtgtgtc	aatcttctgt	1200
atggaaaagt	tgtgaaaaaa	ttaaagcttc	ttatttatgg	agaaactgag	atcaaatgtg	1260
gacatctccg	tactettgct	gttcaagctg	ctgcttttgg	agcaatcaac	aacggaaagg	1320
gagctgaata	tttattgccc	atttttgcgg	acagtgaaaa	ctctcatgaa	cttagattga	1380
cagctctctc	atacttgatg	gatgctcatc	ccaccgcaac	tcactttaac	accatcggtg	1440
ctgtacttta	cagagaaaaa	gattatgaag	ttatcaacta	tgtttttaca	ctcttggata	1500
aatatgcac	caatattaac	ccctgcaaaa	aatcggtctc	tgtattggcc	aaatacttct	1560
tgaatatctc	taagcaatac	agtcattttg	aaactgacta	tggattggga	gtgtccaaaa	1620
cttatagtcg	tcaattccaa	caatctaaat	acgggtatgg	aggtgaatac	agctactggg	1680
tcatttgatc	tcatagttct	acccttcttc	tgagtgttgc	aatgtgtatg	gacacaaact	1740
tgtttggagg	atataccgct	aatggaaatg	gtgtgcaatt	agaattgaa	ggattgtcca	1800
aggctctcat	cogtaaattc	aagacgatga	gcccagatat	ctggaaaact	gaagatctca	1860
aaagtatctt	aatgggagat	atgaaccatt	aggaaggacc	tgatcaacca	atcaacggtg	1920
agggtctcct	tttctgcaag	aactcagttg	ttgcattcag	acaatataac	gaagattcaa	1980
ttaagggaagg	tyggaaacttg	aaagaaattt	tcgatogatt	gaaaggactt	ggagacacct	2040
actccattaa	tcaccaaaaga	gcaatgagat	ttggaagcct	cttgtacca	caacccttgg	2100
aagtcgggtg	tcaggtctct	tacttaaaat	cattcacccg	cgtttttgat	gttcaagcta	2160
caattaagaa	gggaanaatgc	agaggtctta	tgttcagaga	tgtcaaatat	aacatgaact	2220
tttttggaca	tggatctcgt	atgatgatgg	ttcaaaaacc	acaatcaaa	atgttttatt	2280
ccattttcca	aaacgcgaat	tatggctccc	atttcccaag	agaatttgct	attggagtta	2340
atccattgaa	gaaagagttt	aaattatcta	ttcaacgggc	ttcttatgag	aatccactcg	2400
tacttatgat	gcactcttta	acaaaagtgt	acactggatc	tcaaaatggt	aatgaaaagc	2460
aggatatctt	agccaactgt	cttgagtcca	agtctgatac	tcctgtatcg	tatggtccag	2520
atgctgctaa	aaccagagtc	tttttaaaac	atgattgcga	taagactggc	tcttatattc	2580
acgggggaata	ctttgactgt	gaatgggaat	ccaatagggg	aaaggtctta	taccatttgt	2640
ggagagccat	gttaacttat	aaacaaaacc	ctaagacctt	tggaaatggg	attcgcatgg	2700
gtattcgtca	aatcagagct	tattttgttt	ctttcccaag	agetgaaaaa	tgtggagcaa	2760
tgcttcgctg	gtcacaaatca	aaggaaatcc	cagttaaaaga	gcttgaaatt	tctatgagat	2820
tcaatgctaa	tcccaatggc	gagcgtcttt	cttttagagg	acgtaaatgg	gtagtcacaa	2880
ctattatcaa	agccaaagga	gaaccacaag	atgggttata	caaaattatt	ttgggacatg	2940
aattcactcc	tggatacatt	gagaatcgtc	tcaagtttag	aatgcaaaaga	gctgcagttc	3000
ctggaattat	gtctgattat	tctatttgct	tcaatatgga	aaacaagtac	ccagaacttg	3060
gagaagagtt	tatgacttat	gacaagagca	ctcaattaaa	aatgactgga	aagcaaaaac	3120
ttcaatatgg	tgcgtgtgca	gactgtgact	ctactcctgg	agaaatgaaa	ttagacttca	3180
aacatgaaac	aactgaagaa	gcagagaggg	ctatgaaaca	caettggtrac	tatgaaaagt	3240
gtatggaaca	gaagaaacag	ccagaatggg	caaacagagg	tgataaactt	caattcacac	3300
aagcttgcca	catgacaaca	tgggatgcaa	ctactgcacg	taaatactca	tgggaagtga	3360
actttgttaa	gatgactgat	egcatgaatg	ctattgtttc	tcaattccaa	agtatcatga	3420
aaacgtgtct	tttaccottac	tgggacattg	atccagaaat	tatccagctt	acaagtgtcg	3480
atccccacat	gaatatcaaa	gctaccctta	aaaaccacga	caagaatggt	gatatgtaca	3540
tggaaaccag	tcaggagaggt	caacgrrtca	acgatattcc	tcttagttta	aattggcgcc	3600
caatgtttgag	aaaccttaag	tttaccatca	ccactagaag	tctcatgcaa	tacaaaaatta	3660
tccatggatg	tactaccaca	attgaccatg	tatatactct	tgacaatgtc	acatatcctt	3720
acacacctac	ctcatgctgg	acgttggctt	ctggacactg	ttccccacat	ccaacttatg	3780

```

cagtttttgt caaaaagtct gcaggatctc atttagatgc taaaatttat ttgggcggtc 3840
acagcatoga attccaaaca agtggcccaa agaagattaa tgttctcatc aacggtgaag 3900
ctattgatgt aggagaggag gaacatgttc atgaacaaga cggacaagaa attttcaagg 3960
tcttaaaatg gggatcaagt tacagtgttt actccttctt gaaaatctgg gtagtctatg 4020
atggccatgc agtcagctta atcctgtctc catctgttac gggccaacat tgcggtttgt 4080
gtggaaaactt caacagaaac caatatgatg aatttgaaag caaggatgct catcaattga 4140
agacatccga cgaacttgtt gaagattata aatggaagtg ttgagaattt atttctttca 4200
tcg 4203

```

<210> 16

<211> 821

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 16

```

cttcttaaat cctgaaaagg tagtagtaga acttccacgg aatggcgaa gaacaagaac 60
gtcggtaagc cgaggaacta caagttagcc tccggagtgc tccggttcgg caaatctaaa 120
atgtaccaca agaaggcaat ctataaatc ttgaagaaga caactcccaa aaaggttgag 180
gccagtaagc ccgccttctg tgagaagaag gtccggagtg ccaagaatgg gggtagctgt 240
atgggttcgg tcaagaagtt gaagaacgac ttcccaccca tggaaagacg tgctcataga 300
atgcacaaga agcctgaaaa gctctctctc agggctcgtc ctacctcac ccctggaact 360
attgcagtta ttcttgagg tatccacaaa ggaagagaa tcgtcattct caaggagctc 420
tccagtggaa tgcttctgat ttctggcccc ttcaagctta ataactgcc aattagaagg 480
attaatcaac gctatattgt ggccacatca accaagctcg atgtttcctc cattaaaatg 540
cccagagaac ttaatgatga ttacttccgt cgtttaagag ccgccaagaa gccagctggt 600
agtgtattcg aaggtaaaaa ggaagaatac aaaccttctg aacaacgtta gaaggacca 660
gtcgaagttg ataagcagct ctccaatgtc atcatgaag accccgaagc ctctcttttg 720
aaacaaatct tgaagaagtc ctccggtctt agcaaggagc aatatcctca taatatgaaa 780
ttttaattgt cgtcttgta aataaaacta aaattctctg c 821

```

<210> 17

<211> 591

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 17

```

tcaatttgat tgaatcagga agagaacat gaagatcatt gccatctttg cacttttgtt 60
cattgcogtg tctggagagg atctggagtg gaagtcctgc aatcccgaia acttgggaga 120
aggagacatt gccctctctc cttatccctt tccagtatgt agtggaaacca gtctggattt 180
gaaagccctc tttgatcttc acaaggacct cgatggagat gtggatgttg aactcaagtt 240
ggtcaagaaa ggaattgtct ccattcccat cccctgcatt gaaagccctt caggcctgca 300
tttgggtctt tgttcctaca aactggagga gattgtcagc aaatatgcgt atttcttgtg 360
tccagactat ttccagagg gccaaagctg ttctttccct ttgaaggcag gacatatagg 420
aggtgagatc tctggtattg ttctacctga catcccact tccatttcca acctcgccaa 480
gggaaccatt catggaactc tctctgtgac cagaaacggg gaagaagttt tctgtatcaa 540
tggagatttg aaaaagaaa attaatcctt gttttctgat ccataattga a 591

```

<210> 18

<211> 3718

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 18

ccattcaaga	tgagagtcac	agccctcort	tgcttatttg	ttgccgctgt	cagcgggaagc	60
atatttgaaq	atggaaaagca	atatgtatit	gattccagaga	catctgttgt	tgttggtacg	120
atggaccatg	ctccacactc	atctggattt	gottacaagc	accatactac	catgcaagtt	180
caaggagata	acatcaaaat	gaagctttct	gacgttgcat	tctcacactt	caatggaaaa	240
catgagaatg	gagagttccc	atttgaccac	actaaccttg	ttgcaacaaa	cagagacatt	300
cctgcatttg	aagttcagtt	ggactcccat	ggattgtttt	catccctcaa	agttgggtcct	360
aaactgacac	tattccaaag	taacatgac	agaggatggg	ctcaaaagat	ccaattgaac	420
atggataaaa	tcaacaatca	tgacatgga	ttccattctg	aagagcaats	catctttgga	480
gatttgtata	ctctttacac	tgttagtgat	cataaaattg	tgaatctgt	aagtcatact	540
aaagattgca	aaaacagagt	acgtgtcctc	atgatgatt	ggagggggca	agctgtgac	600
attgacccag	agcatccaga	aagcagagaa	aatccaaatg	gtctttactc	tgcttccaac	660
accatttatg	tctgtggaca	gaaggagat	catttccacc	ctaaggccat	catgtggatca	720
tcctcagttg	ttgcacaatt	ctatcaaatg	gaaggagtct	cctttatttg	tcactctaat	780
tcaacatcta	ttttgaaatc	tgttgaagat	atctcagaac	ctatggttgt	tgttggaatc	840
ccagtcaagg	atttcaaaata	cgaatttgaa	gataaagaat	atcaatggaa	ttctgacaga	900
gacctcaagg	ctcgtgaaga	acatttatcc	actggtgaat	tttttgagag	tgacaigtcc	960
actttgtcaa	aatatgttaa	ggaaaagctc	aaacaagttc	atgacatcat	gcaacatctt	1020
tcaaatgaca	aagatgccat	tgacagaagct	catgataatg	gagtaaacag	tatggtaccc	1080
ggtatgttgg	ctatggacta	caatacattg	aaggctatgt	ctgaagaact	tcactcagac	1140
aaatctgatg	aaggtgtatt	caaatacaat	cttttcaatg	aacttttggg	aagtttagga	1200
accagcgctt	ctgcactcct	ggtccgtgac	atgatcatgg	aagacaaatt	tgaaaacttc	1260
agggatgctg	tccgtgctct	tactgdcatt	cctttccata	tccgtcacc	tagcaagcaa	1320
cttttgagtg	aattegaagc	tttgtacaa	tacgatggag	atcaactcct	caaagatgcc	1380
gtcccgaattg	ttcttggaac	cttagcacga	gttaoctgcg	aaagagccgg	agtaatgcac	1440
tcccctgctt	ctaaagaatg	tttccactct	gttgtcgatg	gatacgcoga	taaaaaatt	1500
gaaaaaatta	tgggtgcac	tgaccacaaa	gagcaaatca	agcttcttgg	aatgttgttc	1560
aatcttcgct	atggaaaagt	tgtgaaaaaa	ttaaagcctc	ttatttatgg	agaaactgag	1620
atcaaatgtg	gacatctccg	tactcttgc	gttcaagctg	ctgcttttgg	agcaatcaac	1680
aacggaaagg	gagctgaata	tttattgccc	atttttgagg	acagtgaaaa	ctctcatgaa	1740
cttagattga	cagctctctc	atacttgatg	gatgctcatc	ccacgcgaac	tcactttaa	1800
accatcgttg	ctgtacttta	cagagaaaaa	gattatgaag	ttatcaacta	tgtttttaca	1860
ctcttggttg	aatatgcAAC	caatattaac	ccttgcaaga	aatcggctct	tgtattggcc	1920
aaatacttct	tgaastatct	taagcaatac	agtcattttg	aaactgacta	tggattggga	1980
gtgtccaaaa	cttatagtgg	tcaattccaa	caatctaaat	acgggtatgg	aggtgaatac	2040
agctactggg	tcattggatc	tcatagtctt	acccttcctc	tgagtgttgc	aatgtgtatg	2100
gacacaacct	tgtttggagg	atataccgct	aatggaatgt	gtgtgcaatt	aagaattgaa	2160
ggattgtcca	aggetctcat	cgttaaatc	aagacgatga	gccagatat	ctggaatct	2220
gaagatctca	aaagtatctt	aatgggagat	atgaacctta	aggaagagcc	tgatcaacca	2280
atcaacgttg	aggttctcct	tttctgaag	aactcagttg	ttgcattcag	acaaatatac	2340
gaagattcaa	ttaaaggaag	tgggaacttg	aaagaaattt	togatcaatt	gaaaggactt	2400
ggaggcacct	actccattaa	tcaccaaaag	gcaatgagat	ttggaagcct	cttgtaccac	2460
caacccttgg	aagtcgggtc	tccagtctct	tacttaaaat	cattcacccg	cgtttttgat	2520
gttcaagcta	caattaaaga	gggaatgcc	agaggtctta	tgttcagaga	tgtcaaatat	2580
aacatgaact	tttttggaac	tgatctcgt	atgatgatgg	ttcaaaacc	acaatcaag	2640
atgttttatt	ccatbtctca	aaacgcatt	tatggctccc	atttcccaag	agaatttgtc	2700
attggagtta	atccattgaa	gaaagagttt	aaattabcta	ttcaacygcc	ttcttatgag	2760
aatccactcg	tacttatgat	gcactcttta	acaaaagttt	acactggatc	tcaaatgtt	2820
aatgaaaagc	aggatatttc	agccaactgt	cctgagtgca	agtctgatac	tctgtatag	2880
tatgttccag	atgctgctaa	aaccagagtc	tttttaaaac	atgattgcga	taagctggc	2940
tcttatattc	acgggggaata	ctttgactgt	gaattggaat	ccaatagggg	aaaggtctta	3000
taccatttgt	ggagagccat	gttaccttat	aaacaaaacc	ctaagacctt	tggaaatgg	3060
attcgcattg	gtattcgtca	aatcagagct	tattttgttt	tcttcccaag	agctgaaaaa	3120
tgtggagcaa	tgttctgctg	gtcacaaatc	aaggaaaatc	cagttaaaga	gcttgaaatt	3180
tctatgagat	tcaatgctaa	tcccaatggc	gagcgtcttt	tctttagagg	acgtaaatgg	3240

