



19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 362 041**

51 Int. Cl.:

C12N 1/20 (2006.01)

A61K 39/102 (2006.01)

A61K 35/74 (2006.01)

C12N 15/31 (2006.01)

C12N 15/63 (2006.01)

C07K 14/285 (2006.01)

C07K 16/12 (2006.01)

C12Q 1/18 (2006.01)

G01N 33/68 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Número de solicitud europea: **02705915 .3**

96 Fecha de presentación : **17.01.2002**

97 Número de publicación de la solicitud: **1368456**

97 Fecha de publicación de la solicitud: **10.12.2003**

54 Título: **Composiciones de vacunas antibacterianas.**

30 Prioridad: **15.03.2001 US 809665**

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
27.06.2011

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
27.06.2011

73 Titular/es: **Pharmacia & Upjohn Company L.L.C.**
7000 Portage Road
Kalamazoo, Michigan 49001, US

72 Inventor/es: **Lowery, David, E.;**
Fuller, Troy, E. y
Kennedy, Michael, J.

74 Agente: **Roeb Díaz-Álvarez, María**

ES 2 362 041 T3

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

DESCRIPCIÓN

Composiciones de vacunas antibacterianas.

5 **Campo de la invención**

La presente invención se refiere en general a la identificación de genes responsables de la virulencia de bacterias de la familia *Pasteurellaceae*, permitiendo de este modo la producción de nuevas cepas mutantes atenuadas útiles en vacunas y para la identificación de nuevos agentes antibacterianos que se dirigen a los genes virulentos y a sus productos.

Antecedentes de la invención

La familia *Pasteurellaceae* abarca varios patógenos importantes que infectan a una amplia variedad de animales. Además de *P. multocida*, son miembros destacados de la familia *Pasteurella* (*Mannheimia*) *haemolytica*, *Actinobacillus pleuropneumoniae* y *Haemophilus somnus*. *P. multocida* es un cocobacilo inmóvil gramnegativo que se encuentra en la flora normal de muchos animales silvestres y domésticos, y se sabe que es el causante de enfermedades en numerosas especies animales en todo el mundo. [Biberstein, En M. Kilian, W. Frederickson y E. L. Biberstein (ed.). *Haemophilus, Pasteurella, and Actinobacillus*. Academic Press, Londres, pág. 61-73 (1981)]. Entre las manifestaciones de la enfermedad tras la infección se incluyen septicemias, bronconeumonías, rinitis e infecciones de heridas [Revisado en Shewen, y col., En C. L. Gyles y C. O. Thoen (ed.), *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals* Iowa State University Press, Ames, pág. 216-225 (1993), incorporado en este documento como referencia].

La infección por *P. multocida* generalmente es el resultado de la invasión durante periodos de estrés, aunque la transmisión también puede producirse por exposición a aerosol o por contacto, o mediante vectores como pulgas y garrapatas. En las aves de corral, la infección por *P. multocida* da lugar a una septicemia de aguda a muy aguda, especialmente prevalente en pavos de corral y aves acuáticas silvestres en condiciones de estrés asociadas con hacinamiento, puesta, cambio de pluma o variación climatológica extrema. En el ganado, sigue a la infección una septicemia hemorrágica similar y se manifiestan afecciones como fiebre alta y depresión, seguidas generalmente de una muerte rápida. La transmisión es más probable a través del contacto por aerosol, aunque la infección también puede aparecer durante los periodos de variación climatológica significativa. En conejos, la infección se produce con rinitis purulenta recurrente, generalmente seguida de conjuntivitis, otitis media, sinusitis, abscesos subcutáneos y bronconeumonía crónica. En infecciones graves, la mortalidad del conejo se produce por bronconeumonía fibrinosa aguda, septicemia y endotoxemia. Los estados patológicos surgen normalmente durante periodos de estrés. En cerdos, los estados patológicos de *P. multocida* normales incluyen rinitis atrófica y neumonía bacteriana. Se han detectado también afecciones de neumonía similares en perros, gatos, cabras y ovejas. *P. multocida* se detecta normalmente en la flora bucal de muchos animales y es, por tanto, un contaminante frecuente en heridas por mordeduras y arañazos.

Las cepas de *P. multocida* normalmente se designan por el serogrupo capsular y el serotipo somático. Se distinguen cinco serogrupos capsulares (A, B, D, E y F) y 16 serotipos somáticos por la expresión de antígenos termoestables característicos. La mayoría de las cepas son específicas del hospedador y raramente infectan a más de uno o dos animales. La existencia de serotipos diferentes representa un problema para la vacunación debido a que la célula bacteriana completa muerta tradicionalmente proporciona sólo protección específica de serotipo. Sin embargo, se ha demostrado que la infección natural con un serotipo puede producir una protección inmunológica frente a serotipos múltiples [Shewen, y col., En C. L. Gyles y C. O. Thoen (Ed.), *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals*. Iowa State University Press, Ames, pág. 216-225 (1993)] y la protección cruzada también puede estimularse usando bacterias inactivadas crecidas *in vivo* [Rimler, y col., *Am J Vet Res.* 42:2117-2121 (1981)]. Se ha utilizado como vacuna una cepa mutante espontánea viva de *P. multocida* y se ha demostrado que estimula una fuerte respuesta inmunitaria [Davis, *Poultry Digest*, 20:430-434 (1987), Schlink, y col., *Avian Dis.* 31(1):13-21 (1987)]. Sin embargo, se ha demostrado que esta cepa atenuada revierte a un estado virulento o causa mortalidad si se estresa al receptor de la vacuna [Davis, *Poultry Digest*, 20:430-434 (1987), Schlink, y col., *Avian Dis.* 31 (1):13-21 (1987)].

Otro miembro de la familia *Pasteurella*, *A. pleuropneumoniae* muestra una especificidad por el hospedador estricta para cerdos y es el agente causal de la pleuroneumonía porcina altamente contagiosa. La infección normalmente surge en condiciones de reproducción intensiva, y se considera que ocurre mediante un modo directo de transmisión. La enfermedad es a menudo mortal y, en consecuencia, produce graves pérdidas económicas para la industria de la cría del cerdo. La infección por *A. pleuropneumoniae* puede ser crónica o aguda y la infección se caracteriza por una bronconeumonía necrótica hemorrágica acompañada de pleuritis fibrinosa. Hasta la fecha, la virulencia bacteriana se ha atribuido a proteínas estructurales, incluyendo polisacáridos capsulares específicos de serotipo, lipopolisacáridos y proteínas superficiales, así como toxinas citolíticas extracelulares. A pesar de la purificación y, en algunas ocasiones clonación, de estos factores de virulencia, no se conoce bien la función exacta de estos factores de virulencia en una infección de *A. pleuropneumoniae*.

Se han identificado doce serotipos de *A. pleuropneumoniae* basándose en las diferencias antigénicas en los polisacáridos capsulares y en la producción de toxinas extracelulares. Los serotipos 1, 5 y 7 son los más importantes para la infección por *A. pleuropneumoniae* en Estados Unidos, mientras que los serotipos 1, 2, 5, 7 y 9 son predominantes en Europa. Hay al menos tres toxinas extracelulares significativas de *A. pleuropneumoniae* que son miembros de la familia de hemolisinas y se denominan toxinas RTX. Las toxinas RTX son producidas por muchas bacterias gramnegativas,

incluyendo *E. coli*, *Proteus vulgaris* y *Pasteurella haemolytica* y, generalmente, las proteínas comparten características estructurales y funcionales. Sin embargo, las toxinas de los diversos serotipos difieren en la especificidad del hospedador, células diana y actividades biológicas.

5 Las principales toxinas RTX de *A. pleuropneumoniae* son ApxI, ApxII y ApxIII. ApxI y ApxII tienen actividad hemolítica, siendo ApxI más potente. ApxIII no muestra actividad hemolítica, pero es citotóxica para macrófagos y neutrófilos alveolares. La mayoría de los serotipos de *A. pleuropneumoniae* produce dos de estas tres toxinas. Por ejemplo, los serotipos 1, 5, 9 y 11 expresan ApxI y ApxII, y los serotipos 2, 3, 4, 6 y 8 expresan ApxII y ApxIII. Sin embargo, el serotipo 10 produce sólo ApxI y los serotipos 7 y 12 expresan sólo ApxII. Aquellos serotipos de *A. pleuropneumoniae* que producen tanto ApxI como ApxII son las cepas más virulentas de la bacteria.

15 Se demostró que las toxinas Apx son factores de virulencia en modelos murinos y de infección en cerdos usando bacterias naturales mutadas aleatoriamente [Tascon, y col., *Mol. Microbiol.* 14:207-216 (1994)] También se han generado otros mutantes de *A. pleuropneumoniae* con mutagénesis dirigida para inactivar el gen que codifica la proteína de virulencia de la membrana externa AopA [Mulks y Buysee, *Gene* 165:61-66 (1995)].

20 Se ha demostrado la existencia de al menos once serotipos (1, 2, 5-9, 12-14 y 16) en *Mannheimia* [*Pasteurella*] *haemolytica* [Angen, y col., *Vet Microbiol* 65(4):283-90 (1999)], una especie de *Pasteurellaceae* que es responsable de epidemias graves de neumonía aguda en corderos, terneros y cabras recién nacidos, de destete, en crecimiento y adultos [Ackermann, y col., *Microbes Infect* 2(9):1079-88 (2000)]. El transporte, las infecciones víricas, el hacinamiento y otras condiciones estresantes predisponen a los animales a infecciones por *M. haemolytica* [Ackermann, y col., *supra*]. Se considera que la leucotoxina (Lkt) de *M. haemolytica* tiene una función significativa en la patogénesis, causando lisis celular y apoptosis que inducen la patología pulmonar característica de la fiebre del transporte bovina [Highlander, y col., *Infect Immun* 68(7):3916-22 (2000)] así como una lesión pulmonar en la pasteurelosis neumónica bovina [Jeyaseelan, y col., *Microb Pathog* 30(2):59-69 (2001)]. La Lkt es una exotoxina formadora de poros que tiene la propiedad exclusiva de inducir citólisis sólo en leucocitos y plaquetas de rumiantes [Jeyaseelan, y col., (2001), *supra*]. La citólisis de muchos tipos de células está mediada por el ácido araquidónico (AA) y su generación por fosfolipasa está regulada por receptores conjugados a la proteína G [Jeyaseelan, y col., (2001) *supra*]. Estudios recientes indican que la Lkt de *M. haemolytica* se une a CD18 bovino, subunidad común de todas las integrinas beta2 [Jeyaseelan, y col., *Infect Immun* 68(1):72-9 (2000)]. También se ha visto que LFA-1 es un receptor de Lkt, la unión de Lkt a LFA-1 no es específica de la célula diana, la unión de Lkt a la LFA-1 bovina se correlaciona con la elevación del calcio y con citólisis, y la expresión de LFA-1 bovina se correlaciona con la magnitud de la citólisis inducida por Lkt en la célula diana [Jeyaseelan, y col., *Infect Immun* 68 1):72-9 (2000)].

35 En un intento por producir composiciones de vacuna, las células bacterianas completas muertas tradicionales han proporcionado sólo protección específica de serotipo [MacInnes y Smart, *supra*], sin embargo, se ha demostrado que la infección natural con un serotipo altamente virulento puede estimular una fuerte inmunidad protectora frente a serotipos múltiples [Nielsen, *Nord Vet Med*, 31:407-13 (1979); Nielsen, *Nord Vet Med*. 36:221-234 (1984); Nielsen, *Can J Vet Res*. 29:580-582 (1988), Nielsen, *ACTA Vet Scand*. 5:80-89 (1994)]. Una cepa de vacuna atenuada definida que produce una forma inactiva de la toxina ApxII se ha mostrado prometedor para la protección cruzada en cerdos [Prideaux y col., *Infection & Immunity* 67: 1962-1966 (1999)], mientras que otros mutantes vivos atenuados indefinidos también se han mostrado prometedores [Inzana, y col., *Infect Immun*. 61:1682-6 (1993); Paltineanu, y col., *En International Pig Veterinary Society*, 1992, pág. 214, Utrera, y col., *En International Pig Veterinary Society*, 1992, pág. 213].

45 Debido a los problemas asociados con las formulaciones de vacunas que comprenden cepas bacterianas con mutaciones espontáneas no definidas, existe la necesidad en la técnica de la construcción racional de cepas bacterianas vivas atenuadas para su uso en vacunas que estimulen de forma segura la inmunidad protectora frente a serotipos de *Pasteurellaceae* homólogos y heterólogos. Además existe la necesidad de identificar cepas bacterianas atenuadas y genes necesarios para la virulencia bacteriana, facilitando de este modo el desarrollo de procedimientos para identificar agentes antibacterianos.

55 Fuller y col., *Microbial Pathogens* 29:25-38 (2000), describen la producción de *P. multocida* atenuada usando la inserción de transposones en los genes de virulencia, incluyendo el gen *atpG*.

May y col., en la *Base de datos del EMBL* (en línea) (10 de febrero de 2001), nº de acceso a la base de datos, AE0060604, describen el polinucleótido que codifica el producto del gen *atpG* de *P. multocida*.

Resumen de la invención

60 Un primer aspecto de la presente invención es una bacteria *Pasteurella* atenuada seleccionada entre *Mannheimia haemolytica*, *Actinobacillus pleuropneumoniae* y *Haemophilus somnus*, comprendiendo la bacteria una mutación en un gen representado por una secuencia polinucleotídica que codifica un polipéptido *atpG* que comprende una secuencia de aminoácidos al menos el 80% idéntica con la SEQ ID NO: 167, en la que la atenuación de la bacteria está causada por la mutación.

65 Un segundo aspecto de la invención es una bacteria *Pasteurella* atenuada seleccionada entre *Mannheimia haemolytica*, *Actinobacillus pleuropneumoniae* y *Haemophilus somnus*, comprendiendo la bacteria una mutación en una

ES 2 362 041 T3

secuencia polipeptídica que codifica un polipéptido atpG, en el que la secuencia polinucleotídica se hibrida con el complemento de la SEQ ID NO: 166 en condiciones rigurosas, comprendiendo las condiciones un lavado final en tampón que comprende SSCx2/SDS al 0,1% a de 35°C a 45°C.

5 Un tercer aspecto de la invención es una composición inmunógena que comprende una bacteria de la invención.

Un cuarto aspecto de la invención es una composición de vacuna que comprende una composición inmunógena de la invención y un vehículo farmacéuticamente aceptable.

10 Un quinto aspecto de la invención es un polinucleótido purificado y aislado que comprende una secuencia nucleotídica que codifica un polipéptido que tiene la SEQ ID NO: 167, p. ej., como ADN.

Un sexto aspecto de la invención es un vector que comprende dicho ADN.

15 Un séptimo aspecto de la invención es una célula hospedadora transformada o transfectada de forma estable con el ADN en una forma que permita la expresión del polipéptido codificado en la célula hospedadora.

Un octavo aspecto de la invención es un polipéptido purificado que comprende la SEQ ID NO: 167.

20 En una bacteria atenuada de la invención, la mutación inhibe o suprime la expresión y/o actividad biológica de un producto génico codificado (es decir, el polipéptido codificado por un gen), dando lugar la mutación funcional a una virulencia atenuada de la cepa bacteriana. Las mutaciones funcionales que modulan (es decir, aumentan o disminuyen) la expresión y/o actividad biológica de un producto génico incluyen inserciones o deleciones en la región que codifica la proteína del propio gen o en secuencias responsables del control de la expresión génica, o implicadas en la misma. Los mutantes de deleción incluyen aquellos en los que se delecciona toda o parte de una secuencia génica específica. Para que una cepa modificada sea eficaz en una formulación de vacuna, la atenuación debe ser suficientemente significativa como para prevenir que el patógeno evoque varios síntomas clínicos, pero también suficientemente insignificante como para permitir una replicación y crecimiento limitados de la bacteria en el hospedador.

30 Los polinucleótidos de la invención incluyen ADN, como el ADN complementario, ADN genómico que incluye ADN complementario o no codificante y ADN completa o parcialmente sintético; ARN incluyendo hebras codificantes y no codificantes y ácidos nucleicos peptídicos como los descritos, por ejemplo, en Corey *TIBTECH* 15:224-229 (1997).

35 Un polipéptido codificado por un polinucleótido de la invención puede estar producido por el crecimiento de una célula hospedadora de la invención en condiciones que permitan, y preferiblemente promuevan, la expresión de un producto génico codificado por el polinucleótido, y el aislamiento del producto génico a partir de la célula hospedadora o del medio de su crecimiento.

40 Descripción detallada de la invención

Los “genes de virulencia”, según se usa en este documento, son genes cuyas funciones o productos son necesarios para el establecimiento y/o mantenimiento eficaz de la infección bacteriana en un animal hospedador. Por tanto, los genes de virulencia y/o las proteínas que codifican están implicados en la patogénesis del organismo hospedador, pero pueden no ser necesarios para su crecimiento.

La “mutagénesis de marcaje (MM)”, como se usa en este documento, es un procedimiento generalmente descrito en la publicación de patente internacional N° WO 96/17951 e incluye, por ejemplo, un procedimiento para identificar los genes bacterianos necesarios para la virulencia en un modelo murino de bacteriemia. En este procedimiento, se producen cepas bacterianas que tienen cada una mutación aleatoria en el genoma utilizando la integración de un transposón; cada mutación por inserción lleva una etiqueta de marcaje de ADN diferente que permite diferenciar unos mutantes de otros. Las etiquetas comprenden regiones centrales variables de 40 pb flanqueadas por “brazos” invariables de 20 pb que permiten que las porciones centrales se amplifiquen conjuntamente mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Las cepas mutantes etiquetadas se reúnen en placas de microvaloración, a continuación, se combinan para formar la “mezcla de inoculación” para estudios de infección. En un tiempo apropiado tras la inoculación, las bacterias se aíslan del animal y se mezclan para formar la “mezcla recuperada”. Las etiquetas en la mezcla recuperada y las etiquetas en la mezcla de inoculación se amplifican por separado, se marcan y, a continuación, se usan para incubar filtros expuestos con todas las diferentes etiquetas que representan a los mutantes del inóculo. Las cepas mutantes con virulencia atenuada son aquellas que no pueden recuperarse del animal infectado, es decir, cepas con etiquetas que proporcionan señales de hibridación cuando se incuban con etiquetas de la mezcla de inoculación pero no cuando se incuban con etiquetas de la mezcla recuperada. En una variación de este procedimiento, pueden usarse procedimientos de detección no radiactivos como la quimioluminiscencia.

La mutagénesis de marcaje permite una selección simultánea de un número mayor de cepas mutantes de inserción en un único animal para la pérdida de virulencia. El cribado de diecinueve mezclas de cepas mutantes de *P. multocida* permitió la identificación de más de 60 cepas con virulencia reducida, en muchas de las cuales se confirmó la virulencia atenuada mediante la determinación posterior de una DL₅₀ aproximada para los mutantes individuales. El cribado de los mutantes de *A. pleuropneumoniae* dio lugar a la identificación de más de 100 cepas que tenían mutaciones en 35

genes diferentes. De estos, las mutaciones en 22 genes dan lugar a cepas de *A. pleuropneumoniae* significativamente atenuadas. La secuencia de nucleótidos de la fase de lectura abierta interrumpida por la inserción del transposón se determinó secuenciando ambas hebras y se dedujo la secuencia de aminoácidos codificada. Se determinó la novedad tanto de las secuencias del polinucleótido como de aminoácidos mediante comparación de las secuencias con las secuencias de las bases de datos de ADN y proteínas. El conocimiento de los genes de virulencia en estas especies permitió la identificación de especies homólogas en *P. (Mannheimia) haemolytica*.

La identificación de genes de virulencia bacteriana y, más especialmente de *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* y *P. (Mannheimia) haemolytica*, proporciona microorganismos que muestran virulencia reducida (es decir, cepas atenuadas) que son útiles en vacunas. Entre estos microorganismos se incluyen mutantes de la familia *Pasteurellaceae* que contienen al menos una mutación funcional que inhibe un gen representado por las SEQ ID NO: 166. Los expertos en la materia comprenderán que puede aparecer una “mutación funcional” en las regiones codificantes de la proteína de un gen de la invención, así como en regiones reguladores que modulan la transcripción del ARN del gen de virulencia.

Los expertos en la materia también apreciarán que entre las cepas de *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* y *P. (Mannheimia) haemolytica* atenuadas de la invención se incluyen aquellas que tienen más de una mutación funcional. Más de una mutación puede dar lugar a un grado de atenuación aditivo o sinérgico. Pueden prepararse mutaciones múltiples mediante diseño, o pueden aparecer de forma fortuita a partir de una deleción incluso originalmente pretendida para introducir una mutación única. Un ejemplo de una cepa atenuada con deleciones múltiples es una cepa de *Salmonella typhimurium* en la que se han deleccionado funcionalmente los genes *cya* y *crp*. Esta cepa mutante de *S. typhimurium* se ha mostrado prometedora como vacuna viva.

La identificación de genes de virulencia en *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* y *P. (Mannheimia) haemolytica* puede proporcionar información con respecto a genes similares en otras especies patógenas. Como ejemplo, la identificación del gen *aroA* lleva a la identificación de genes conservados en diversos patógenos, como *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas salmonicida*, *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis*, *Salmonella dublin*, *Salmonella gallanorum*, *Bordetella pertussis*, *Yersinia enterocolitica*, *Neisseria gonorrhoeae* y *Bacillus anthracis*. En muchas de estas especies, se ha demostrado que las cepas bacterianas atenuadas que llevan mutaciones en el gen *aroA* son eficaces para las formulaciones de vacunas. Usando las secuencias de genes de virulencia identificados en *P. multocida*, pueden identificarse genes similares u homólogos en otros organismos, especialmente dentro de la familia de *Pasteurella*, así como en *A. pleuropneumoniae*, *P. (Mannheimia) haemolytica* y *Haemophilus somnus*. Asimismo, la identificación de genes de virulencia de *A. pleuropneumoniae* puede permitir la identificación de genes relacionados en otros organismos. La hibridación de tipo Southern, usando los genes de *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* y *P. (Mannheimia) haemolytica* como sondas, puede identificar estos genes relacionados en bibliotecas cromosómicas derivadas de otros organismos. Alternativamente, la PCR puede ser igualmente eficaz para la identificación de genes en las demarcaciones de especies. Aún como otra alternativa, también puede usarse la complementación de, por ejemplo, un mutante de *P. multocida* con una biblioteca cromosómica de otras especies para identificar genes que tienen la misma actividad de virulencia, o una actividad relacionada. Por tanto, la identificación de genes de virulencia relacionados puede llevar a la producción de una cepa atenuada del otro organismo que puede ser útil como otra formulación de vacuna. Entre los ejemplos de genes de *P. multocida* que se ha demostrado pueden encontrarse en otras especies (p. ej., *P. (Mannheimia) haemolytica*, *A. pleuropneumoniae* y *H. somnus*) se incluyen los genes *exbB*, *atpG*, *pnp*, *guaB* y *yjgF*.

Las cepas de *P. multocida* atenuadas identificadas usando MM son mutantes de inserción en los que un gen de virulencia se ha convertido en no funcional mediante la inserción de secuencias transposón en la fase de lectura abierta o en secuencias de ADN reguladoras. Estos mutantes de inserción siguen conteniendo toda la información genética necesaria para la virulencia bacteriana y, posiblemente, pueden revertirse a un estado patogénico mediante la deleción del transposón insertado. Por tanto, durante la preparación de una formulación de vacuna, es deseable tomar la información recogida de una cepa atenuada y crear una cepa mutante de deleción en la que se elimine parte, la mayoría o toda la secuencia del gen de virulencia excluyendo, por tanto, la posibilidad de que la bacteria revierta a su estado de virulencia.

Se espera que las propiedades para vacuna de un mutante de inserción atenuado identificado usando MM sean las mismas o similares a las de una bacteria portadora de una deleción en el mismo gen. Sin embargo, es posible que una mutación por inserción pueda ejercer efectos “polares” sobre las secuencias génicas colindantes y, como resultado, el mutante de inserción pueda poseer características diferentes a las de una cepa mutante con una deleción en la misma secuencia génica. Pueden construirse mutantes de deleción usando cualquiera de las diversas técnicas bien conocidas y utilizadas de forma rutinaria en la técnica.

En un ejemplo, puede emplearse una estrategia usando marcadores contraseleccionables, que se han utilizado normalmente para la deleción de genes en muchas bacterias. Para revisión, véase, por ejemplo, Reyrat, y col., *Infection and Immunity* 66:4011-4017 (1998), incorporada a este documento por referencia. En esta técnica, se emplea a menudo una estrategia de selección doble, en la que se construye un plásmido que codifica un marcador seleccionable y un marcador contraseleccionable, con secuencias de ADN flanqueantes derivadas de ambos lados de la deleción deseada. El marcador seleccionable se usa para seleccionar bacterias en las que el plásmido se ha integrado en el genoma en la localización y forma apropiadas. El marcador contraseleccionable se usa para seleccionar el porcentaje muy pequeño de bacterias en las que se ha eliminado espontáneamente el plásmido integrado. Entonces, una fracción de estas bacterias contendrá sólo la deleción deseada sin otro ADN extraño presente. La clave del uso de esta técnica es la disponibilidad de un marcador contraseleccionable adecuado.

En otra técnica se usa el sistema *cre-lox* para la recombinación de ADN específica de sitio. El sistema consta de secuencias *lox* de 34 pares de bases que son reconocidas por el gen de la recombinasa *cre* bacteriana. Si se presentan sitios *lox* en el ADN en una orientación apropiada, el ADN flanqueado por los sitios *lox* será escindido por la recombinasa *cre*, dando lugar a la delección de todas las secuencias, excepto una copia restante de la secuencia *lox*.

5 Usando técnicas de recombinación convencionales, es posible deleccionar el gen objetivo de interés en el genoma de *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* o *P. (Mannheimia) haemolytica* y sustituirlo por un marcador seleccionable (p. ej., un gen que codifica para la resistencia a kanamicina) que esté flanqueado por los sitios *lox*. La expresión transitoria (mediante electroporación de un plásmido suicida que contiene el gen *cre* bajo el control de un promotor que funciona en *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* o *P. (Mannheimia) haemolytica*) de la recombinasa *cre* debería dar lugar a la eliminación eficaz del marcador flanqueado por *lox*. Este proceso podría dar lugar a un mutante que contenga la mutación por delección deseada y una copia de las secuencias *lox*.

En otro enfoque, es posible sustituir directamente una secuencia de delección deseada en el genoma de *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* o *P. (Mannheimia) haemolytica*, con un gen marcador, como la proteína fluorescente verde (GFP), β -galactosidasa o luciferasa. En esta técnica, los segmentos de ADN que flanquean una delección deseada se preparan mediante PCR y se clonan en un vector suicida (no replicante) para *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* o *P. (Mannheimia) haemolytica*. Un casete de expresión, que contiene un promotor activo en *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* o *P. (Mannheimia) haemolytica* y el gen marcador apropiado, se clona entre las secuencias flanqueantes. El plásmido se introduce en *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae* o *P. (Mannheimia) haemolytica* naturales. Se aíslan las bacterias que incorporan y expresan el gen marcador (probablemente a una frecuencia muy baja) y se examina el acontecimiento de recombinación apropiado (es decir, sustitución del gen natural por el gen marcador).

La virulencia reducida de estos organismos y su inmunogenicidad pueden confirmarse mediante su administración a un animal. Mientras que sea posible administrar sólo un microorganismo avirulento de la invención, preferiblemente se administran uno o más de estos microorganismos mutantes en una composición de vacuna que contiene adyuvantes adecuados y diluyentes o vehículos farmacéuticamente aceptables. Los vehículos pueden ser "aceptables" en el sentido de ser compatibles con el microorganismo virulento de la invención y no perjudiciales para el sujeto que se va a inmunizar. Típicamente, los vehículos serán agua o solución salina que estará estéril o libre de pirógenos. El sujeto que se va a inmunizar es un sujeto que necesita protección para una enfermedad causada por una forma virulenta de *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae*, *P. (Mannheimia) haemolytica* y otros microorganismos patógenos.

