

REIVINDICACIONES:

1. Una composición o vacuna **CARACTERIZADA PORQUE** comprende uno o más vectores del herpesvirus de pavos (HVT) recombinantes que comprende por lo menos uno o más polinucleótidos heterólogos que codifican por lo menos un antígeno de un patógeno aviar.

2. La composición o vacuna de la reivindicación 1, **CARACTERIZADA PORQUE** el vector HVT comprende:

1) dos polinucleótidos heterólogos, y donde el primer polinucleótido comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en un antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV), un antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de la laringotraqueítis infecciosa (ILTV) y un antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F), y en donde el segundo polinucleótido comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en un antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV), un antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de la laringotraqueítis infecciosa (ILTV) y un antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F); o

2) un polinucleótido heterólogo que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en un antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV), un antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de la laringotraqueítis infecciosa (ILTV) y un antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F).

3. La composición o vacuna de la reivindicación 1 o 2, **CARACTERIZADA PORQUE** el antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV) presenta por lo menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID N°: 2.

4. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-3,

CARACTERIZADA PORQUE el antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de laringotraqueítis infecciosa (ILTV) presenta por lo menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID N°: 17.

5. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-4, CARACTERIZADA PORQUE el antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F) presenta por lo menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID N°: 5 o 22.

6. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-5, CARACTERIZADA PORQUE el polinucleótido que codifica el antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV) presenta por lo menos un 70% de identidad de secuencia con la SEQ ID N°: 1.

7. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-6, CARACTERIZADA PORQUE el polinucleótido que codifica el antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de laringotraqueítis infecciosa (ILTV) presenta por lo menos un 70% de identidad de secuencia con la SEQ ID N°: 16.

8. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-7, CARACTERIZADA PORQUE el polinucleótido que codifica el antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F) presenta por lo menos un 70% de identidad de secuencia con la SEQ ID N°: 3, 4 o 21.

9. La composición o vacuna de cualquiera de la reivindicaciones 1-8, CARACTERIZADA PORQUE el polinucleótido está ligado operativamente a un promotor seleccionado del grupo que consiste en un promotor IE del mCMV, un promotor SV40, un promotor HHV3gB y un promotor HHV3gB inverso.

10. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-9, CARACTERIZADA PORQUE los dos polinucleótidos heterólogos están unidos por un IRES o P2A.

11. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-10,

CARACTERIZADA PORQUE los polinucleótidos heterólogos se insertan en el locus IG1 y/o en el locus SORF-US2 del genoma del HVT.

12. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-11, CARACTERIZADA PORQUE el primer polinucleótido está ligado operativamente a un promotor IE del mCMV o un promotor SV40 en el extremo 5', y un IRES o P2A en el extremo 3'.

13. La composición o vacuna de cualquiera de las reivindicaciones 1-12, CARACTERIZADA PORQUE además comprende un transportador, excipiente, vehículo o adyuvante farmacéuticamente o veterinariamente aceptable.

14. Un vector HVT recombinante CARACTERIZADO PORQUE comprende:

1) dos polinucleótidos heterólogos que codifican dos antígenos de un patógeno aviar, en donde el primer polinucleótido comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en un antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV), un antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de la laringotraqueítis infecciosa (ILTV) y un antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F), y en donde el segundo polinucleótido comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en un antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV), un antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de la laringotraqueítis infecciosa (ILTV) y un antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F); o

2) un polinucleótido heterólogo que codifica un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en un antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV), un antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de la laringotraqueítis infecciosa (ILTV) y un antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F).

15. El vector HVT recombinante de la reivindicación 14, CARACTERIZADO PORQUE el antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV) presenta por lo menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID N°: 2.

16. El vector HVT recombinante de la reivindicación 14 o 15, CARACTERIZADO PORQUE el antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de laringotraqueítis infecciosa (ILTV) presenta por lo menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID N°: 17.

17. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-16, CARACTERIZADO PORQUE el antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F) presenta por lo menos un 80% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID N°: 5 o 22.

18. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-17, CARACTERIZADO PORQUE el polinucleótido que codifica el antígeno VP2 del virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV) presenta por lo menos un 70% de identidad de secuencia con la SEQ ID N°: 1.

19. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-18, CARACTERIZADO PORQUE el polinucleótido que codifica el antígeno de la glicoproteína D (gD) del virus de laringotraqueítis infecciosa (ILTV) presenta por lo menos un 70% de identidad de secuencia con la SEQ ID N°: 16.

20. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-19, CARACTERIZADO PORQUE el polinucleótido que codifica el antígeno F del virus de la enfermedad de Newcastle (NDV-F) presenta por lo menos un 70% de identidad de secuencia con la SEQ ID N°: 3, 4 o 21.

21. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-20, CARACTERIZADO PORQUE los polinucleótidos están ligados operativamente a un promotor seleccionado del grupo que consiste en un

promotor IE del mCMV, un promotor SV40, un promotor HHV3gB y un promotor HHV3gB inverso.

22. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-21, CARACTERIZADO PORQUE los dos polinucleótidos heterólogos están unidos por un IRES o P2A.

23. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-22, CARACTERIZADO PORQUE los polinucleótidos heterólogos se insertan en el locus IG1 y/o en el locus SORF-US2 del genoma del HVT.

24. El vector HVT recombinante de cualquiera de las reivindicaciones 14-23, CARACTERIZADO PORQUE el primer polinucleótido está ligado operativamente a un promotor IE del mCMV o un promotor SV40 en el extremo 5', y un IRES o P2A en el extremo 3'.

25. Un método de vacunación, o de inducción de una respuesta inmunológica o protectora en un animal contra uno o más patógenos aviares, CARACTERIZADO PORQUE comprende por lo menos una administración de la composición o del vector de cualquiera de las reivindicaciones 1-24.

26. El método de la reivindicación 25, CARACTERIZADO PORQUE el patógeno aviar se selecciona del grupo que consiste en el virus de la enfermedad de Newcastle (NDV), el virus de la enfermedad de bursitis infecciosa (IBDV), el virus de la enfermedad de Marek (MDV), el virus de la laringotraqueítis infecciosa (ILTV), el virus de encefalomielitis aviar, un reovirus aviar, un paramixovirus aviar, un metapneumovirus aviar, un virus de influenza aviar, un adenovirus aviar, un virus fowl pox, un coronavirus aviar, un rotavirus aviar, un parvovirus aviar, un astrovirus aviar y un virus de anemia de pollo, coccidiosis (*Eimeria sp.*), *Campylobacter sp.*, *Salmonella sp.*, *Mycoplasma gallisepticum*, *Mycoplasma synoviae*, *Pasteurella sp.*, *Avibacterium sp.*, *E. coli* y *Clostridium sp.*

27. El método de la reivindicación 25 o 26, CARACTERIZADO PORQUE

el animal es un ave.

p.p. MERIAL INC.

Miguel N. Armando (2246)

REIVINDICACIÓN COMPLEMENTARIA

Una composición o vacuna CARACTERIZADA PORQUE comprende uno o más vectores del herpesvirus de pavos (HVT) recombinantes que comprende por lo menos uno o más polinucleótidos heterólogos que codifican por lo menos un antígeno de un patógeno aviar.