gtagtccaaa	ctattatcaa	agccaaagga	gaaccacaag	atagggtata	caaaattatt	3300
ttgggacatg	aattcacacc	tggatacatt	gagaatcctc	tcaagtttag	aatgcaaaqa	3360
gctgcagttc	ctggaattat	gtctgattat	tctattttgt	tcaatatgga	aaacaagtac	3420
ccagacittg	gagaaagatt	tatgacttat	gacaagagca	ctcaattaaa	aatgactgga	3480
aaggcaaaaac	ttcaatatgg	tgctgctgca	gactgtgact	ctactcctgg	agaaatgaaa	3540
ttaagritca	aacatgaaac	aactgaagaa	gcaagagagg	ctatgaaaca	cacttgggtac	3600
tatgaaaagt	gtatggaaca	gaagaacacg	ccagastggg	caaacagagg	tgataaactt	3660
ccatttcacac	aagcttgcca	catgacaaca	tgggatgcaa	ctactgctcc	gtaaatac	3718

<210> 19

<211> 2428

<212> DNA

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<220>

<221> misc_feature

<222> (2077)

<223> n = nucleótido desconhecido

<400> 19

ccaattctag	ctagtcacta	tgaactagtc	aaaataatct	atatactgtt	tttatcttga	60
tttttattta	tatattatta	catccttag	gacttttgaa	caaaggtgtt	cgtagttaaac	120
ttttgagtc	ttattacata	gttgctatc	ctatttcaag	gataatcagg	acgatcatca	180
tgaaaacatc	tattatittc	tcaactgtatg	tictgccttc	tatactgcac	cttgcctgtaa	240
gtgaagataa	aactattata	gctgaagacc	tgcagctgt	agagtcacgc	tataaagttag	300
atgcaaaacc	ctcaccttat	gttctctccc	aaccagcacc	agcttttgat	tactttgcac	360
ccactgtatc	tccttctttc	tcccacaatcg	catctccctc	tctttcttcc	cctgtttacat	420
cctacttttac	acccacaacc	attctctcag	tgaactccctc	gaccacaacg	accactgtta	480
caacaacaac	ccctgcacaca	tctacttaca	gaaagtattc	ctttccaacg	tctttcacaac	540
catcttttct	ttcttctcga	aaaaagttaa	ccacaactac	aacaacgcgc	gctacaacat	600
cctcaacaac	aacaacaata	accttcaccc	caactatctc	acccoctcca	tctgttaaatg	660
aagttcgaac	aacattaaac	ccatccaaag	tagcctcaaa	aacaaagtca	tatacccgcc	720
ctcttttactc	caaaaagaac	ttcttacgca	agaaaccctc	tgtatattac	aaagttaaga	780
aaaatcccg	caagttaaga	aaagttaaga	aaattctgag	acctgtgagt	tactcaactc	840
ctcagactca	tccgagcagc	acgactgttt	caaccacaag	agactatcca	agtaaatctc	900
ttgaaagttt	aacgcaact	aagagtccag	aaatagtatc	ggcctttact	ccggtctcag	960
tctcaaaaaa	gtctattaaa	tcaatgaaatg	ctcgaaaatc	catttatgca	agtcacatca	1020
ccccatcttt	tagatattca	ccaacaacac	cttcttcata	tcaaagcttt	aagccatttg	1080
agcccaaac	tattcstaga	ttcagatcta	agccaggeta	caagtctacc	agatocaaac	1140
ctacttatgt	ttcgtcaacg	accacccacc	cagcgtatgt	atcatctact	attagtccag	1200
cctatgcata	atctagtgtt	agtcagcct	atgcatactc	tagtgtttagc	ccagccctatg	1260

catcccaac	agttaaacct	gtctttgttt	ctacgacagc	aaatgaaata	tactatacyc	1320
cagaaaccaaa	aagggtacga	agtcttccac	ttacacgaga	acaagcacat	ctctattcat	1380
ctatttctta	tgattcaaca	actacatcaa	ggcagcctcc	agctcctgtt	toctacagta	1440
cacctaaagcc	ccactcgaaa	caacatagcc	aatatcgoga	attgcccattg	actagagagc	1500
aaagtgaaaa	cattgagttt	agtactcccg	taaaggctaa	tacgaagcct	tacaataata	1560
atatacaatt	taatcctgt	agacggattc	cttctcatta	tagaaatcat	caagcgttga	1620
atgaastacg	tggggaggaa	aagtatccctg	cacaaacctc	ttccttcagc	tatgatatac	1680
aagatgagac	aagtgaacg	gattttttcc	gctctgaaga	aagctcaggc	cctgtgacga	1740
agggaaagtt	taaggtggt	cttcctgatg	gttgtattca	aattgttgaa	tatattgcag	1800
atgaastatg	ctataaggcc	acagtttctt	atgagggaga	agctgttttc	ccaaatccag	1860
atgattttga	agaagaacca	actcggagaa	cttttagaca	ctcaagaaaa	gtcgatatatg	1920
actctgtacc	caataacaac	tactcatttt	tgcggastag	agtcctgtgt	gcaggggacta	1980
cagaaaaagc	tccttctcct	caagacacaa	ccattcgtcc	agtcagtcct	ccattaagac	2040
atcgattatc	tcggtccgaa	gtctcaaat	cacttcntac	gagtcctgtt	ccttatgctg	2100
tgagtagtac	gtcaccagct	ccattacett	ctagtcgaag	cccacaacgt	tttcgtgttc	2160
atcattcttc	accasatgtt	gagggacgag	tattacatca	ctcaacacct	ccagtcagct	2220
attcccaact	cccccaaatc	gagacaactc	aaaaaccag	attccttcac	aagcccaatt	2280
acgaagaagc	attacgagac	tatggaatta	aggttgatta	ttaatacctt	tacttttttg	2340
tgatecattt	aatatgggtt	ataaatatat	ttattagtac	tcattgttta	tttattgtaa	2400
aagccgttta	gttggttcaga	tgaagtg				2428

<210> 20

<211> 1393

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 20

Phe	Gln	Arg	Asn	Met	Ile	Arg	Gly	Trp	Ala	Gln	Arg	Leu	Gln	Leu	Asn	
1				5					10					15		
Met	Asp	Lys	Ile	Asn	Asn	His	Gly	His	Gly	Phe	His	Ser	Glu	Glu	Gln	
			20					25					30			
Ser	Ile	Phe	Gly	Asp	Cys	Asp	Thr	Leu	Tyr	Thr	Val	Ser	Asp	His	Lys	
		35					40					45				
Ile	Val	Lys	Ser	Val	Ser	His	Thr	Lys	Asp	Cys	Lys	Asn	Arg	Val	His	
	50					55					60					
Val	Leu	Ile	Asp	Asp	Trp	Arg	Gly	Glu	Arg	Cys	Asp	Ile	Asp	Pro	Glu	
65					70				75						80	
His	Pro	Glu	Ser	Arg	Glu	Asn	Pro	Asn	Gly	Leu	Tyr	Ser	Ala	Ser	Asn	
				85					90					95		
Thr	Ile	Tyr	Val	Val	Asp	Lys	Lys	Gly	Asp	His	Phe	His	Pro	Lys	Ala	
			100					105					110			
Ile	Ile	Gly	Ser	Ser	Ser	Val	Val	Ala	Gln	Phe	Tyr	Gln	Met	Glu	Gly	
		115					120					125				
Val	Ser	Phe	Ile	Ala	His	Ser	Asn	Ser	Thr	Ser	Ile	Leu	Lys	Ser	Val	
	130					135					140					
Glu	Asp	Ile	Ser	Glu	Pro	Met	Val	Val	Val	Gly	Ile	Pro	Val	Lys	Asp	
145					150					155					160	
Leu	Lys	Tyr	Glu	Phe	Glu	Asp	Lys	Glu	Tyr	Gln	Trp	Asn	Ser	Asp	Arg	
			165						170					175		
Asp	Leu	Lys	Ala	Arg	Glu	Glu	His	Leu	Ser	Thr	Gly	Glu	Phe	Phe	Glu	
			180					185					190			
Ser	Asp	Met	Ser	Thr	Leu	Ser	Lys	Tyr	Val	Lys	Glu	Lys	Leu	Asn	Lys	
		195					200					205				
Phe	His	Asp	Ile	Met	Gln	His	Leu	Ser	Asn	Asp	Lys	Asp	Ala	Ile	Ala	
	210					215					220					
Glu	Ala	His	Asp	Asn	Gly	Val	Asn	Ser	Met	Val	Pro	Gly	Met	Leu	Ala	
225					230					235					240	
Met	Asp	Tyr	Asn	Thr	Leu	Lys	Ala	Met	Ser	Glu	Glu	Leu	His	Ser	Asp	
			245						250					255		
Lys	Ser	Asp	Glu	Gly	Val	Phe	Lys	Tyr	Asn	Leu	Phe	Asn	Glu	Leu	Leu	
		260					265						270			
Gly	Ser	Leu	Gly	Thr	Ser	Ala	Ser	Ala	Leu	Leu	Val	Arg	Asp	Met	Ile	
		275					280					285				
Met	Glu	Asp	Lys	Phe	Glu	Asn	Phe	Arg	Asp	Ala	Val	Arg	Ala	Leu	Thr	
	290					295				300						
Ala	Ile	Pro	Phe	His	Ile	Arg	His	Pro	Ser	Lys	Gln	Leu	Leu	Ser	Glu	
305					310					315					320	
Phe	Glu	Ala	Leu	Tyr	Asn	Tyr	Asp	Gly	Asp	Gln	Leu	Leu	Lys	Asp	Ala	
			325						330					335		
Val	Pro	Ile	Val	Leu	Gly	His	Leu	Ala	Arg	Val	Thr	Cys	Glu	Arg	Ala	
			340					345					350			
Gly	Val	Met	His	Ser	Pro	Ala	Ser	Lys	Glu	Cys	Phe	His	Ser	Val	Val	
		355					360					365				
Asp	Gly	Tyr	Ala	Asp	Lys	Thr	Ile	Glu	Lys	Ile	Met	Gly	Ala	Ser	Asp	
	370					375					380					

His	Lys	Glu	Gln	Ile	Lys	Leu	Leu	Gly	Met	Leu	Phe	Asn	Leu	Arg	Tyr
385					390					395					400
Gly	Asn	Val	Ala	Glu	Lys	Leu	Lys	Pro	Leu	Ile	Tyr	Gly	Glu	Thr	Glu
				405					410						415
Ile	Lys	Cys	Gly	His	Leu	Arg	Thr	Leu	Ala	Val	Gln	Ala	Ala	Ala	Phe
			420					425						430	
Gly	Thr	Ile	Asn	Asn	Gly	Lys	Gly	Ala	Glu	Tyr	Leu	Leu	Pro	Ile	Phe
		435					440						445		
Ala	Asp	Ser	Glu	Asn	Ser	His	Glu	Leu	Arg	Leu	Thr	Ala	Leu	Ser	Tyr
450						455					460				
Leu	Met	Asp	Ala	His	Pro	Thr	Ala	Thr	His	Phe	Asn	Thr	Ile	Val	Ala
465					470					475					480
Val	Leu	Tyr	Arg	Glu	Lys	Asp	Tyr	Glu	Val	Ile	Asn	Tyr	Ala	Phe	Thr
				485					490						495
Leu	Leu	Asp	Lys	Tyr	Ala	Thr	Asn	Ile	Asn	Pro	Cys	Lys	Lys	Ser	Val
			500					505						510	
Ser	Val	Leu	Ala	Lys	Tyr	Phe	Leu	Lys	Tyr	Leu	Lys	Gln	Tyr	Ser	His
		515					520						525		
Phe	Glu	Thr	Asp	Tyr	Gly	Leu	Gly	Val	Ser	Lys	Thr	Tyr	Ser	Arg	Gln
	530					535						540			
Phe	Gln	Gln	Ser	Lys	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Gly	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Trp	Val
545					550					555					560
Ile	Gly	Ser	His	Ser	Ser	Thr	Leu	Pro	Leu	Ser	Val	Ala	Met	Cys	Met
				565					570						575
Asp	Thr	Thr	Leu	Phe	Gly	Gly	Tyr	Thr	Ala	Asn	Gly	Met	Cys	Val	Gln
			580					585						590	
Leu	Arg	Ile	Glu	Gly	Leu	Ser	Lys	Ala	Leu	Ile	Arg	Lys	Phe	Lys	Thr
		595					600						605		
Met	Ser	Pro	Asp	Ile	Trp	Lys	Ser	Glu	Asp	Leu	Lys	Ser	Ile	Leu	Met
	610					615							620		
Gly	Asp	Met	Asn	Ile	Lys	Glu	Arg	Pro	Asp	Gln	Pro	Ile	Asn	Val	Glu
625					630					635					640
Val	Leu	Leu	Phe	Val	Lys	Asn	Ser	Val	Val	Ala	Phe	Arg	Gln	Tyr	Asn
				645					650						655
Glu	Asp	Ser	Ile	Lys	Glu	Gly	Gly	Asn	Leu	Lys	Glu	Ile	Phe	Asp	Gln
			660				665							670	
Leu	Lys	Gly	Leu	Gly	Asp	Thr	Tyr	Ser	Ile	Asn	His	Gln	Arg	Ala	Met
		675				680							685		
Arg	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Tyr	Gln	Gln	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Ala	Pro
	690					695							700		
Val	Ser	Tyr	Leu	Asn	Ser	Phe	Thr	Gly	Val	Phe	Asp	Val	Gln	Ala	Thr
705					710					715					720
Ile	Lys	Lys	Gly	Asn	Ala	Arg	Gly	Leu	Met	Phe	Arg	Asp	Val	Lys	Tyr
				725					730						735
Asn	Met	Asn	Phe	Phe	Gly	His	Gly	Ser	Arg	Met	Met	Met	Val	Gln	Asn
			740					745						750	
Pro	Gln	Ser	Lys	Met	Phe	Tyr	Ser	Ile	Ser	Gln	Asn	Arg	Ile	Tyr	Gly
		755					760						765		
Ser	His	Phe	Pro	Arg	Glu	Phe	Val	Ile	Gly	Val	Asn	Pro	Leu	Lys	Lys
	770					775						780			