Se apreciará que la vacuna de la invención puede ser útil en los campos de la medicina y la veterinaria. Por tanto, el sujeto que se va a inmunizar puede ser un ser humano u otro animal, por ejemplo, animales de granja, como vacas, ovejas, cerdos, caballos, cabras y aves de corral (p. ej., pollos, pavos, patos y gansos), animales de compañía como perros y gatos; animales exóticos y/o de zoológico y animales de laboratorio como ratones, ratas, conejos, cobayas y hámsteres. Las secuencias de ADN que codifican polipéptidos de virulencia que podrían hibridar con los anteriores, pero que debido a la degeneración del código genético no lo hacen, se contemplan en la invención. Entre los ejemplos de condiciones muy rigurosas se incluyen un lavado final con tampón que comprende SSCx0,2/SDS al 0,1%, de 65°C a 75°C, mientras que entre los ejemplos de condiciones moderadamente rigurosas se incluye un lavado final con tampón que comprende SSCx2/SDS al 0,1% de 35°C a 45°C. En la técnica se entiende que pueden lograrse condiciones de rigurosidad equivalente variando la temperatura y el tampón, o la concentración de sal como se describe en Ausubel y col. (Eds.), *Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons (1994), pág. 6.0.3 a 6.4.10. Las modificaciones en las condiciones de hibridación pueden determinarse empíricamente o calcularse de forma precisa en función de la longitud y del porcentaje de pares de bases guanosina/citosina de la sonda. Las condiciones de hibridación pueden calcularse como se describe en Sambrook, y col., (Eds.), *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Cold Spring Harbor, Nueva York (1989), pág. 9.47 a 9.51.

También se proporcionan construcciones de expresión recombinantes de replicación automática, como plásmidos y vectores de ADN vírico que incorporan secuencias de genes de virulencia. También se proporcionan construcciones de expresión en las que los polinucleótidos que codifican polipéptidos de virulencia están unidos operativamente a una secuencia de ADN de control de expresión endógena o exógena y un terminador de la transcripción. Los genes de virulencia pueden clonarse mediante PCR, usando ADN genómico de *P. multocida* como molde. Para facilitar la inserción del gen dentro de los vectores de expresión, se eligen cebadores de PCR de modo que el gen amplificado por PCR tenga un sitio para enzimas de restricción en el extremo 5' que precede al codón de inicio ATG, y un sitio para enzimas de restricción en el extremo 3' después de los codones de parada TAG, TGA o TAA. Si es conveniente, se cambian los codones en el gen, sin cambiar los aminoácidos, según la preferencia de codón de *E. coli* descrita por Grosjean y Fiers, *Gene*, 18:199-209 (1982) y Konigsberg y Godson, *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)*, 80:687-691 (1983). La optimización del uso de codones puede llevar a un aumento en la expresión del producto génico cuando se produce en *E. coli*. Si el producto génico se va a producir extracelularmente, en el periplasma de *E. coli* o de otra bacteria, o dentro del medio de cultivo celular, el gen se clona sin su codón de inicio y se coloca dentro de un vector de expresión detrás de una secuencia señal.

Según otro aspecto de la invención, se proporcionan células hospedadoras, incluyendo células procariontas y eucariotas, transformadas, transfectadas o electroporadas de forma estable o transitoria, con secuencias polipeptídicas de la invención de forma que se permita la expresión de polipéptidos de virulencia de la invención. Entre los sistemas de expresión de la invención se incluyen sistemas bacterianos, de levaduras, víricos, en células de invertebrados y mamíferos. Las células hospedadoras de la invención son una fuente valiosa de inmunógeno para el desarrollo de anticuerpos específicamente inmunorreactivos con el producto del gen de virulencia. Las células hospedadoras de la

invención son notablemente útiles en procedimientos de producción a gran escala de polipéptidos de virulencia, en los que las células se crecen en un medio de cultivo adecuado y se aíslan los productos polipeptídicos deseados de las células o del medio en el que se crecen las células mediante, por ejemplo, purificación por inmunoafinidad o cualquiera de las múltiples técnicas de purificación bien conocidas y practicadas de forma rutinaria en la técnica. Puede usarse cualquier célula hospedadora adecuada para la expresión del producto génico, como *E. coli*, otras bacterias, como *P. multocida*, *Bacillus* y *S. aureus*, levaduras, como *Pichia pastoris* y *Saccharomyces cerevisiae*, células de insectos o células de mamíferos, como células CHO, utilizando vectores adecuados conocidos en la técnica. Pueden producirse proteínas directamente, o fusionarse con un péptido o polipéptido, y tanto intracelular como intracelularmente, mediante la secreción en el espacio periplásmico de una célula bacteriana y dentro del medio de cultivo celular. La secreción de una proteína requiere un péptido señal (también conocido como presecuencia); se conocen varias secuencias señal de procariontes y eucariontes que funcionan en la secreción de proteínas recombinantes. Durante el proceso de secreción de proteínas, el péptido señal es eliminado por la señal peptidasa para obtener la proteína madura.

Para simplificar el proceso de purificación de la proteína, puede añadirse una etiqueta de purificación en los extremos 5' o 3' de la secuencia génica codificadora. Entre las etiquetas de purificación más frecuentes se incluyen una extensión de seis restos de histidina (patentes de EE. UU. N° 5.284.933 y 5.310.663), una etiqueta de afinidad a estreptavidina descrita por Schmidt y Skerra, *Protein Engineering*, 6:109-122 (1993), un péptido FLAG [Hopp y col., *Biotechnology*, 6:1205-1210 (1988)], glutatión S-transferasa [Smith y Johnson, *Gene*, 67:31-40 (1988)] y tiorredoxina [LaVallie y col., *Bio/Technology*, 114:187-193 (1993)]. Para eliminar estos péptidos o polipéptidos, puede insertarse un sitio de reconocimiento de escisión proteolítica en la unión de la fusión. Las proteasas utilizadas más frecuentemente son el factor Xa, la trombina y la enteroquinasa.

Una bacteria atenuada de la inserción comprende una mutación en un gen que codifica un polipéptido atpG que comprende una secuencia de aminoácidos al menos el 80%, al menos el 85%, al menos el 90% o al menos el 95%, o al menos el 99% idéntica a la SEQ ID NO: 167.

El porcentaje de "identidad" de la secuencia de aminoácidos con respecto a los polipéptidos preferidos de la invención se define como el porcentaje de restos de aminoácidos en la secuencia candidata que son idénticos a los restos de la secuencia del producto génico de virulencia tras alinear ambas secuencias e introducir huecos, si es necesario, para conseguir el máximo porcentaje de identidad de secuencia y sin considerar ninguna sustitución conservadora como parte de la identidad de secuencia.

Entre los productos variantes de virulencia de la invención se incluyen productos génicos de virulencia maduros, es decir, en los que se han eliminado secuencias líderes o señal, que tienen restos amino terminales adicionales. Se contemplan productos génicos de virulencia que tienen un resto de metionina adicional en la posición -1, así como los productos de virulencia que tienen restos adicionales de metionina y lisina en las posiciones -2 y -1. Las variantes de estos tipos son especialmente útiles para la producción de proteínas recombinantes en tipos celulares bacterianos. Entre las variantes de la invención también se incluyen productos génicos en los que se han introducido secuencias amino terminales derivadas de otras proteínas, así como variantes que comprenden secuencias amino terminales que no se encuentran en las proteínas naturales.

La invención también abarca polipéptidos variantes que tienen restos aminoácídicos adicionales que son el resultado del uso de sistemas de expresión específicos. Por ejemplo, el uso de vectores disponibles en el mercado que expresan un polipéptido deseado como una proteína de fusión con glutatión S-transferasa (GST) proporciona el polipéptido deseado con un resto adicional de glicina en la posición -1 tras la escisión del componente GST del polipéptido deseado. También se contemplan variantes que son el resultado de la expresión usando otros sistemas de vector.

En la composición de vacuna puede usarse cualquier adyuvante conocido en la técnica, como adyuvantes a base de aceite, como adyuvante completo de Freund y adyuvante incompleto de Freund, adyuvantes a base de micolato (p. ej., dimicolato de trehalosa), lipopolisacárido bacteriano (LPS), peptidoglucanos (es decir, mureínas, mucopéptidos y glucopéptidos, como N-Opaca, dipéptido muramilo [MDP] o análogos de MDP), proteoglicanos (p. ej. extraídos de *Klebsiella pneumoniae*), preparaciones de estreptococos (p. ej., OK432), Biostim™ (p. ej., 01K2), los "Iscoms" de los documentos EP 109.942, EP 180.564 y EP 231.039, hidróxido de aluminio, saponina, DEAE-dextrano, aceites neutros (como migliol), aceites vegetales (como aceite de maní), liposomas, polioles Pluronic®, el sistema adyuvante Ribí (véase, por ejemplo, el documento GB-A-2.189.141) o interleucinas, especialmente aquellas que estimulan la inmunidad mediada por células.

Se ha descrito un adyuvante alternativo compuesto por extractos de *Amycolata*, un género bacteriano del orden *Actinomycetales*, en la patente de EE.UU. N° 4.877.612. Adicionalmente, están disponibles en el mercado mezclas de adyuvantes patentadas. El adyuvante utilizado dependerá, en parte, del organismo receptor. La cantidad de adyuvante administrado dependerá del tipo y tamaño del animal. Las dosis óptimas pueden determinarse fácilmente mediante procedimientos rutinarios.

Las composiciones de vacuna pueden incluir opcionalmente diluyentes líquidos, semisólidos o sólidos farmacéuticamente aceptables (es decir, estériles y no tóxicos) compatibles con la vacuna que sirvan como vehículos, excipientes o medios farmacéuticos. Puede usarse cualquier diluyente conocido en la técnica. Entre los ejemplos de diluyentes se incluyen, pero sin limitaciones, polioxietileno monolaurato de sorbitán, estearato de magnesio, metil y propilhidroxibenzoato, talco, alginatos, almidones, lactosa, sacarosa, dextrosa, sorbitol, manitol, goma de acacia, fosfato cálcico, aceite mineral, manteca de cacao y aceite de teobroma.

ES 2 362 041 T3

Las composiciones de vacuna pueden envasarse en formas convenientes para administración. Las composiciones pueden incluirse dentro de una cápsula, pastilla, oblea, sello, gelatina, papel y otro recipiente. Se prefieren estas formas de administración cuando son compatibles con la entrada de la composición inmunógena dentro del organismo receptor y, especialmente, cuando la composición inmunógena se está administrando en forma de dosis unitaria. Las dosis unitarias pueden estar envasadas, por ejemplo, en comprimidos, cápsulas, supositorios o sellos.

Las composiciones de vacuna pueden introducirse en el sujeto que se va a inmunizar mediante cualquier procedimiento convencional, p. ej., mediante inyección intravenosa, intradérmica, intramuscular, intramamaria, intraperitoneal o subcutánea, mediante administración oral, sublingual, nasal, anal o vaginal. El tratamiento puede consistir en una única dosis o diversas dosis durante un periodo de tiempo.

La invención también abarca el uso de una cepa bacteriana atenuada de la invención para la fabricación de un medicamento vacuna para prevenir o aliviar la infección bacteriana y/o los síntomas asociados con la misma.

La presente invención se ilustra mediante los siguientes ejemplos: en el ejemplo 1 se describen las construcciones de los mutantes de *P. multocida*. El ejemplo 2 se refiere al cribado de los mutantes de *P. multocida*. En el ejemplo 3 se abordan procedimientos para determinar la virulencia de los mutantes de *P. multocida*. En el ejemplo 4 se describe la clonación de los mutantes de *P. multocida*. En el ejemplo 5 se aborda la identificación de genes en otras especies relacionados con los genes de virulencia de *P. multocida*. En el ejemplo 6 se describe la construcción de mutantes de *A. pleuropneumoniae*. En el ejemplo 7 se aborda la selección de mutantes atenuados de *A. pleuropneumoniae*. El ejemplo 8 se refiere a la identificación de genes de virulencia de *A. pleuropneumoniae*. En el ejemplo 9 se describe la exposición competitiva de mutantes y bacterias naturales de *A. pleuropneumoniae*. En el ejemplo 10 se caracterizan los genes de *A. pleuropneumoniae* identificados. En el ejemplo 11 se aborda la eficacia del mutante de *A. pleuropneumoniae* para proteger frente a la exposición a bacterias naturales. En el ejemplo 12 se describe la identificación de genes de virulencia homólogos de especie en *P. (Mannheimia) haemolytica*.

Ejemplo 1

30 Construcción de una biblioteca de mutantes de *P. multocida* con transposón etiquetado

Se construyó una biblioteca de mutantes con transposón etiquetado en el vector parental pLOF/Km [Herrero y col., *J Bacteriol.* 172:6557-67 (1990)] que previamente se había demostrado era funcional y aleatorio en *P. multocida* [Lee, y col., *Vet Microbiol.* 50:143-8 (1996)]. El plásmido pLOF/Km se construyó como una modificación del vector suicida pGP704 e incluía un gen transposasa bajo el control del promotor *Tac* así como el elemento transponible mini-Tn10 que codifica para la resistencia a kanamicina. El plásmido pTEF-1 se construyó como se describe a continuación mediante la modificación de pLOF/Km para que acepte etiquetas de secuencia que contienen una secuencia semialeatoria [NK]₃₅.

El plásmido pLOF/Km se modificó en primer lugar para eliminar el único sitio de restricción *KpnI* en la región de clonación múltiple y, a continuación, para introducir un nuevo sitio *KpnI* en la región mini-Tn10. El plásmido se digirió con *KpnI* y los extremos colgantes resultantes se rellenaron con el fragmento Klenow de la polimerasa según el protocolo sugerido por el fabricante. Las digestiones de restricción y las ligaduras descritas en este documento se realizaron según los protocolos sugeridos por el fabricante (Gibco BRL, Gaithersburg, MD y Boehringer Mannheim, Indianapolis, IN). El producto de extremos romos se autiligó para producir un plásmido designado pLOF/Km-*KpnI* que se transformó en *E. coli* DH5 α : λ pir para su amplificación. La cepa de *E. coli* DH5 α :(λ pir Φ 80dlacZ Δ M15, recA1, endA1, gyrA96, thi-1, hsdR17 (r_k-, m_k-, supE44, relA1, deoR, Δ (lacZYA-argF)U169, se propagó a 37°C en medio de Luria-Bertani (LB). Los plásmidos se prepararon usando QIAGEN SpinPreps de QIAGEN Inc., (Santa Clarita, CA) y se digirieron con *SfiI* que corta en un sitio único dentro del elemento transponible mini-Tn10. Se preparó un adaptador *SfiI*-*KpnI*-*SfiI* mediante la hibridación de oligonucleótidos TEF1 (SEQ ID NO: 86) y TEF3 (SEQ ID NO: 87) y el adaptador de doble cadena resultante se ligó en el sitio *SfiI* para crear el plásmido pTEF-1. Los oligonucleótidos TEF1 y TEF3 (así como todos los demás oligonucleótidos descritos en este documento) fueron sintetizados por Genosys Biotechnologies (The Woodlands, TX).

55 TEF1 5'-AGGCCGGTACCGGCCGCT SEQ ID NO: 86

TEF3 5'-CGGCCGGTACCGGCCTAGG SEQ ID NO: 87

60 Las etiquetas de secuencia exclusivas para su inserción dentro del sitio *KpnI* de pTEF-1 se prepararon de la siguiente forma. Se realizó una PCR para generar etiquetas de ADN de hebra doble usando un kit de PCR GeneAmp XL (PE Applied Biosystems, Foster City, CA) en condiciones que incluían 250 μ M de cada dNTP, Mg(OAc)₂ 1,5 mM, 100 pmoles de cada cebador TEF14 (SEQ ID NO: 88) y TEF15 (SEQ ID NO: 89), 1 ng de TEF26 (SEQ ID NO: 90) como ADN molde y 2,5 unidades de *Tth* ADN polimerasa XL recombinante.

ES 2 362 041 T3

TEF14 5'-CATGGTACCCATTCTAAC SEQ ID NO: 88

TEF15 5'-CTAGGTACCTACAACCTC SEQ ID NO: 89

5 TEF26 5'-CTAGGTACCTACAACCTCAAGCTT-[NK]₃₅-
AAGCTTGGTTAGAAATGGGTACCATG SEQ ID NO: 90

10 Las condiciones de reacción incluían una incubación inicial a 95°C durante un minuto, seguido de treinta ciclos de 30 segundos a 95°C, 45 segundos a 45°C y 15 segundos a 72°C, seguido de una incubación final a 72°C durante dos minutos. Los productos de PCR se digirieron con *KpnI* y se purificaron usando un kit de eliminación de nucleótidos de QIAGEN (QIAGEN, Inc., Chatsworth, GA) según el protocolo sugerido por el fabricante. Las secuencias etiqueta exclusivas se ligaron en el elemento mini-Tn10 de pTEF-1 linearizado, digerido previamente con *KpnI* y desfosforilado con fosfatasa alcalina de intestino de ternera (Boehringer Mannheim) usando procedimientos convencionales. La biblioteca de plásmidos resultante se transformó en *E. coli* DH5 α : λ pir. El análisis de transferencia de colonias se realizó según la guía para usuarios DIG (Boehringer-Mannheim) con la hibridación y detección realizadas como sigue.

20 Las hibridaciones se realizaron esencialmente según la Genius Non-Radioactive User's Guide (Boehringer Mannheim Biochemicals), el prospecto del kit de marcaje DIG-PCR (Boehringer Mannheim Biochemicals) y el prospecto de CSPD (Boehringer Mannheim Biochemicals). Para la preparación de sondas, se dispuso una reacción de PCR principal en 100 μ l usando tampón de PCR Amplitaq (PE Applied Biosystems), dNTPs 200 μ M, 149 pmoles de cada uno de los cebadores TEF5 (SEQ ID NO: 91) y TEF6 (SEQ ID NO: 92), MgCl₂ 2 mM, 2,5 unidades de Amplitaq (PE Applied Biosystems) y 1 ng de ADN del plásmido.

TEF5 5'-TACCTACAACCTCAAGCT SEQ ID NO: 91

30 TEF6 5'-TACCCATTCTAACCAAGC SEQ ID NO: 92

35 Las condiciones del ciclo incluían una incubación inicial a 95°C durante dos minutos, seguido de 35 ciclos de 95°C durante 30 segundos, 50°C durante 45 segundos, 72°C durante 15 segundos y una incubación final a 72°C durante tres minutos. Los productos de amplificación se separaron usando electroforesis en un gel NuSieve GTG (FMC BioProducts, Rockland, ME, EE.UU.): agarosa relación 3:1 al 2% y se escindió y purificó el producto de 109 pb. Las extracciones del gel se realizaron usando un kit de extracción en gel de QIAGEN (QIAGEN).

40 Aproximadamente 15 ng del producto principal se marcaron en una reacción de PCR de 50 μ l usando el kit de PCR DIG, 50 pmoles de los cebadores TEF24 y TEF 25 y una mezcla 1: 1 de la mezcla de síntesis de sondas DIG con de la solución madre de dNTP 2 mM.

TEF24 5'-TACCTACAACCTCAAGCTT SEQ ID NO: 93

45 TEF25 5'-TACCCATTCTAACCAAGCTT SEQ ID NO: 94

50 Las condiciones de PCR incluían una incubación inicial a 95°C durante dos minutos, seguido de 25 ciclos de 95°C durante 30 segundos, 50°C durante 45 segundos, 72°C durante 15 segundos y una incubación final a 72°C durante tres minutos. El producto de PCR marcado se digirió con *HindIII* en un volumen de reacción total de 90 μ l y se purificó a partir de los brazos constantes del cebador usando un gel NuSieve GTG (FMC BioProducts): agarosa 3:1 al 2%. La región que contenía la etiqueta variable marcada se escindió y los cortes de gel enteros se disolvieron y desnaturalizaron en 10 ml de DIG EasyHyb a 95°C durante 10 minutos.

55 Las transferencias dot-blot se prepararon usando una membrana Hybond[®]-N⁺ (Amersham Pharmacia Biotech). El ADN diana para cada etiqueta se preparó en placas de 96 pocillos usando aproximadamente 30 ng del producto de PCR. Se añadió un volumen igual de NaOH 0,1 N para desnaturalizar la muestra y cada muestra se aplicó a la membrana con vacío mínimo usando un aparato de transferencia dot-blot Minifolds[™] de Scheleicher y Schuell (Keene, NH, EE.UU.). Cada pocillo se lavó con 150 μ l de solución de neutralización (Tris 0,5 M/NaCl 3 M, pH 7,5) y 150 μ l de SSCx2. Las membranas se entrecruzaron mediante luz UV en un Stratalinker (Stratagene, La Jolla, CA, EE.UU.) y se prehibridaron durante una hora en 20 ml de tampón DIG EasyHyb a 42°C. Se añadió la sonda desnaturalizada y se realizó la hibridación durante toda la noche a 42°C. La membrana se lavó dos veces en SSCx2 que contenía SDS al 0,1% durante cinco minutos por lavado. Se realizaron dos lavados en condiciones altamente rigurosas en 50 ml de tampón SSCx0,1 precalentado que contenía SDS al 0,1% a 68°C durante 15 minutos antes de proceder con los protocolos de detección convencionales de Genius (Manual de Genius).

Es conveniente utilizar un sistema de detección no radiactivo por seguridad, menor coste, facilidad de uso y reducción de materiales peligrosos. En los experimentos iniciales usando procedimientos similares previamente descritos [Mei y col., *Mol. Microbiol.* 26:399-407 (1997)], se obtuvieron niveles de fondo de hibridación inaceptables en los controles negativos. Para disminuir el fondo, se aumentó la longitud de la etiqueta de 30 pb a un total de 70, los cebadores de amplificación se alargaron para incluir toda la secuencia que flanquea a la región variable, se usó una concentración menor de dig-dUTP y se eliminaron las secuencias conservadas que flanquean a la secuencia de la región etiqueta mediante purificación en gel. Lo más significativo, se usó PCR para generar etiquetas de secuencia [NK] según el ADN diana de las transferencias dot-blot mejor que los plásmidos completos que contenían los transposones etiquetados antes de detectar la hibridación de fondo del transposón mismo. Usando estas modificaciones se eliminó el fondo haciendo el análisis quimioluminiscente no radiactivo más eficaz.

Se analizaron por transferencia de colonias aproximadamente cuatrocientos transformantes diferentes resultado de la ligadura de pTEF-1 con las etiquetas de secuencia generadas por PCR y las 96 colonias que hibridaban con mayor potencia se reunieron en placas de microvaloración para su uso posterior. Incluso aunque la probabilidad de etiquetas duplicadas era muy baja, se comprobó la mitad de la placa original de etiquetas frente a la otra mitad para confirmar que no se habían duplicado etiquetas. Los plásmidos que contenían estas etiquetas se purificaron y transformaron en la cepa de *E. coli* S17-1: λ pir (pir, *recA*, *thi*, *pro*, *hsd*, (r-m+), RP4-2, (Tc::Mu), (Km::Tn7), [TmpR], [SmR]), y las bacterias transformadas se propagaron a 37°C en medio de Luria-Bertani (LB). Cada una de las 96 transformantes de *E. coli* S17-1: λ pir que contenía el plásmido etiquetado pTEF-1 se usó en emparejamientos conjugativos para generar mutantes de transposón de *P. multocida*. La cepa TF5 de *P. multocida* es un mutante espontáneo resistente al ácido nalidíxico derivado de UC6731, un aislado clínico bovino. Las cepas de *P. multocida* se hicieron crecer en medios de infusión cerebro corazón (BHI) (Difco Laboratories, Detroit, MI, EE.UU.) a 37°C y en CO₂ al 5% cuando se hicieron crecer en placas. Los emparejamientos se establecieron mediante crecimiento de cada clon de *E. coli* S171: λ pir/pTEF1:[NK] y la cepa TF5 hasta fase logarítmica tardía. Se mezclaron 50 μ l de cultivo de cada clon pTEF-1 etiquetado con 200 μ l del cultivo de TF5 y se colocaron 50 μ l de cada mezcla de emparejamiento sobre filtros TM de 0,22 colocados previamente en placas BHI que contenían IPTG 100 mM y MgSO₄ 10 mM. Tras la incubación durante toda la noche a 37°C con CO₂ al 5%, las mezclas de emparejamiento se levantaron de cada filtro en 3 ml de PBS y se colocaron en placas 25 μ l de cada una en placas con BHIN⁵⁰K¹⁰⁰. Tras el crecimiento selectivo durante toda la noche, las colonias se reunieron en placas de microvaloración mediante transferencia con un palillo en 200 μ l de BHIN⁵⁰K⁵⁰, asegurándose de que cada pocillo de una placa de microvaloración contuviera siempre un mutante de transposón con la misma etiqueta de secuencia. Tras el crecimiento durante toda la noche se añadieron 50 μ l de glicerol al 75% en capa pocillo y las placas se conservaron congeladas a -80°C.

Se reunieron diecinueve mezclas transfiriendo los mutantes de transposón a placas de microvaloración asegurándose de que cada pocillo contenía un mutante de transposón con la etiqueta apropiada para dicho pocillo. En otras palabras, un pocillo específico en cada placa de microvaloración contenía siempre un mutante de transposón con la misma etiqueta de secuencia aunque la localización del transposón dentro de dichos mutantes pudiera ser diferente.

40 Ejemplo 2

Cribado de mutantes de P. multocida atenuados en murinos

Las diecinueve mezclas de mutantes de transposón de *Pasteurella multocida* se analizaron usando un modelo murino de septicemia. Las placas congeladas de los mutantes de transposón de *P. multocida* agrupadas se retiraron de su conservación a -80°C y se subcultivaron mediante transferencia de 10 μ l de cada pocillo a una nueva placa de 96 pocillos de fondo redondo (Corning Costar, Cambridge, MA, EE.UU.) que contenían 200 μ l de infusión cerebro corazón (DIFCO) con ácido nalidíxico a 50 μ g/ml (Sigma) y kanamicina a 50 μ g/ml (Sigma) (BHIN⁵⁰K⁵⁰). Las placas se incubaron sin agitación durante toda la noche a 37°C en CO₂ al 5%. Las placas cultivadas toda la noche se subcultivaron mediante transferencia de 10 μ l de cada pocillo a una nueva placa de 96 pocillos de fondo plano (Corning Costar) que contenían 100 μ l de BHI por pocillo y se incubaron a 37°C con agitación a aproximadamente 150 rpm. La DO₅₄₀ se controló usando un lector de placas de microvaloración. A una DO₄₅₀ de aproximadamente 0,2 a 0,25, cada placa se mezcló para formar la "mezcla de entrada" combinando 100 μ l de cada uno de los pocillos de la placa de microvaloración. El cultivo se diluyó de forma apropiada en BHI hasta dosis de aproximadamente 10⁴, 10⁵, 10⁶ UFC/ml y se usaron 0,2 ml de cada dilución para infectar a ratones BALB/c hembras de 14-16 g mediante administración intraperitoneal. A los dos días tras la infección, se sacrificaron uno o dos ratones supervivientes y se extrajeron los bazo. El bazo completo se homogeneizó en 1 ml de solución salina al 0,9% estéril. Se prepararon diluciones del homogeneizado de 10⁻² a 10⁻⁵ y se dispusieron en placas con BHIN⁵⁰K⁵⁰. Tras el crecimiento durante toda la noche, se agruparon al menos 20.000 colonias en 10 ml de medio de cultivo BHI para formar la "mezcla recuperada" y se centrifugaron 0,5 ml de la mezcla recuperada a 3.500 g y el sedimento se usó para preparar ADN genómico según un protocolo descrito previamente [Wilson, *En F. M. Ausubel, y col., (ed.), Current Protocols in Molecular Biology*, vol. 1. John Wiley e hijos, Nueva York, pág. 2.4.1-2.4.5. (1997)].