Glu Phe Lys Leu Ser Ile Gln Arg Pro Ser Tyr Glu Asn Pro Leu Val
 785 790 795 800
 Leu Met Met His Ser Leu Thr Lys Val Tyr Thr Gly Ser Gln Asn Val
 805 810 815
 Asn Glu Lys Gln Asp Ile Ser Ala Asn Cys Pro Glu Cys Lys Ser Asp
 820 825 830
 Thr Pro Val Ser Tyr Gly Pro Asp Ala Ala Lys Thr Arg Val Phe Leu
 835 840 845
 Asn His Asp Cys Asp Lys Thr Gly Ser Tyr Ile His Gly Glu Tyr Phe
 850 855 860
 Asp Cys Glu Met Glu Ser Asn Arg Gly Lys Val Leu Tyr His Leu Trp
 865 870 875 880
 Arg Ala Met Leu Pro Tyr Asn Lys Asn Pro Lys Thr Phe Gly Asn Gly
 885 890 895
 Ile Arg Met Gly Ile Arg Gln Ile Arg Ala Tyr Phe Val Phe Phe Pro
 900 905 910
 Arg Ala Glu Lys Cys Gly Ala Met Leu Arg Trp Ser Gln Ser Lys Glu
 915 920 925
 Asn Pro Val Lys Glu Leu Glu Ile Ser Leu Arg Phe Asn Ala Asn Pro
 930 935 940
 Asn Gly Glu Arg Leu Phe Phe Arg Gly Arg Lys Trp Val Val Thr Thr
 945 950 955 960
 Ile Ile Lys Ala Lys Gly Glu Pro Gln Asp Arg Val Tyr Lys Ile Ile
 965 970 975
 Leu Gly His Glu Phe Thr Pro Gly Tyr Ile Glu Asn Arg Leu Lys Phe
 980 985 990
 Arg Met Gln Arg Ala Ala Val Pro Gly Ile Met Ser Asp Tyr Ser Ile
 995 1000 1005
 Cys Phe Asn Met Glu Asn Lys Tyr Pro Asp Phe Gly Glu Glu Phe
 1010 1015 1020
 Met Thr Tyr Asp Lys Ser Thr Gln Leu Lys Met Thr Gly Lys Ala
 1025 1030 1035
 Lys Leu Gln Tyr Gly Ala Ala Ala Asp Cys Asp Ser Thr Pro Gly
 1040 1045 1050
 Glu Met Lys Leu Ser Phe Lys His Glu Thr Thr Glu Glu Ala Arg
 1055 1060 1065
 Glu Ala Met Lys His Thr Trp Tyr Tyr Glu Lys Cys Met Glu Gln
 1070 1075 1080
 Lys Lys Gln Pro Glu Trp Ala Asn Arg Gly Asp Lys Leu Pro Phe
 1085 1090 1095
 Thr Gln Ala Cys His Met Thr Thr Trp Asp Ala Thr Thr Ala Arg
 1100 1105 1110
 Lys Tyr Ser Trp Lys Met Asn Phe Val Lys Met Thr Asp Arg Met
 1115 1120 1125
 Asn Ala Ile Val Ser Gln Phe Gln Ser Ile Met Lys Thr Gly Leu
 1130 1135 1140
 Leu Pro Tyr Trp Asp Ile Asp Pro Glu Ile Ile Pro Ala Thr Ser
 1145 1150 1155
 Ala Asp Pro His Met Asn Ile Lys Ala Thr Leu Lys Asn His Asp
 1160 1165 1170
 Lys Asn Val Asp Met Tyr Met Glu Thr Ser Gln Gly Gly Gln Arg

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

<210> 21

<211> 247

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 21

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

<210> 22

<211> 178

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 22

```

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

```

<210> 23

<211> 1234

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<220>

<221> misc_feature

<222> (1018)

<223> Xaa = aminoácido desconhecido

<400> 23

```

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

```

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

His	Pro	Ser	Lys	Gln	Leu	Leu	Ser	Glu	Phe	Glu	Ala	Leu	Tyr	Asn	Tyr
		435					440					445			
Asp	Gly	Asp	Gln	Leu	Leu	Lys	Asp	Ala	Val	Pro	Ile	Val	Leu	Gly	His
	450					455					460				
Leu	Ala	Arg	Val	Thr	Cys	Glu	Arg	Ala	Gly	Val	Met	His	Ser	Pro	Ala
465					470					475					480
Ser	Lys	Glu	Cys	Phe	His	Ser	Val	Val	Asp	Gly	Tyr	Ala	Asp	Lys	Thr
				485					490					495	
Ile	Glu	Lys	Ile	Met	Gly	Ala	Ser	Asp	His	Lys	Glu	Gln	Ile	Lys	Leu
		500					505					510			
Leu	Gly	Met	Leu	Phe	Asn	Leu	Arg	Tyr	Gly	Asn	Val	Ala	Glu	Lys	Leu
	515						520					525			
Lys	Pro	Leu	Ile	Tyr	Gly	Glu	Thr	Glu	Ile	Lys	Cys	Gly	His	Leu	Arg
530						535					540				
Thr	Leu	Ala	Val	Gln	Ala	Ala	Ala	Phe	Gly	Ala	Ile	Asn	Asn	Gly	Lys
545				550					555						560
Gly	Ala	Glu	Tyr	Leu	Leu	Pro	Ile	Phe	Ala	Asp	Ser	Glu	Asn	Ser	His
				565				570						575	
Glu	Leu	Arg	Leu	Thr	Ala	Leu	Ser	Tyr	Leu	Met	Asp	Ala	His	Pro	Thr
		580					585					590			
Ala	Thr	His	Phe	Asn	Thr	Ile	Val	Ala	Val	Leu	Tyr	Arg	Glu	Lys	Asp
	595						600					605			
Tyr	Glu	Val	Ile	Asn	Tyr	Ala	Phe	Thr	Leu	Leu	Asp	Lys	Tyr	Ala	Thr
610						615					620				
Asn	Ile	Asn	Pro	Cys	Lys	Lys	Ser	Val	Ser	Val	Leu	Ala	Lys	Tyr	Phe
625				630						635					640
Leu	Lys	Tyr	Leu	Lys	Gln	Tyr	Ser	His	Phe	Glu	Thr	Asp	Tyr	Gly	Leu
				645					650					655	
Gly	Val	Ser	Lys	Thr	Tyr	Ser	Arg	Gln	Phe	Gln	Gln	Ser	Lys	Tyr	Gly
		660					665					670			
Tyr	Gly	Gly	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Trp	Val	Ile	Gly	Ser	His	Ser	Ser	Thr
675						680						685			
Leu	Pro	Leu	Ser	Val	Ala	Met	Cys	Met	Asp	Thr	Thr	Leu	Phe	Gly	Gly
690						695					700				
Tyr	Thr	Ala	Asn	Gly	Met	Cys	Val	Gln	Leu	Arg	Ile	Glu	Gly	Leu	Ser
705				710						715					720
Lys	Ala	Leu	Ile	Arg	Lys	Phe	Lys	Thr	Met	Ser	Pro	Asp	Ile	Trp	Lys
				725					730					735	
Ser	Glu	Asp	Leu	Lys	Ser	Ile	Leu	Met	Gly	Asp	Met	Asn	Ile	Lys	Glu
		740						745						750	

Arg	Pro	Asp	Gln	Pro	Ile	Asn	Val	Glu	Val	Leu	Leu	Phe	Val	Lys	Asn
		755					760					765			
Ser	Val	Val	Ala	Phe	Arg	Gln	Tyr	Asn	Glu	Asp	Ser	Ile	Lys	Glu	Gly
		770					775					780			
Gly	Asn	Leu	Lys	Glu	Ile	Phe	Asp	Gln	Leu	Lys	Gly	Leu	Gly	Asp	Thr
		785					790				795				800
Tyr	Ser	Ile	Asn	His	Gln	Arg	Ala	Met	Arg	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Tyr
				805					810						815
Gln	Gln	Pro	Leu	Glu	Val	Gly	Ala	Pro	Val	Ser	Tyr	Leu	Asn	Ser	Phe
			820					825					830		
Thr	Gly	Val	Phe	Asp	Val	Gln	Ala	Thr	Ile	Lys	Lys	Gly	Asn	Ala	Arg
		835					840						845		
Gly	Leu	Met	Phe	Arg	Asp	Val	Lys	Tyr	Asn	Met	Asn	Phe	Phe	Gly	His
		850					855				860				
Gly	Ser	Arg	Met	Met	Met	Val	Gln	Asn	Pro	Gln	Ser	Lys	Met	Phe	Tyr
		865			870					875					880
Ser	Ile	Ser	Gln	Asn	Arg	Ile	Tyr	Gly	Ser	His	Phe	Pro	Arg	Glu	Phe
				885					890					895	
Val	Ile	Gly	Val	Asn	Pro	Leu	Lys	Lys	Glu	Phe	Lys	Leu	Ser	Ile	Gln
			900					905					910		
Arg	Pro	Ser	Tyr	Glu	Asn	Pro	Leu	Val	Leu	Met	Met	His	Ser	Leu	Thr
		915					920						925		
Lys	Val	Tyr	Thr	Gly	Ser	Gln	Asn	Val	Asn	Glu	Lys	Gln	Asp	Ile	Ser
		930				935					940				
Ala	Asn	Cys	Pro	Glu	Cys	Lys	Ser	Asp	Thr	Pro	Val	Ser	Tyr	Gly	Pro
		945				950				955					960
Asp	Ala	Ala	Lys	Thr	Arg	Val	Phe	Leu	Asn	His	Asp	Cys	Asp	Lys	Thr
				965					970					975	
Gly	Ser	Tyr	Ile	His	Gly	Glu	Tyr	Phe	Asp	Cys	Glu	Met	Glu	Ser	Asn
			980					985					990		
Arg	Gly	Lys	Val	Leu	Tyr	His	Leu	Trp	Arg	Ala	Met	Leu	Pro	Tyr	Asn
		995					1000						1005		
Lys	Asn	Pro	Lys	Thr	Phe	Gly	Asn	Gly	Xaa	Arg	Met	Gly	Ile	Arg	
	1010					1015					1020				
Gln	Ile	Arg	Ala	Tyr	Phe	Val	Phe	Phe	Pro	Arg	Ala	Glu	Lys	Cys	
	1025					1030					1035				
Gly	Ala	Met	Leu	Arg	Trp	Ser	Gln	Ser	Lys	Glu	Asn	Pro	Val	Lys	
	1040					1045					1050				
Glu	Leu	Glu	Ile	Ser	Met	Arg	Phe	Asn	Ala	Asn	Pro	Asn	Gly	Glu	
	1055					1060					1065				
Arg	Leu	Phe	Phe	Arg	Gly	Arg	Lys	Trp	Val	Val	Thr	Thr	Ile	Ile	
	1070					1075					1080				
Lys	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Gln	Asp	Arg	Val	Tyr	Lys	Ile	Ile	Leu	
	1085					1090					1095				
Gly	His	Glu	Phe	Thr	Pro	Gly	Tyr	Ile	Glu	Asn	Arg	Leu	Lys	Phe	
	1100					1105					1110				
Arg	Met	Gln	Arg	Ala	Ala	Val	Pro	Gly	Ile	Met	Ser	Asp	Tyr	Ser	
	1115					1120					1125				

Ile	Cys	Phe	Asn	Met	Glu	Asn	Lys	Tyr	Pro	Asp	Phe	Gly	Glu	Glu
1130						1135					1140			
Phe	Met	Thr	Tyr	Asp	Lys	Ser	Thr	Gln	Leu	Lys	Met	Thr	Gly	Lys
1145						1150					1155			
Ala	Lys	Leu	Gln	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ala	Asp	Cys	Asp	Ser	Thr	Pro
1160						1165					1170			
Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Ser	Phe	Lys	His	Glu	Thr	Thr	Glu	Glu	Ala
1175						1180					1185			
Arg	Glu	Ala	Met	Lys	His	Thr	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Lys	Cys	Met	Glu
1190						1195					1200			
Gln	Lys	Lys	Gln	Pro	Glu	Trp	Ala	Asn	Arg	Gly	Asp	Lys	Leu	Pro
1205						1210					1215			
Phe	Thr	Gln	Ala	Cys	His	Met	Thr	Thr	Trp	Asp	Ala	Thr	Thr	Ala
1220						1225					1230			

Pro

<210> 24

<211> 714

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 24

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

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


```

Ser Tyr Asp Ile Lys Asp Glu Thr Ser Gly Thr Asp Phe Phe Arg Ser
      500      505      510
Glu Glu Ser Ser Gly Pro Val Thr Lys Gly Ser Tyr Lys Val Ala Leu
      515      520      525
Pro Asp Gly Arg Ile Gln Ile Val Glu Tyr Ile Ala Asp Glu Asn Gly
      530      535      540
Tyr Lys Ala Thr Val Ser Tyr Glu Gly Glu Ala Val Phe Pro Asn Pro
545      550      555      560
Asp Asp Phe Glu Glu Glu Pro Thr Arg Arg Thr Phe Arg His Ser Arg
      565      570      575
Lys Val Asp Ile Asp Ser Val Pro Asn Asn Asn Tyr Ser Phe Leu Arg
      580      585      590
Asn Arg Val Arg Gly Ala Gly Thr Thr Glu Lys Ala Pro Ser Pro Gln
      595      600      605
Asp Thr Thr Ile Arg Pro Val Ser Leu Pro Leu Arg His Arg Leu Ser
      610      615      620
Arg Thr Glu Val Ser Lys Ser Leu Pro Thr Ser Pro Phe Pro Tyr Ala
625      630      635      640
Val Ser Ser Thr Ser Pro Ala Pro Leu Pro Ser Ser Gln Gly Pro Gln
      645      650      655
Arg Phe Arg Val His His Ser Ser Pro Asn Val Glu Gly Arg Val Leu
      660      665      670
His His Ser Thr Pro Pro Val Ser Tyr Ser Gln Leu Pro Gln Ile Ala
      675      680      685
Thr Thr Gln Lys Pro Arg Phe Leu His Asn Ala Asn Tyr Glu Glu Ala
690      695      700
Leu Arg Asp Tyr Gly Ile Lys Val Asp Tyr
705      710

```

<210> 25

<211> 9

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 25

```

Phe Ile Asp Trp Ile Ala Glu His Gln
1          5

```

<210> 26

<211> 11

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 26

```

Ile Ala Val Ser Asp Ile Thr Tyr His Glu Lys
1          5          10

```

<210> 27

<211> 27

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 27

Asp	Gln	Glu	Phe	Ile	Gly	Asp	Val	Val	Val	Ser	Gly	Trp	Gly	Thr	Ile
1				5					10					15	
Ser	Ser	Ser	Gly	Pro	Pro	Ser	Pro	Val	Leu	Lys					
			20					25							

<210> 28

<211> 9

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 28

Asn	Gln	Tyr	Asp	Glu	Phe	Glu	Ser	Lys
1				5				

<210> 29

<211> 12

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 29

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

<210> 30

<211> 15

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 30

Ile	Ile	Leu	Gly	His	Glu	Phe	Thr	Pro	Gly	Tyr	Ile	Glu	Asn	Arg
1				5					10				15	

<210> 31

<211> 11

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 31

Ile	Val	Ile	Leu	Lys	Glu	Leu	Ser	Ser	Gly	Met
1				5					10	

<210> 32

<211> 25

<212> PRT

<213> *Lepeophtheirus salmonis*

<400> 32

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

<210> 33
<211> 15
<212> PRT
<213> sarampo

<400> 33

Leu Ser Glu Ile Lys Gly Val Ile Val His Arg Leu Glu Gly Val
1 5 10 15

<210> 34
<211> 15
<212> PRT
<213> toxina do tétano

<400> 34

Gln Tyr Ile Lys Ala Asn Ser Lys Phe Ile Gly Ile Thr Glu Leu
1 5 10 15

Lisboa, 2 de maio de 2016

REIVINDICAÇÕES

1. DNA que codifica um antígeno de proteína para utilização no tratamento de infecção com o copépode caligídeo em peixes, em que o DNA consiste na sequência de nucleótidos tal como apresentada na SEQ ID NO: 9.

2. DNA de acordo com a reivindicação 1, em que o copépode caligídeo é *Lepeophtheirus salmonis*.

3. DNA que codifica um antígeno de proteína, compreendendo o DNA uma sequência de nucleótidos tal como apresentada na SEQ ID No: 9.

4. DNA de acordo com a reivindicação 3 para utilização na prevenção de infecção pelo copépode caligídeo em peixes.

5. Proteína recombinante purificada, para utilização na prevenção de infecção pelo copépode caligídeo em peixes, consistindo a proteína numa sequência de aminoácidos apresentada na SEQ ID NO: 10.

6. Proteína recombinante purificada, para utilização de acordo com a reivindicação 5 em que o copépode caligídeo é *Lepeophtheirus salmonis*.

7. Proteína recombinante purificada compreendendo uma sequência de aminoácidos tal como apresentada na SEQ ID NO: 10.

Lisboa, 2 de maio de 2016

FIG.1

a)

Proteína de tipo vitelogenina (SL-0903)

Sequência de ácido nucleico

```
GCAATACAAAATTATCCATGGATGTACTACCACAATTGACCATGTATATACTCTT
GACAATGTCACATATCCTTACACACCTACCTCATGCTGGACGTTGGCTTCTGGA
CACTGTTCCCCACATCCAACCTTATGCAGTTTTTGTCAAAAAGTCTGCAGGATCTC
ATTTAGATGCTAAAATTTATTTGGGCGGTACAGCATCGAATCCAAACAAGTGG
CCCAAAGAAGATTAATGTTCTCATCAACGGTGAAGCTATTGATGTAGGAGAGGA
GGAACATGTTTATGAACAAGACGGACAAGAAATTTCAAGGTCTTAAATGGGG
ATCAAGTTACAGTGTCTTACTCCTTCTTGAAAATCTGGGTAGTCTATGATGGCCAT
GCAGTCAGCTTAATCCCTGCTCCATCTGTTACGGGTCAACATTGCGGTTTGTGT
GGAACTTCAACAGAAACCAATATGATGAATTTGAAAGCAAGGATGCTCATCAAT
TGAAGACATCCGACGAGCTTGTTGAAGATTATAAATGGAAGTGTGAGAATTTAT
TTCTTTCATCGATTGATGGAGATATTTTTTACAATGATTCTATTATAT
```

b)

Sequência de aminoácidos

```
QYKIIHGCTTTIDHVVYTLDNVTYPYTPPTSCWTLASGHCSPPH
TYAVFVKKSAGSHLDAKIYLGGHSTIEFQTSQPKKINVLINGE
AIDVGEEEHVHEQDGQEIFKVLKWGSSYSVYSFLKIWVVYD
GHAVSLIPAPSVTGQHCGLCGNFNRNQYDEFESKDAHQLKT
SDELVEDYKWKC
```

FIG.2

a)

Proteína 1 SEP (SL-0547)

Sequência de ácido nucleico

```
GTCCGGTTCGGCAAATCTAAAATGTACCACAAGAAGGCAATCTATAAATTCTTGA  
AGAAGACAACTCCCAAAAAGGTTGAGGCCAGTAAGCCCGCCTTCGTTGAGAAG  
AAGGTCGGAGGTGCCAAGAATGGGGGTACTCGTATGGTTCGCGTCAAGAAGTT  
GAAGAACGACTTCCCACCATGGAAAGACGTGCTCATAGAATCGCCAAGAAGC  
CTGAAAAGCTCTCTCGCAGGGTCCGTCCTACCCTCACCCCTGGAACCTATTGCAG  
TTATTCTTGCAGGTATCCACAAAGGAAAGAGAATCGTCATTCTCAAGGAGCTCTC  
CAGTGGAAATGCTTCTGATTTCTGGCCCTTCAAGCTTAATAACTGCCCAATTAGA  
AGGATTAATCAACGCTATTTGTTGGCCACATCAACCAAGCTCGATGTTTCATCCA  
TTAAAATGCCCGAGAACATTAATGATGATTACTTCGTCGTTTAAGAGCCGCCAA  
GAAGCCAGCTGGTANTGTAT
```

b)

Sequência de aminoácidos

```
VRFGKSKMetYHKKAIIYKFLKKTTPKKVEASKPAFVEKKVGG  
AKNGGTRMetVRVKKLKNDFPTMetERRAHRIAKKPEKLSRRV  
RPTLTPGTIAVILAGIHKGKRIVILKELSSGMetLLISGPFKLNN  
CPIRRINQRYLLATSTKLDVSSIKMetPENINDDYFRRLRAAK  
KPAQXV
```

FIG. 3

a)

Proteína 2 SEP (SL-0858)

Sequência de ácido nucleico

```
AAGCCCTCTTTGATCTTCAGAAGGACCTCGATGGAGATGTGGATGTTGAACTCA
AGTTGGTCAAGAAAGGAATTGTCTCCATTCCCCTGCATTGAAAGCCCTT
CAGGCCTGCATTTGGGCTCTTGTTCTACAACTGGAGGAGATTGTCAGCAAAT
ATGCGTATTTCTTGTGTCCAGACTATTTTCCAGAGGGCCAAAGCTGTTCTTTCCC
TTTGAAGGCAGGACAATATGGAGGTGAGATCTCTGGTATTGTTCTACCTGACAT
CCCACCTTCCATTTCCAACCTCGCCAAGGGAACCATTCATGGAACCTCTCTGT
GACCAGAAACGGGGAAGAAGTTTTCTGTATCAATGGAGATTGAAAATGACAAA
TTAATCCTTGTTTCTGTATCCATATTGAAGTCAATAAAATACTTCATTAATCT
```

b)

Sequência de aminoácidos

```
-ALFDLQKDLDDGDVDVELKLVKKGIVSIPICIESPSQLHLGS
CSYKLEEIIVSKYAYFLCPDYFPEGQSCSFPLKAGQYGGGEISGI
VLPDIPPSISNLAKGTHGTLSVTRNGEEVFCINGDLKMetTN
Stop
```


FIG. 4

a)

Proteína 3 SEP (SL-1469)

Sequência de ácido nucleico

```
AGAAATTGAAATCTCACTAAGATTTAATACTTCTCCCAATGGTGAGCGTTTATATT
TCAGAGGTAGAAAATGGGCTCTTACTGGTATCGTCAAAGCCAAAGGAGAACCAC
AAGATAGGGTATACAAAATTATTTTGGGACATGAATTCACCTCCTGGATACATTGA
GAATCGTCTCAAGTTTAGAATGCAAAGAGTTGCAGTCCCTGGGCTTTTGTCTGA
TTATTCTATTTGCTTTAATATGGAAAACAAGTACCCAGACTTTGGAGAAGAGTTTA
TGACTTATGACAAGAGCACTCAATTAATAATGTCTGGAAATGCAAGACTTCAATA
TGGTGCTGCTGCAGACTGTGACTCTACTCCTGGAGAAATGAAATTAAGCTTCGA
ACATGAAACAACCTGAAGAAGCAAGAGAGGGCTATGAAACACACGTGGTACTATGA
AAAGTGTATGGAACAGAAGCAACATCCAGAATGGGCAAGCAGAGGTGACAGAC
TTCCATTACAGAAGCCTGCCACATGACAACATGGGATGCAACTACTGCTCCGT
AAATACACATGGAAGATGAACTTTGTTNAGATGACTGATCGCATTGAATGCTATT
GTTTC
```

b)

Sequência de aminoácidos

```
-EIEISLRFNTPNGERLYFRGRKWALTGIVKAKGEPQDRVYK
IILGHEFTPGYIENRLKFRMetQRVAVPGLLSDYICFNMetEN
KYPDFGEEFMetTYDKSTQLKMetSGNARLQYGAAADCSTPG
EMetKLSFEHETTEEAREAMetKHTWYYEKCMetEQKQHPEWA
SRGDRLPFTEACHMetTTWDATTAP stop
```

FIG. 5

a)

Proteína de adesão 3

~precursor da proteína 2 da matriz da placa adesiva de
mexilhão (proteína 2 do pé)
(mb3a02.ckr)

Sequência de ácido nucleico

```
TACATGTCTTGAACCTGTCTGTCCATCTAATTTGTGTAAAAATGGTGGAAAATGT
AAAGTTTATCGTGGAGTATGTTATTGCGATTGTAAAGGTAAGTGGTTTTGAAGGTT
CAAAATGTCATCAACCAACTTGCACACCTACAACATGTCCTAAAAATGCTGTTTG
TGAAGTGGATTGGTCTAATAAAAAAACACGTCGTACATGTAAAAAAGGATTTGCT
GGTGCAAATTGTGCTGATAATGCTTGCTCCAGTTTCCATGTGAAAATGGATCT
GAATGTGTTGTAAAATATGGATCTCAACCACAATGTGATTGTAAGCCTGGATTTT
TTGGCAATTTCTGCCAATCACATTTTTGTGAACATTTCAAATATTCAGCTGTAGGT
GGTAAATGTGAAATTATGGAAGACGAAAAAACTTGGGAGTCTATAAACCTGTTT
GTAAATGTTTAGAAGGATATGAAGGTAAAATTTGCAGCGAAATTTCTTGCTCTGA
ATCATTCTGTCAATTATCGAGGAAAATGTTCCGTTAGTAAAGATATAAGAAGCTGC
AAATGTGACAGAGGAATTCAAGGCGAGCGCTGTGAACATCCTAAACCTTGTGAA
AGTTGCGACAAAGCAGATTGTGTTAGAGAAAAACCTGGCAGTGGCAATTTTGT
TGTGCAAAAAAATAGACATAATATAATTAAG
```

b)