Los experimentos iniciales con *P. multocida* natural virulenta indicaron que podrían recuperarse organismos del bazo, pulmones, riñones e hígado, lo que indicaba un modelo de infección realmente septicémico. Se realizaron transferencias dot-blot de las mezclas "de entrada" y "recuperada" como se describe en el Ejemplo 1 y ambas se evaluaron mediante inspección visual y análisis semicuantitativo. La hibridación se realizó según se describe en el Ejemplo 1, excepto por que se usaron como molde 5 μ g de ADN genómico de las mezclas de entrada y recuperada. El análisis

ES 2 362 041 T3

semicuantitativo indica si había tenido lugar una reducción significativa en un único clon. Si es mutante es incapaz de sobrevivir dentro del hospedador, entonces la señal recuperada sería muy baja en comparación con la señal de entrada obteniéndose una alta relación entrada/recuperada. La mayoría de los mutantes crecerán tan bien *in vivo* como *in vitro* y, por tanto, la relación de sus señales debería ser aproximadamente igual a 1. Los clones seleccionados mediante análisis cuantitativo que se habían reducido en gran medida en la mezcla recuperada se seleccionaron para estudios adicionales. También se seleccionaron clones adicionales con relaciones introducción/recuperación cuestionables tras la evaluación visual de las películas obtenidas de las transferencias dot-blot.

10 Ejemplo 3

Determinación de virulencia de los mutantes candidatos de P. multocida

Cada posible mutante que mostraba una recuperación reducida del tejido esplénico se aisló de la placa de mezcla original y se usó individualmente en un experimento de exposición para verificar y estimar aproximadamente la atenuación causada por la mutación de transposón. Los mutantes candidatos individuales de los análisis *in vivo* se hicieron crecer en placas de agar sangre de oveja durante toda la noche en CO₂ al 5% a 37°C. Aproximadamente seis colonias de cada mutante se inocularon en medio de cultivo BHI y se permitió que crecieron durante seis horas. Se prepararon diluciones y se infectó a cinco ratones cada vez como se describió anteriormente con 10², 10³, 10⁴ y 10⁵ UFC cada uno. La atenuación se determinó comparando la mortalidad después de seis días con respecto a la bacteria natural. Se supuso que los ratones supervivientes estaban protegidos y, a continuación, se expusieron a una dosis de *P. multocida* natural a una concentración aproximadamente 200 veces mayor que la DL₅₀ para la cepa natural. A continuación, se determinó la tasa de supervivencia de cada grupo de ratones expuestos.

Los resultados indican que 62 de los 120 posibles mutantes de transposón estaban atenuados, teniendo una DL₅₀ aproximada al menos 10 veces mayor que la cepa natural. En la Tabla 1 se enumeran los clones y sus valores de DL₅₀ aproximados. Se realizó en paralelo un experimento control con la cepa natural con cada conjunto de exposición y en todos los casos, la mortalidad de los grupos naturales expuestos fue del 100%.

Además de los valores de DL₅₀, en la Tabla 1 también se proporcionan los datos de los experimentos de vacunación y exposición. Brevemente, se vacunó a grupos de ratones (n=5 a 10) mediante inyección intraperitoneal con las cepas individuales de *P. multocida* mostradas en la Tabla 1 a una dosis que era aproximadamente 200 veces mayor que la DL₅₀ de la cepa natural virulenta. Se observó a los animales durante 28 días tras lo cual se calcularon los datos de mortalidad.

TABLA 1

Genes de virulencia de P. multocida

Nucleótido SEQ ID NO:	Aislado representati vo	Posible función del gen	Vacunación Nº supervivient es/ total	Exposición Nº supervivient e/ total	DL ₅₀
-	Natural	-	0/10	-	<10
23	PM1B1	guaB	10/10, 10/10, 10/10	9/10, 9/10	4,3x10 ⁶
11	PM1D1	dsbB	10/10, 5/10	10/10, 5/5	8,4x10 ⁴
3	PM1BD7	atpG	5/5, 10/10	10/10	>3x10 ⁵
74	PM1BE11	yhcJ (H10145)	10/10	5/10	>2x10 ⁵
70	PM1BF6	yabK (H11020)	3/5, 8/10	9/9	>2x10 ⁵

ES 2 362 041 T3

19	PM2G8	fhaC	4/5, 9/10	9/9	$>4 \times 10^5$
76	PM3C9	yiaO (H10146)	3/5		$>6 \times 10^5$
118	PM3G11	DescO	4/5, 10/10	10/10	$>3 \times 10^5$
31	PM7B4	iroA (DescB)	0/5		
17	PM4C6	fhaB (fhaB2)	2/5, 10/10, 9/10	10/10, 9/9	$>3 \times 10^6$
9	PM4G10-T9	dnaA	4/5		$>5 \times 10^5$
1	PM4D5-T5	atpB	5/5		$>4 \times 10^5$
53	PM4D5-T1	DescC2	5/5		$>4 \times 10^5$
15	PM4F2	fhaB (fhaB1)	3/5, 6/10, 10/10	6/6, 10/10	$>3 \times 10^5$
41	PM5F7	mreB	4/5		1×10^3
7	PM5E2	devB	0/5, 3/10	2/3	ND
68	PM6H5-T1	xylA	5/5		$>3 \times 10^5$
78	PM6H8	yigF (H10719)	5/5, 9/10	9/9*	$>3 \times 10^5$
108	PM7D12	pnp	5/5, 9/10	9/9	
51	PM9C1R1-T2	DescC1	5/5		$\sim 6 \times 10^5$

Nucleótido SEQ ID NO:	Aislado representati vo	Posible función del gen	Vacunación Nº supervivient es/ total	Exposición Nº supervivient e/ total	DL ₅₀
37	PM8C1-T3	mglB	5/5		$\sim 6 \times 10^5$
58	PM8C1R1-T6	DescD1	5/5		$\sim 6 \times 10^5$
45	PM10H7	purF(H11207)	3/5, 8/10, 8/10	8/8, 8/8	$>3 \times 10^5$
25	PM10H10-T2	H11501	5/5		$>1 \times 10^4$
72	PM11G8-T2	ygiK	5/5		$>2,4 \times 10^3$

ES 2 362 041 T3

21	PM11G8-T4	greA	5/5		$>2,4 \times 10^3$
84	PM12H6	yyam (H10687)	3/5, 0/10		$\sim 2,2 \times 10^3$
33	PM15G8-T2	kdtB	5/5		$>1,2 \times 10^5$
116	PM15G8-T1	DescK	5/5		$>1,2 \times 10^5$
104	PM16G11-T1	hmbR	3/5		$>1,9 \times 10^5$
29	PM16G11-T2	hxuC	3/5		$>1,9 \times 10^5$
35	PM16H8	lgtC	5/5, 10/10	10/10	$>2,4 \times 10^5$
80	PM16H3	yleA (H10019)	5/5, 10/10		$>2,0 \times 10^5$
49	PM17H6-T1	sopE	4/5		$\sim 6 \times 10^5$
120	PM17H6	DescP	4/5		$\sim 6 \times 10^5$
5	PM18F5-T8	cap5E	5/5		$>2,4 \times 10^5$
82	PM18F5-T10	yojB (H10345)	5/5		$>2,4 \times 10^5$
13	PM19A1	exbB	5/5, 10/10	10/10	$>1,2 \times 10^5$
112	PM19D4	rci	5/5, 8/10	8/8	$\sim 1,6 \times 10^5$
39	PM20A12	mioC (H10669)	3/5, 8/10	8/8	$\sim 2 \times 10^4$
60	PM20C2	DescD2	5/5, 10/10	10/10	$>8,2 \times 10^6$

Ejemplo 4

Clonación e identificación de genes necesarios para la virulencia de P. multocida

Cada mutante de transposón que se verificó como atenuado se analizó adicionalmente para determinar la identidad de la fase de lectura abierta interrumpida. El ADN de cada mutante se amplificó, purificó y digirió con enzimas de restricción que se sabía no cortaban dentro del transposón y, generalmente, producían fragmentos de 4-8 kb que hibridaban con el transposón. Usando la selección para resistencia a kanamicina codificada por el transposón, se clonó al menos un fragmento de cada mutante de transposón.

Se realizó la hibridación de tipo Southern con múltiples enzimas de restricción para cada mutante atenuado usando un fragmento marcado *MluI* de 1,8 kb de pLOF/Km como sonda para identificar un fragmento de tamaño adecuado para la clonación. El elemento mini-Tn10 y el ADN flanqueante de cada mutante se clonó en pUC19 y se determinó la secuencia flanqueantes usando los cebadores internos TEF32 y TEF40, secuenciación por paseos con cebador o, en algunos casos, cebadores pUC-19 universales.

TEF-32 GGCAGAGCATTACGCTGAC

SEQ ID NO: 95

TEF-40 GTACCGGCCAGGCGCCACGCGTATTC

SEQ ID NO: 96

Las reacciones de secuenciación se realizaron usando el kit de terminaciones de secuencia marcados BigDye™ de PE Applied Biosystems (Foster City, CA) y se desarrolló en un secuenciador de ADN ABI Prism 377. Se obtuvo la secuencia de doble hebra para las posibles fases de lectura abierta de cada clon. Se usó el software Sequencher 3.0 (Genecodes, Corp. Ann Arbor, MI) para reunir y analizar los datos de secuencia. Se usaron los programas GCG [Devereux, y col., 1997. Wisconsin Package Versión 9.0, 9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison] para la búsqueda de secuencias homólogas en las bases de datos actualmente disponibles.

ES 2 362 041 T3

En el 37% de los clones que se identificaron como atenuados, se observaron inserciones múltiples del elemento transponible mini-Tn10. Cada inserción, incluyendo su secuencia flanqueante se clonó por separado en pGP704 y se apareó con la cepa natural para producir nuevos mutantes de *P. multocida*, llevando cada uno sólo una de las inserciones múltiples originales. Los mutantes individuales se probaron de nuevo por separado para determinar la inserción responsable del fenotipo atenuado. La secuencia de nucleótidos de la fase de lectura abierta prevista interrumpida se determinó secuenciando ambas hebras, y la secuencia de aminoácidos prevista se usó para la búsqueda de secuencias similares en las bases de datos actualmente disponibles. Las secuencias coincidían con genes conocidos, genes desconocidos y fases de lectura abierta teóricas previamente secuencias o no coincidían con ninguna secuencia previamente identificada. A aquellos genes que presentaban homología con secuencias previamente identificadas, se les asignaron posibles funciones como se establece en la Tabla 1.

Ejemplo 5

15 Identificación de genes relacionados en otras especies

En experimentos independientes, también se realizó MM usando *Actinobacillus pleuropneumoniae* (App). Una de las cepas de App contenía una inserción de un gen que se secuenció (SEQ ID NO: 97) e identificó como un homólogo de especie del gen *atpG* de *P. multocida*. Este resultado sugería la presencia en otras especies bacterianas de homólogos a genes previamente desconocidos de *P. multocida* que también pueden mutarse para producir cepas atenuadas de la otra especie bacteriana para su uso en composiciones de vacuna. Para determinar si existen homólogos de otros genes de *P. multocida* en otras especies bacterianas, se realizaron hibridaciones de tipo Southern con el ADN genómico de otras especies usando el gen *atpG* de *A. pleuropneumoniae* como sonda.

Se aisló ADN genómico de *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Pasteurella haemolytica* (Ph), *P. multocida* y *Haemophilus somnus* (Hs) usando el procedimiento CTAB y se digirió con *EcoRI* e *HindIII* durante dos horas a 37°C. El ADN digerido se separó en un gel de agarosa al 0,7% a 40V en tampón TAE durante toda la noche. El gel se sumergió secuencialmente en HCl 0,1 M durante 30 minutos, dos veces en NaOH 0,5 M/NaCl 1,5 M durante 15 minutos cada vez y dos veces en NaCl 2,5 M/Tris 1 M, pH 7,5. El ADN se transfirió a membranas de nitrocelulosa (Amersham Hybond N⁺) durante toda la noche usando tampón SSCx20 (NaCl 3 M/citrato sódico 0,3 M). El ADN se entrecruzó con la membrana usando un Stratalinker UV en condiciones de autoentrecruzamiento (120 milijulios). La membrana se hibridó previamente en SSCx5/solución de bloqueo al 1%/lauril sarcosina sódica al 0,1%/SDS al 0,02% a 50°C durante aproximadamente siete horas y se hibridó durante toda la noche a 50°C en la misma solución que contenía una sonda de *atpG* generada por PCR.

La sonda se preparó usando los cebadores DEL-1389 (SEQ ID NO: 98) y TEF-46 (SEQ ID NO: 99) con un kit de PCR GeneAmp XL en un PCR GeneAmp System 2400. El molde fue ADN genómico de *A. pleuropneumoniae*.

40	DEL-1389	TCTCCATTCCTTGCTGCGGCAGGG	SEQ ID NO: 98
	TEF-46	GGAATTACAGCCGGATCCGGG	SEQ ID NO: 99

La PCR se realizó con una etapa de calentamiento inicial a 94°C durante cinco minutos, 30 ciclos de desnaturalización a 94°C durante 30 segundos, hibridación a 50°C durante 30 segundos y elongación a 72°C durante tres minutos, y una etapa de extensión final a 72°C durante cinco minutos. Los productos de amplificación se separaron en un gel de agarosa, se purificaron usando un kit de purificación en gel QIAquick (QIAGEN) y se marcaron usando un kit DIG-High Primer (Boehringer Mannheim). La transferencia se retiró de la solución de hibridación, se aclaró en SSCx2 y se lavó dos veces durante cinco minutos cada lavado en el mismo tampón. A continuación, la transferencia se lavó dos veces durante 15 minutos cada vez en SSCx0,5 a 60°C. Las bandas homólogas se visualizaron usando un kit de detección de ácidos nucleicos DIG (Boehringer Mannheim).

Se detectaron bandas únicas en *Pasteurella haemolytica*, *Haemophilus somnus* y *A. pleuropneumoniae* usando ADN digerido con *EcoRI*. Se detectaron dos bandas usando ADN digerido con *EcoRI* a partir de *Pasteurella multocida*.

Ejemplo 6

60 Construcción de una biblioteca de mutantes de *P. multocida* con transposón etiquetado

Previamente se ha publicado que la mutagénesis de transposón usando pLOF/Km es funcional y aleatoria en *A. pleuropneumoniae* [Tascon, y col., *J Bacteriol.* 175:5717-22 (1993)]. Para construir mutantes de transposón etiquetados de *A. pleuropneumoniae*, se usó cada uno de los 96 transformantes de *E. coli* S17-1: λ pir que contenían plásmidos etiquetados preseleccionados (pTEF-1:[NK]₃₅) en emparejamientos conjugativos para generar mutantes de transposón de la cepa AP225 de *A. pleuropneumoniae*, un mutante espontáneo resistente al ácido nalidíxico de serotipo 1 derivado de la cepa ATCC 27088 tras un pase *in vivo*. Las cepas de *A. pleuropneumoniae* se hicieron crecer en medios de infusión cerebro corazón (BHI) (Difco Laboratories, Detroit, MI) con dinucleótidos B-nicotinamida y adenina a

ES 2 362 041 T3

10 $\mu\text{g/ml}$ (V^{10})(Sigma, St. Louis, Missouri), a 37°C y en CO_2 al 5% cuando se hicieron crecer en placas. La cepa de *E. coli* S17-1: λpir (λpir , *recA*, *thi*, *pro*, *hsdR*(r_k^- , m_k^+), RP4-2, ($\text{Tc}^R::\text{Mu}$), ($\text{Km}^R::\text{Tn7}$), [Tmp^R], [Sm^R]) se propagó a 37°C en medio de Luria-Bertani (LB). Cuando fue necesario, se usaron los antibióticos ampicilina (Sigma) a 100 $\mu\text{g/ml}$, ácido nalidíxico (N^{50}) (Sigma) a 50 $\mu\text{g/ml}$ y kanamicina (Sigma) a 50 (K^{50}) o 100 (K^{100}) $\mu\text{g/ml}$.

5

Los emparejamientos se establecieron mediante crecimiento de cada clon de *E. coli* S17-1: $\lambda\text{pir}/\text{pTEF1}:[\text{NK}]_{35}$ y la cepa Ap225 hasta fase logarítmica tardía. Se mezcló una alícuota de 50 μl de cultivo de cada clon pTEF1 etiquetado con 150 μl del cultivo de APP225 y, a continuación, se colocaron 50 μl de cada mezcla de emparejamiento sobre filtros de 0,22 μM colocados previamente en placas BHIV¹⁰ que contenían IPTG 100 μM y MgSO_4 10 mM. Tras la incubación durante toda la noche a 37°C con CO_2 al 5%, las mezclas de emparejamiento se levantaron de cada filtro en 2 ml de PBS y se colocaron 200 μl de cada en placas con BHIV¹⁰ $N^{50}K^{100}$. Tras el crecimiento selectivo durante toda la noche, las colonias se reunieron en placas de microvaloración mediante transferencia con un palillo en 200 μl de BHIV¹⁰ $N^{50}K^{50}$, asegurándose de que cada pocillo de una placa de microvaloración contenía siempre un mutante de transposición con la misma etiqueta de secuencia. Tras el crecimiento durante toda la noche se añadieron 50 μl de glicerol al 75% en capa pocillo y las placas se conservaron congelada a -80°C .

15

No parece que APP tenga más sesgo hacia inserciones múltiples del elemento mini-Tn10 del que tenía *P. multocida*. Se determinó que sólo aproximadamente el 3% de los mutantes contenían inserciones múltiples, que coincidía con el 4% publicado previamente [Tascon, y col., *J Bacteriol.* 175:5717-22 (1993)]. El problema en APP consistía en la identificación de numerosos mutantes (discutido a continuación) que contenían inserciones dentro de las regiones del ARN 23S: un total de 28 mutantes con inserciones dentro de 13 sitios exclusivos. Esto puede indicar que el ARN 23S contiene sitios preferenciales de inserción y que el crecimiento de APP se ve afectado suficientemente por estas inserciones como para dar lugar a una supervivencia diferencial dentro del hospedador. Los análisis de transferencias Southern usando una sonda de ARN 23S de APP sugieren que APP puede contener sólo tres operones ribosómicos en comparación con cinco en *H. influenzae* [Fleischmann, y col., *Science* 269:496-512 (1995)] y siete operones completos en *E. coli* [Blattner, y col., *Science* 277:1453-1474 (1997)]. Esta preferencia de sitio y su efecto sobre la tasa de crecimiento pueden ser una barrera significativa para la “mutagénesis de saturación” ya que un número significativo de clones contendrán inserciones en estos ARN y será necesario analizar un volumen más grande para obtener mutaciones adicionales exclusivas atenuantes.

30

Ejemplo 7

Análisis de mutantes atenuados de *A. pleuropneumoniae* en porcino

35

Se cribaron veinte conjuntos de mutantes de transposición de *A. pleuropneumoniae* que contenían un total de aproximadamente 800 mutantes, usando un modelo porcino de infección intratraqueal. Cada conjunto se analizó en dos animales independientes.

40

Las placas congeladas de mutantes de transposición de *A. pleuropneumoniae* mezclados se retiraron de su conservación a -80°C y se subcultivaron transfiriendo 20 μl de cada pocillo a una placa de 96 pocillos de fondo redondo nueva (Corning Costar, Cambridge, MA, EE.UU.) que contenían 180 μl de BHIV¹⁰ $N^{50}K^{50}$. Las placas se incubaron sin agitación durante toda la noche a 37°C en CO_2 al 5%. A continuación, las placas cultivadas toda la noche se subcultivaron mediante transferencia de 10 μl de cada pocillo a una nueva placa de 96 pocillos de fondo plano (Corning Costar) que contenían 100 μl de BHIV¹⁰ por pocillo y se incubaron a 37°C con agitación a 150 rpm. La DO_{562} se controló usando un lector de placas de microvaloración. A una DO_{562} de aproximadamente 0,2 a 0,25, cada placa se mezcló para formar la “mezcla de entrada” combinando 100 μl de cada uno de los pocillos de la placa de microvaloración. El cultivo se diluyó aproximadamente en BHI hasta aproximadamente 2×10^6 UFC/ml. Para cada mezcla diluida, se usaron 4 ml para infectar a cerdos SPF de 10-20 kg (Whitshire-Hamroc, Albion, IN) mediante administración intratraqueal usando un tubo endotraqueal. Aproximadamente 20 horas después de la infección, se sacrificaron todos los animales supervivientes y se extirparon los pulmones. Se realizó un lavado para recuperar las bacterias supervivientes mediante infusión de 150 ml de PBS estéril en los pulmones que, a continuación, se masajearon para distribuir el líquido. Se recuperó el líquido de lavado y el proceso se repitió una segunda vez. El líquido de lavado se centrifugó a 450 g durante 10 minutos para separar los restos grandes. A continuación, los sobrenadantes se centrifugaron a 2.800 g para sedimentar las bacterias. Los sedimentos se resuspendieron en 5 ml de BHI y se sembraron en placas en diluciones que abarcaban de 10^{-2} a 10^{-5} en placas con BHIV¹⁰ $N^{50}K^{50}$. Tras el crecimiento durante toda la noche, se mezclaron al menos 100.000 colonias en 10 ml de medio de cultivo BHI para formar las “mezclas recuperadas”. Se usó una porción de 0,7 ml de cada mezcla recuperada para preparar el ADN genómico mediante el procedimiento CTAB [Wilson, *En Ausubel, y col., (eds.), Current Protocols in Molecular Biology, vol. 1. John Wiley e hijos, Nueva York, pág. 2.4.1-2.4.5 (1997)]*.

60

La recuperación a partir de los animales rutinariamente estaba en el intervalo de 10^8 UFC a partir del lavado pulmonar.

65

Las transferencias dot-blots se realizaron y evaluaron ambas mediante inspección visual y mediante análisis semicuantitativo como se ha descrito previamente. Todas las hibridaciones y detecciones se realizaron como se ha descrito. Brevemente, las sondas se prepararon mediante una amplificación por PCR primaria, seguida de la purificación en gel de agarosa del producto deseado y una amplificación por PCR secundaria incorporando dig-dUTP. Los oligonucleóti-

ES 2 362 041 T3

dos, incluyendo TEF5, TEF6, TEF24, TEF25, TEF48 y TEF62 fueron sintetizados por Genosys Biotechnologies (The Woodlands, TX). También se usaron los cebadores TEF69, TEF65 y TEF66 para las reacciones de PCR inversa y la secuenciación.

5 TEF69 GACGTTTCCCGTTGAATATGGCTC
TEF65 GCCGGATCCGGGATCATATGACAAGA
10 TEF66 GACAAGATGTGTATCCACCTTAAC

15 A continuación, el producto de PCR marcado se digirió con *HindIII* para separar los brazos constantes del cebador de la región etiqueta exclusiva. La región que contenía la etiqueta variable marcada se escindió y, a continuación, la sección completa del gel se disolvió y desnaturalizó en DIG EasyHyb. Se prepararon las transferencias dot-blot y se detectaron usando el protocolo de detección CSPD convencional. Se realizaron exposiciones de películas para su evaluación visual y se determinaron las cuentas de luminiscencia por segundo (CLPS) para cada muestra de transferencia dot-blot. Se usó la proporción $CLPS_{\text{entrada}}/CLPS_{\text{recuperadas}}$ para cada mutante para determinar los mutantes que probablemente estaban atenuados.

20 Los clones seleccionados porque aparecían en la mezcla de entrada pero estaban muy reducidos en la mezcla recuperada se seleccionaron para un estudio adicional. También se seleccionaron clones adicionales con proporciones de entrada/recuperada cuestionables tras la evaluación visual de las películas obtenidas de las transferencias dot-blot. Se seleccionaron un total de 110 clones.

Ejemplo 8

30 *Identificación de genes de virulencia de A. pleuropneumoniae*

Se determinó la secuencia flanqueante parcial para cada uno de los 110 mutantes mediante PCR inversa y secuenciación directa del producto. La PCR inversa se usó para generar productos de ADN flanqueantes para la secuenciación directa como se describió anteriormente. Las reacciones de secuenciación se realizaron usando el kit del terminador de secuenciación marcado BigDye™ de PE Applied Biosystems (Foster City, CA) y se desarrolló en un secuenciador de ADN ABI Prism 377. Se usó el software Sequencher 3.0 (Genecodes, Corp. Ann Arbor, MI) para reunir y analizar los datos de secuencia. Los programas GCG [Devereux y Haerbeli, Wisconsin Package Version 9.0, 9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison] se usaron para la búsqueda de secuencias homólogas en las bases de datos actualmente disponibles.

40 En la Tabla 2 se muestran los genes de *A. pleuropneumoniae* identificados y el grado al que las fases de lectura abierta se podían determinar. Se proporcionan los números de identificación de secuencia para las secuencias de nucleótidos así como se establecen las secuencias de aminoácidos deducidas.

45

(Tabla pasa a página siguiente)

50

55

60

65

ES 2 362 041 T3

TABLA 2

Fases de lectura abierta de A. pleuropneumoniae

5

10

15

20

25

30

35

40

<u>Fase de lectura abierta completa</u>		<u>SIN codón de inicio - codón de parada</u>	
atpH	SEQ ID NO: 134	dkSA	SEQ ID NO: 136
aptG	SEQ ID NO: 132	dnaK	SEQ ID NO: 138
exbB	SEQ ID NO: 140	HI0379	SEQ ID NO: 144
OmpP5	SEQ ID NO: 152		
OmpP5-2	SEQ ID NO: 150	<u>SIN codón de inicio - SIN codón de parada</u>	
tig	SEQ ID NO: 160	pnp	SEQ ID NO: 154
fkpA	SEQ ID NO: 142	apvA o 1	SEQ ID NO: 122
hupA	SEQ ID NO: 146	apvA o 2	SEQ ID NO: 124
rpmF	SEQ ID NO: 158	apvB	SEQ ID NO: 126
		apvD	SEQ ID NO: 130
<u>Codón de inicio - SIN codón de parada</u>			
lpdA	SEQ ID NO: 148	<u>ARN o secuencias no codificantes</u>	
potD	SEQ ID NO: 156	ARNt-leu	SEQ ID NO: 162
yaeE	SEQ ID NO: 164	ARNt-glu	SEQ ID NO: 163
apvC	SEQ ID NO: 128		

45

Las posibles identidades enumeradas en la Tabla 3 (a continuación, Ejemplo 9) se asignaron por comparación con bases de datos bacterianas. Los 110 mutantes representaban a 35 grupos de inserciones de transposón exclusivas. El número de mutaciones diferentes por *loci* variaba, conteniendo siempre algunos clones una inserción en un sitio único de la ORF hasta clones que contenían inserciones en sitios diferentes de la misma ORF. Se detectaron tres inserciones múltiples en los 110 mutantes analizados según se determinó por la producción de bandas de PCR múltiples y la generación de electroferogramas de secuencias múltiples.

50

Ejemplo 9

Exposición competitiva de mutantes de A. pleuropneumoniae con APP225 natural

55

60

65

Un clon representativo de cada uno de los grupos de mutantes exclusivos atenuados identificados anteriormente que no aparecía o estaba altamente reducido en la población recuperada se aisló de la placa mezcla original y se usó en un experimento de exposición competitiva con la cepa natural (AP225) para verificar la atenuación relativa causada por la mutación de transposón. Las cepas mutante y natural se hicieron crecer en BHIV¹⁰ hasta una DO₅₉₀ de 0,6-0,9. Aproximadamente 5,0x10⁶ UFC de cada una de las cepas natural y mutante se añadieron a 4 ml de BHI. Se usó la dosis total de 4 ml para infectar a un cerdo SPF de 10-20 kg mediante administración intratraqueal con un tubo endotraqueal. Aproximadamente 20 horas después de la infección, se sacrificó a todos los animales supervivientes y se extirparon los pulmones. Los lavados pulmonares se realizaron como se describió anteriormente. Los recuentos de las placas se realizaron en BHIV¹⁰N⁵⁰ y BHIV¹⁰N⁵⁰K¹⁰⁰ para determinar los valores relativos de la cepa natural con respecto al mutante tanto en los cultivos de entrada como en las muestras de lavado pulmonar. Se calculó el índice de competitividad (IC) como el [UFC del mutante/UFC de la cepa natural]_{entrada} / [UFC del mutante/UFC de la cepa natural]_{recuperada}.

De los 35 posibles mutantes de transposón, 22 estaban significativamente atenuados, teniendo un índice de competitividad (IC) de menos de 0,2. Se eligió como control positivo un mutante de transposón que no parecía estar atenuado

ES 2 362 041 T3

Basándose en los resultados del análisis de la MM a partir de uno de las mezclas. Este mutante tenía un IC *in vivo* de aproximadamente 0,6. También se realizó una competición *in vitro* para este mutante que dio como resultado un IC de 0,8. Posteriormente, se determinó que el mutante contenía una inserción entre los 2 ARNt de fenilalanina.

5 En la Tabla 3 se enumeran los índices de competitividad de los mutantes atenuados con una única inserción exclusivos. Los índices de competitividad para los mutantes de App de *atpG*, *pnp* y *exbB* indicaban que los mutantes eran incapaces de competir de forma eficaz con las cepas naturales y, por tanto, estaban atenuados.

10 TABLA 3

Virulencia y función propuesta de los mutantes A. pleuropneumoniae

Mutante	Similitud	Funciones conocidas o posibles	I.C.
AP20A6	<i>atpH</i>	ATP sintetasa	0,009
AP7F10	<i>atpG</i>	ATP sintetasa	0,013
AP17C6	<i>lpdA</i>	dihidrolipoamida deshidrogenasa	0,039
AP11E7	<i>exbB</i>	transporte de compuestos de hierro	0,003, 0,003, 0,006
AP3H7	<i>potD</i>	transporte de espermidina/putrescina	0,308
AP8H6	<i>OmpP5</i>	Adhesina/homólogo OmpA	0,184
AP18H8	<i>OmpP5-2</i>	Adhesina/homólogo OmpA	0,552
AP13E9	<i>tig</i>	Peptidil-prolil isomerasa	0,050
AP13C2	<i>fkpA</i>	Peptidil-prolil isomerasa	<0,001
AP15C11	<i>pnp</i>	Polinucleótido fosforilasa	0,032
AP18F12	<i>hupA</i>	Proteína similar a histona	0,001
AP20F8	<i>dkSA</i>	Supresor dependiente de dosis de mutaciones <i>dnaK</i>	0,075
AP5G4	<i>dnaK</i>	Proteína de choque térmico-carabina molecular	0,376
AP17C9	<i>ARNt-leu</i>	Síntesis de proteínas	0,059
AP5D6	<i>ARNt-glu</i>	Síntesis de proteínas	0,055
AP18B2	<i>rpmF</i>	Síntesis de proteínas	0,112
AP10E7	<i>yaeA</i>	Desconocida	0,001
AP19A5	HI0379	Desconocida	0,061
AP10C10	<i>apvA</i>	Desconocida	0,157
AP18F5	<i>apvB</i>	Desconocida	0,103
AP2A6	<i>apvC</i>	Desconocida	0,091
AP2C11	<i>apvD</i>	Desconocida	0,014

ES 2 362 041 T3

La precisión del IC parece ser muy buena ya que el mutante *exbB* compitió dentro de tres animales diferentes proporcionando IC de 0,003, 0,003 y 0,006. El uso del valor del índice de competitividad para asignar la atenuación en función de la competencia en un estudio en animales grandes se confirmó posteriormente en función de los resultados preliminares de vacunación en cerdos con 7 mutantes (n=8) descritos a continuación en el Ejemplo 11.

5

Ejemplo 10

Caracterización de los genes de virulencia de A. pleuropneumoniae atenuados

10

Los genes de *A. pleuropneumoniae* identificados representan cuatro amplias clases funcionales: enzimas biosintéticas, componentes del transporte celular, componentes de la regulación celular y desconocidos. El gen *atpG* es importante para la presente invención.

15

El gen *atpG*, que codifica la subunidad F1- γ del complejo F₀F₁ H⁺-ATPasa, puede trabajar en la producción de ATP o en el transporte de protones hidrolizando el ATP. También se ha identificado un mutante de *atpG* atenuado relacionado en *P. multocida*. También se ha identificado otro gen *atp*, *atpH*, que codifica la subunidad F₁ δ . Entre los fenotipos de mutantes *atp* se incluyen el fenotipo sensible a ácido no adaptable [Foster, *J Bacteriol.* 173:6896-6902 (1991)], la pérdida de virulencia en *Salmonella typhimurium* [García del Portillo, y col., *Infect Immun.* 61:4489-4492 (1993)] y en *P. multocida* (arriba) y una reducción tanto en las frecuencias de transformación como en la inducción de los genes reguladores de competencia en *Haemophilus influenzae* Rd [Gwinn, y col., *J Bacteriol.* 179:7315-20 (1997)].

20

Ejemplo 11

Seguridad y eficacia de los mutantes de A. pleuropneumoniae

Se usaron nueve grupos (n=8) de cerdos SPF (4-5 semanas de edad, 3-10 kg) para determinar la seguridad y eficacia de siete mutantes de *A. pleuropneumoniae* como cepas de vacunas atenuadas vivas. Se infectó a siete grupos por vía intranasal con 10¹⁰ UFC de cada mutante el día 1. Un grupo se vacunó los días 1 y 15 con la vacuna Pleuromune (Bayer) disponible en el mercado y un grupo sin exposición previa no se vacunó. El día 29, todos los grupos fueron expuestos por vía intranasal a 1-5 x 10⁵ UFC por cerdo de APP225 natural. Todos los animales supervivientes fueron sacrificados y sometidos a autopsia el día 42 del estudio. Los resultados se muestran en la Tabla 4.

35

TABLA 4

Eficacia de los mutantes de A. pleuropneumoniae

40

<u>Vacuna</u>	% de mortalidad tras la reinmunización intranasal	
	<u>Vacunación</u>	<u>Exposición</u>
Pleuromune	0	37,5
exbB	0	0
tig	12,5	0
fkpA	12,5	0
HI0385	50	0
pnp	0	0
yaeE	0	0
atpG	0	0
Ninguna	N/A	50

60

Los mutantes *exbB*, *atpG*, *pnp* y *yaeA* no produjeron mortalidad cuando se administraron a dosis de 10¹⁰ UFC por vía intranasal. Los grupos de mutantes *fspA* y *tig* presentaron una muerte cada uno y el grupo HI0379 (IC mayor de los 7 mutantes probados mostrados en el Ejemplo 9) presentó cuatro muertes. La DL₅₀ de la cepa natural usando este modelo generalmente era de 1 x 10⁷ UFC, lo que indicaba que cada uno de estos mutantes se había atenuado al menos 100 veces y que existe una correlación razonable entre el IC y la atenuación.

65

ES 2 362 041 T3

Ejemplo 12

Identificación de homólogos de especie en P. (Mannheimia) haemolytica

5 Basándose en las secuencias de genes de virulencia identificados en *P. multocida* y en *A. pleuropneumoniae*, se intentó identificar genes relacionados, es decir, homólogos de especie, en *P. (Mannheimia) haemolytica*. Se utilizó la PCR con los cebadores degenerados mostrados a continuación para intentar amplificar los genes de *P. (Mannheimia haemolytica)* según se ha indicado. Las secuencias de los cebadores, sintetizados por Sigma-Genosys (The Woodlands, TX), incluyen designaciones convencionales de una letra donde B indica cualquiera de (C, G o T), D indica cualquiera de (G, A o T), H indica cualquiera de (A, C o T), K indica cualquiera de (G o T), M indica cualquiera de (A o C), N indica cualquiera de (A, G, C o T), R indica cualquiera de (A o G), S indica cualquiera de (G o C), V indica cualquiera de (G, A o C), W indica cualquiera de (A o T) e Y indica cualquiera de (C o T).

15	atpG	TEF146 ATG GCN GGN GCN AAR GAR AT	SEQ ID NO: 176
		TEF148 GCN GCY TTC ATN GCN ACC AT	SEQ ID NO: 177
20	guaB	TEF240 GGN TTY ATY CAY AAA AAY ATG	SEQ ID NO: 178
		TEF243 TCT TTN GTR ATN GTN ACA TCR TG	SEQ ID NO: 179
25	pnp	TEF141 GCS GGY AAA CCR CGT TGG GAT TGG	SEQ ID NO:180
		TEF142 CRC CTA ARA TRT CTG AAA GCA CCA C	SEQ ID NO:181
30	purF	TEF244 ATG TGY GGN ATY GTN GGN AT	SEQ ID NO: 182
		TEF247 CAT ATC AAT ACC ATA CAC ATT	SEQ ID NO: 183
35	yjfF	TEF162 GGN CCN TAY GTN CAR G	SEQ ID NO: 184
		TEF163 NGC NAC YTC NAC RCA	SEQ ID NO: 185

40 Para amplificar los productos de PCR iniciales degenerados, se dispusieron 50 μ l de reacción usando tapón II XL x3,3 (PE Applied Biosystems), dNTP 200 μ M, 25 pmoles de cada uno de los cebadores apropiados, MgCl₂ 0,8 mM, 0,5 U de ADN polimerasa *rTth*, XL (PE Applied Biosystems) y aproximadamente 1 μ g de ADN de TF1.

45 Las condiciones del ciclo fueron 94°C durante 1,5 min; seguido de 35 ciclos de 94°C durante 15 s, 40-60°C durante 60 s, 72°C durante 1,5 min y un mantenimiento final a 72°C durante 5 min. Cada producto de PCR se purificó de la banda de un gel de agarosa usando el kit de extracción de gel QIAGEN (QIAGEN, Valencia CA).

50 Las reacciones de secuenciación se realizaron usando el kit de terminador de secuenciación marcado BigDye™ de PE Applied Biosystems (Foster City, CA) y se desarrolló en un secuenciador de ADN ABI Prism 377. Se obtuvo la secuencia de doble hebra para las posibles fases de lectura abierta (ORF) de cada clon. Se usó el software Sequencher 3.0 (Genecodes, Corp., Ann Arbor, MI) para reunir y analizar los datos de secuencia. Se usaron programas GCG para confirmar la identidad de la ORF mediante la búsqueda de secuencias homólogas en bases de datos actualmente disponibles.

55 El kit Vectorette (Genosys Biotechnologies, The Woodlands, TX) se usó para obtener la secuencia flaqueante adicional de cada uno de los genes. Se prepararon bibliotecas Vectorette según el protocolo sugerido por el fabricante. Los componentes del kit de PCR GeneAmp XL de Perkin Elmer Applied Biosystems se usaron para crear los productos de PCR Vectorette con las condiciones de reacción siguientes. Se dispuso una reacción de 50 μ l usando tampón II XLx3,3 (PE Applied Biosystems), dNTP 200 μ M, 20 pmoles de cada uno de los cebadores apropiados (mostrados a continuación), MgCl₂ 0,8 mM, 0,5 U de ADN polimerasa *rTth*, XL (PE Applied Biosystems) y 1 μ l de la biblioteca Vectorette apropiada. Las condiciones del ciclo fueron 94°C durante 1,5 min; seguido de 35 ciclos de 94°C durante 20 s, 6°C durante 45 s, 72°C durante 4 min; y un mantenimiento final de 72°C durante 7 min. El cebador segundo de cada biblioteca fue el cebador Vectorette del fabricante.

65

ES 2 362 041 T3

TABLA 5

Gen	Biblioteca Vectorette	Cebadores
atpG	BgIII, HindIII	TEF217 GAAGCCGCCATACGCTCTTGGG SEQ ID NO: 186
	ClaI	TEF218 GTTGCTTCCTTTGCCTGCACTGG SEQ ID NO: 187
guaB	EcoRI	TEF265 GGCTCAGAAACAATACCACTTTCA SEQ ID NO: 188
	HindIII, TaqI	TEF268 GCACCAAAGCAGAATTTGTCC SEQ ID NO: 189
pnp	CLAI, HincII	TEF219 GGTGATGATGTCGATGATAGTCCC SEQ ID NO: 190
	TaqI	TEF220 GCGGTATTAGCCGTGATGCCAACC SEQ ID NO: 191
	BamHI	TEF286 GACCACTTAGGCGATATGGACTT SEQ ID NO: 192
purF	TaqI	TEF271 ACCATCATAAATCGCCTGATTC SEQ ID NO: 193
		TED291 ACCTGCGGCATCTTGTCCCTC SEQ ID NO: 194
	HincII	TEF274 ACGGGTTTATTTGCCTCTG SEQ ID NO: 195
yjgF	ClaI	TEF221 CGCCGGTTTCAGGATTCACGGG SEQ ID NO: 196
	EcorV	TEF281 CTGAACAACGTGAAAGCCAT SEQ ID NO: 197

Los productos de PCR de Vectorette se purificaron a partir de bandas y se secuenciaron como se describió anteriormente. Las secuencias de polinucleótidos de los genes atpG, guaB, pnp, purF y yjgF se presentan en las SEQ ID NO: 166, 168, 170, 172 y 174, respectivamente. Los polipéptidos codificados por estos genes se presentan en las SEQ ID NO: 167, 169, 171, 173 y 175, respectivamente.

ES 2 362 041 T3

Listado de secuencias

Misc feature = características misc.

5 DNA = ADN

Artificial Sequence = Secuencia artificial

10 Description of Artificial Sequence: PRIMER = Descripción de secuencia artificial: CEBADOR

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

REIVINDICACIONES

- 5 1. Una bacteria *Pasteurella* atenuada seleccionada entre *Mannheimia haemolytica*, *Actinobacillus pleuropneumoniae* y *Haemophilus somnus*, comprendiendo la bacteria una mutación en un gen representado por una secuencia polinucleotídica que codifica un polipéptido atpG que comprende una secuencia aminoacídica al menos el 80% idéntica a la SEQ ID NO: 167, en la que la atenuación de la bacteria está causada por la mutación.
- 10 2. La bacteria de la reivindicación 1, en la que la mutación da lugar a la disminución de la expresión de un producto génico codificado por el gen mutado.
3. La bacteria de la reivindicación 1, en la que la mutación da lugar a la expresión de un producto génico inactivo codificado por el gen.
- 15 4. La bacteria de la reivindicación 1, en la que la mutación comprende la delección de todo o parte del gen.
5. La bacteria de la reivindicación 1, en la que la mutación comprende una inserción en el gen.
6. La bacteria de cualquier reivindicación precedente, en la que la bacteria es *Mannheimia haemolytica*.
- 20 7. Una bacteria *Pasteurella* atenuada seleccionada entre *Mannheimia haemolytica*, *Actinobacillus pleuropneumoniae* y *Haemophilus somnus*, comprendiendo la bacteria una mutación en una secuencia polinucleotídica que codifica un polipéptido atpG, en la que la secuencia polinucleotídica se hibrida con el complemento de la SEQ ID NO: 166 en condiciones rigurosas, comprendiendo las condiciones un lavado final en tampón que comprende SSCx2/SDS al 0,1%, de 35°C a 45°C.
- 25 8. La bacteria de la reivindicación 7, en la que la mutación está en la secuencia polinucleotídica de la SEQ ID NO: 166.
- 30 9. Una composición inmunógena que comprende la bacteria según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8.
10. Una composición de vacuna que comprende la composición inmunógena según la reivindicación 9 y un vehículo farmacéuticamente aceptable.
- 35 11. La composición de vacuna según la reivindicación 10 que, además, comprende un adyuvante.
12. Un polinucleótido purificado y aislado que comprende una secuencia nucleotídica que codifica un polipéptido que tiene la SEQ ID NO: 167.
- 40 13. El polinucleótido de la reivindicación 12, que comprende la SEQ ID NO: 166.
14. El polinucleótido de la reivindicación 13, que es un ADN.
15. Un vector que comprende el ADN de la reivindicación 14.
- 45 16. El vector de la reivindicación 15 que es un vector de expresión, en el que el ADN está unido de forma operativa a una secuencia de ADN de control de la expresión.
17. Una célula hospedadora transformada o transfectada de forma estable con el ADN de la reivindicación 15 de forma que se permita la expresión del polipéptido codificado en la célula hospedadora.
- 50 18. Un polipéptido purificado que comprende la SEQ ID NO: 167.

55

60

65

ES 2 362 041 T3

LISTA DE SECUENCIAS

<110> Lowery E., David, *et al.*

5 <120> Composiciones de vacuna antibacterial

<130> 28341/00435

10 <140> 09/809,665

<141> 2001-03-15

<150> 60/153,453

15 <151> 1999-09-10

<150> 60/128,689

<151> 1999-04-09

20

<150> 09/545,199

<151> 2000-04-06

25 <160> 197

<170> PatentIn Ver. 2.0

30 <210> 1

<211> 1112

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

35

<220>

<221> CDS

<222> (210)..(1001)

40

<220>

<223> atpB

45

<220>

<221> características misc.

<222> 1099

50 <223> n = A o T o G o C

<220>

<221> características misc.

55 <222> 1104

<223> n = A o T o G o C

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 1

gccaacaaca ttttatgggtg gagaggccgt taaatttata tccacaattt ttttgattgt 60
 5 acttgctttt aaactgttca attcaatgca ttttattgca ttttttggttg gatattttat 120
 aacaatagtt ttaacaata ttcttcatt ttttataagt aagtacttas atataaagca 180
 ttttcataaa tatcaataaa ggattagtt atg gca gca gag ctt aca aca gcg 233
 Met Ala Ala Glu Leu Thr Thr Ala
 1 5
 10 gga tat att ggg cac cat tta gca ttc ttg aaa aca ggg gat tct ttc 281
 Gly Tyr Ile Gly His His Leu Ala Phe Leu Lys Thr Gly Asp Ser Phe
 10 15 20
 15 tgg cat gtt cat tta gat acc ctt cta ttt tca att att tca ggt gca 329
 Trp His Val His Leu Asp Thr Leu Leu Phe Ser Ile Ile Ser Gly Ala
 25 30 35 40
 att ttt ctt ttt gtt ttt tca aaa gtt gca aaa aaa gca acg ccg ggt 377
 Ile Phe Leu Phe Val Phe Ser Lys Val Ala Lys Lys Ala Thr Pro Gly
 45 50 55
 20 gtg cct agc aag atg caa tgt ttt gtt gag ata atg gtt gat tgg att 425
 Val Pro Ser Lys Met Gln Cys Phe Val Glu Ile Met Val Asp Trp Ile
 60 65 70
 25 gat ggg atc gta aaa gaa aat ttc cat ggt cct cgt cat gct gtt gga 473
 Asp Gly Ile Val Lys Glu Asn Phe His Gly Pro Arg His Ala Val Gly
 75 80 85
 30 cca tta gca tta act att ttc tgc tgg gta ttc att atg aat gct atc 521
 Pro Leu Ala Leu Thr Ile Phe Cys Trp Val Phe Ile Met Asn Ala Ile
 90 95 100
 gat ttg atc cca gta gat ttc cta cct caa tta gcc cat tta ttt ggt. 569
 Asp Leu Ile Pro Val Asp Phe Leu Pro Gln Leu Ala His Leu Phe Gly
 105 110 115 120
 35 att gaa tac tta aga gct gtt cca aca gca gat atc agt gga aca tta 617
 Ile Glu Tyr Leu Arg Ala Val Pro Thr Ala Asp Ile Ser Gly Thr Leu
 125 130 135
 40 ggc tta tca att ggt gtc ttc ttc tta att att ttc tat aca atc aaa 665
 Gly Leu Ser Ile Gly Val Phe Phe Leu Ile Ile Phe Tyr Thr Ile Lys
 140 145 150
 tca aaa ggt atg agt ggc ttt gtt aaa gaa tat acg ctt cat cct ttt 713
 Ser Lys Gly Met Ser Gly Phe Val Lys Glu Tyr Thr Leu His Pro Phe
 155 160 165
 45 aat cat cct ttg tta att ccg gtt aac tta gcg ctt gaa tca gtc aca 761
 Asn His Pro Leu Leu Ile Pro Val Asn Leu Ala Leu Glu Ser Val Thr
 170 175 180
 tta tta gca aaa cct gtt tct ttg gcg ttc cgt ctt ttc ggg aat atg 809
 Leu Leu Ala Lys Pro Val Ser Leu Ala Phe Arg Leu Phe Gly Asn Met
 185 190 195 200
 tat gca ggt gaa ctt atc ttt att ctt att gca gtg atg tac atg gca 857
 Tyr Ala Gly Glu Leu Ile Phe Ile Leu Ile Ala Val Met Tyr Met Ala
 205 210 215
 55 aat aat ttt gca ctt aat tca atg ggt att ttc atg cat ttg gct tgg 905
 Asn Asn Phe Ala Leu Asn Ser Met Gly Ile Phe Met His Leu Ala Trp
 220 225 230
 gct att ttc cat att ctt gtg att acc tta caa gca ttt att ttt atg 953
 Ala Ile Phe His Ile Leu Val Ile Thr Leu Gln Ala Phe Ile Phe Met
 235 240 245
 60 atg ctt aca gtg gtt tat ttg agt atg ggt tat aac aaa gca gaa cac 1001
 Met Leu Thr Val Val Tyr Leu Ser Met Gly Tyr Asn Lys Ala Glu His
 250 255 260
 65 taatttttta taaacaaaac cagaccttgg gtctaaattt caatcttatg gagaacatta 1061
 tggaaactcg taattactac aacaatcatic gcactctgnaa ttnttcttgc t 1112

ES 2 362 041 T3

<210> 2

<211> 264

<212> PRT

5 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 2

10 Met Ala Ala Glu Leu Thr Thr Ala Gly Tyr Ile Gly His His Leu Ala
1 5 10 15

Phe Leu Lys Thr Gly Asp Ser Phe Trp His Val His Leu Asp Thr Leu
20 25 30

15 Leu Phe Ser Ile Ile Ser Gly Ala Ile Phe Leu Phe Val Phe Ser Lys
35 40 45

Val Ala Lys Lys Ala Thr Pro Gly Val Pro Ser Lys Met Gln Cys Phe
50 55 60

20 Val Glu Ile Met Val Asp Trp Ile Asp Gly Ile Val Lys Glu Asn Phe
65 70 75 80

His Gly Pro Arg His Ala Val Gly Pro Leu Ala Leu Thr Ile Phe Cys
85 90 95

25 Trp Val Phe Ile Met Asn Ala Ile Asp Leu Ile Pro Val Asp Phe Leu
100 105 110

Pro Gln Leu Ala His Leu Phe Gly Ile Glu Tyr Leu Arg Ala Val Pro
115 120 125

Thr Ala Asp Ile Ser Gly Thr Leu Gly Leu Ser Ile Gly Val Phe Phe
130 135 140

35 Leu Ile Ile Phe Tyr Thr Ile Lys Ser Lys Gly Met Ser Gly Phe Val
145 150 155 160

Lys Glu Tyr Thr Leu His Pro Phe Asn His Pro Leu Leu Ile Pro Val
165 170 175

40 Asn Leu Ala Leu Glu Ser Val Thr Leu Leu Ala Lys Pro Val Ser Leu
180 185 190

Ala Phe Arg Leu Phe Gly Asn Met Tyr Ala Gly Glu Leu Ile Phe Ile
195 200 205

45 Leu Ile Ala Val Met Tyr Met Ala Asn Asn Phe Ala Leu Asn Ser Met
210 215 220

50 Gly Ile Phe Met His Leu Ala Trp Ala Ile Phe His Ile Leu Val Ile
225 230 235 240

Thr Leu Gln Ala Phe Ile Phe Met Met Leu Thr Val Val Tyr Leu Ser
245 250 255

55 Met Gly Tyr Asn Lys Ala Glu His
260

<210> 3

60 <211> 1972

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

65 <220>

<221> CDS

<222> (364)..(1230)

ES 2 362 041 T3

<220>

<223> atpG

5 <400> 3

```

agcgggcat ttggctcagt tgggctcgg attcctatga tgcacacgta agcaattatc 60
acatgggtcaa aaagtaactg aattattgaa acaaaaccaa tactctccgt tatctgtagc 120
acaacaagca ttagtgttat ttgcagtaga gtttggttac ttagaagaag tggacttaga 180
tcgtattggt tcatttgaat cagcactttt agagtatgct aaccataact atgctgattt 240
tatgctgtag ttaacccast ctggcaatta caatgatgaa attaaagagt cattaagg 300
cattttggat agcttcaaag caaacagtgc gtggtaagtt aacactttaa atggagagac 360
aaa atg gca ggt gct aaa gag ata aga acc aaa atc gcg agt gta aaa 408
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile-Ala Ser Val Lys
1 5 10 15
agt aca caa aaa att act aaa gcg atg gaa atg gtt gct gcc tcg aaa 456
Ser Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Ala Ser Lys
20 25 30
atg cgt aaa acg caa gaa cgc atg tct tct tca cgc cct tat tca gaa 504
Met Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ser Ser Ser Arg Pro Tyr Ser Glu
25 35 40 45
aca ata cgt aac gtg att agc cac gtt tcc aaa gca acg att ggt tac 552
Thr Ile Arg Asn Val Ile Ser His Val Ser Lys Ala Thr Ile Gly Tyr
30 35 40 45 50 55 60
aag cat cca ttt tta gtg gat cgc gaa gta aaa aaa gtg ggc atg att 600
Lys His Pro Phe Leu Val Asp Arg Glu Val Lys Lys Val Gly Met Ile
65 70 75
gtt gtg tcc aca gat cgt ggt ctt tgt ggt ggc tta aac gtg aac ttg 648
Val Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Val Asn Leu
80 85 90 95
ttt aaa act gta tta aat gaa atg aaa gaa tgg aaa gaa aaa gat gtt 696
Phe Lys Thr Val Leu Asn Glu Met Lys Glu Trp Lys Glu Lys Asp Val
100 105 110
tcc gtt caa ttg agt tta atc ggt tct aaa tct atc aac ttt ttc caa 744
Ser Val Gln Leu Ser Leu Ile Gly Ser Lys Ser Ile Asn Phe Phe Gln
115 120 125
tct ttg gga att aaa att tta acc caa gat tca ggt att ggt gat act 792
Ser Leu Gly Ile Lys Ile Leu Thr Gln Asp Ser Gly Ile Gly Asp Thr
130 135 140
ccc tct gtt gag cag tta att ggt tca gtc aat tct atg att gat gct 840
Pro Ser Val Glu Gln Leu Ile Gly Ser Val Asn Ser Met Ile Asp Ala
145 150 155
tat aaa aaa ggg gaa gta gat gtt gtg tat tta gtt tat aac aaa ttt 888
Tyr Lys Lys Gly Glu Val Asp Val Val Tyr Leu Val Tyr Asn Lys Phe
160 165 170 175

```

55

60

65

ES 2 362 041 T3

att aac acg atg tcg caa aag cca gta ttg gaa aaa tta att cca tta 936
 Ile Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Leu Glu Lys Leu Ile Pro Leu
 180 185 190

5 cca gaa tta gat aat gat gaa tta ggc gaa aga aaa caa gtt tgg gat 984
 Pro Glu Leu Asp Asn Asp Glu Leu Gly Glu Arg Lys Gln Val Trp Asp
 195 200 205

10 tat att tac gaa cct gat gcg aaa gta tta tta gat aat tta ttg gtt 1032
 Tyr Ile Tyr Glu Pro Asp Ala Lys Val Leu Leu Asp Asn Leu Leu Val
 210 215 220

15 cgt tat tta gaa tct cag gtt tat caa gca gca gtt gaa aac ctt gct 1080
 Arg Tyr Leu Glu Ser Gln Val Tyr Gln Ala Ala Val Glu Asn Leu Ala
 225 230 235

20 tct gag caa gcc gct cga atg gtc gcc atg aaa gca gca aca gat aac 1128
 Ser Glu Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn
 240 245 250 255

gca ggt aac tta att aat gag tta cag tta gtc tat aac aaa gct cgt 1176
 Ala Gly Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg
 260 265 270

25 caa gca agt att aca aat gaa tta aat gaa att gtt gcc ggt gca gca 1224
 Gln Ala Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala
 275 280 285

30 gca att taacaaatag aggatcggta atggcaactg gaaaaattgt acaaatcatc 1280
 Ala Ile

ggtgcggtta ttgacgttga attcccacaa gatgcagtac caaangtata tgatgcctta 1340

35 aatggtgaaa cagggttagt acttgaagtt caacaacaat taggtggtgg tgtagttcgc 1400

tgatcgcgca tgggatcctc tgatggatta aaacgcggtt taagcgtaac aaatacgaat 1460

aacccaattt ctgttccagt gggaacgaaa acattgggtc gtatcatgaa cgtattgggt 1520

40 gaaccaatcg atgagcaagg tgaaatcggg gcagaagaga attggtctat tcaccgtgcy 1580

ccaccaagtt atgaagaaca atctaacagt actgaacttt tagaaacggg aattaaagtt 1640

atcgacttag tttgtccggt tgcgaaaagg ggtaaagtag gtttattcgg tgggscgggt 1700

45 gtcggtaaaa ccgtaaatat gatggaatta atccgtaaca tcgcaattga gcactcaggt 1760

tactctgtct ttgcgggggt aggtgagcgt scgcgtgaag gtaacgactt ctatcatgag 1820

atgaaagact ctaacgtatt agataaagtg tctcttggtt atggtcaaat gaacgagcca 1880

50 ccaggtaac gtttacgtgt ggcattaaca ggcttaacta tggcggaaaa attccgtgat 1940

gaaggtcgtg atgtcttatt ctccgttgat aa 1972

50 <210> 4
 <211> 289
 <212> PRT
 55 <213> *Pasteurella multocida*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 4