Sequência de aminoácidos

```
-TCLPVCPSNLCNNGGKCKVYRGVCYCDCKGTQFEGSKCH
QPTCTPTTTPKNAVCELDWSNKKTRRTCKKGFAGANCADNA
CSQFPCENGSECVVKYGSQPQCDCKPGFFGNFCQSHFCEHFK
YSAVGGKCEIMEDEKNLGVYKPVCKCLEGYEGKICSEISCSE
SFCHYRGKCSVSKDIRSKCDRGIQGERCEHPKPCESCDKAD
CVREKPGSGNFVCAKK
```

FIG. 6

a)

Proteína de adesão 1

~precursor da proteína da matriz da placa adesiva de
mexilhão (proteína 1 do pé) (sl-0927-9)

Sequência de ácido nucleico

```
CCCATCCAAAGTAGCCTCAAAAACAAAGTCATATACCCGCCCTCTTTACTCCAAA  
AAGAACTTCTTACGCAAGAAACCCCTCTGTATATTACAAAGTTAAGAAAAATCCCG  
TCAAGTTAAGAAAAGTTAAGAAAATTCTGAGACCTGTGAGTTACTCAACTCCTCA  
GACTCATCCGAGCAGCACGACTGTTTCAACCACAAGAGACTATCCAAGTAAATC  
TCTTGAAAGTTTAAACGCAAACTAAGAGTCCAGAAATAGTATCGGCCTTTACTCCG  
GTCTCAGTCTCAAAAAAGTCTATTAAATCATTGAATGCTCGAAAATCCATTTATGC  
AAGTCCATCTACCCCATCTTTTAGATATTGACCAACAACACCTTCTTCATATCAAA  
GTCTTAAGCCATTTGAGCCCAACCTATTCATAGATTGAGATCTAAGCCAGGCTA  
CAAGTCTACCAGATCCAAACCTACTTATGTTTCGTCAACGACCACCCACCCAGC  
GTATGTATCATCTACTATTAGTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTAGTCCAGCC  
TATGCATCATCTAGTGTTAGCCAGCCTATGCATC
```

b)

Sequência de aminoácidos

```
PSKVASKTKSYTRPLYSKKNFLRKKPSVYYKVKKNPVKLRK  
VKKILRPVSYSTPQTHPSSTTVSTTRDYPSSKSLES LTQTKSPE  
IVSAFTPVSVSKKSIKSLNARKSIYASPSTPSFRYSPTTPSSYQ  
SLKPFEPKPIHRFRSKPGYKSTRSKPTYVSSTTTTHPAYVSSTI  
SPAYASSSVSPAYASSSVSPAYA
```

FIG. 7

a)

Proteína de ligação à cutícula 1

~proteína de tipo BCS-1 (morán 9-15)

Sequência de ácido nucleico

```
AGCGTGGTCGCGGCCGAGGTACGCGGGGAATCAGTACAAAGTTTACAGGCAAC
AATGATCATGTACACCTCAGTATTCCTTCTTTCCATCGTCTTTTCATGTGCCTTTG
GAGCACCCCAATATCAAGCCTCTCAGCCTGCTTATGCTCCAGTTGAAGAGCCTT
ACGCTTATCAATACGCCGTTCAAGATCCCCAATCAGGAAATGACTTTTCTGCCG
AAGAATCCTCTGATGGACAAGTCATCTCTGGATCCTATCAAGTGGCTCTCCCCG
ATGGTCGTATTCAAACGTGACCTACACTGTGAGTGGAGATAGTGGATACGTTG
CTGATGTTTCAGTATGAAGGAACTCCATCCTATCCCGAAGCTCCTCAGCAACCCA
GATATGTTTAAAAAGTTTGGCATTGATGAATATTCATTAATTGATTTATATTTATGT
TAAATATATTATTCATAGTTGAAATTGATATTGTTTACTCTCAAAGAAATACAAATT
TATATTTATATTTT
```

b)

Sequência de aminoácidos

```
SVVAAEVRGESVQSLQATMIMYTSVLELLSIVFSCAFGAPQYQ
ASQPAYAPVEEPYAYQYAVQDPQSGNDFS AEESSDGQVISGS
YQVALPDGRIQTVTYTVSGDSGYVADVQYEGTPSYPEAPQQ
PRYV
```

FIG. 8

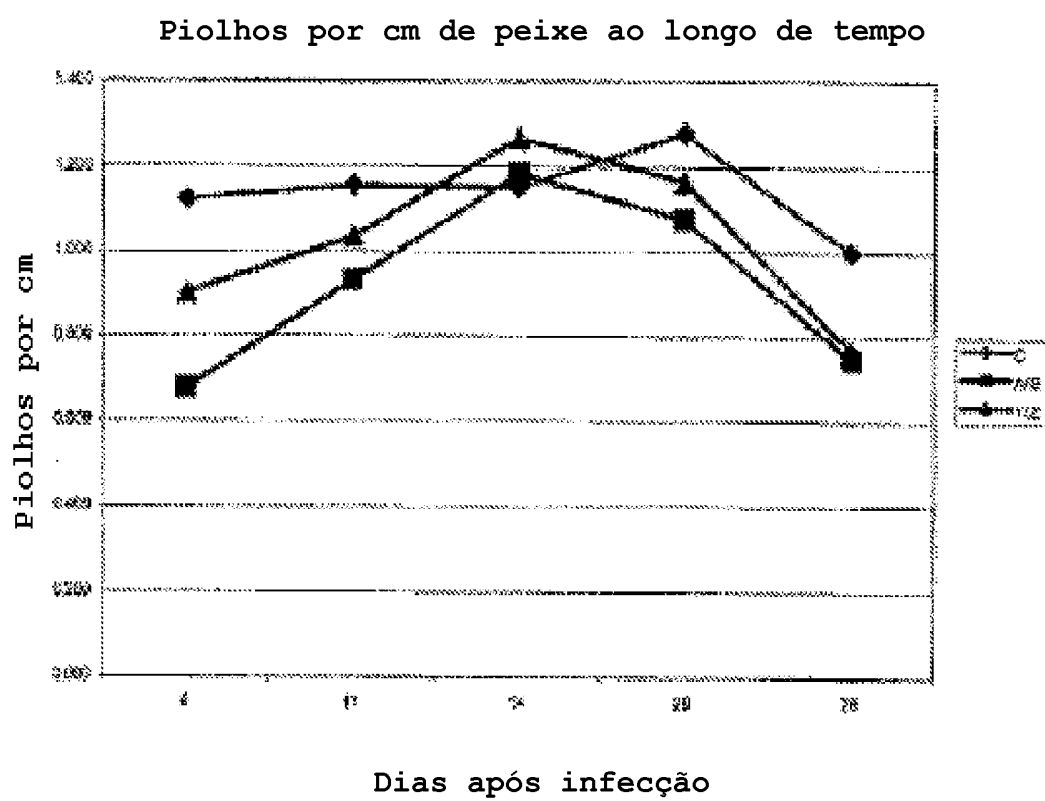


FIG. 9

Piolhos por grama de peixe ao longo de tempo

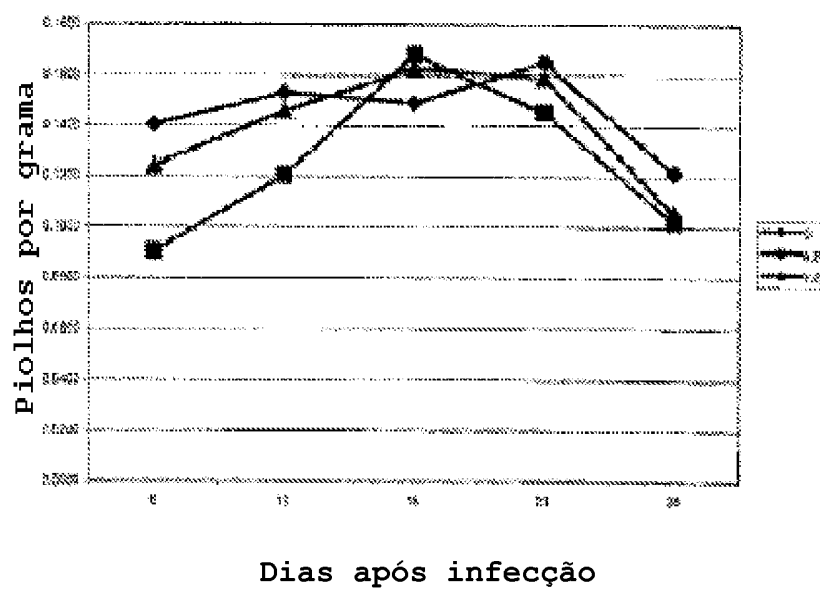
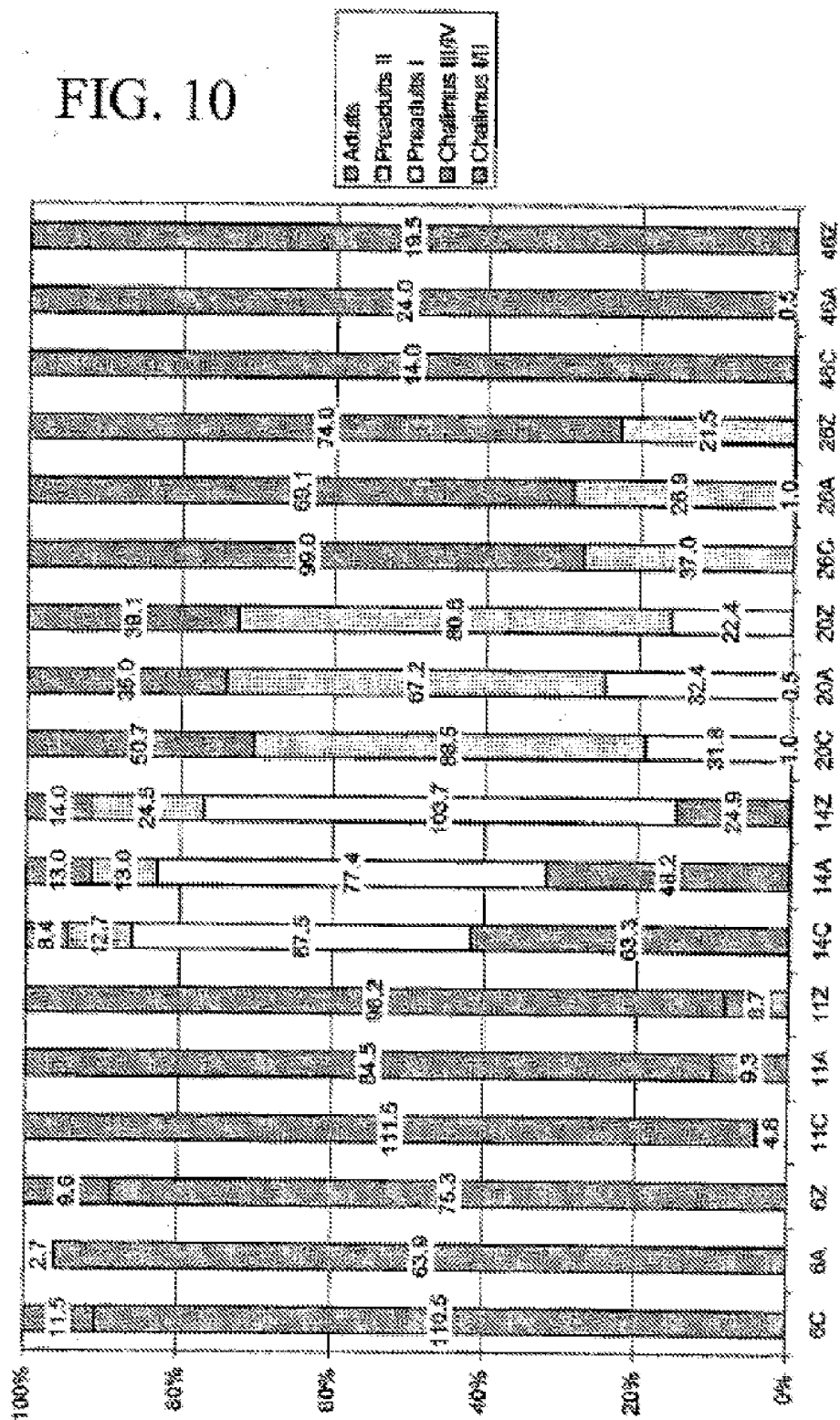