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

50

Ile

<210> 5

<211> 1357

<212> DNA

55

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

60

<222> (1)..(813)

<220>

65

<223> cap5E

ES 2 362 041 T3

<400> 5

5	gtc gac tat att tat cat gct gcc gca tta aag caa gtg cct tca tgc	48
	Val Asp Tyr Ile Tyr His Ala Ala Ala Leu Lys Gln Val Pro Ser Cys	
	1 5 16 15	
10	gag ttt tat ccg tta gag gca gtg aaa acc aat att tta ggt acg gca	96
	Glu Phe Tyr Pro Leu Glu Ala Val Lys Thr Asn Ile Leu Gly Thr Ala	
	20 25 30	
15	aat gtc tta gaa gcc gcc atc caa aac cag ata aaa cgc gtc gtc tgt	144
	Asn Val Leu Glu Ala Ala Ile Gln Asn Gln Ile Lys Arg Val Val Cys	
	35 40 45	
20	ctt agc aca gat aaa gcg gtg tac cca att aat gcg atg ggc att tct	192
	Leu Ser Thr Asp Lys Ala Val Tyr Pro Ile Asn Ala Met Gly Ile Ser	
	50 55 60	
25	aaa gca atg atg gaa aaa gtc atc atc gca aaa tcg cgt aac cta gaa	240
	Lys Ala Met Met Glu Lys Val Ile Ile Ala Lys Ser Arg Asn Leu Glu	
	65 70 75 80	
30	ggc aca cca acg aca atc tgt tgt act cgc tat ggc aat gtc atg gca	288
	Gly Thr Pro Thr Thr Ile Cys Cys Thr Arg Tyr Gly Asn Val Met Ala	
	85 90 95	
35	tcg cgt ggt tcg gtt atc cca tta ttt gtc gat caa ata cgt caa ggc	336
	Ser Arg Gly Ser Val Ile Pro Leu Phe Val Asp Gln Ile Arg Gln Gly	
	100 105 110	
40	aag cct ttt act att act gat cct gag atg aca cgc ttt atg atg aca	384
	Lys Pro Phe Thr Ile Thr Asp Pro Glu Met Thr Arg Phe Met Met Thr	
	115 120 125	
45	ttg gaa gat gct gtg gat tta gtc cta tat gca ttt aaa aat ggt caa	432
	Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln	
	130 135 140	
50	aat ggt gat gtt ttt gta caa aaa gcc ccc gca gca acc att ggt acc	480
	Asn Gly Asp Val Phe Val Gln Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr	
	145 150 155 160	
55	ctt gcc aaa gca att acc gaa tta tta tct gtc cca aat cac cct att	528
	Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile	
	165 170 175	
60	tcc att ata ggt acg cgt cat gga gag aaa gca ttc gaa gct tta tta	576
	Ser Ile Ile Gly Thr Arg His Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu	
	180 185 190	
65	agc cgt gaa gaa atg gtt cat gca att aat gaa ggt aat tat tat cgc	624
	Ser Arg Glu Glu Met Val His Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg	
	195 200 205	
70	atc cca gcc gat caa cgc agt tta aat tac agt aaa tat gtc gaa aaa	672
	Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys	
	210 215 220	

ES 2 362 041 T3

Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln
 130 135 140
 Asn Gly Asp Val Phe Val Gln Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr
 5 145 150 155 160
 Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile
 165 170 175
 Ser Ile Ile Gly Thr Arg His Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu
 10 180 185 190
 Ser Arg Glu Glu Met Val His Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg
 195 200 205
 Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys
 15 210 215 220
 Gly Glu Pro Lys Ile Thr Glu Val Thr Asp Tyr Asn Ser His Asn Thr
 20 225 230 235 240
 Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu
 245 250 255
 Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
 25 260 265 270

<210> 7
 <211> 6132
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (4032)..(4727)
 <220>
 <223> devB
 <400> 7

gtcaacaatt accgcacttt agtggagtaa ataacaatgg cgaaaaagaa taacgggcat 60
 gaaaaagagg atgatgttcg cctagataaa tggctttggg ctgcccgttt ttataaaaca 120
 50 cgtacttttag caaaagacat gattgatggc ggtaaagtgc attataatgg gcagcgcacg 180
 aaacccaata aaacggttga aattgggtgg gtgatcaaac ttcgtcaagg taatgacgaa 240
 aaagaagtgg aagtgcttgc gctttctacg caacgtcgtg gggcgcacaga agcacaattg 300
 55 ttgtatcaag aaacagaaaa aagccttgaa caacgtcga aaatggcgat tgcaacgtaag 360
 attaatgcat taacgatgcc gcatectgat cgtcgcccga ataaaaaaga gcggcgatgat 420
 ttattgaaat ttaaacatca agatagcttt tcatcttgat gatgtgattt acctactttt 480
 60 cttattaaag aaaggaatat ggggaagctg tgtgcttgcc cttaacctga ataaaggcct 540
 tttatgacag acaacacaga caatgacaaa ctgtatcgct accttttcca agatcgcgcg 600
 65 gtgcgcgggtg aatgggtacg gttaaaccaa acgtttactg atacgttaa tacacatcaa 660

ES 2 362 041 T3

5 tatccgaaag tcatccaaa cttgctcggg gaaatgatgg tggcgaccag tttattgacg 720
 gcgacgttaa aatttgaagg ggatattact gttcaagtac aaggtgatgg accattasaa 780
 10 ttagcattag ttaatggcaa tcatcagcag caaattcgcg cattagcgcg tttacaagcg 840
 gatgtcagtg atgatatgag tttggcgcaa ttagtcggga aaggggtatt agtgattacg 900
 attgcaccga cagaaggcga gcgttaccaa ggcgtgattg cgttagataa gccaacatt 960
 15 actgcctgtc ttgaagatta tttgtgctg tcaagaacaat tgcaaacca gcttattatt 1020
 cgtgctggcg aatttgaagg acaacctgtg gcagccggtg tgttgttaca aattatgccg 1080
 gacggttcag gttctccaga ggattttgaa cacttagcaa cattggcagc gacggtgaaa 1140
 20 gaggaagaac tatttggttt aacagcagaa gaattattgt accgtttata tcatgaagag 1200
 cgtgttgaaa tttcccttc acagccgac tctttttct gtgctgctc acaagaacgt 1260
 tctggtgccg cattgtgtt gatttctgat gaagaattgg atgaagtctt ggcagagcat 1320
 aacggtacca ttgatatgca gtgtgaatgt tgtgggacgc attatttctt caataaagca 1380
 25 gcgattatgc aattgaaagt agaaaaataa gtcttggtat tatggatttt gttgcaggt 1440
 atcaagatat ttgatagcct gtttttctt tgcagcaaac gattttatga gaaaaacgcc 1500
 gtcttctcac acagtagttt aggtattgca tagcatgaag cgggaaacta tgtttgccg 1560
 ttgtctgttt aaaaaggtta tctatgttag cactttcacc atcattactt gaaaaaacac 1620
 30 ttgaaatcgc ggatcaagca ggagattttt taacgcgatt ttataccgac tcagggcaaa 1680
 atgcgtagc aattcaaacc aaacaagata acacgccagt gactgccgtg gatttatttt 1740
 tgagtcaatt ttaattgaa aaattgaccg cactgacacc tgaggtcccg attctttccg 1800
 35 aagagagttg taaaatcccc ttacaagatc gtgcacattg ggcagaatat tggttaattg 1860
 accactcga tggaaaccaa caatttatta atcgaccga tcaattttcc attttgatta 1920
 cacttgcca acacaatcaa cccgtcttaa gcattacca tggccctatt ttacaacga 1980
 40 cctattatgc tatgcagggc tttggtgctt acagaaggca gggcamtcaa caagaaaagc 2040
 taaacaacca agcgcgacct gagcagcga aaatcaaat tgctgtggga gtcggggggcg 2100
 ttgaacggaa aattcagccc ttgttaaact cagcttatca atatgaattt ttggtttatg 2160
 gttcaagtgg cttaaaaggc ggcttagtgg ccgatggcac ttgtgattgc tatattcgag 2220
 taggaaaaac gggtgaaatg gatcggggg cggtgaaat cctcttacgt gaaatgggag 2280
 45 gtgctgtgtt tgactttgct tttcaaccgc ttagctataa tcagagagaa agttttatta 2340
 atccaattt tgtgatggtg gcgaatacag aatttgattg gcagaaaatt tttcaatttc 2400
 attcgcacta ggcattattt attataagat gcgatattt atgacctta ttttaacaa 2460
 50 acggatttca ggaaaaaaat gaaattgaa gcagacaaca attgtattgt aatttttggg 2520
 gcatcaggtg atttaactta tcgtaaattg attcctgcac tgtataactt atataaaac 2580
 55
 60
 65

ES 2 362 041 T3

5 ggtcgtttga ctgagcattt ctccgtgta ggtgtggcaa gaacggaatt aagtgatgag 2640
 ggtttccgtg aaaaaatgcg ccaagcgttg atcaaaagtg aaaaagcgaa tggcgaaaca 2700
 10 ctcgatcaat tttgtagcca cttttattat caggcattaa ataccgcgga tgctgccgat 2760
 tatggcaagt taattcctcg tcttgatgac ttacatgata aatatcaaac ttgtggtaac 2820
 acactttact atttatctac gccgccaagc ctttatggcg tgattccaga atgccttgcg 2880
 15 gcacatgggt taataactga agagtttggc tggaaagcggc taattgtgga aaaaccgttt 2940
 ggttatgata tacgcacggc aaaagaactc gatattcaaa ttcaccgttt ctttgatgaa 3000
 caccaaattt atcgtattga ccactatctt ggtaagaaa cggttcaaaa tctgcttgctg 3060
 20 ttgcggtttt ctaatggatg gtttgaacca ctctggaacc gtaatttcat tgattatatt 3120
 gaaatcacgg gcgcagaatc tatcgggtga gaagagcgtg gtggttatta cgatgattct 3180
 ggcgcaatgc gtgatatggt ccaaaacccat ttgttgcaag tgtagccat ggttgcgatg 3240
 gagccaccag caattattaa tgccgactca atgcgtgatg aagtggcaa agtcttgtat 3300
 tgtttacatc cattaagtga ggatgactta gaaaatcatt tagtcttagg gcaatatacg 3360
 25 gcaggcacag ttgaaggtga agcggttaag ggctacttac aggaaaaagg tgtgccggca 3420
 gagtctaata cggaaactta catggcatta cgtttgaaa ttgacaactg gcgttggggcg 3480
 ggtgtgccat tttatgtgcg tactgggaaa cggttaccaa gtcgagtga cgaatttgctg 3540
 30 attcatttca aaaccacacc acatccggta tttagccaaa aagcaccaga aaacaaatta 3600
 attatccgta ttcaaccgga tgaagcgatt tcgatgcgct ttggtttgaa aaaaccggga 3660
 gcagggtttg aagcaaaaaga agtgtcgatg gatttccgct atgcggatct tgcctcacca 3720
 35 agcttactga ccgcttatga gcgcttatta ttggattcta tgaaaggcga tgccactttg 3780
 tttgcgcgta ctgatcgggt acatgcctgt tggcagtttg tggagccgat tttacaatat 3840
 aaagcacaaa atgggcgctg ttatgagtat gaagccggta cttggggacc gacagaagcc 3900
 40 gacaaactga tcgcgaaaac ggtcgtggt tggcgtaaac caagtggatt aatgaaaaag 3960
 aaagtgtaat gtccgcctct ttcgtaagaa atgcgagggg ctaatgtgag cagattgagt 4020
 45 aaggaaagat c atg aat aca atc att ttt gac agt gca cag cat gcc gta 4070
 1 5 10
 Met Asn Thr Ile Ile Phe Asp Ser Ala Gln His Ala Val
 gag aaa att gca caa gaa ttg tta gcg tat agc tta gaa ggt cgc cct 4118
 Glu Lys Ile Ala Gln Glu Leu Leu Ala Tyr Ser Leu Glu Gly Arg Pro
 15 20 25
 gtg cat att tcc tta tcc gga ggc tca acg ccg aaa ttg tta ttt aaa 4168
 Val His Ile Ser Leu Ser Gly Gly Ser Thr Pro Lys Leu Leu Phe Lys
 30 35 40 45
 55 act tta gct caa gca ccg tat aac acc gag att caa tgg aaa aat ttg 4214
 Thr Leu Ala Gln Ala Pro Tyr Asn Thr Glu Ile Gln Trp Lys Asn Leu
 50 55 60

ES 2 362 041 T3

cat ttt tgg tgg ggc gat gat cgt atg gtg cca cca acc gat cca gaa 4262
 His Phe Trp Trp Gly Asp Asp Arg Met Val Pro Pro Thr Asp Pro Glu
 65 70 75
 5
 agt aat tac ggc gag gtg caa aaa ttg tta ttc gat cat att cag atc 4310
 Ser Asn Tyr Gly Glu Val Gln Lys Leu Leu Phe Asp His Ile Gln Ile
 80 85 90
 10
 cct gca gaa aat att cac cgc att cgt ggt gaa gcc ccc gtt gag agt 4358
 Pro Ala Glu Asn Ile His Arg Ile Arg Gly Glu Ala Pro Val Glu Ser
 95 100 105
 15
 gaa ctt cac cgt ttt gaa caa gcg cta agt gcg gtc att cct ggg caa 4406
 Glu Leu His Arg Phe Glu Gln Ala Leu Ser Ala Val Ile Pro Gly Gln
 110 115 120 125
 20
 gtt ttt gat tgg att att ttg ggc atg gga acg gac ggg cac acg gcc 4454
 Val Phe Asp Trp Ile Ile Leu Gly Met Gly Thr Asp Gly His Thr Ala
 130 135 140
 25
 tca tta ttc ccg cat caa acc gat ttt gac gat cct cat ttc gcc gtg 4502
 Ser Leu Phe Pro His Gln Thr Asp Phe Asp Asp Pro His Phe Ala Val
 145 150 155
 30
 atc gcg aaa cac cct gaa aca ggg caa att cgt att tca aaa aca gcg 4550
 Ile Ala Lys His Pro Glu Thr Gly Gln Ile Arg Ile Ser Lys Thr Ala
 160 165 170
 35
 aaa ttg att gaa caa gca aag cgg gtg acc tat ttg gtg aca ggt agc 4598
 Lys Leu Ile Glu Gln Ala Lys Arg Val Thr Tyr Leu Val Thr Gly Ser
 175 180 185
 40
 agt aaa gcc gag atc tta aaa gaa att caa act act ccg gca gaa caa 4646
 Ser Lys Ala Glu Ile Leu Lys Glu Ile Gln Thr Thr Pro Ala Glu Gln
 190 195 200 205
 45
 ctg cct tat cct gct gcg aaa atc aaa gcg aag cat ggg gtg acg gaa 4694
 Leu Pro Tyr Pro Ala Ala Lys Ile Lys Ala Lys His Gly Val Thr Glu
 210 215 220
 50
 tgg tat ttg gat aag gat gcg gca aaa tta ctg taatgcgtcg tgagattttt 4747
 Trp Tyr Leu Asp Lys Asp Ala Ala Lys Leu Leu
 225 230
 55
 caacattttt gcaaaagagac ttgaaacaaa atagaccata gcgttcgttt tcaacgagtg 4807
 ctgaaaatga aggctctcgt tgaaaatggc gccatttagt gggtaagctt aaggttcgcct 4867
 60
 cagacagcgc tatcaaaagg gtaaaagaat gtatcaactc tattttaatc caccaaaatc 4927
 ttcattggca ttacgcgttt ggggtgttatt gaaagaactg gcaattcctt ttgagcctaa 4987
 aattgtacgt tatttgatg atttaagtga acaacgcaa caatttaagg cgttttcgcc 5047
 65
 gacttcaaaa atcccagtat tgcattgctga tgggtgttgc atttgggaca gtttagcgat 5107
 tatcgagttt ttggcagaaa gttatccgca cgtgtgggag caagataagg cgacaagagc 5167
 gtggctcacgt tctgcttgct ctgaaatgca ctctggcttt gaaaatttgc gtgaaatgtg 5227
 tgatttcgcc cctttagctc gcaaacggtt acaagaaatg cccgctgtgt taagccaaga 5287
 gctaacaagg cttaataaat tattagaaga agggttaaca aatcacactg ggcgatttaa 5347

ES 2 362 041 T3

5 tgcaaacctc cagtgctttt ggtcgagtac aatcctcgtt gtcttttttc cgtaattect 5407
 atgatgactt tgccgcttat cgtgcggtgt taaatcgttt aactggcttt catagcgega 5467
 10 ttaaagcggc taatcgccca agcaaattag tgctcacaga aagtcgcat gatattggtt 5527
 ttcgatgctt caacgtagag acccgcgaag gaaaaacctt aattgacaag ctcaacctac 5587
 aatttcctct cggtagatgg ttattaatc aaggacattc tgggttaggg aaaacaacct 5647
 15 tgtaagaac cattgcgga ctatggcctt atgctagtgg gacaattcaa cgccacaac 5707
 aagatactct gtttctttc caaaaacctt atttgccaca aggtgccta cttgatgcc 5767
 tattttatcc tgaactggcg cctgaagacg tgaatgagca acaagttata gacatactcg 5827
 cgaaagtaca actcgggcat ttaagcgata aactagaaca agaaaatgat tggacacggg 5887
 tactctcttt aggtgaaca caacgtctgt cgtttgctcg cattttattg cataaaccta 5947
 20 ctgttgtttt cttagatgaa gccactgcc gcatggatga aggactggaa gatgcatgt 6007
 accgcttact gaaagatgaa ctgcctcaga ttactgtgat cagtgttga caccgttcga 6067
 cgtaattcc gcaccattca cagcaattac acattcaata acaagacagg gcgttgtgga 6127
 25 gtcga 6132

30 <210> 8
 <211> 232
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*
 35 <400> 8

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

ES 2 362 041 T3

ttaatttcca acctgtcatt gatgcacctt ggtttagtgt gccagaaatt actacccttg 1020
 aatttaaatt agaagctatt ctttatttat taccgattgc tategcecca gcagttgagc 1080
 5 atgtcgggtg gatcatggca atcagttcgg tgacagggaa agacttccta caaaaaccag 1140
 gattacatcg cactttatta ggggatggta ttgcaacgag tgccgcctca ttcttaggag 1200
 gaccacctaa tacaacttat gctgaagtc ctggtgctgt catgcttacg cgcaacttta 1260
 10 accctaaaat catgacatgg gcagccgttt gggcaattgc gatttccttc tgtggtaaag 1320
 tcggggcttt cctctctacc attccaacta ttgtcatggg tggcattatg atgttagtgt 1380
 15 ttggctctat cgccgtagtc ggtatgagta cactgatccg tggtaaagtg gatgtaacag 1440
 aagegcgtaa tctgtgtatt atttccgttg tgatgacgtt tggcatcggg ggtatgtttg 1500
 tgaactttgg agaagtctcc ttaaaagggg ttagtttatg cgccgttgtc gcgattttac 1560
 20 tcaacttaat cttacccaaa gccaaaaaca cccaataga agaaaatcga taagagaaaa 1620
 ttaagggtta agtc ttg ctt aac cct tca ttt ttc gtt tat cct tat tct 1670
 Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser
 1 5 10
 25 cct ttt ttc gat ttt gta ggt tgc ttt ttg tta gaa aat ttc caa tta 1718
 Pro Phe Phe Asp Phe Val Gly Cys Phe Leu Leu Glu Asn Phe Gln Leu
 15 20 25
 30 cct ttg cct att cat caa ctc gat gat gaa acg ctg gat aat ttc tat 1766
 Pro Leu Pro Ile His Gln Leu Asp Asp Glu Thr Leu Asp Asn Phe Tyr
 30 35 40
 35 ccc gac aat aat tta ttg ttg ctc aat tcg cta cgc aaa aat ttt act 1814
 Pro Asp Asn Asn Leu Leu Leu Leu Asn Ser Leu Arg Lys Asn Phe Thr
 45 50 55 60
 40 tgt cta aca caa caa ttt ttt tat att tgg ggc gag caa agc agt ggt 1862
 Cys Leu Thr Gln Gln Phe Phe Tyr Ile Trp Gly Glu Gln Ser Ser Gly
 65 70 75
 45 aaa agt cac ctc tta aaa ggc att act cat cat ttt ttc ctt tta cag 1910
 Lys Ser His Leu Leu Lys Gly Ile Thr His His Phe Phe Leu Leu Gln
 80 85 90
 50 cgc ccc gct atc tat gtg ccc tta gaa aaa tcc caa tat ttc tca ccg 1958
 Arg Pro Ala Ile Tyr Val Pro Leu Glu Lys Ser Gln Tyr Phe Ser Pro
 95 100 105
 55 gcg gta ctc gaa aac tta gaa caa caa caa ttg gtt tgt tta gat aat 2006
 Ala Val Leu Glu Asn Leu Glu Gln Gln Gln Leu Val Cys Leu Asp Asn
 110 115 120
 60 tta cag gca att ata ggc aat act gaa tgg gaa tta gcg att ttt gat 2054
 Leu Gln Ala Ile Ile Gly Asn Thr Glu Trp Glu Leu Ala Ile Phe Asp
 125 130 135 140
 65 tta ttt aat cgc ata aaa tct gtt gaa aat aca ctg ctt gtg atc agt 2102
 Leu Phe Asn Arg Ile Lys Ser Val Glu Asn Thr Leu Leu Val Ile Ser
 145 150 155
 gca aat caa tcc cca act gca tta cct gta agt tta cct gac tta gct 2150

ES 2 362 041 T3

Ala Asn Gln Ser Pro Thr Ala Leu Pro Val Ser Leu Pro Asp Leu Ala
 160 165 170

5 tca cgt tta cgc tgg gga gaa agc tat cag ctg gtc ccc tta aat gat 2198
 Ser Arg Leu Arg Trp Gly Glu Ser Tyr Gln Leu Val Pro Leu Asn Asp
 175 180 185

10 caa caa aaa atc cat gta ttg caa aaa aat gca cat caa cgt ggt atc 2246
 Gln Gln Lys Ile His Val Leu Gln Lys Asn Ala His Gln Arg Gly Ile
 190 195 200

15 gaa ctc ccc gat gaa gta gct aat ttt ctt ttg aaa cgc tta gag cgc 2294
 Glu Leu Pro Asp Glu Val Ala Asn Phe Leu Leu Lys Arg Leu Glu Arg
 205 210 215 220

gat atg aaa acg tta ttt gaa gca cta agt aaa tta gat aaa gca tca 2342
 Asp Met Lys Thr Leu Phe Glu Ala Leu Ser Lys Leu Asp Lys Ala Ser
 225 230 235

20 tta caa gcc caa cgt aaa tta acg att ccc ttt gta aaa gaa att tta 2390
 Leu Gln Ala Gln Arg Lys Leu Thr Ile Pro Phe Val Lys Glu Ile Leu
 240 245 250

aag cta taaaaaaga ccacctcttt atcaggtgat ctttcttgtc ga 2438
 Lys Leu

25

<210> 10

<211> 254

<212> PRT

30

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 10

35

Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser Pro Phe Phe Asp
 1 5 10 15

40

Phe Val Gly Cys Phe Leu Leu Glu Asn Phe Gln Leu Pro Leu Pro Ile
 20 25 30

His Gln Leu Asp Asp Glu Thr Leu Asp Asn Phe Tyr Pro Asp Asn Asn
 35 40 45

45

Leu Leu Leu Leu Asn Ser Leu Arg Lys Asn Phe Thr Cys Leu Thr Gln
 50 55 60

Gln Phe Phe Tyr Ile Trp Gly Glu Gln Ser Ser Gly Lys Ser His Leu
 65 70 75 80

50

Leu Lys Gly Ile Thr His His Phe Phe Leu Leu Gln Arg Pro Ala Ile
 85 90 95

Tyr Val Pro Leu Glu Lys Ser Gln Tyr Phe Ser Pro Ala Val Leu Glu
 100 105 110

55

Asn Leu Glu Gln Gln Gln Leu Val Cys Leu Asp Asn Leu Gln Ala Ile
 115 120 125

Ile Gly Asn Thr Glu Trp Glu Leu Ala Ile Phe Asp Leu Phe Asn Arg
 130 135 140

60

Ile Lys Ser Val Glu Asn Thr Leu Leu Val Ile Ser Ala Asn Gln Ser
 145 150 155 160

65

ES 2 362 041 T3

Pro Thr Ala Leu Pro Val Ser Leu Pro Asp Leu Ala Ser Arg Leu Arg
 165 170 175
 5 Trp Gly Glu Ser Tyr Gln Leu Val Pro Leu Asn Asp Gln Gln Lys Ile
 180 185 190
 His Val Leu Gln Lys Asn Ala His Gln Arg Gly Ile Glu Leu Pro Asp
 195 200 205
 10 Glu Val Ala Asn Phe Leu Leu Lys Arg Leu Glu Arg Asp Met Lys Thr
 210 215 220
 Leu Phe Glu Ala Leu Ser Lys Leu Asp Lys Ala Ser Leu Gln Ala Gln
 225 230 235 240
 15 Arg Lys Leu Thr Ile Pro Phe Val Lys Glu Ile Leu Lys Leu
 245 250

<210> 11
 <211> 2060
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*
 25 <220>
 <221> CDS
 <222> (856)..(1389)
 30 <220>
 <223> dsbB
 35 <400> 11

gaattcttct tacgtatgct cccagtcacg ttgccagttc tcatttgtgg tttagtgacc 60
 40 tgcttcttag tggaaaaatt tgggtgtatct ggctatggcg ccaaattgcc acgtaaagta 120
 tggggcatct tggcaaagtt tgatcgcaat aatcaacaaa aaatgtcacg acaagatcgt 180
 ttgaaacttt ttgtgcaagc ttaattgggt atttgggtgg ttgttggact cgcattccat 240
 45 ctgccegcg teggtatcat tggtttaacg gtgattatct tggctacttc attttgtgg 300
 gtcaccagcg agcatgctat tggtaaagcc tttcaggaat ccttaccctt cacagcattg 360
 ttagtggtgt tcttctcggt tgttgccgct atcattgacc aacatctggt tgcgccaatt 420
 50 atcagtttg tgcctggctgc cagtgaacat actcagettg ctcttttcta ttttttaac 480
 ggtttgttat cegccatttc agataatgtg tttgtggcca cagtttatat caatgaaacc 540
 aaagcggcat tagaggctgg ctttaattgct caaccacaat atgaattact ggcagtagca 600
 55 attaataccg gtaccaatct tcttctggtt gcaaccccaa atgggtcaagc cgcattctta 660
 tttttattga cctcatcact ggcaccatta attcgtcttt cttatggtag aatggtttat 720
 atggcattgc cttataccat cgtattatcc tgtattgggt tattgactgt ggaatatatt 780
 60 ttgcctggcg caaccaatgt gtcattcaa attggtttat taaaaccaat gtaatgacaa 840
 gtaaaaggag gaaac atg cta agc ttt ttt aag aca ctg tca aca aaa cga 891
 Met Leu Ser Phe Phe Lys Thr Leu Ser Thr Lys Arg
 1 5 10