FIG. 10

Dados em pilha



Dias p.i. por grupo

FIG. 11

Proteína de tipo vitelogenina SL-903 >SL0903FLG

TATTCCAAAGCTAACATGATCAGAGGATGGGCTCAAAAGACTTCAATTGAAACATGGATAAAATCAACAATCATGGAC
 ATGGATTCCATTTCGAAGAGCAATCCATCTTTGGAGATTTGGATACCTTTACACTGTTAGTGATCATAAAATTTGG
 AAATCTGTAAAGTCATACTAAAGATTCGCAAAAACAGAGTACGTTCTTCATTGATGATTGGAGGGGCGAAAGCTGT
 GACATTGACCCAGAGCATCCAGAAAAGCAGAGAGAAAATCCAAATGGTCTTTACTCTGCTTCCAAACACCATTTATGHDG
 TGGACAAAGAAAGGAGATTCATTCCACCCTAAGGCCATCATRKATATCTCTAGTTTGTGACAAATCTATCAAAAT
 GGAAAGAGATCTCTTTTATTGGCTCAGCTTAATTCACATCTATTTTGAAAATCTGTTGGAAGATATCTCAGAAACCTATGG
 TTGTTGTTGGAAATCCCAAGTCAAGGATCTCAAAATACGAATTTGAAAGATAAAGAAATACAAATGGAATTTCTGACAGAG
 ACCTCAAGGCTCTGTGAAGAACATTTATCCACTGGTGAATTTTTGGAGAGTGACATGTCACCTTTGTCAAAATATGT
 TAAGGAAAAGGCTCAACAAGTTCCATGACATCAAGCAACATTTTCAAAATGACAAAGATGCCATTCGAGAAGCTCA
 TGAATAATGGAGTAAACAGTATGGTACTCGGTATGTTGGCTATGGACTACAATACATTTGAAGGCTATGTCGGAAGA
 ACTTCACACAGACAAATCTGATGAAGGTGTATTCAAAATACAATCTTTTCAAAAGAACCTTTGGAAGTTTAGGAACC
 AGGCTCTCTGACATCCCTGGTCCGTGACATGATCATGGAAAGACAAATTTGAAAACCTTCAGGGATGCTGTCTGTGCTC
 TTACTGCCATCTCTTTCCATATTCGTCAACCTAACAAGCAACTTTTGAGTGAATTCGAAGCTTTGTACAACTACGAT
 GGAGATCAACTCTCTCAAGATGGCTGCCAAATGTTCTTGGACACTTAGCACCGAGTTACTTGGGAAAGAGGCTGGGA
 GTAAATGCACTCTCTGCTTCTAAAGAAATGTTTCCACTCTGTTGTTGGAAGGATACGCTGATAAAACAAATGGAAGAAA
 TTAAGGGTGCATCTGACCACAAAGAGCAAAATTAAGCTTCTTGGAAATGTTGTTCAATCTTGGCTATGGGAAAGCTTGC
 TGAATAAATTAAGAGCTCTTAATTAATGGAGAAACCTGAGATCAAAATGGAGACATCTCCCTACTCTTGGCTTTCAAGCT
 GCTGCTTTTGGAGCAATCAACAACCGGAAAGGAGCTGAAATATTAATGCTCAATTTTGGGACAGTGAAGAACTCTC
 ATGAACCTAGATTGACAGCTCTCTCATACTTGTGGAGTGTCTCACTCCACCGCAACTCACTTTAACACCAATCGTRKI
 GTACTTTACAGAGAGAAAAGATTATGAAGTATCAACTATGCTTTTACACTCTTGGATAAAATATGCAACCAATATTA
 ACTCTTCAAGAAAATCGGCTCTCTGATATGGCCAAATACTTCTTGAATAATCTTAAGCAATACAGCTATTTTGGAAC
 TGAATATGGATTGGGAGTGTCTCAAAACTTATAGTCTGCAATCTCAACAATCTAAATACGGGTATGGAAGTGAATAC
 AGCTACTGGGTCATGGATCTCATAGTCTTACCTCTCTGAGTGTGCAATGTTATGGACACAACCTTGTGTTGG
 AGGATATACCCCTAATGGAAATGTTGTTGCAATTAAGAATTGAAGGATGTTCAAGGCTCTCATCCGTAATTTCAAG
 ACTATGAGGCTCAGATATCTGGAAAATCTGAAGATCTCAAAAGTATCTTAATGGGAGATATGAACATTAAGGAAGAA
 CTTGATCAACCAATCAACGTTGAGGTTCTCTCTTTGGTCAAGAACTCAGTTGTTGCAATTCAGACAAATATAACGAAG
 ATTCAATTAAGGAAGGTTGGGAACCTGGAAGAAATTTTGGATGATTGAAAGGACTTGGAGACACCTTACTCTTATTA
 ATCAACAAAGAGCAATGAGATTGGAAGCTCTCTGATCAACAACCTTGGAAAGTCTGCTCTTCTTACTT
 AAACCTATTCACCGGCTTTTGTGATGTTCAAGCTACAAATTAAGAAAGGAAATGCCAGAGGCTTATGTTTCAGAGAT
 GTCAAAATATAACATGAACCTTTTGGACATGGATCTCTGTATGATGATGGTTCAAAACCCACAATCAAGAGATTTT
 ATTCTATTCTCAAAACCGTATTATGGCTCTCTATTCCCAAGAGAAATTTGTCATTGGAGTTAAATCCATGGAAGAAA
 GAGTTTAAATATATCTATTCACCGGCTTCTTATGAGAATCCACTCTTACTTATGATGACACTTTTAAACCAAAAGTTTA
 CACTGGAATCTCAAAATGTTAATGAAAAGCAGGATATTTTCAGCCAACTGCTCTGAGTGCAGGCTGATACCTCTGTA
 TCGTATGGTTCAGATGCTGCTTAAACCCAGAGCTTTTAAACCATGATGGGATAAGACTGGCTCTTATATTCAGC
 GGAATATCTTGGACTGTGAAATGGAATCCAAATAGGGAAGAGGCTTATACEATTGTTGGAGAGGCTATGTTACCTTA
 TGAACAAAAGCTTAAGACTTTTGGAAATGTTATTCGATGGGTATGCTCAAAATCAGAGCTTATTTTGTCTTCTTCC
 CAAGAGCTGAAAAATGTTGAGCAATGCTTCTGCTGGTCACAATCAAGGGAAGAAATCCAGTTAAAGAGCTTGAATTT
 CTATGAGATTCAATGCTAATCCCAATGGCGAGGCTCTTTTCTTATGAGGAGCGTAAATGGGTAGTCAACAATATTAT
 CAAAGCTAAAGGAGAACTCAAGATAGGGTATACAAAATTAATTTGAGACATGAATTCACCTCTGGATACATTGA
 GAATCGTCTCAAGTTTGAATGCAAGAGCTGCAAGTCTCTGGAATTAATGCTGATTAATCTATTGCTTCAATATGG
 AAAACAAGTACCCAGACTTTGAGAGAGAGTTTATGACTTATACAAAGAGCACTCAATTAAGAAATGACTGGAAAGG
 CAAACTTCAATATGCTGCTGCTGACAGACTGTGACTCTTACTCTGGAGAAATGAAATTAAGCTTCAAAATATGAAC
 AACTGAAGAAAGCAAGAGAGGCTATGAAACACACTTGGTACTATGAAAATGTTATGGAACAGAAAGAAACAGCCAG
 AATGGGCAACAGAGGTTGATAAACTTCCATTACACAAAGCTTGCACATGACAACTAGGGATGCACCTACTGACAC
 GTAAATATCTCATGGAAGATGAACCTTGTAAAGATGACTGATCGCATGAATGCTATTGTTCTCAATTCCAAAGTAT
 CATGAAAACCTGGTCTTTTACTTACTTGGGACATTTGATCCAGAAATATCTCCAGCTACAAGTGTCTGATCCACATG
 AATATCAAGCTTACCTTTAAACCAACAGACAAAGATGTTGATATGTATCATGGAACCACTGACAGGAGGCTCAAGCT
 TTCAACGATATTTCTTCTTACTTTTAAATTTGGTCCCAATGTTGAGAAACCTTAAGTTTACATCTACCCTTAGAGCTT
 CATGCAATACAAAATATCCATGGATGTACTACCAATTTGACCATGTATATATCTTGTGACAAATGTCACATATCTT
 TACACACTTACCTCATGCTGGAGCTTGGCTCTTGGACACTGTTCCCACTATCCAACTTATGCACTTTTGTCAAAAA
 GTCTGACGATCTCATTTAGATGCTAAAATTTATTTGGGCGGTACAGCAATCGAATTTCAACCAATGGGCGCAAG
 AAGATTAAATTTCTCATCAACGTTGAAGCTATTGATCTAGGAGAGGAGGAACATGTTATGAACAAAGAGGACAA
 GAAATTTCAAGGCTTAAATGCGGATCAAGTTACAGTGTTTTACTCTTCTTGAAGAAATCTGGGAGCTTATGATG
 CCAATGAGTCAAGCTTAAATCTCTCTCATCTCTTACGGGCAACATTTGCGCTTGTGTTGGAAGCTTCAACAGAAA
 CCAATATGATGAATTTGAAGCAAGGATGCTCATCAATGAAGACATCGAACGAGCTTGTGGAAGATTATAAATG
 GAAGTTTGAAGAAATTTATTTCTTCTATGG

FIG. 12

Proteína 1 SEP SL-0547

>SL0547DRFL

CTTCTTAAATCCTGAAAAGGTAGTAGTAGAAGTTCACGGAAATTCGGCGAA
GAACAAGAACGTCGGTAAGCCGAGGAAGTACAAGTTAGCCTCCGGAGTC
GTCCGGTTCGGCAAATCTAAAATGTACCACAAGAAGGCAATCTATAAATT
CTTGAAGAAGACAAGTCCCAAAAAGGTTGAGGCCAGTAAGCCCGCCTTCG
TTGAGAAGAAGGTTCGGAGGTGCCAAGAATGGGGGTACTCGTATGGTTTCGC
GTCAAGAAGTTGAAGAACGACTTCCCCACCATGGAAAGACGTGCTCATAG
AATCGCCAAGAAGCCTGAAAAGCTCTCTCGCAGGGTCCGTCCTACCCTCA
CCCCTGGAAGTATTGCAGTTATTCTTGCAGGTATCCACAAAGGAAAGAGA
ATCGTCATTCTCAAGGAGCTCTCCAGTGGGAATGCTTCTGATTTCTGGCCCC
TTCAAGCTTAATAACTGCCCAATTAGAAGGATTAATCAACGCTATTTGTTG
GCCACATCAACCAAGCTCGATGTTTCATCCATTAAAATGCCCGAGAACAT
TAATGATGATTACTTCCGTCGTTTAAGAGCCGCCAAGAAGCCAGCTGGTA
GTGTATTCGAAGGTAAAAAGGAAGAATACAAACCTTCTGAACAACGTAAG
AAGGACCAAGTCGAAGTTGATAAGCAGCTCCTCAATGTCATCATGAAGCA
CCCCGAAGCCTCTCTTTTGAACAATACTTGAAGAAGTCCTTCGGTCTTAG
CAAGGGACAATATCCTCATAATATGAAATTTTATTGTCGTCTTGTTAAAT
AAAACATAAAATTCCTCGC

FIG. 13

Proteína 2 SEP SL-0858

>S10858C4

```
TCAATTTGATTGATCCAGGAAGAGAAAACATGAAAGATCATTGCCATCTTTG
CACTTTTGTTCATTGCCGTGTCTGGAGAGGATCTGGAGTGGGAGTCCTGCA
ATCCCGATAACTTGGGAGAAGGAGACATTGCCCTCTCTCCTTATCCCTTC
CAGTAGTTAGTGGAACCAGTCTGGATTTGAAAGCCCTCTTTGATCTTCACA
AGGACCTCGATGGAGATGTGGATGTTGAACTCAAGTTGGTCAAGAAAGGA
ATTGTCCTCCATCCCATCCCCTGCATTGAAAGCCCTTCAGGCCTGCATTG
GGCTCTTGTTCTACAAACTGGAGGAGATTGTCAGCAAATATGCGTATTTT
TTGTGTCCAGACTATTTTCCAGAGGGCCAAAGCTGTTCTTCCCTTTGAAG
GCAGGACAATATGGAGGTGAGATCTCTGGTATTGTTCTACCTGACATCCC
ACCTTCCATTTCCAACCTCGCCAAGGGAACCATTCATGGAACCTCTCTGT
GACCAGAAACGGGGAAGAAGTTTTCTGTATCAATGGAGATTTGAAAATGA
CAAATTATCCTTGTTTCTGTATCC
ATATTTGAA
```

FIG. 14

Proteína 3 SEP SL-1469

>SL1469FLRD

CCATTCAGAGATGAGAGTCAACAGCCCTCCTTTGCTTATTTGTTGCCGCTGTACAGCGGAAGCATATTTGAAGATGGAA
 AGCAATATGTATTTGATTCAGAGACATCTGTGTGTTGTTGGTACGATGGACCATGCTCCACACTCATCTGGATTTGC
 TTACAAGCACCATACTACCATGCAAGTTCAAGGAGATAACATCAAAGTGAAGCTTTCTGACGTTGAATTTCTCACA
 TTCAATGGAAAACATGAGAAATGGAGAGTTCCCATTTGACCACACTAAGCTTTGTTGCAACAAACAGAGACATTCCTG
 CATTTGAAGTTCASTTGGACTCCCATGGATTGTTTCATCCCTCAAAGTTGGTCTAAACTGACACTATTTCCAACG
 TACATGATCAGAGGATGGGCTCAAGAGACTCCATTTGAACATGGATAAAATCAACATCATGGACATGGATTCCT
 TCTGAGAGAGCAATCCATCTTTGGGAGATTGTGATACTCTTTACACTGTTAGTGATCATAAAATTTGTGAATCTGTAA
 GTCATACTAAAGATTGCAAAAACAGAGTACGTTGCTTCATTGATGATTTGGAGGGGGAACGCTGTGACATTTGACCC
 AGAGCATCCAGAAAGCAGAGAAAATCCAAATGGTCTTTACTCTGCTTCCAACACCATTTATGTGCTGGACAGAAG
 GGAGTCATTTTCCACCTAAGGCCATGATTTGGATCATCTCAGTGTGTTGCACAATTTCTATCAAAATGGAAGGAGTCT
 CCTTATTTGCTCACTCTAATTTCAACATCTATTTTGAAATCTGTTGAAGATATCTCAGAACTATGCTTGTGTTGTTGG
 AATCCAGTCAAGGATCTCAAAATACGAATTTGAGATAAAGAATATCAATGGAATTTCTGACAGAGACCTCAAGGCT
 CGTGAAGAACATTTATCCACTGGTGAATTTTTTGAGAGTGACATGTCCACTTTGTCAAAATATGTTAAGGAAAGCT
 TCAACAAGTTCCATGACATCATGCAACATCTTTCAAATGACAAAGATGCCATTGACAGAAGCTCATGATAATGGAGT
 AAACACTATGTTACCGGTATGTTGGCTATGGACTACAAATCAATGGAAGGCTATGTTCTGAAGAACTCTACTCAGAC
 AAATCTGATGAAGGTGATTTCAAAATACAATCTTTCAATGAAGCTTTTGGGAAGCTTAGGAACCCAGCGCTTCTGCAC
 TCTGCTGCTGCTGACATGATCATGGAAGACAAATTTGAAAACCTTCAGGGATGCTGTCCGTCCTCTTACTGCCATTC
 TTTCONATATTCGTCAACCTAGCAAGCAACTTTTGAGTGAATTTGGAAGCTTTGTACAACTACGATGGAGATCAACTC
 CTCAAAGATGCGCTCCCAATTTGTTCTTGGACACTTGAACAGAGTTACCTGCGAAGAGCGCGAGTAATGCACTCCC
 CTGCTCTCAAAAGAAATGTTTCCACTCTGTTTGTGATGGAATCCCGATAAACAAATGAAAAAATATGGGTGCATC
 TGACCCACAAGAGCAAAATTAAGCTCTTGGGAATGTTGTTCAATCTTGGCTATGGAAGCTTGTCTGAAAAATTAAG
 CTTCTTATTTATGGAGAACTGAGATCAAAATGTGGACATCTCGCTACTCTTGTCTGTTCAAGCTCTGCTTTTGGAG
 CAATCAACAACGGAAAGGGAGCTGATATTTTATGCTCATTTTGGGACAGTGAAAACTCTCATGAACCTAGATT
 GACAGCTCTCTCATACTTGATGGATGCTCATCCACCGCAACTCACTTTAACACCATGCTGTCTGTACTTTACAGA
 GAAAAAGATTATGAAGTTATCAACTATGCTTTTACACTCTTGGATAAATATGCAACCAATATTAACCCCTGCAAGA
 ANTGGCTCTCTGTATTTGCCAAATACCTCTTGGAAATATCTTAAGCAATACAGTCATTTTGAAGCTGACTATGGATT
 GGGAGTCTCCAAAACCTTATAGTCTGTAATTTCAACAATCTAAATACGGGTATGGAGGTGAATACAGCTACTGGGT
 ATTGGATCTCATAGTTCTACCTTCTCTGAGTGTGCAATTTGATGGACACAACCTTTGTTGGAGGATATACCG
 CTAGTGGAAATGTTGTCAAATTAAGAAATTAAGGATTTGTCAGGGCTCTCATCCGTAATATCAAGACGATGAGCCC
 AGATATCTGCAAAATCTGAGATCTCAAAAGTATCTTAATGGGAGATATGAACATTAAGGAAGACCTGATCAACCA
 ATCAACGTTGAGGTTCTCTTTTCTGTCAGAACTCAGTTGTTGCATTACAGCAATATAACGAAGATTCAATTAAGG
 AAGGTGGGAACCTTGAAGAAATTTTCGATCAATTTGAAGGACTTGGAGGCACCTACTCCATTANTCACCBAAGAGC
 ARTSGAATTTGGAGGCTCTTTTATACCAACAGCTTTGGAAGTCCGTCCTCCAGTCTCTTACTTAACCTCATTCACC
 GCGTTTCTGATGTTCAAGCTACAAATTAAGAAGGGAATGCTAGAGGCTTTATGTTCAGAGATGTCAAATATAACA
 TGAACCTTTTTTGGACATGANTCTCTATGATCATGGTTCAAAACCCACAATCAAAAGATGTTTATTTCCATTCTCA
 AAAACCGCATTTATGGCTCCCTTTTCCCAAGAGAAATTTGTCAATGGAGTTAATCCATTGAAGAAAGAGTTTAAATTA
 TCTATTCACCGGCTCTTTATGAGAAATCCATGCTACTTATGATGCACCTTTTAACAAAGTTTACACTGGATCTC
 AAAATGTTAATGAAGACAGATATTTCAAGCCAACTGTCTGCTGCAAGCTCTGATACTCTCTATCTGATGGTCC
 AGATGCTGCTAAAACAGAGTCTTTTAAACCATGATTGCGATAGAGCTGGCTCTTATATTTACGGGGAATACTTT
 GACTGTGAATGGAATCCAAATAGGGGAAGGCTTATACCATTTGTGGAGAGCCATGTTTACCTTATAAACAACCA
 CTAAGACTTTTGGAAATGGTATTCGATGGGTATTCGCTCAAAATCAGAGCTTATTTTGTCTTCCCAAGAGCTGA
 AAAATGAGGACCAATGCTTCTGCTGCTCACAATCAAGGAAATCCAGTTAAAGAGCTTGAATTTCTATGAGATT
 ANTGCTAATCCCAATGGCGAGCGTCTTTCTTTAGAGGACGTAAATGGGTAGTCACNACTATTATCAAGGCCAAG
 GAGAACCAAGATAGGCTATACAAAATATTTTGGGACATGAATTCCTCTGGATACATTAAGAAATGCTCTCA
 GTTTAGAAATCAAAAGCTGCACTTCTCTGAATATGCTCTGATTAATCTATTTGCTTCAATATGGAACCAAGTAC
 CCAGACTTTGGAGAGAGCTTTATGACTTATGACAAGAGCACTCAANTTAAAAATGACTGGAAAGGCAAACTTCAT
 ATGCTGCTGCTGCACTGTGACTCTACTCTGGAGAAATGAATTAAGCTTCAAAATGAAACAACTGAAGAGC
 AAGAGGCTTGAAGACACACTTGTACTATGAAGATGATGGAACAGAAAGAACAGCCGAAATGAGCAACAG
 GGTGATAACTTCCATTCACACAGCTTGGCCATGACAACATGGAGATGCAACTACTGCTCCGTAATAC

FIG.15

(proteína de adesão de mexilhão) SL-0927

>SL0927R61

CCAATTCTAGCZAGTCACTA7GAACTAGTCAAAAATAATTTATATACTGTTTTTATA
TTGATTTTTATTTATATATTATTACATCCT7GAGGACTTTTGAACAAAGGTGTTTCGT
AGTAAACTTTTGAGTCATTATTACATAGTTGTCATACCTATTICAAGGATAATAAG
GACGATCATCATGAAAACATCTATTATTTTCTCACTGTATGTTCTGCCCTTCTATAC
TGCACCTTGCTGTAAAGTGAAGATAAAACTATTATAGCTGAAGACCTGACAGCTGT
AGAGTCAACGCTATAAAGTAGATGCAAAACCCCTCACCTTATGTTCTCCACAACCA
GCACCAGATTTTGATTACTTTGCACCCACTGTATCTCCTTCTTTCTCCCCAATCGC
ATCTCCCTCTCCTTCTTCCCCCTGTTACATCCTACTTTACACCCACAACCATTCCTCC
AGTGACTCCCTCGACCACAACGACCACTGTTACAACAACAACCCCTGCCACATCT
ACTTACAGAAAGTTATTCTTTCCAACGCTCTTTCAAACCATCTTTTCTTTCTTCTCGA
AAAAAGTTAACCACAACCTACAACAACGCCGGCTACAACATCCTCAACAACAACA
ACAATAACCTTCACCCCAACTACTTCAACCCCTCCATCTGCTAATGAAGTTTCGAA
CAACATTAAACCCATCCAAAAGTAGCCTCAAAAACAAAGTCATATACCCGCCCTCT
TTACTCCAAAAAGAACTTCTTACGCAAGAAACCCCTCTGTATATTACAAAGTTAAG
AAAAATCCCGTCAAGTTAAGAAAAGTTAAGAAAATTCTGAGACCTGTGAGTTACT
CAACTCCTCAGACTCATCCGAGCAGCAGCACTGTTTCAACCACAAGAGACTATCC
AAGTAAATCTCTTGAAAGTTTAAACGCAAACTAAGAGTCCAGAAATAGTATCGGCC
TTTACTCCGGTCTCAGTCTCAAAAAAGTCTATTAAATCATTGAATGCTCGAAAAT
CCATTTATGCAAGTCCATCTACCCCATCTTTTATAGATATTACCAACAACACCTTCT
TCATATCAAAGTCTTAAGCCATTGAGCCCAACCTATTATAGATTACAGATCTA
AGCCAGGCTACAAGTCTACCAGATCCAAACCTACTTATGTTTCGTC AACGACCAC
CCACCCAGCGTATGTATCATCTACTATTAGTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTA
GTCCAGCCTATGCATCATCTAGTGTTAGCCCAAGCCTATGCATCCACAACAGTTAA
ACCTGTCTTTGTTTCTACGACAGCAAAATGAAATATACTATACGCCCGAACCACAAA
AGGGTACGAAGTCTTCCACTTACACGAGAACAAGCACATCTCTATTCTATCTATTC
CTTATGATTCAACAACCTACATCAAGGCAGCCTCCAGCTCCTGTTTCTTACAGTAC
ACCTAAGCCCCACTCGAAACAACATAGCCAATATCGCGAATTGCCATTGACTAGA
GAGCAAAGTGAAAACATTGAGTTTAGTACTCCCGTAAAGGCTAATACGAAGCCTT
ACAATAATAATATACAATTTAATCCTGTAAGACGGATTCTTCTCATTATAGAAA
TCATCAAGCGTTGAATGAAATACGTGCGGAGGAAAAGTATCCTGCACAACCCAT
TCCTTCAGCTATGATATCAAAGATGAGACAAGTGGAACGGATTTTTTCCGCTCTG
AAGAAAGCTCAGGCCCTGTGACGAAGGGAAGTTATAAGGTGGCTCTTCTGTATG
QTCGTATTCAAATTGTTGAATATATTGCAGATGAAAATGGCTATAAGGCCACAGT
TTCCTATGAGGGGAGAAGCTGTTTTCCCAAATCCAGATGATTTTGAAGAAGAACCA
ACTCGGAGAACTTTTAGACACTCAAGAAAAGTCGATATTGACTCTGTACCCAATA
ACAACCTACTCATTTTTGCGGAATAGAGTCCGTGGTGCAGGGACTACAGAAAAAG
CTCCTTCTCCTCAAGACACAACCATTCGTCCAGTCAGTCTTCCATTAAAGACATCGA
TTATCTCGTGCCGAAGTCTCAAAATCACTTCTACGAGTCCGTTTCTTATGCTGT
GAGTAGTACGTACCCAGCTCCATTACCTTCTAGTCAAGGCCCAACAACGTTTTTCGT
GTTTCATCATTTCTTACCAAATGTTGAGGGACGAGTATTACATCACTCAACACCTC
CAGTCAGCTATTCCCAAACCTCCCCCAAATCGCGGACAACCTCAAAAACCCAGATTCT
TCATAACGCCAATTACGAAGAAGCATTACGAGACTATGGAATTAAGGTTGATTAT
TATTACCTTTACTTTTTTGTGATCCATTTAATATGGGTTATAAATATATTTATTAGT
ACTCATTGTTTATTTATTGTAAAAGCCGTTTAGTTGTTTCAGATGAAAGTG

FIG. 16

SL-0903 de tipo vitelogenina

FQRMIRGWAQRLQLNNDKINRHGHGFHSEEQSIFGDCDTLYTVSDHIVKSVSHTKDCHRVHVLIDE
 WRGERCOIDFEHPESRENPHGLYSASNTIYVVKKGDMHFKATIGSSSVVAQPYQMEGVSPIAHSNET
 SILKSVEDISEPMVVGIPVKDLKYEFEDKEYQWNSDRDLKAREEHLSTGEFFESDMSTLSKTVKEKLN
 KFHDIMQHLSNOKDAIAEAHNGVNSMVPGLANDYNTLKAMSEELHSOKSDEGVTKYNLFWELLGSLG
 TSASALLVRDMINEDKFFENFRDAVRALTAIPFHIRHPSKQLLSEFEALYNYDGDQLKDAVPFIVLGH
 FVTCERAGVMHSPASKECFHSYVDGYADKTIKINGASDNKEQIKLLGMLFNLRYGNVAEKLKPLIYGE
 TEIKCGHLRTLAVQAAAFGTINNGKGAEYLLPITADSENSEHLRLTALSYLMDARPTATHFNTIVAVLY
 KERDYEVINVAFTLLEKYATNINPCHRSVSVLAKYFLRYLKQYSHFETDYGLGVSKTYSRQPDQSKYGV
 GGEYSYVWVIGSHSSTLPLSVAMCNETTLFGGYTANGMCVQLRIEGLSKALIRKFTMSFDIWKSEDLKS
 ILAGDANIKERPDQFINVEVLLFVKNSVVAFPQYNEDSTKEGGNLKEIFDQLKGLGDTYSINHQRAMPF
 GSLLYQQPLEVGAIPVSYLNSFTGVYDQATIKKQNAQCLMFPDVKYMNFTYGHGSPMMVQNPQSKMFI
 SISQNRRIYGSHPFPREFVIGVNLKKEFKLSIQRPSPYENPLVLMHSLTKVYTGSQNVNEKQDISANCP
 CKSDTFVSYGFLAKTAVFLNHDCKDTGSYIHGEYFDCEMESNRGKVLVHLWPAMLPYWKNPKTFGNGI
 RKGIRQIRAYFVTFPFAEKCGANLRSQSKENPVKELEISLRFNANFNGERLFTFRGRVYVTTIIKAKG
 EPQDRVYKIIILGHEFTPGYIENRLKFFMQRAAVPGUMSDYSICFNMENKYPDFGEEFNITYDKSTQLKMT
 GKARLQYGAADCDSTFGEMFLSTFKHETTEEAREAMKHTWYFEKMEQKKQPFENANRGDKLPFTQACHN
 FTWDATTARKYEWKINFTVKTDFNSIAIVSQFQSINCTGLLPYWDIDFEIIPATSADPHMHKATLKNHD
 KNDVMIMETSQGGQRFNDIPLSLNWRPMLRNLKFTSTERRLMQYKIINGCTTTIDHVVTLDNVITYPYTF
 TSCWTLASGHCSPHFTYAVYVVKKSAGSHLDAKIYLGCHSIEFQTSQPKKINVLINGEALDVGEZEHVHE
 QDQGEIFKVLWGGSSYSVYSFLKIWVVDGHAUSLIAPASVTGQHCGLCGNFNPNQYDEFESKDAHQLK
 TSDELVEDYKMKC