ES 2 362 041 T3

agt gca tgg ttt cta ttg ttt agc tca gct tta cta tta gag gct atc 939
 Ser Ala Trp Phe Leu Leu Phe Ser Ser Ala Leu Leu Leu Glu Ala Ile
 15 20 25

 gct ctt tat ttt caa cat ggc atg ggg ctc gcc cct tgt gtc atg tgt 987
 Ala Leu Tyr Phe Gln His Gly Met Gly Leu Ala Pro Cys Val Met Cys
 30 35 40

 att tac gag agg gta gct att ctt ggc att gct ttc tcc ggt tta ttg 1035
 Ile Tyr Glu Arg Val Ala Ile Leu Gly Ile Ala Phe Ser Gly Leu Leu
 45 50 55 60

 ggg tta ctc tac ccg agt tgg atg ctt ttg cgc ctt gtg gcg tta tta 1083
 Gly Leu Leu Tyr Pro Ser Ser Met Leu Leu Arg Leu Val Ala Leu Leu
 65 70 75

 att ggt tta agc agt gca atc aaa ggc tta atg att agc atc acc cat 1131
 Ile Gly Leu Ser Ser Ala Ile Lys Gly Leu Met Ile Ser Ile Thr His
 80 85 90

 tta gat cta caa ctt tac cct gca cct tgg aaa caa tgt tca gcg gtg 1179
 Leu Asp Leu Gln Leu Tyr Pro Ala Pro Trp Lys Gln Cys Ser Ala Val
 95 100 105

 gca gaa ttt ccc gag act tta ccc tta gat cag tgg ttt cct gca ctc 1227
 Ala Glu Phe Pro Glu Thr Leu Pro Leu Asp Gln Trp Phe Pro Ala Leu
 110 115 120

 ttc ctc cct tca ggc tca tgc agt gaa gta aca tgg caa ttt ctc ggc 1275
 Phe Leu Pro Ser Gly Ser Cys Ser Glu Val Thr Trp Gln Phe Leu Gly
 125 130 135 140

 ttt tct atg gtg caa tgg atc gtc gtc att ttt gca ctc tat acc tta 1323
 Phe Ser Met Val Gln Trp Ile Val Val Ile Phe Ala Leu Tyr Thr Leu
 145 150 155

 tta ctt gct ctc att ttc atc agc caa gtc aaa cgt cta aaa ccc aag 1371
 Leu Leu Ala Leu Ile Phe Ile Ser Gln Val Lys Arg Leu Lys Pro Lys
 160 165 170

 cag cgc aga ctc ttt cat taagtcataa aaaatgggtgc gataaagcac 1419
 Gln Arg Arg Leu Phe His
 175

 cttttttcat ttctcgttcg gtatagatta aatttcttgc acgacaaact gcagggaatg 1479
 tcttgctaatt aatcttgctt tacgctgctt taagcgtttt aaacgtaatg cgcgtccttg 1539
 tgataaacga tataatTTTT ttgtcggctt caaaaagctt ttacgtctcg ccatactctt 1599
 cctcttattg tgcggttacg gttgtcgcta acgtatccgt ttctttcttg atttcggtga 1659
 tgttttctat ttcgccgctt tgtgtatcta atgtttcttc aatttgtgct tgetgtacct 1719
 gataataatg cacaatgctg ttcatataac gacggatatt ttccacatag tgatagctt 1779
 catagcctcg cgcatacccg tattttaacc ccgtgtaata gcgtttttct gctaatagtg 1839
 gcaaatctt cttcacatct aaccaattat cgggatcacc acctaggctc ttggttaaac 1899
 ggcgcgcac taacaaatgc cctaatecca tattatacgc cgctaaggca aaccaatac 1959
 gctcatcttc ttaaatcgta tcaggcattt gcgtaataag ccaatgtaaa tattctgaac 2019
 cggctttaat actttgttcc ggatccgttc tgtcttgaat t 2060

<210> 12

<211> 178

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

65

ES 2 362 041 T3

<400> 12

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

35 <210> 13
<211> 4426
<212> DNA
<213> *Pasteurella multocida*
40 <220>
<221> CDS
<222> (2756)..(3211)
45 <220>
<223> exbB

50

55

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 13

gaattcttga cctgggtgga ggcttttatt gacttccacc ccaattgegc gttctttcac 60
 tttattaata aagtcacgta ccactggtaa cgccacatcc gcttctaata atgccatgcy 120
 5 gacttcacgt agcgtttccet taatattgct atcagttaaa cgtccacgtc cactaatggt 180
 acgtagcggt ttgacaagc gatccgacaa attctcaaac atgcaatctt cctattttaat 240
 10 ctcgaaaaaa ttgccctaata tataktaaaa tccatagat tttcatcctt tgtaataaat 300
 ttatagcgat ttcacagtga gaaagtaga atggacggag aacaaagggt agggaaattc 360
 aatgtggctt tcaatttttt ccgtgttttt ttatctattg agtgtcttac tcattacccc 420
 15 tatgttggtt aaattcaag cgggcgaacc cgcacgggtt cccaatagga tgcctttttt 480
 aacggcagca ttactcgcca ttctctgca ctttatcaat cttattcctc tttttaccga 540
 ttaaccagc ggtcaaaatt tctcggttat cgaatcagt tecttaatca gtgttatgac 600
 20 agcaacgatc gccacattag cgtttttatt tgcatacac actttatggt ttttattacc 660
 gattatttat tctttcgcca tcattaatct ggtcctcagt accttaatgc cggcgatttt 720
 tttatatcat cttaatcaag atatgggctt atttattcat gtaggcttat cactgttgac 780
 25 ttattcggtc tgttcgattg tgcggtata ttccattcag ttagtgtgga tgcagcgcgc 840
 cttaaaaaat aaaaaactgc ctttttcacc aatgattcca ccgttaatga ccgtagagcg 900
 ccattttttt cgtttaatgc tgatagggtga aatattactc acgattgtcc tcatttcagg 960
 30 gagetaccat ttatcgaaaa .cctttgcccc acaagacatc cagaaagctg ttttttcttt 1020
 cttggcttgg atagtctttg ggagtgcact ggttggctat tggaaagctcc attggcggtg 1080
 aaaaaaagtg gtgtattatg cgcttttagg tatcattctc ctgactatcg cctatttttg 1140
 35 tagtcgtgta atgcttgaaa tataaacaag atttatttat gctacgccat agtaaaagtg 1200
 cggttcaaaa aacgaaaaaa tgaccgcact tttcgatttt tgattaactc gcaaaaggat 1260
 gcatttttga cagtattccc cttagtagcc tctttattac actcatcacc ttattgatca 1320
 40 tctctgctta tttttcaggc tctgaaaccg gtttggtgtc tgccaatcgt tatcgactac 1380
 gccatttagc cgaaaaaggg catagagggt cgaaaaaagc ggaanaatta ctgaaaaaaa 1440
 cagatgtttt gcttagcctg attttaattt gtaataactt agtcaatatt actgcttctg 1500
 45 ccattaccac gattatcggc atgcgcttat atggcgatgc gggagtcgcc attgcaactg 1560
 gggcattaac ctttgtgatg cttatttttg ccgaaatttt gccgaaaact atcgccgccc 1620
 50 gttatccaga aaaagtggca ttcacgtcca gtcatttggt gtccgttttt ctgagacttt 1680
 ttaccccgtt ggtctattta atgaatttaa ttattcaggg gattttggca ctattacgtc 1740
 taaaatcaga taataaatca acctattaa gccagagga attacgttcc atcgtaaatg 1800
 55 aatcaggtaa atttattcct tccgcccacc aagaaatgct gttatctatt ttggatttag 1860
 aaggggtcac cgtagatgac attatggtgc cacgtaatga cattgggggt attgatattg 1920
 acgatgattg gaaagccatt atgctgcaac ttaaccatgc agcgcacggg cgtgttgtag 1980
 60 tgtataaagg aaatatggat gaaaatattt tggggatggt acgtgtacgt gaagcctatc 2040

65

ES 2 362 041 T3

gcttaatgct cgataaaaat gaatttaaca aagaacttt aatccgtgcc gccgatgaag 2100
 tgtatTTTTat tcctgaaggt acgccactga atagccaatt attaaatttc cgcaacaata 2160
 5 aagaaggat tggTTtagtt gtagatgaat atggtgatat taaaggctta gtcaccttag 2220
 aagatatctt agaagagatt gtcggtgaat ttaccacttc aacagcccca tcaattaacg 2280
 atgaagttat cccacaatca gacggTtcgc ttatcattga gggatccgcc aatttacgty 2340
 10 attgaataa attatTTgac tggaaTctcg ataccgaaga tgcacgtacc ttcaacggct 2400
 taatTTTtaga gcatttagaa gaaattccag aagaaggaac ggtatgtgaa attaatgggc 2460
 tacaatcac gattctagaa gtgaatgaca acatgattaa acaagccaaa gtcattaaac 2520
 15 ttaattcaa catctggcta agcgatgtca tcaagacatc gctTTTTtat tccgtacatg 2580
 aatgTTTgat ccaacacaac atttattcaa cattggataa ataatcatcc taatcgcac 2640
 gaatttctta tttaccccgT ttttggcttt tgctagaatc ttgcaattga aattaattct 2700
 20 caataccgta taatgttcaa cattatTTTg cgatacaaat taaaggatta ttaaa atg
 Met
 1
 cca caa tta ttc caa ttc tta caa caa tat att gat tac att att cta 2806
 25 Pro Gln Leu Phe Gln Phe Leu Gln Gln Tyr Ile Asp Tyr Ile Ile Leu
 5 10 15
 ggc tta ctt gcc ttc atg agc ttt att atg gtt tgg ctt gtg att gaa 2854
 Gly Leu Leu Ala Phe Met Ser Phe Ile Met Val Trp Leu Val Ile Glu
 20 25 30
 cgc ttt ctt ttc tta agt cgc gtc aac gtg gca tct tat gaa agc ata 2902
 Arg Phe Leu Phe Leu Ser Arg Val Asn Val Ala Ser Tyr Glu Ser Ile
 35 40 45
 cat gaa tta gac att gac tta caa cgc cac ctc aca gct atc tct aca 2950
 His Glu Leu Asp Ile Asp Leu Gln Arg His Leu Thr Ala Ile Ser Thr
 50 55 60 65
 atc ggt tct aat gca cct tat gta ggt ttg ctt ggt acc gtc att ggt 2998
 Ile Gly Ser Asn Ala Pro Tyr Val Gly Leu Leu Gly Thr Val Ile Gly
 70 75 80
 40 att ctc tta act ttc tat gaa tta ggt cac tcc ggt ggc gat att gat 3046
 Ile Leu Leu Thr Phe Tyr Glu Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile Asp
 85 90 95
 gcg gcg gcc att atg gtg cac tta tca tta gcc tta aaa gcc aca gca 3094
 45 Ala Ala Ala Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr Ala
 100 105 110
 gta ggt att tta gtc gcc att cct gca atg gtg tgt tac aac ggt tta 3142
 Val Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Val Cys Tyr Asn Gly Leu
 115 120 125
 50 gga cgt aaa gtc gaa gtt aat cgt ttg aaa tgg ttt gcc tta aat gag 3190
 Gly Arg Lys Val Glu Val Asn Arg Leu Lys Trp Phe Ala Leu Asn Glu
 130 135 140 145
 55 aaa aaa gcc aaa caa caa gca tagggagccg tcatgaaaaa gtttgatgaa 3241

ES 2 362 041 T3

Lys Lys Ala Lys Gln Gln Ala
150

5 atcaacatta tcccttttat tgacatcatg ttggtactat tggctatcgt tctgattaca 3301
 gcctctttta tttcacaagg taaaatccaa gtgaatgtac caaangcaag ttcaacagtt 3361
 gcgtttcgtt cagatgattt agccaaattg ctgactatta cggaaagcgg tgaatttttt 3421
 10 tatcacgata aaccgattac gatagaggc. ttggaacaag aatcagtaa ttgggaaaaa 3481
 gatcaaaaag tcaccttgaa ggtagatgca aatccagtt tccaagattt cgtttctatc 3541
 actgatatta tggctaaaaa tgaattaaa aatgtcgtta tcgtgacggt taaagaaaag 3601
 15 gcatctcaat gatagataaa agtcgttctt gcatcggggt tgaatttca ttgttttttc 3661
 acgcaagttt tgtctctttc ctgtattgga ttgtacaaaa agacgatgac agcgcgaatg 3721
 gatttgcctc cgatatcatc tcaactcata tttccatgga aatgctggcg gctaccgttt 3781
 20 tagaagaacc agagccggaa ccagagccgg cgcctccggt agtagaacct gaactgccaa 3841
 aagaagtagt cgcagatccg acggtaaaac ctgagccacc aaaagaacct gaaaaacca 3901
 aagagcctga aaagccaaaa gagaaaccga aagaaaaacc aaaagaaaag ccgaaaaaac 3961
 25 cgaagaaaga acaacgtgat ttaccaaaat cagatcgcca aattgattct aattcatcga 4021
 tcaatcaaca agcgaccaca acaggcaaca tcacaacca taatccgaat ctggtcggta 4081
 aaggtaatag cacagatgaa gtcaatgctt atcgcctcggc tttacgcaga gaaattgaaa 4141
 30 aacataaacg ctatccaaac cgtgcacgca tgatgcgcaa acaaggtgtg gtaacaatca 4201
 cgttccatct taataatgcc ggcgtaatta gtaatgcgcg aatcagcaaa tcttccggtc 4261
 cagaagaatt agataacgct gcactggtag ctgtcaataa tgcccgtcca attggtccac 4321
 35 tgctgttggt tatgccaaat gaagtggcgg ttctctgtag tttcagaatc acaattaaa 4381
 aaagtgcggt aaattttacc gcactttttt ctctctatta gaatt 4426

40 <210> 14
 <211> 152
 <212> PRT
 45 <213> *Pasteurella multocida*
 <400> 14

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

65

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

```

ggt cat act cat aat ttg att aat gat gtg cgt tta tct ggc aat gtg 728
Val His Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn Val
  50                      55                      60                      65

agt tat aag cct atc ggt tca agt cgt gat tat gat atc agt cgt gtt 776
Ser Tyr Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg Val
                      70                      75                      80

gcg gta cat ggt tgg cac aat aat gtt tat aag ctc aac tta aat ctg 824
Ala Val His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn Leu
                      85                      90                      95

caa gaa caa gat aaa acc gat att aaa gtt gtg aaa atg ggg gct atc 872
Gln Glu Lys Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile
                      100                      105                      110

cgt tct gat ggt gat ttt gac ttt aag gga ata aag gcg aca tca tca 920
Arg Ser Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser
                      115                      120                      125

gaa tca aaa ccg cag tta att aat cat gga tta att aat gtc aaa gga 968
Glu Ser Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly
                      130                      135                      140                      145

aca ttt aat gcg gaa gct gat caa gtg gtg aac caa atg aaa gcg ttt 1016
Thr Phe Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala Phe
                      150                      155                      160

aac caa aat gca tta gca agc gtg ttt aag aat cca gcg aaa atc acg 1064
Asn Gln Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile Thr
                      165                      170                      175

atg tac tat caa cca ctt act cgt tat att tgg aca cca tta tcg ggt 1112
Met Tyr Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser Gly
                      180                      185                      190

aat gca tcg cgt gaa ttt aac aat tta gag tct ttc ctc gat gcc ttg 1160
Asn Ala Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu
                      195                      200                      205

ttt ggc tca aca aca atc tta aaa tca agt ttc tat agt acg gaa aat 1208
Phe Gly Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn
                      210                      215                      220                      225

ttt agt gct tat cag ctt cta tct cat att cag cat tca cca atg tac 1256
Phe Ser Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr
                      230                      235                      240

caa aaa gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc 1304
Gln Lys Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser
                      245                      250                      255

tat gat gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca 1352
Tyr Asp Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr
                      260                      265                      270

gat ttc att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa 1400
Asp Phe Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys
                      275                      280                      285

cta gaa ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt 1448
Leu Glu Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg
                      290                      295                      300                      305
  
```

ES 2 362 041 T3

ggt aag ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta 1496
 Gly Lys Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu
 310 315 320

5
 cca tca gta gag ctt aaa gcg gag ttt agt gat aaa gaa cgt ttg gaa 1544
 Pro Ser Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu
 325 330 335

10
 gag gac ggg gta gat tta tcc tcg atc gcc gaa ctc tta gaa atg cca 1592
 Glu Asp Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro
 340 345 350

15
 aac tta ttt att gat aat agt atc caa tta gaa aag aaa aag ttg tct 1640
 Asn Leu Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser
 355 360 365

20
 cct att gag gat cta gat gaa gaa cca cgt aaa aat ctg gat ata gaa 1688
 Pro Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu
 370 375 380 385

25
 gag tct gat aca gac gat agc aag tgg agt atg gcc aat gat gag aaa 1784
 Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys
 405 410 415

30
 gag atg ccc gat gat aag ctg ggt ata agt cgt gat gat cgt gga aat 1832
 Glu Met Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn
 420 425 430

35
 aaa cca cct cgt act gat cct aca gtt gat tat ctt aac cct gat gaa 1880
 Lys Pro Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu
 435 440 445

40
 ttc ttt gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta cta cag gag ctt gga 1928
 Phe Phe Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly
 450 455 460 465

45
 gaa gag ccg tta cta aaa gaa ggg gaa gat cat ttt aaa cgt tct acc 1976
 Glu Glu Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr
 470 475 480

50
 aat cta gtc cgt cta ggc gag aga gat agg caa aat aga gaa aag aga 2024
 Asn Leu Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg
 485 490 495

55
 gaa aaa gag ggg tat ttt gat ctg cct ggt aca tta gat atg aaa ctg 2072
 Glu Lys Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu
 500 505 510

60
 cag gag tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa 2120
 Gln Glu Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys
 515 520 525

65
 gca aga ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa 2168
 Ala Arg Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys
 530 535 540 545

70
 cgt gtt gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa 2216
 Arg Val Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys
 550 555 560

ES 2 362 041 T3

att gct aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa 2264
 Ile Ala Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu
 565 570 575

5

att cgc cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag 2312
 Ile Arg Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu
 580 585 590

10

aag aaa caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct 2360
 Lys Lys Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala
 595 600 605

15

gaa cag aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac 2408
 Glu Gln Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp
 610 615 620 625

20

att gaa caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag 2456
 Ile Glu Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu
 630 635 640

25

gca tca aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa 2504
 Ala Ser Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys
 645 650 655

30

gtg gaa act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa 2552
 Val Glu Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln
 660 665 670

35

gat gac tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat 2600
 Asp Asp Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn
 675 680 685

40

aca aaa ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat 2648
 Thr Lys Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp
 690 695 700 705

45

cat caa gtg att act cgc tcg att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt 2696
 His Gln Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu
 710 715 720

50

aac caa aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg 2744
 Asn Gln Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met
 725 730 735

55

gac aat tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg 2792
 Asp Asn Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala
 740 745 750

60

gca tta act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg 2840
 Ala Leu Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp
 755 760 765

65

tat gtc aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt 2888
 Tyr Val Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val
 770 775 780 785

tat ttc gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta 2936
 Tyr Phe Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu
 790 795 800

ggc act ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat 2984
 Gly Thr Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp
 805 810 815

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

```

gtg gtg aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg 3032
Val Val Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala
      820                      825                      830

agt aat aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca 3080
Ser Asn Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr
      835                      840                      845

cgt tta gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca 3128
Arg Leu Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala
      850                      855                      860                      865

aat gat gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa 3176
Asn Asp Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu
      870                      875                      880

ggg cat tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa 3224
Gly His Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln
      885                      890                      895

gca tcg gat att aaa gca aaa aca agc ttt gtg aag act ggt gat gtg 3272
Ala Ser Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val
      900                      905                      910

aat ctc aaa aat aca tac aat act aaa cat gcc tac cgt gag aaa ttc 3320
Asn Leu Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe
      915                      920                      925

tcg ccg agt gca cta caa gtt gca gaa ctt gat gtg gca ggg ctt aaa 3368
Ser Pro Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys
      930                      935                      940                      945

gtc cca ctt tta ggc gtg tcg tct cca tcc agt tat tca gag cat act 3416
Val Pro Leu Leu Gly Val Ser Ser Pro Ser Ser Tyr Ser Glu His Thr
      950                      955                      960

agt gag gca act tca gag gga tca atc ttc gaa gta ggg cac tta cat 3464
Ser Glu Ala Thr Ser Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His
      965                      970                      975

ctt gcg gta gac aga gat gtg aac caa cgc ggg agt aaa att aag gct 3512
Leu Ala Val Asp Arg Asp Val Asn Gln Ala Gly Ser Lys Ile Lys Ala
      980                      985                      990

aag tat acc act ggt gtt gtg aaa ggg aac ttt aat act gaa gcg ggc 3560
Lys Tyr Thr Thr Gly Val Val Lys Gly Asn Phe Asn Thr Glu Ala Gly
      995                      1000                      1005

aag aat att aaa cat gtc gaa aaa gaa gaa tat agt tca cag cta ttt 3608
Lys Asn Ile Lys His Val Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Ser Gln Leu Phe
      1010                      1015                      1020                      1025

gct tca gca cac gcg agt ggt ggt ggc acc tca gtt cgt tat gac tat 3656
Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg Tyr Asp Tyr
      1030                      1035                      1040

aac agc caa gat ggt ggc aat gcc tct gtt ggt gtt ccg aca aac cat 3704
Asn Ser Gln Asp Gly Gly Asn Ala Ser Val Gly Val Pro Thr Asn His
      1045                      1050                      1055

act gga gtt ggg gca gag gca gga atg tca ttc acc cat acc aaa gac 3752
Thr Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Met Ser Phe Thr His Thr Lys Asp
      1060                      1065                      1070
  
```

ES 2 362 041 T3

aaa gaa aca ctg ctc act cac acc aat agt gaa tta caa gtc aaa cat 3800
 Lys Glu Thr Leu Leu Thr His Thr Asn Ser Glu Leu Gln Val Lys His
 1075 1080 1085

5 ggg aaa tta cat gtg ctt ggt tat gcc gat att ggt gga gta gat att 3848
 Gly Lys Leu His Val Leu Gly Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Val Asp Ile
 1090 1095 1100 1105

10 aat act aaa cta cca gaa gat gca caa agc aaa gca cag aaa gag ata 3896
 Asn Thr Lys Leu Pro Glu Asp Ala Gln Ser Lys Ala Gln Lys Glu Ile
 1110 1115 1120

15 gcg gct agc aag cca gag aag acc gag caa tct gca cag gat gtg gct 3944
 Ala Ala Ser Lys Pro Glu Lys Thr Glu Gln Ser Ala Gln Asp Val Ala
 1125 1130 1135

20 caa gct caa tca aat gcc aat aag gat aag gaa aat aaa gcc cca gaa 3992
 Gln Ala Gln Ser Asn Ala Asn Lys Asp Lys Glu Asn Lys Ala Pro Glu
 1140 1145 1150

25 ata aaa gaa tta tca gag gct gaa atc gcg gat ctc atg tca gaa aaa 4040
 Ile Lys Glu Leu Ser Glu Ala Glu Ile Ala Asp Leu Met Ser Glu Lys
 1155 1160 1165

30 tca aaa gcg tat ttt gat gat ttt gca gag caa gcg aaa aaa gca cct 4088
 Ser Lys Ala Tyr Phe Asp Asp Phe Ala Glu Gln Ala Lys Lys Ala Pro
 1170 1175 1180 1185

35 gaa aac aat cga ttt gaa ttg tct gcg aaa gaa att aag tcg agc aaa 4136
 Glu Asn Asn Arg Phe Glu Leu Ser Ala Lys Glu Ile Lys Ser Ser Lys
 1190 1195 1200

40 caa aaa gac caa tat gat cat gag tct gaa cgg acg act ttt aaa gtt 4184
 Gln Lys Asp Gln Tyr Asp His Glu Ser Glu Arg Thr Thr Phe Lys Val
 1205 1210 1215

45 gga cct gaa gcg gag gct cat tct gcg gtt gcc gat atg gtg agc cat 4232
 Gly Pro Glu Ala Glu Ala His Ser Ala Val Ala Asp Met Val Ser His
 1220 1225 1230

50 tta gtg aaa gaa tat aga gat gca caa aat ggg act aaa caa gac ggt 4280
 Leu Val Lys Glu Tyr Arg Asp Ala Gln Asn Gly Thr Lys Gln Asp Gly
 1235 1240 1245

55 aca gta gca tta caa cat gct agt gat gtc tta aat att gtg acg ggg 4328
 Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr Gly
 1250 1255 1260 1265

60 gat tta gcg ggg agt tca gct aaa ttg tct gtt gaa aga aca cat gag 4376
 Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His Glu
 1270 1275 1280

65 aca aaa cga acg aca gaa acg ggg gat att gtt act aag att ggt ggc 4424
 Thr Lys Arg Thr Thr Glu Thr Gly Asp Ile Val Thr Lys Ile Gly Gly
 1285 1290 1295

70 aat gtc aca ctg tca gca cgc agt ggt agt gtg aac ctt aaa aat gta 4472
 Asn Val Thr Leu Ser Ala Arg Ser Gly Ser Val Asn Leu Lys Asn Val
 1300 1305 1310

75 caa agt gat gaa caa gct aat ttg acc tta aga gca aaa gaa gat gtg 4520
 Gln Ser Asp Glu Gln Ala Asn Leu Thr Leu Arg Ala Lys Glu Asp Val
 1315 1320 1325

ES 2 362 041 T3

aat gtg ctg tct ggt gaa aaa aca cga gaa acc aca gaa aca gta tca 4568
 Asn Val Leu Ser Gly Glu Lys Thr Arg Glu Thr Thr Glu Thr Val Ser
 1330 1335 1340 1345
 5
 aga cag aaa ctt tct cat ggt gtg aac gca ggt tgc agt atg atg agt 4616
 Arg Gln Lys Leu Ser His Gly Val Asn Ala Gly Cys Ser Met Met Ser
 1350 1355 1360
 10
 ggc gcc tgt act gcc ggt gtt agc aca tca ctt gaa gga aat gaa agc 4664
 Gly Ala Cys Thr Ala Gly Val Ser Thr Ser Leu Glu Gly Asn Glu Ser
 1365 1370 1375
 15
 tat acg tca gaa cgt gaa acg gct caa aat aac agt ttc tta aaa gca 4712
 Tyr Thr Ser Glu Arg Glu Thr Ala Gln Asn Asn Ser Phe Leu Lys Ala
 1380 1385 1390
 20
 cgc aac atg aaa gtt gaa gca ggt cgc gat ttt aat gtt gtc agt tgc 4760
 Arg Asn Met Lys Val Glu Ala Gly Arg Asp Phe Asn Val Val Ser Ser
 1395 1400 1405
 25
 aat att gat gca gat aag ctc gat ctc cac gtt aaa gga aaa acg aat 4808
 Asn Ile Asp Ala Asp Lys Leu Asp Leu His Val Lys Gly Lys Thr Asn
 1410 1415 1420 1425
 30
 gtg gta tcc aaa caa gat acg tta caa aaa gtg acg cat gga gtt gac 4856
 Val Val Ser Lys Gln Asp Thr Leu Gln Lys Val Thr His Gly Val Asp
 1430 1435 1440
 35
 tat aat ctt tcc gct ggc gtt gca ctt tct agt gca aca att gct acc 4904
 Tyr Asn Leu Ser Ala Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Thr Ile Ala Thr
 1445 1450 1455
 40
 cca acc ggt aat gtt ggt ttc ggt tat acc aat gag acc gaa agc aag 4952
 Pro Thr Gly Asn Val Gly Phe Gly Tyr Thr Asn Glu Thr Glu Ser Lys
 1460 1465 1470
 45
 cgg acg gtt aat caa caa gca ggg att aaa gcg aat aaa att aca ggg 5000
 Arg Thr Val Asn Gln Gln Ala Gly Ile Lys Ala Asn Lys Ile Thr Gly
 1475 1480 1485
 50
 caa acg cat gac tta aat ctt gag ggg gga tat ctt gtc agc aac gat 5048
 Gln Thr His Asp Leu Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Leu Val Ser Asn Asp
 1490 1495 1500 1505
 55
 aag gat aat cag ctg aaa gtt acc ggc gat gtc aca act aaa gcc ctt 5096
 Lys Asp Asn Gln Leu Lys Val Thr Gly Asp Val Thr Thr Lys Ala Leu
 1510 1515 1520
 60
 cac gat caa cat gat aaa gat ggt gga aca ttt ggt tta tct gtg ggt 5144
 His Asp Gln His Asp Lys Asp Gly Gly Thr Phe Gly Leu Ser Val Gly
 1525 1530 1535
 65
 atc agt gaa cgt ggt act acc gcc ttt aat gta cga ggt ggg cga gct 5192
 Ile Ser Glu Arg Gly Thr Thr Ala Phe Asn Val Arg Gly Gly Arg Ala
 1540 1545 1550
 70
 gaa cag aaa cac tat aat gca acg cag aaa tcc act ctt tct ggc gtg 5240
 Glu Gln Lys His Tyr Asn Ala Thr Gln Lys Ser Thr Leu Ser Gly Val
 1555 1560 1565
 75
 gat acc tct caa gcg aat gta tca ggt caa gtg aat aca gat tta acc 5288
 Asp Thr Ser Gln Ala Asn Val Ser Gly Gln Val Asn Thr Asp Leu Thr
 1570 1575 1580 1585

ES 2 362 041 T3

aag gca aaa gct gtc aca cgt gat gat act tac gca agt acg caa ttt 5336
 Lys Ala Lys Ala Val Thr Arg Asp Asp Thr Tyr Ala Ser Thr Gln Phe
 1590 1595 1600

5 agt ttt gaa gtg gca gat att gtg gaa tta gga cag aga gcg aaa aac 5384
 Ser Phe Glu Val Ala Asp Ile Val Glu Leu Gly Gln Arg Ala Lys Asn
 1605 1610 1615

10 aag ctg tca gca cca aac aat gac acc gat atg gcg tca ggc tcc aca 5432
 Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser Thr
 1620 1625 1630

tta cgc tcg cgt tct act aca gaa gaa gca gat gta cca aca aca aga 5480
 Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr Arg
 1635 1640 1645

15 tcg cgt gta acg gat gag gcg gat tct gta tcc gtg aaa aat ccg att 5528
 Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro Ile
 1650 1655 1660 1665

20 tat gaa agt gca gat gct gtt gta cca aca cca cgt agt aga aat gtg 5576
 Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn Val
 1670 1675 1680

gac agt acc gat ctt gtg gac aat cca ctg tat gct agt gcc act aca 5624
 Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr Thr
 1685 1690 1695

25 aaa gca aac atc cat gat tat gaa gaa att cca gcc gtt tat agc aaa 5672
 Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser Lys
 1700 1705 1710

30 gtc ggt gat aac aat gct gat ctt gtt cgt cat aaa acg gca act agt 5720
 Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr Ser
 1715 1720 1725

gat gag cat ctt tat gca gag att aat gaa cca aca tat agc cgt gtt 5768
 Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg Val
 1730 1735 1740 1745

35 ggt gat aaa aat gca gat atg aga cgt cat aac gcg gca ggt aca aca 5816
 Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr Thr
 1750 1755 1760

40 gac tat gcc gat gtc gtg caa gca cat aca aga aag gca gat gat cca 5864
 Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp Pro
 1765 1770 1775

cta cca gca tta ccg aat cag ggt aaa gca aga acg gta aac gac ggt 5912
 Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp Gly
 1780 1785 1790

45 tca gag cat att tat act gat att agc gac gtg ggc act caa act aaa 5960
 Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr Lys
 1795 1800 1805

50 gct att gat agt act tat gca aca gta ggc atg ccg aaa gcg aat gcc 6008
 Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn Ala
 1810 1815 1820 1825

gtt aac ttg ata ggg caa aat ggc tta ggc agc att tat cac agc cca 6056
 Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser Pro
 1830 1835 1840

ES 2 362 041 T3

gac agt gct tat aaa aca tgg caa ttg ctt gat caa ttt gcc aac aaa 6104
 Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Leu Asp Gln Phe Ala Asn Lys
 1845 1850 1855

5 ggc gga gat gcg gtc ttc tta cgc cct gca aca gaa atg aaa tgt gca 6152
 Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys Ala
 1860 1865 1870

ggr gca cct tta aaa tat acc ttt atc gtg cgt gat tat ttg ctc aga 6200
 Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu Arg
 1875 1880 1885

10 cgc cat acc tta gat aaa tca aga tta ttt tat aac gca cat aat aaa 6248
 Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn Lys
 1890 1895 1900 1905

15 acc tta ttt agc gtg cct atc gtt gat gca aaa gtc aaa atg ctg ttt 6296
 Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu Phe
 1910 1915 1920

gct gaa aaa aat atc caa gtc aat tac gat cgt agc ctt aca gcc att 6344
 Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala Ile
 1925 1930 1935

20 gat ctg agt aaa cgt att gcg acc ttt aat agc cca gaa gga gtt gta 6392
 Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val Val
 1940 1945 1950

25 gaa gtc cct tat gat ttt att aat gtg gta cct cca atg cga gca cct 6440
 Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Met Arg Ala Pro
 1955 1960 1965

gat gcc gtt cgt caa tca gca ctc gcg tgg caa gaa gga aaa tgg gct 6488
 Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp Ala
 1970 1975 1980 1985

30 aac gat ggt tgg gtt gaa gta gaa aaa cat acc ttg cgt cac cgt cgt 6536
 Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg Arg
 1990 1995 2000

35 tat gcc aat gtg ttt gct gtg ggt gat gtg gca ggg gtc cca aaa ggc 6584
 Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys Gly
 2005 2010 2015

40 aaa acg gct gcc agt gtc aaa tgg caa gtt cct gtt gca gtg gca cat 6632
 Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala His
 2020 2025 2030

45 tta ctc gca gaa tta gag ggc aaa cct tgt gat gaa att tac aac ggt 6680
 Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn Gly
 2035 2040 2045

50 tat aca tct tgt cca tta att act caa tta gga aag ggg atg cta gta 6728
 Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu Val
 2050 2055 2060 2065

gaa ttt gat tat aac aac cac tta aca cct tct ttc ccc ggt gta ata 6776
 Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val Ile
 2070 2075 2080

55 gcg cca tta gaa gaa ctg tgg gca aca tgg gca att aaa aca tta ggt 6824
 Ala Pro Leu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu Gly
 2085 2090 2095

60 tta aaa ccc act tat tta ggt atg tta cgt gga tta gct taaggagcgt 6873
 Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala
 2100 2105 2110

tga 6876

<210> 16

65 <211> 2110

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<400> 16

5 Met Gln Pro Ala Gln Glu His Cys Gln Arg Ile Asn Asn Ile Val Asn
1 5 10 15

Gln Glu Asn Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala
20 25 30

10 Glu Arg Ser Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu
35 40 45

Thr Val His Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn
50 55 60

15 Val Ser Tyr Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg
65 70 75 80

Val Ala Val His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn
85 90 95

20 Leu Gln Glu Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala
100 105 110

Ile Arg Ser Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser
115 120 125

25 Ser Glu Ser Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys
130 135 140

Gly Thr Phe Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala
145 150 155 160

30 Phe Asn Gln Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile
165 170 175

Thr Met Tyr Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser
180 185 190

35 Gly Asn Ala Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala
195 200 205

Leu Phe Gly Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu
210 215 220

Asn Phe Ser Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met
225 230 235 240

45 Tyr Gln Lys Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys
245 250 255

Ser Tyr Asp Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro
260 265 270

50

55

60

65

ES 2 362 041 T3

Thr Asp Phe Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly
 275 280 285
 5 Lys Leu Glu Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu
 290 295 300
 Arg Gly Lys Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser
 305 310 315 320
 10 Leu Pro Ser Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu
 325 330 335
 Glu Glu Asp Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met
 340 345 350
 15 Pro Asn Leu Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu
 355 360 365
 Ser Pro Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile
 370 375 380
 20 Glu Glu Ser His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp
 385 390 395 400
 Asp Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu
 405 410 415
 25 Lys Glu Met Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly
 420 425 430
 Asn Lys Pro Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp
 435 440 445
 30 Glu Phe Phe Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu
 450 455 460
 Gly Glu Glu Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser
 465 470 475 480
 Thr Asn Leu Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys
 485 490 495
 40 Arg Glu Lys Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys
 500 505 510
 Leu Gln Glu Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln
 515 520 525
 45 Lys Ala Arg Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu
 530 535 540
 Lys Arg Val Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp
 545 550 555 560
 50 Lys Ile Ala Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu
 565 570 575
 Glu Ile Arg Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu
 580 585 590
 55 Glu Lys Lys Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln
 595 600 605
 60
 65

ES 2 362 041 T3

Ala Glu Gln Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu
610 615 620

5 Asp Ile Glu Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala
625 630 635 640

Glu Ala Ser Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro
645 650 655

10 Lys Val Glu Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn
660 665 670

Gln Asp Asp Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu
675 680 685

15 Asn Thr Lys Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe
690 695 700

20 Asp His Gln Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His
705 710 715 720

Leu Asn Gln Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu
725 730 735

25 Met Asp Asn Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly
740 745 750

Ala Ala Leu Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val
755 760 765

30 Trp Tyr Val Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys
770 775 780

Val Tyr Phe Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly
785 790 795 800

35 Leu Gly Thr Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys
805 810 815

Asp Val Val Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu
820 825 830

40 Ala Ser Asn Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu
835 840 845

Thr Arg Leu Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe
850 855 860

45 Ala Asn Asp Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr
865 870 875 880

Glu Gly His Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val
885 890 895

50 Gln Ala Ser Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp
900 905 910

55 Val Asn Leu Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys
915 920 925

Phe Ser Pro Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu
930 935 940

60

65

ES 2 362 041 T3

Lys Val Pro Leu Leu Gly Val Ser Ser Pro Ser Ser Tyr Ser Glu His
 945 950 955 960
 5 Thr Ser Glu Ala Thr Ser Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu
 965 970 975
 His Leu Ala Val Asp Arg Asp Val Asn Gln Ala Gly Ser Lys Ile Lys
 980 985 990
 10 Ala Lys Tyr Thr Thr Gly Val Val Lys Gly Asn Phe Asn Thr Glu Ala
 995 1000 1005
 Gly Lys Asn Ile Lys His Val Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Ser Gln Leu
 1010 1015 1020
 15 Phe Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg Tyr Asp
 1025 1030 1035 1040
 20 Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Asn Ala Ser Val Gly Val Pro Thr Asn
 1045 1050 1055
 His Thr Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Met Ser Phe Thr His Thr Lys
 1060 1065 1070
 25 Asp Lys Glu Thr Leu Leu Thr His Thr Asn Ser Glu Leu Gln Val Lys
 1075 1080 1085
 His Gly Lys Leu His Val Leu Gly Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Val Asp
 1090 1095 1100
 30 Ile Asn Thr Lys Leu Pro Glu Asp Ala Gln Ser Lys Ala Gln Lys Glu
 1105 1110 1115 1120
 Ile Ala Ala Ser Lys Pro Glu Lys Thr Glu Gln Ser Ala Gln Asp Val
 1125 1130 1135
 35 Ala Gln Ala Gln Ser Asn Ala Asn Lys Asp Lys Glu Asn Lys Ala Pro
 1140 1145 1150
 Glu Ile Lys Glu Leu Ser Glu Ala Glu Ile Ala Asp Leu Met Ser Glu
 1155 1160 1165
 40 Lys Ser Lys Ala Tyr Phe Asp Asp Phe Ala Glu Gln Ala Lys Lys Ala
 1170 1175 1180
 Pro Glu Asn Asn Arg Phe Glu Leu Ser Ala Lys Glu Ile Lys Ser Ser
 1185 1190 1195 1200
 45 Lys Gln Lys Asp Gln Tyr Asp His Glu Ser Glu Arg Thr Thr Phe Lys
 1205 1210 1215
 Val Gly Pro Glu Ala Glu Ala His Ser Ala Val Ala Asp Met Val Ser
 1220 1225 1230
 50 His Leu Val Lys Glu Tyr Arg Asp Ala Gln Asn Gly Thr Lys Gln Asp
 1235 1240 1245
 Gly Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr
 1250 1255 1260
 55 Gly Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His
 1265 1270 1275 1280
 60
 65

ES 2 362 041 T3

Asn Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser
 1620 1625 1630
 5 Thr Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr
 1635 1640 1645
 Arg Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro
 1650 1655 1660
 10 Ile Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn
 1665 1670 1675 1680
 Val Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr
 1685 1690 1695
 15 Thr Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser
 1700 1705 1710
 Lys Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr
 1715 1720 1725
 20 Ser Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg
 1730 1735 1740
 Val Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr
 1745 1750 1755 1760
 25 Thr Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp
 1765 1770 1775
 Pro Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp
 1780 1785 1790
 30 Gly Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr
 1795 1800 1805
 35 Lys Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn
 1810 1815 1820
 Ala Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser
 1825 1830 1835 1840
 40 Pro Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Leu Asp Gln Phe Ala Asn
 1845 1850 1855
 Lys Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys
 1860 1865 1870
 45 Ala Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu
 1875 1880 1885
 Arg Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn
 1890 1895 1900
 50 Lys Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu
 1905 1910 1915 1920
 Phe Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala
 1925 1930 1935
 55 Ile Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val
 1940 1945 1950
 60
 65

ES 2 362 041 T3

Val Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Pro Met Arg Ala
 1955 1960 1965
 Pro Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp
 1970 1975 1980
 Ala Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg
 1985 1990 1995 2000
 Arg Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys
 2005 2010 2015
 Gly Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala
 2020 2025 2030
 His Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn
 2035 2040 2045
 Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu
 2050 2055 2060
 Val Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val
 2065 2070 2075 2080
 Ile Ala Pro Leu Glu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu
 2085 2090 2095
 Gly Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala
 2100 2105 2110

30 <210> 17
 <211> 3247
 <212> DNA
 35 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 <221> CDS
 40 <222> (1479)..(3245)
 <220>
 <223> fhaB2
 45 <400> 17

gtcgaccttg cgggtgaaaa ggtatctcta aattttggcg atatcattca tgcttaccac 60
 50 aaccagcccc tatcaacaaa agttgttttt caattagtga aagatttgac ggaagtttta 120
 taccgttctg gctacgtgac aagtgcaatt ggtttaaaaa attcaaaaat cagcaatggc 180
 gatcttgaat ttattgtact gtggggaaga actcgcgac tgtttgtgaa tggggagaaa 240
 55 ccaaccggtt ttagagataa aacaatgta tcagtcctac ccaatttaat cggaaatcgc 300
 ttaagtattc acgacattga ccagttgate gaaatcttaa atactacgaa taaaaaagcc 360
 acagtgaatg tggttgcaag tgaagaaaaa ggcagctcaa atctaaatat tgaagacaa 420
 60 tatgatgttt ttccgcaagt gagtgtcgga ttcaataatt caggtgctgg caataatgcc 480
 aatgggcgta atcaagctac attgaatatt gcttggagtg atctattagg cacgaatgat 540
 65 cgttggagtt tctcgagtag ttaccgttta tataaaaatc atcatgctaa ccagcaacgc 600

ES 2 362 041 T3

aattatactt tgtcttacag tcagcctata ggcttttcta cagtagaat taaagcatcg 660
 gaatctacgt atgaaaaaga acttcgcggt ataatactc attcttctca tgggaaaacc 720
 5 caaagcttag ctgtcaagct gatgcattgt ttattgcgta ataaggagag tattttatct 780
 acatataccg agttcgagtt taaaaaacgg attagttatt tttctgatat tttgattggg 840
 10 aaatatcaca ataataaagt gagcgtaggg ttatcttaca tgactaattt tgcttacggg 900
 aagctttaca gcgacattgc ttacgcgaat ggggtgagat ggtttggggc gaattattca 960
 gcatatgatg caaatcgtga aaaaacctta aaattattgt caggaagtat taattggcag 1020
 15 cgtccaatat cectgttga acgtgcgatg aattatcaat tacgtattgg tgccaatat 1080
 ggttttgata gtttgtattc tgaaaatcaa ttttcaattg gtgatgaata tacagtaaga 1140
 ggatttaaaag gtgggtcggg ttctgggatg agtgggtcgt atttatcaca aacactgacg 1200
 20 gttccttttc atccacaaaa agcatattta tctcaggat ccccttttat tggatttgat 1260
 atgggtaaag tacatattaa atcaagcat aaaacaacca ctttagtcgg ttttgcccta 1320
 ggcttgaaaa cgcaataaaa gttattttca ttatcattaa cctatgcaca accaatgaat 1380
 25 ggtgtgagtg gtgttacgca acatcgtcaa aaaccgattt attatttctc aggatcactt 1440
 tctttttaat ctcttttaag ttttaaggatt aacttaat atg aac aaa aat cgt tac 1496
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr
 1 5
 30
 aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt ctc gtt cct gtg gca gaa 1544
 Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys Leu Val Pro Val Ala Glu
 10 15 20
 35 tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca tct gat tca aca tcc aca 1592
 Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser Ser Asp Ser Thr Ser Thr
 25 30 35
 40 tca gaa caa gtt gaa gag gaa cct ttc ctt cta gaa caa tat tca ctt 1640
 Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu Leu Glu Gln Tyr Ser Leu
 40 45 50
 45 tcc tcc gtg tct tta tta gta aaa agc acg ttc aat cct gtt tcc tat 1688
 Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr Phe Asn Pro Val Ser Tyr
 55 60 65 70
 50 gca atg caa ttg act tgg aaa cag ctt tct att tta ttt tta act gtg 1736
 Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu Phe Leu Thr Val
 75 80 85
 55 att tct gtt cct gtt ttg gct gag gga aaa ggg gat gaa aga aat caa 1784
 Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys Gly Asp Glu Arg Asn Gln
 90 95 100
 60 tta aca gtg att gat aat agc gat cat att aaa tta gat gca tct aat 1832
 Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile Lys Leu Asp Ala Ser Asn
 105 110 115
 65 ctt gct ggt aat gat aaa aca aaa atc tat caa gca gaa aat aaa gtt 1880
 Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr Gln Ala Glu Asn Lys Val
 120 125 130

ES 2 362 041 T3

ctg gtt att gat att gct aaa cca aat ggg aaa ggg att tca gat aac 1928
 Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly Lys Gly Ile Ser Asp Asn
 135 140 145 150

5 cgt ttt gaa aaa ttt aat att cca aat agc gcg gtg ttt aat aat aat 1976
 Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser Ala Val Phe Asn Asn Asn
 155 160 165

10 ggg act gaa gcg cag gca aga tca aca tta att ggt tac att ccg caa 2024
 Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu Ile Gly Tyr Ile Pro Gln
 170 175 180

aat caa aat tta agg gga ggg aaa gaa gct gat gtt ata tta aat caa 2072
 Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala Asp Val Ile Leu Asn Gln
 185 190 195

15 gtg aca ggt cct caa gaa agt aaa att gtt ggc gcg ctt gaa gta tta 2120
 Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val Gly Ala Leu Glu Val Leu
 200 205 210

20 ggt aaa aaa gct gat atc gtc att gca aac caa aat ggt att acc tta 2168
 Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Thr Leu
 215 220 225 230

aat ggt gta aga aca ata aat tca gat cgt ttt gtt gcc act acg agt 2216
 Asn Gly Val Arg Thr Ile Asn Ser Asp Arg Phe Val Ala Thr Thr Ser
 235 240 245

25 gag ctt ata gat ccg aat cag atg atg tta aag gtt aca aaa gga aat 2264
 Glu Leu Ile Asp Pro Asn Gln Met Met Leu Lys Val Thr Lys Gly Asn
 250 255 260

30 gtg atc att gat att gat ggt ttt tcg aca gat gga tta aag tat tta 2312
 Val Ile Ile Asp Ile Asp Gly Phe Ser Thr Asp Gly Leu Lys Tyr Leu
 265 270 275

gat att att gct aaa aaa att gaa caa aag caa tca att aca tca ggg 2360
 Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile Glu Gln Lys Gln Ser Ile Thr Ser Gly
 280 285 290

35 gat aat tca gaa gca aaa aca gat gtc act ctt att gcg ggt tcc agt 2408
 Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr Leu Ile Ala Gly Ser Ser
 295 300 305 310

40 gaa tat gat tta agc aaa cat gag ctg aaa aaa acg agc ggt gaa aat 2456
 Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys Lys Thr Ser Gly Glu Asn
 315 320 325

45 gta tct aat gat gtt att gct atc acg gga tct agt aca ggc gca atg 2504
 Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly Ser Ser Thr Gly Ala Met
 330 335 340

cat ggt aaa aat att aag ttg att gtg aca gat aaa ggt gca ggc gta 2552
 His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val
 345 350 355

50 aaa cat gat gga att att ttg tct gaa aat gat att cag att gaa atg 2600
 Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser Glu Asn Asp Ile Gln Ile Glu Met
 360 365 370

55 aat gaa ggt gac tta gaa ctt ggc aat acg att cag caa aca gtg gta 2648
 Asn Glu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr Ile Gln Gln Thr Val Val
 375 380 385 390

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45

```

aaa aaa gac cga aat att cga gcc aag aaa aaa att gaa gtg aaa aac 2696
Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys Lys Ile Glu Val Lys Asn
      395                      400                      405

gct aat cgt gtt ttt gtt ggt agt caa acg aaa tca gat gaa att tcg 2744
Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr Lys Ser Asp Glu Ile Ser
      410                      415                      420

tta gag gcg aaa caa gtt aaa atc aga aaa aac gca gag att agg agt 2792
Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys Asn Ala Glu Ile Arg Ser
      425                      430                      435

acg aca caa gcc aaa atc gta gca aag ggt gcc ctg tct att gag caa 2840
Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly Ala Leu Ser Ile Glu Gln
      440                      445                      450

aat gcg aag ctc gtc gct aaa aag ata gat gtg gca aca gaa act cta 2888
Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp Val Ala Thr Glu Thr Leu
      455                      460                      465                      470

act aat gct ggg cgt att tat ggt cga gag gtt aag ctt gac act aat 2936
Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu Val Lys Leu Asp Thr Asn
      475                      480                      485

aat ttg att aat gat aaa gaa att tat gct gaa cgg aaa ttg agt att 2984
Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala Glu Arg Lys Leu Ser Ile
      490                      495                      500

ttg acg aaa gga aaa gat ctt gaa att att caa gat aga tat ttg tct 3032
Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile Gln Asp Arg Tyr Leu Ser
      505                      510                      515

cca ctg atg cgc gta aaa agt agt gtc cgc ttt tta ggc tct ccg ttt 3080
Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg Phe Leu Gly Ser Pro Phe
      520                      525                      530

tte tca ata tct ccg tcg atg ctc gca agc ctt agt gca cag ttt aag 3128
Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser Leu Ser Ala Gln Phe Lys
      535                      540                      545                      550

cct ggt ttt gtg aat aag gga ctc att gaa agt gcg ggg agt gca gaa 3176.
Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu Ser Ala Gly Ser Ala Glu
      555                      560                      565

tta act ttt aaa gaa aaa acc agt ttt tta aca gag ggc aat aat ttt 3224
Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu Thr Glu Gly Asn Asn Phe
      570                      575                      580

att aga gct aaa gat gcg tta ac 3247
Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu
      585
  
```

50 <210> 18
 <211> 589
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*
 55

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 18

Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
 1 5 10 15

5 Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser
 20 25 30

Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
 35 40 45

10 Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
 50 55 60

Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
 65 70 75 80

15 Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys
 85 90 95

Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile
 100 105 110

20 Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr
 115 120 125

Gln Ala Glu Asn Lys Val Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly
 130 135 140

25 Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser
 145 150 155 160

30 Ala Val Phe Asn Asn Asn Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu
 165 170 175

Ile Gly Tyr Ile Pro Gln Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala
 180 185 190

35 Asp Val Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val
 195 200 205

Gly Ala Leu Glu Val Leu Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn
 210 215 220

40 Gln Asn Gly Ile Thr Leu Asn Gly Val Arg Thr Ile Asn Ser Asp Arg
 225 230 235 240

Phe Val Ala Thr Thr Ser Glu Leu Ile Asp Pro Asn Gln Met Met Leu
 245 250 255

45 Lys Val Thr Lys Gly Asn Val Ile Ile Asp Ile Asp Gly Phe Ser Thr
 260 265 270

Asp Gly Leu Lys Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile Glu Gln Lys
 275 280 285

50 Gln Ser Ile Thr Ser Gly Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr
 290 295 300

Leu Ile Ala Gly Ser Ser Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys
 305 310 315 320

55 Lys Thr Ser Gly Glu Asn Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly
 325 330 335

60 Ser Ser Thr Gly Ala Met His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr
 340 345 350

65

ES 2 362 041 T3

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

45 <210> 19
 <211> 3427
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*

50 <220>
 <221> CDS
 55 <222> (1)..(1446)

<220>
 <223> fhaC

60 <400> 19

65 gtc gac ctt gcg ggt gaa aag gta tct cta aat ttt ggc gat atc att 48
 Val Asp Leu Ala Gly Glu Lys Val Ser Leu Asn Phe Gly Asp Ile Ile
 1 5 10 15

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

```

cat gct tac caa aac cag ccc cta tca aca aaa gtt gtt ttt caa tta 96
His Ala Tyr Gln Asn Gln Pro Leu Ser Thr Lys Val Val Phe Gln Leu
      20                                25                                30

gtg aaa gat ttg acg gaa gtt tta tac cgt tct ggc tac gtg aca agt 144
Val Lys Asp Leu Thr Glu Val Leu Tyr Arg Ser Gly Tyr Val Thr Ser
      35                                40                                45

gca att ggt tta aaa aat tca aaa atc agc aat ggc gat ctt gaa ttt 192
Ala Ile Gly Leu Lys Asn Ser Lys Ile Ser Asn Gly Asp Leu Glu Phe
      50                                55                                60

att gta ctg tgg gga aga act cgc gat ctg ttt gtg aat ggg gag aaa 240
Ile Val Leu Trp Gly Arg Thr Arg Asp Leu Phe Val Asn Gly Glu Lys 80
      65                                70                                75

cca acc cgt ttt aga gat aaa aca atg tta tca gtc cta ccc aat tta 288
Pro Thr Arg Phe Arg Asp Lys Thr Met Leu Ser Val Leu Pro Asn Leu
      85                                90                                95

atc gga aat cgc tta agt att cac gac att gac cag ttg atc gaa atc 336
Ile Gly Asn Arg Leu Ser Ile His Asp Ile Asp Gln Leu Ile Glu Ile
      100                               105                               110

tta aat act acg aat aaa aaa gcc aca gtg aat gtg gtt gca agt gaa 384
Leu Asn Thr Thr Asn Lys Lys Ala Thr Val Asn Val Val Ala Ser Glu
      115                               120                               125

gaa aaa ggc agc tca aat cta aat att gaa aga caa tat gat gtt ttt 432
Glu Lys Gly Ser Ser Asn Leu Asn Ile Glu Arg Gln Tyr Asp Val Phe
      130                               135                               140

ccg caa gtg agt gtc gga ttc aat aat tca ggt gct ggc aat aat gcc 480
Pro Gln Val Ser Val Gly Phe Asn Asn Ser Gly Ala Gly Asn Asn Ala
      145                               150                               155                               160

aat ggg cgt aat caa gct aca ttg aat att gct tgg agt gat cta tta 528
Asn Gly Arg Asn Gln Ala Thr Leu Asn Ile Ala Trp Ser Asp Leu Leu
      165                               170                               175

ggc acg aat gat cgt tgg agt ttc tcg agt agt tac cgt tta tat aaa 576
Gly Thr Asn Asp Arg Trp Ser Phe Ser Ser Ser Tyr Arg Leu Tyr Lys
      180                               185                               190

aat cat cat gct aac cag caa cgc aat tat act ttg tct tac agt cag 624
Asn His His Ala Asn Gln Gln Arg Asn Tyr Thr Leu Ser Tyr Ser Gln
      195                               200                               205

cct ata ggc ttt tct aca gta gaa att aaa gca tcg gaa tct acg tat 672
Pro Ile Gly Phe Ser Thr Val Glu Ile Lys Ala Ser Glu Ser Thr Tyr
      210                               215                               220

gaa aaa gaa ctt cgc ggt ata aat act cat tct tct cat ggg aaa acc 720
Glu Lys Glu Leu Arg Gly Ile Asn Thr His Ser Ser His Gly Lys Thr
      225                               230                               235                               240

caa agc tta gct gtc aag ctg atg cat gtg tta ttg cgt aat aag gag 768
Gln Ser Leu Ala Val Lys Leu Met His Val Leu Leu Arg Asn Lys Glu
      245                               250                               255

agt att tta tct aca tat acc gag ttc gag ttt aaa aaa cgg att agt 816
Ser Ile Leu Ser Thr Tyr Thr Glu Phe Glu Phe Lys Lys Arg Ile Ser
      260                               265                               270
  