Pontos comuns de BLAST (BLAST hits)

tr Q9NDN7 _TENMO Melanization-related protein [160 kDa MRP] [Tene... 147 2e-33
 tr O17428 _9HYME Vitellogenin [Pimpla nipponica] 73 4e-11

FIG. 17

Proteína 1 SEP SL-0547

MAKNKNVGKPRNYKLASGVVRFGKSKMYHKKAIYKFLKKTPKKVEASKPAFVEK
KVGGAKNGGTRMVRVKKLKNDFPTMERRAHRIAKKPEKLSRRVRPTLTPGTIAVILA
GIIKGGKRIVILKELSSGMLLISGPFKLNNCPIRRINQRYLLATSTKLDVSSIKMPENIND
DYFRRLRAAKKPAGSVFEGKKEEYKPSEQRKQDQVEVDKQLLNVMKHPEASLLKQ
YLKKSFGLSKGQYPHNMKF

Pontos comuns de BLAST (BLAST hits)

tr Q5UAT5 _BOMMO Ribosomal protein L6 [RpL6] [Bombyx mori (Silk m... 242 6e-63

FIG.18

Proteína 2 SEP SL-0858

MKIIAIFALLPIAVSGEDLEWESCNFDNLGEGDIALSPYPLPVVSGTSLDLKALFDL
HKDLGGDVDELKLVKKGIVSIFIPFCIESPSGLHLGSCSYKLEEIVSKYAYFLCPDY
FPFGQSCSFPLKAGQYGGEISGIVLPDIPFSISNLAGGTINGTSLSVTRNGEEVFCIN
GDLKMTN

Pontos comuns de BLAST (BLAST hits)

tr Q5EN79_9CNID Ganglioside M2 activator-like protein [Aurelia a... 44 0.001

FIG. 19

Proteína 3 SEP SL-1469

MRVTALLCLFVAAYVSGSIFEDGKQYVFDSETSVVVGTMDHAPHSSGCFAYKHHTTMQV
 QGDNIKVKLSDFEFSQFNGKHENGEPFDHTNFVATNRDIPAFEVQLDSHGLFSSLK
 VGFKLTLCFRNMIRGWAQRLQLNMDKINNNGHGHSEEQSIFGDCDTLYTVSDHKIV
 KSVSHTKDCKNRVHVLIDDWRGERCDIDPEHPESRENPNGLYSASNTIYVVDKKGDH
 FHPKAIIGSSSVVAQFYQMEGVSFIAHSNSTSILKSVEDISEPMVVVGIPVKDLKYE
 FEDKEYQWNSORDLKAREEHLSTGEFFESDMSTLSKYVKEKLNKFDIMQHLSDNDK
 AIAEAHDNEVNSMVPOMLAMDYNTSKAMSEELHSDKSDEGVFKYNLFNELLGSLGTS
 ASALLVRDMIMEDKFENFRDAVRALTAIPPHIRHPSKQLLSEFEALYNYDGDQLLKD
 AVPIVLGHLARVTCERAGVMHSPASKECFNSVVDGYADKTIEKIMGASDHKEQIKLL
 GMLFNRLRYGNVAEKLKRLIYGETEIKCGHLRTLAVQAAAFGAINNKGGAEYLLPIFA
 DSENSHELRLTALSYLMDAHPATHENTIVAVLYREKDYEVINYAFTLLDKYATNIN
 PCKKSVSVLAKYFLKYLKQYSHFETDYGLGVSKTYSRQFQOSKYGYGGEYSYVWIGS
 HSSTLPLSVAMCMDTTLFGGYTANGMCVQLRIEGLSKALIRKFKTMSPDIWKSDELK
 SILMCDMNIKERPDQPINVEVLLPFVKNVVAFRQYNEDSIKEGGNLKEIFDOLKGLG
 DTYSINHORAMRFGSLLYQOPLEVGAFFVSYSLSFTGVFQATIKKGNARGLMFRDV
 KYNMNFHGHGSRMMVQNPQSKMFYSISQNRIGYSHFPREFVIGVNPLKKEFKLSIQ
 RPSYENPLVLMNHSLTKVYTGQNVNEKQDISANCPECKSDTPVSYGPDAAKTRVFL
 NHDCKDTGSSYIHGEYFDCEMESNRGKVLVHLWRAML PYNKNPKTFGNGXRMGIQIR
 AYFVFFPRAEKCGAMLRWSQSKENPVKELEISMRFNANPNGEELFFRGRKWVVTII
 KAKGEPQDRVYKIIILGHEFTPGYIENRLKFRMQRAAVPGIMSDYSICFNMENKYPDF
 GEEFMTYDKSTQLKMTCKAKLQYGAAADCDSTPGEMKLSFKHETTEEAREAMKHTWY
 YEKCMEQKKQPEWANRQDKLPFTQACHMTTWDATTAP

Pontos comuns de BLAST (BLAST hits):

tr Q9NDN7 _TENMO Melanization-related protein [160 kDa MRP] [Tene... 137 1e-30

Melanization-related protein [160 kDa MRP] [Tenebrio molitor (Yellow mealworm)]

sp P18948 VIT6_CAEEL Vitellogenin 6 precursor [vit-6] [Caenorhab... 67 2e-09

tr Q7KPP7 _CAEEL Vitellogenin structural genes (Yolk protein gene... 67 2e-09

tr Q8JIF9 _GOBI Vitellogenin [Vg-530] [Acanthogobius flavimanus] 66 4e-09

Proteína de adesão de mexilhão SL-0927

[illegible]

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

FIG. 21

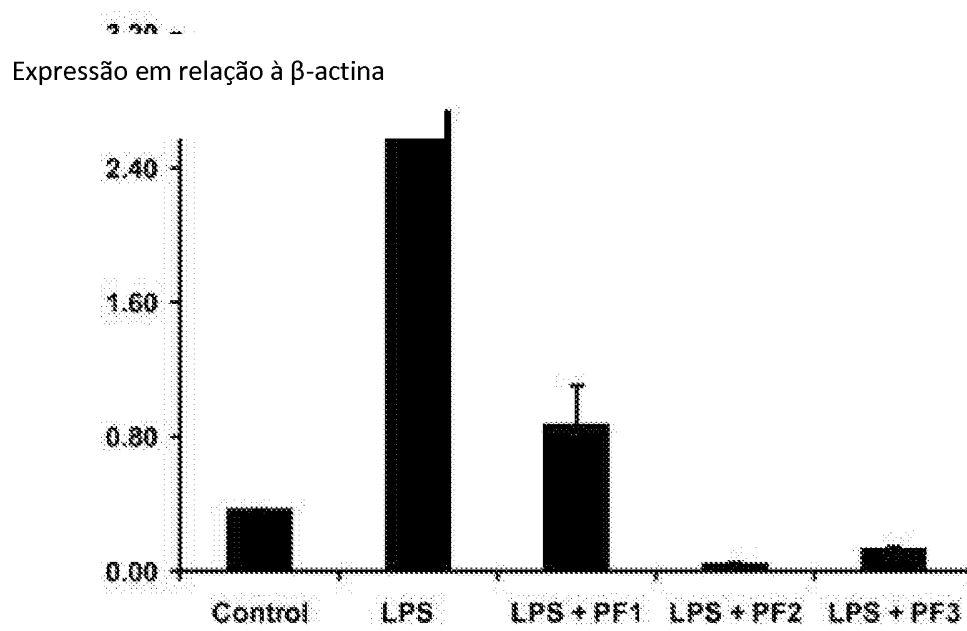
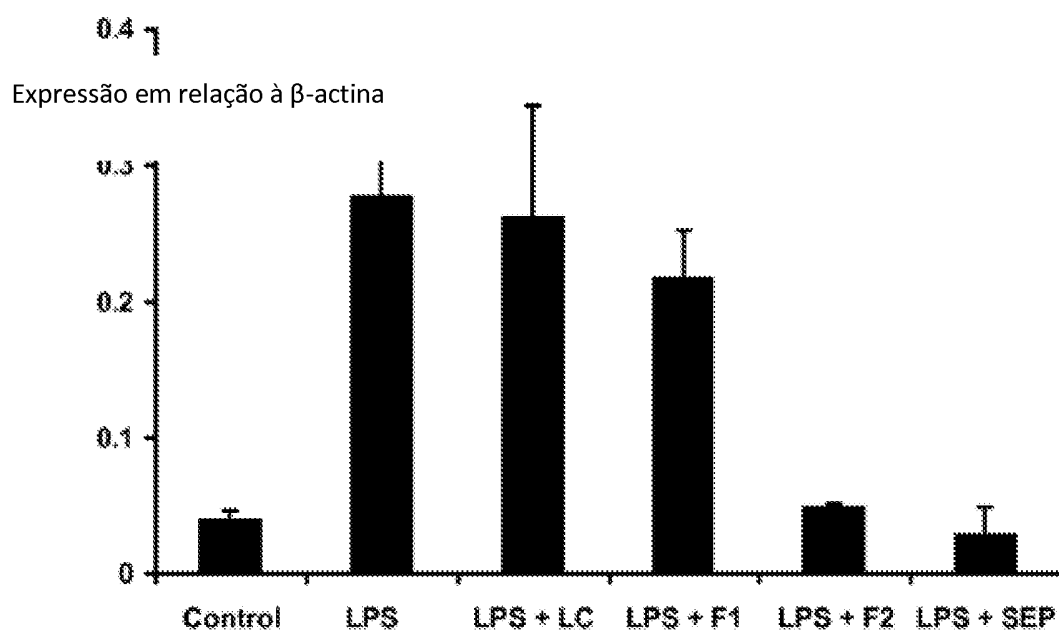


FIG. 22



REFERÊNCIAS CITADAS NA DESCRIÇÃO

Esta lista de referências citadas pelo requerente é apenas para conveniência do leitor. A mesma não faz parte do documento da patente Europeia. Ainda que tenha sido tomado o devido cuidado ao compilar as referências, podem não estar excluídos erros ou omissões e o IEP declina quaisquer responsabilidades a esse respeito.

Documentos de patentes citadas na Descrição

- * WO 03101482 A, Keough
- * US 05770065 A
- * WO 9511998 A
- * US 60591626 B

Literatura que não é de patentes citada na Descrição

- * JOHNSON, S.C. et al. *Zool Studies*, 2004, vol. 43, 8-19
- * Interactions between sea lice and their hosts. JOHN-SON, S.C. et al. *Host-Parasite Interactions*. Editors: G. Wiegerter and G. Flak. Garland Science/Bios Science Publications, 2004, 131-160
- * GONZÁLEZ, L. ; CARVAJAL, J. *Aquaculture*, 2003, vol. 220, 101-117
- * *Diseases of Fishes*. T.F.H. Publications, 1970, 171
- * Supplemental descriptions of the developmental stages of *Lepeophtheirus salmonis* (Krøyer, 1837) (Copepoda: Caligidae). SCHRAM, T.A. *Pathogens of Wild and Farmed Fish: Sea Lice*, 1993, 30-50
- * GRIMNES, A. et al. *J Fish Biol*, 1996, vol. 48, 1179-1194
- * PIKE, A.W. et al. *Adv Parasitol*, 1999, vol. 44, 233-337
- * MACKINNON, B.M. *World Aquaculture*, 1997, vol. 28, 5-10
- * STONE J. et al. *J Fish Dis*, 1999, vol. 22, 261-270
- * DENHOLM, I. *Pest Manag Sci*, 2002, vol. 58, 528-536
- * JONES, M.W. et al. *J Fish Dis*, 1990, vol. 13, 303-310
- * JÓNSDÓTTIR, H. et al. *J Fish Dis*, 1992, vol. 15, 521-527
- * Arthropod modulation of host immune responses. WIKEL, S.K. et al. *The Immunology of Host-Ectoparasitic Arthropod Relationships*. CAB Int, 1996, 107-130
- * ROSS, N.W. et al. *Dis Aquat Org*, 2000, vol. 41, 43-61
- * FAST, M.D. et al. *Dis Aquat Org*, 2002, vol. 52, 57-68
- * FIRTH, K.J. et al. *J Parasitol*, 2000, vol. 86, 1199-1205
- * JOHNSON, S.C. et al. *Parasitol Res*, 2002, vol. 88, 789-796
- * KVAMME, B.O. et al. *Int. J. Parasitol*, 2004, vol. 34, 823-832
- * KVAMME, B.O. et al. *Genet*, 2005, vol. 352, 63-72
- * TELLAM, R.I. et al. *Vel Parasitol*, 2002, vol. 103, 141-156
- * LEE, K.M. et al. *Eur J Biochem*, 2000, vol. 267, 3695-3703
- * GONZALEZ-ALANIS, P. et al. *J Parasitol*, 2001, vol. 87, 561-574
- * OKAZAKI, Y. et al. *Genet*, 2000, vol. 250 (1-2), 127-135
- * FAST, M.D. et al. *Exp Parasitol*, 2004, vol. 107, 5-13
- * FAST, M.D. et al. *J Parasitol*, 2003, vol. 89, 7-13
- * GRAYSON T.H. et al. *J Fish Biol*, 1995, vol. 47, 85-94
- * RAYNARD, R.S. et al. *Pest Manag Sci*, 2002, vol. 58, 569-575
- * MEISTER et al. *Vaccine*, 1995, vol. 13, 581-591
- * BRADFORD, M.M. *Anal Biochem*, 1976, vol. 72, 248-254
- * FAST, M.D. et al. *Dev. Comp. Immunol*, 2005, vol. 29, 951-963