```

ES 2 362 041 T3

5 tat ttt tct gat att ttg att ggg aaa tat cac aat aat aaa gtg agc 864
 Tyr Phe Ser Asp Ile Leu Ile Gly Lys Tyr His Asn Asn Lys Val Ser
 275 280 285

10 gta ggg tta tct tac atg act aat ttt gct tac ggg aag ctt tac agc 912
 Val Gly Leu Ser Tyr Met Thr Asn Phe Ala Tyr Gly Lys Leu Tyr Ser
 290 295 300

15 gac att gct tac gcg aat ggg ttg aga tgg ttt ggg gcg aat tat tca 960
 Asp Ile Ala Tyr Ala Asn Gly Leu Arg Trp Phe Gly Ala Asn Tyr Ser
 305 310 315 320

20 gca tat gat gca aat cgt gaa aaa acc tta aaa tta ttg tca gga agt 1008
 Ala Tyr Asp Ala Asn Arg Glu Lys Thr Leu Lys Leu Leu Ser Gly Ser
 325 330 335

25 att aat tgg cag cgt cca ata tcc ctg ttt gaa cgt gcg atg aat tat 1056
 Ile Asn Trp Gln Arg Pro Ile Ser Leu Phe Glu Arg Ala Met Asn Tyr
 340 345 350

30 caa tta cgt att ggt gcc caa tat ggt ttt gat agt ttg tat tct gaa 1104
 Gln Leu Arg Ile Gly Ala Gln Tyr Gly Phe Asp Ser Leu Tyr Ser Glu
 355 360 365

35 aat caa ttt tca att ggt gat gaa tat aca gta aga gga ttt aaa ggt 1152
 Asn Gln Phe Ser Ile Gly Asp Glu Tyr Thr Val Arg Gly Phe Lys Gly
 370 375 380

40 ggg gcg gtt tct ggt gat agt ggt gcg tat tta tca caa aca ctg acg 1200
 Gly Ala Val Ser Gly Asp Ser Gly Ala Tyr Leu Ser Gln Thr Leu Thr
 385 390 395 400

45 ggt cct ttt tat cca caa aaa gca tat tta tct cag gta tcc cct ttt 1248
 Val Pro Phe Tyr Pro Gln Lys Ala Tyr Leu Ser Gln Val Ser Pro Phe
 405 410 415

50 att gga ttt gat atg ggt aaa gta cat att aaa tca aag cat aaa aca 1296
 Ile Gly Phe Asp Met Gly Lys Val His Ile Lys Ser Lys His Lys Thr
 420 425 430

55 acc act tta gtc ggt ttt gcc cta gcc ttg aaa acg caa ata aag tta 1344
 Thr Thr Leu Val Gly Phe Ala Leu Gly Leu Lys Thr Gln Ile Lys Leu
 435 440 445

60 ttt tca tta tca tta acc tat gca caa cca atg aat ggt gtg agt ggt 1392
 Phe Ser Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Gln Pro Met Asn Gly Val Ser Gly
 450 455 460

65 ggt acg caa cat cgt caa aaa ccg att tat tat ttc tca gga tca ctt 1440
 Val Thr Gln His Arg Gln Lys Pro Ile Tyr Tyr Phe Ser Gly Ser Leu
 465 470 475 480

70 tct ttt taatctcttt taagttaag gattaactta atatgaacaa aaatcgttac 1496
 Ser Phe

75 aaactcattt ttagtcaagt caaagggtgt ctcgttcctg tggcagaatg tattaactca 1556

80 gctattagca atggttcac tgattcaaca tccacatcag aacaagttga agaggaacct 1616

85 ttccttctag aacaatattc actttcctcc gtgtctttat tagtaaaaag cacgttcaat 1676

90 cctgtttcgt atgcaatgca attgacttgg aaacagcttt ctattttatt ttaactgtg 1736

ES 2 362 041 T3

<400> 20

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

65

ES 2 362 041 T3

Gln Leu Arg Ile Gly Ala Gln Tyr Gly Phe Asp Ser Leu Tyr Ser Glu
 355 360 365
 Asn Gln Phe Ser Ile Gly Asp Glu Tyr Thr Val Arg Gly Phe Lys Gly
 370 375 380
 Gly Ala Val Ser Gly Asp Ser Gly Ala Tyr Leu Ser Gln Thr Leu Thr
 385 390 395 400
 Val Pro Phe Tyr Pro Gln Lys Ala Tyr Leu Ser Gln Val Ser Pro Phe
 405 410 415
 Ile Gly Phe Asp Met Gly Lys Val His Ile Lys Ser Lys His Lys Thr
 420 425 430
 Thr Thr Leu Val Gly Phe Ala Leu Gly Leu Lys Thr Gln Ile Lys Leu
 435 440 445
 Phe Ser Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Gln Pro Met Asn Gly Val Ser Gly
 450 455 460
 Val Thr Gln His Arg Gln Lys Pro Ile Tyr Tyr Phe Ser Gly Ser Leu
 465 470 475 480
 Ser Phe

<210> 21

<211> 1170

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (639)..(1022)

<220>

<223> greA

<400> 21

gtcaacaaac ggcaaccact tcggcaaaaa gcgattgcgc ttgtgttctg ctctaagctc 60
 aagcgttggg atcgcgcgaa ttgcgttgac cactggtgag atcggggcca cctgtaaaac 120
 gtacgataag atcgccoatgc atttcattgt tttttatttt tccattgggtt aatagactgg 180
 tttcaaattg aaattgggtca cttagtagca gtttggcggg taaggcgggtg agcacttttt 240
 gtgtactggc gggtaacata aaggtagctg cttggtgcgc tacaattttt tcattacgat 300
 ttaagttttt agccacaaaa cctaggctgg tcccttcggg taaatgagcg ttgatttcag 360
 caagatcaat ctcagcataa ctgaaatgac tgacgagtaa actacatata agtatcgttc 420
 gtttgaaaag gcgtaaaagc gtggcagtaa aaaaagaaga tattttatac ataattggct 480
 cgagcagttg ctattttttt attgtcgaac aataatagta tttgaaccct cgagagtaaa 540
 tccttttctc gttaaacact tattttttta ttcaactacg gcattgtttt tacaatggtg 600

ES 2 362 041 T3

gca gac ctt tcc act caa ctc acc aaa act atc cgc ctc aat atc cca 1108
 Ala Asp Leu Ser Thr Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro
 30 35 40

5 atg tta tcc gcc gcc atg gat acc gtg aca gaa act aaa ctg gca atc 1156
 Met Leu Ser Ala Ala Met Asp Thr Val Thr Glu Thr Lys Leu Ala Ile
 45 50 55

10 tct ctt gca caa gaa ggt ggc atc ggg ttt att cat aaa aat atg tct 1204
 Ser Leu Ala Gln Glu Gly Gly Ile Gly Phe Ile His Lys Asn Met Ser
 60 65 70 75

att gag cgt caa gcg gaa cgt gtc cgc aaa gtg aaa aaa ttt gag agc 1252
 Ile Glu Arg Gln Ala Glu Arg Val Arg Lys Val Lys Lys Phe Glu Ser
 80 85 90

15 ggt att gta tcc gat cct gtc acc gtt tca cca acc tta tct tta gca 1300
 Gly Ile Val Ser Asp Pro Val Thr Lys Asn Gly Phe Ala Ser Phe Pro Val
 95 100 105

20 gaa tta agt gaa tta gtg aag aaa aat ggt ttt gcg agt ttc cct gtt 1348
 Glu Leu Ser Glu Leu Val Lys Lys Asn Gly Phe Ala Ser Phe Pro Val
 110 115 120

gtt gat gat gaa aaa aat ctt gtc ggt atc att act ggt cgt gat aca 1396
 Val Asp Asp Glu Lys Asn Leu Val Gly Ile Ile Thr Gly Arg Asp Thr
 125 130 135

25 cgc ttt gtc acg gat tta aat aaa aca gtg gcg gac ttt atg acc cct 1444
 Arg Phe Val Thr Asp Leu Asn Lys Thr Val Ala Asp Phe Met Thr Pro
 140 145 150 155

30 aaa gct cgt ctt gtc acg gtg aaa cgc aat gca agt cgc gat gaa att 1492
 Lys Ala Arg Leu Val Thr Val Lys Arg Asn Ala Ser Arg Asp Glu Ile
 160 165 170

ttt ggt cta atg cat aca cac cgt gta gaa aaa gtc ctt gtt gtc agc 1540
 Phe Gly Leu Met His Thr His Arg Val Glu Lys Val Leu Val Val Ser
 175 180 185

35 gac gat ttc aaa tta aaa ggc atg atc acc tta aaa gac tac caa aaa 1588
 Asp Asp Phe Lys Leu Lys Gly Met Ile Thr Leu Lys Asp Tyr Gln Lys
 190 195 200

40 tcc gag caa aaa cca caa gcc tgt aaa gat gaa ttt ggt cgt tta cgt 1636
 Ser Glu Gln Lys Pro Gln Ala Cys Lys Asp Glu Phe Gly Arg Leu Arg
 205 210 215

gtc ggt gct gca gta gga gca gga cct ggt aat gaa gaa cgt att gat 1684
 Val Gly Ala Ala Val Gly Ala Gly Pro Gly Asn Glu Glu Arg Ile Asp
 220 225 230 235

45 gca tta gtg aaa gca ggg gtc gat gtg tta ttg att gac tca tca cac 1732
 Ala Leu Val Lys Ala Gly Val Asp Val Leu Leu Ile Asp Ser Ser His
 240 245 250

50 ggt cat tca gaa ggt gtg tta caa cgt gtg cgt gaa act cgt gcg aaa 1780
 Gly His Ser Glu Gly Val Leu Gln Arg Val Arg Glu Thr Arg Ala Lys
 255 260 265

55 tac cca gat ttg cca att gtt gca ggt aat gtg gca acc gct gaa gcc 1828
 Tyr Pro Asp Leu Pro Ile Val Ala Gly Asn Val Ala Thr Ala Glu Gly
 270 275 280

ES 2 362 041 T3

gca att gcg ttg gct gat gca ggg gca agt gca gtg aaa gtg ggg att 1876
 Ala Ile Ala Leu Ala Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Lys Val Gly Ile
 285 290 295

5

ggt cct ggt tca att tgt aca aca cgt att gtc aca ggc gtg ggc gtt 1924
 Gly Pro Gly Ser Ile Cys Thr Thr Arg Ile Val Thr Gly Val Gly Val
 300 305 310 315

10

cca caa att aca gcg att gcc gat gcg gca gaa gca cta aaa gat cgg 1972
 Pro Gln Ile Thr Ala Ile Ala Asp Ala Ala Glu Ala Leu Lys Asp Arg
 320 325 330

15

ggt att cct gtg att gca gat ggc ggt atc cgt ttc tct ggt gat att 2020
 Gly Ile Pro Val Ile Ala Asp Gly Gly Ile Arg Phe Ser Gly Asp Ile
 335 340 345

20

tcg aaa gcc att gcg gcg ggc gcc tct tgt gtt atg gtg ggt tcc atg 2068
 Ser Lys Ala Ile Ala Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met
 350 355 360

25

ttt gca ggt aca gaa gaa gca cca ggt gaa atc gaa ctt tat caa ggt 2116
 Phe Ala Gly Thr Glu Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly
 365 370 375

30

cgt gcc ttt aaa tct tat cga ggt atg gga tcg tta ggt gcg atg agc 2164
 Arg Ala Phe Lys Ser Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser
 380 385 390 395

35

aaa ggc tca agc gac cgc tat ttc cag tcc gat aat gca gct gac aaa 2212
 Lys Gly Ser Ser Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys
 400 405 410

40

tta gta cca gaa ggt att gaa gga cgt att cca tat aaa gga ttc tta 2260
 Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu
 415 420 425

45

aaa gaa att atc cat caa caa atg ggt gga ttg cgt tct tgt atg ggc 2308
 Lys Glu Ile Ile His Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly
 430 435 440

50

tta acg ggt tgt gca acc att gat gaa etc cgt acc aaa gcg cag ttt 2356
 Leu Thr Gly Cys Ala Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe
 445 450 455

55

gtg cgc att agt ggt gca ggg atc caa gaa agc cat gtg cat gat gtg 2404
 Val Arg Ile Ser Gly Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val
 460 465 470 475

60

act atc aca aaa gaa gcc cct aat tat cgt atg ggt taaacattgc 2450
 Thr Ile Thr Lys Glu Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
 480 485

65

ttaggtgggg attatcccca cctaagttta ttttaataa caacgttaat agagaagcct 2510
 atttttatgt atggcattaa aattaaaaat gttattaaac tttttctatt aaagttttta 2570
 agaaataaat atcgatataa aatcaatatt caacatcatc tcattagtat tgaaggaaaa 2630
 tcgcggtgagt ttgatttaag ccagctaaac tatgtttatt tgggtgaaaga tcctgagata 2690
 agaaataatc gactgacact gtacttgaat gattttttca aaattggggg aaattatcat 2750
 ggatttactc aatgtatca gacactatca tccaagtatg gttttgatga cgcaacgttt 2810

ES 2 362 041 T3

5 tttgaatatc tttgtaagaa agggcctttt tctattcaaa tttggcgtaa aaaacaact 2870
 caaaattatg tgattcctga tgaagcctat actgactata cacaaggttt tgaattcaa 2930
 tctcctgaaa aaatatttat tccttggggg actacttatg aagccttatt tcagcagaca 2990
 caatttaag aaaaaggaat ctcttatgac tttatcttcc ctattcggat agggcgctta 3050
 10 ttactcaagg atgtgtggat cacaccaagt gtccgaaaag atgtaccgat tttagcgta 3110
 tacactgagt gctatcatga atccgcgaca gaaaaaagt atcaggaatt aaccgcccga 3170
 ttacgtgaga accaacagt aatcagatca tgtgttgaag aacgagccga tccgaatta 3230
 15 tataagtctg ttttacgcct taacgcgaca gaatttgaat tgcgttatta tcgacatata 3290
 cgagacgatt ttgatagggg atacactaaa ttcagcatta gagatcgcac agactattta 3350
 gattatgtga tcaacgagcc ttatgaaaat caattagtga taacggatta tttagtgatt 3410
 20 gaggcgcaa atttaataaa aatggattat accgataatt ccattattaa acgccgacca 3470
 ccaaaaataa aagaaaagt tcgtgatgca caaagcctga tttggacaga tgatctcaat 3530
 cataaaatcg gttttaccag tgatgaccgc gctatcgtct ttgataaagc ggacattgaa 3590
 25 tcctttactc tggcaaatat agagacaacc cgaagacata atcgcagttc actcagcacc 3650
 tgttttgtgg ataaaaataa ggaagccatc actgtatttc tagctgaaca tcattttctg 3710
 ataccctatg tggataaaat aaaaacactg acacaaaaag aggtgttgtt tcttgaagaa 3770
 30 tatatagagg atgtttaaaa aaccgataac atcttgatgt catcgcaat tcaaaactcc 3830
 tttacacaat atatttaaac ttaaccoga tttaatattt acgtaaaaac aactaagaga 3890
 acttaantga acaacattca caaccataaa attttaattt tggacttcgg ttcacaatat 3950
 35 acccagttga ttgcccgcg tgtacgtgaa attggcgtgt actgcgaact ttgggeatgg 4010
 gatgtatccg aagccgatat tcgtgagttt aatccaactg ggattattct ttctggtggt 4070
 cctgaaagta ccaactgaaga aaacagccca cgagctcccg aatcagttat caacgcgggt 4130
 40 gtaccctgat tagggatctg ttatgggatg caaacctatg cgatgcaact aggtggttta 4190
 actgaaactt ctactcaccg agaatttggg tatgcatcag tgaatctaaa agccgcggac 4250
 gcgttatctg ctcaattaa tgatgatgtc gcaagttcac agcccaaatt agacgtttg 4310
 45 atgagccatg gcgataaagt gacgcgtttg ccagatcatt tccaagtca cgcgatgacc 4370
 tcaacctgtc caatcgcagc tatgtcggat gaacgtcgtc gtttttatgg tgtccaatc 4430
 caccagaag tgactcatac aaaaagcggg cttgaattat taacgaattt tgtggtgaag 4490
 50 atctgtggtt gtgaacgtaa ctggacacca gaaaatatca ttgaagatgc cgttgcctcg 4550
 cttaaagcac aagtgggcga tgatgaagtg atcttaggct tatctggtgg cgttactgc 4610
 55 cgtataggca gcttagaaaa agtgcccgcg ctacgttaa tccccgtaag cgttga 4666

<210> 24

60 <211> 487

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

65

ES 2 362 041 T3

<400> 24

5 Met Leu Arg Val Ile Lys Glu Ala Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu
1 5 10 15

Val Pro Ala His Ser Thr Val Leu Pro Asn Thr Ala Asp Leu Ser Thr
20 25 30

10 Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro Met Leu Ser Ala Ala
35 40 45

Met Asp Thr Val Thr Glu Thr Lys Leu Ala Ile Ser Leu Ala Gln Glu
50 55 60

15 Gly Gly Ile Gly Phe Ile His Lys Asn Met Ser Ile Glu Arg Gln Ala
65 70 75 80

Glu Arg Val Arg Lys Val Lys Lys Phe Glu Ser Gly Ile Val Ser Asp
85 90 95

20 Pro Val Thr Val Ser Pro Thr Leu Ser Leu Ala Glu Leu Ser Glu Leu
100 105 110

Val Lys Lys Asn Gly Phe Ala Ser Phe Pro Val Val Asp Asp Glu Lys
115 120 125

25 Asn Leu Val Gly Ile Ile Thr Gly Arg Asp Thr Arg Phe Val Thr Asp
130 135 140

Leu Asn Lys Thr Val Ala Asp Phe Met Thr Pro Lys Ala Arg Leu Val
145 150 155 160

30 Thr Val Lys Arg Asn Ala Ser Arg Asp Glu Ile Phe Gly Leu Met His
165 170 175

Thr His Arg Val Glu Lys Val Leu Val Val Ser Asp Asp Phe Lys Leu
180 185 190

35 Lys Gly Met Ile Thr Leu Lys Asp Tyr Gln Lys Ser Glu Gln Lys Pro
195 200 205

Gln Ala Cys Lys Asp Glu Phe Gly Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Val
210 215 220

Gly Ala Gly Pro Gly Asn Glu Glu Arg Ile Asp Ala Leu Val Lys Ala
225 230 235 240

45 Gly Val Asp Val Leu Leu Ile Asp Ser Ser His Gly His Ser Glu Gly
245 250 255

Val Leu Gln Arg Val Arg Glu Thr Arg Ala Lys Tyr Pro Asp Leu Pro
260 265 270

50 Ile Val Ala Gly Asn Val Ala Thr Ala Glu Gly Ala Ile Ala Leu Ala
275 280 285

Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Lys Val Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile
290 295 300

55

60

65

ES 2 362 041 T3

Cys Thr Thr Arg Ile Val Thr Gly Val Gly Val Pro Gln Ile Thr Ala
 305 310 315 320
 Ile Ala Asp Ala Ala Glu Ala Leu Lys Asp Arg Gly Ile Pro Val Ile
 5 325 330 335
 Ala Asp Gly Gly Ile Arg Phe Ser Gly Asp Ile Ser Lys Ala Ile Ala
 340 345 350
 Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met Phe Ala Gly Thr Glu
 10 355 360 365
 Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly Arg Ala Phe Lys Ser
 370 375 380
 Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser Lys Gly Ser Ser Asp
 15 385 390 395 400
 Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly
 20 405 410 415
 Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu Lys Glu Ile Ile His
 420 425 430
 Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly Leu Thr Gly Cys Ala
 25 435 440 445
 Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe Val Arg Ile Ser Gly
 450 455 460
 Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val Thr Ile Thr Lys Glu
 30 465 470 475 480
 Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
 485

35 <210> 25
 <211> 2364
 <212> DNA
 40 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 <221> CDS
 45 <222> (191)..(1828)
 <220>
 <223> Hi1501
 50 <400> 25

gtcaacactc atcgcacagc tgaggcattt cccgaaagct gatcatgatg atggacctga 60
 55 tgcgctagag atgctgtgga aaaatgcggt aagcagctct gccccgattg agttcatgac 120
 aattgacggc gatttagggc gtgatgaatt tgatgacggc gatttataca gatttggcg 180
 60 gagataaaaa atg gcg aag aaa aag aaa aaa tta caa caa gcg aaa aaa 229
 Met Ala Lys Lys Lys Lys Lys Leu Gln Gln Ala Lys Lys
 1 5 10
 gta caa gtt ggc tta gat aca caa aca aat gag gcg cgt gtc acg gag 277
 65 Val Gln Val Gly Leu Asp Thr Gln Thr Asn Glu Ala Arg Val Thr Glu
 15 20 25

ES 2 362 041 T3

	aca gga aga att att tct gat cac cca agc aat aaa att acc ccc gca	325
	Thr Gly Arg Ile Ile Ser Asp His Pro Ser Asn Lys Ile Thr Pro Ala	
	30 35 40 45	
5	aag tta aaa ggg att tta gaa gat gct gaa ggt ggt gat att acc gcg	373
	Lys Leu Lys Gly Ile Leu Glu Asp Ala Glu Gly Gly Asp Ile Thr Ala	
	50 55 60	
	caa cat gag ctt ttc atg gat att gaa gaa cgc gac agt tgc atc ggg	421
	Gln His Glu Leu Phe Met Asp Ile Glu Glu Arg Asp Ser Cys Ile Gly	
10	65 70 75	
	gca aat att caa acc cgt aag cgt gcg att tta acc ctt gac tgg cgc	469
	Ala Asn Ile Gln Thr Arg Lys Arg Ala Ile Leu Thr Leu Asp Trp Arg	
	80 85 90	
15	att gca gag cca cgt aat gcc aca ccg caa gaa gaa aaa ctg caa gtc	517
	Ile Ala Glu Pro Arg Asn Ala Thr Pro Gln Glu Glu Lys Leu Gln Val	
	95 100 105	
	gaa att gac gag ctt ttc tat caa ttc cca atg cta gaa gat tta atg	565
	Glu Ile Asp Glu Leu Phe Tyr Gln Phe Pro Met Leu Glu Asp Leu Met	
20	110 115 120 125	
	gtg gat atg atg gat gcg gta gga cat ggt ttt tcg gcg tta gaa att	613
	Val Asp Met Met Asp Ala Val Gly His Gly Phe Ser Ala Leu Glu Ile	
	130 135 140	
25	gaa tgg aag caa gct gaa agt aaa tgg att cca gtt aat ttt atc gca	661
	Glu Trp Lys Gln Ala Glu Ser Lys Trp Ile Pro Val Asn Phe Ile Ala	
	145 150 155	
	cgt ccg cag tcg tgg ttt aaa cta gac aag gat gat aat tta ctg ctt	709
	Arg Pro Gln Ser Trp Phe Lys Leu Asp Lys Asp Asp Asn Leu Leu Leu	
30	160 165 170	
	aaa acg cca gat aat caa gac ggt gag ccg ttg aga caa tat ggc tgg	757
	Lys Thr Pro Asp Asn Gln Asp Gly Glu Pro Leu Arg Gln Tyr Gly Trp	
	175 180 185	
35	gta gtg cat acc cac aaa tca aga aca gta cag ctt gct cgt atg ggt	805
	Val Val His Thr His Lys Ser Arg Thr Val Gln Leu Ala Arg Met Gly	
	190 195 200 205	
	tta ttt aga acg ctc gca tgg ctt tat atg ttt aaa cac tac tcg gtg	853
	Leu Phe Arg Thr Leu Ala Trp Leu Tyr Met Phe Lys His Tyr Ser Val	
40	210 215 220	
	cat gat ttt gcc gaa ttt cta gag ctt tat ggt atg ccg att cgt att	901
	His Asp Phe Ala Glu Phe Leu Glu Leu Tyr Gly Met Pro Ile Arg Ile	
	225 230 235	
45	ggt aaa tac cca ttt ggg gca acg aat gac gaa aag cgc aca tta ttg	949
	Gly Lys Tyr Pro Phe Gly Ala Thr Asn Asp Glu Lys Arg Thr Leu Leu	
	240 245 250	
	cgt gca ctt gct caa atc gga cat aac gca gca ggg att atg cca gaa	997
	Arg Ala Leu Ala Gln Ile Gly His Asn Ala Ala Gly Ile Met Pro Glu	
50	255 260 265	
	gga atg aat gtt gag ttg cat aat gtg aca aac act act ggc tcg gct	1045
	Gly Met Asn Val Glu Leu His Asn Val Thr Asn Thr Thr Gly Ser Ala	
55	270 275 280 285	
60		
65		

ES 2 362 041 T3

gga gga act aat gtc taaaccgctt agttttctat tccgacttga accaacgcaa 1868
 Gly Gly Thr Asn Val
 545

5 gccattgagt ttttacataa taaaaatta cttgcaacga aagtgtttaa aaaatcactg 1928
 catgatagtg ccatcgcaag agctacaaca atcgcgagat tatctagtct tgagatgacg 1988
 aatgatattt ataatcaat ggaagttgcc aaaaaagagg gtaagagctt tacacaatgg 2048
 10 aaaaaagact tggtaagtga gtttgagaaa aaaggctggg tattcgggca tgataaatct 2108
 atcagtcgcg gtatcgacgg aaaactgttg gctgatccga aaacagggca atattttggt 2168
 acaccgcytc ggctgaatac aatttatcgt acaaacgtgc aagccgcata ttctcgggcg 2228
 15 cgctatcagc gcatgatgga taatattgat catcgccctt attggcaata ttccgctgtc 2288
 agcgatgagc gtacacgacc ctctcatctt gcactaaacy gtcgaattta tcgctatgat 2348
 gacccgtttt ggtcga 2364

<210> 26

<211> 546

25 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 26

30

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

60

65

ES 2 362 041 T3

Asp Asn Gln Asp Gly Glu Pro Leu Arg Gln Tyr Gly Trp Val Val His
 180 185 190
 5 Thr His Lys Ser Arg Thr Val Gln Leu Ala Arg Met Gly Leu Phe Arg
 195 200 205
 Thr Leu Ala Trp Leu Tyr Met Phe Lys His Tyr Ser Val His Asp Phe
 210 215 220
 10 Ala Glu Phe Leu Glu Leu Tyr Gly Met Pro Ile Arg Ile Gly Lys Tyr
 225 230 235 240
 Pro Phe Gly Ala Thr Asn Asp Glu Lys Arg Thr Leu Leu Arg Ala Leu
 245 250 255
 15 Ala Gln Ile Gly His Asn Ala Ala Gly Ile Met Pro Glu Gly Met Asn
 260 265 270
 Val Glu Leu His Asn Val Thr Asn Thr Thr Gly Ser Ala Gly Ser Asn
 275 280 285
 20 Pro Phe Leu Gln Met Val Asp Trp Cys Glu Lys Ser Ala Ala Arg Leu
 290 295 300
 Ile Leu Gly Gln Thr Leu Thr Ser Gly Ala Asp Gly Lys Thr Ser Thr
 305 310 315 320
 Asn Ala Leu Gly Gln Val His Asn Glu Val Arg Arg Asp Leu Leu Val
 325 330 335
 30 Ser Asp Ala Lys Gln Ile Ala Gln Thr Ile Thr Gln Gln Ile Ile Leu
 340 345 350
 Pro Tyr Leu Gln Ile Asn Ile Asp Pro Asn Ile Leu Pro Ser Arg Val
 355 360 365
 35 Pro Tyr Phe Glu Phe Asp Thr Lys Glu Tyr Ala Asp Leu Ser Val Leu
 370 375 380
 Ala Asp Ala Ile Pro Lys Leu Val Ser Val Gly Val Arg Ile Pro Glu
 385 390 395 400
 40 Asn Trp Val Arg Asp Lys Ala Gly Ile Pro Glu Pro Gln Glu Asn Glu
 405 410 415
 Thr Ile Leu Ser Ala Val Gln His Asp Phe Lys Thr Asp Leu Asn Asp
 420 425 430
 45 Val Glu Asn Pro Lys Lys Gln Thr Ala Leu Ser Val Gln Asn His Val
 435 440 445
 Thr Gly Cys Gln Cys Asp Gly Cys Arg Gly Val Ala Leu Ser Ala Asn
 450 455 460
 50 Asn Asn Ser Ser Thr Ala Gln Gly Val Leu Asp Gly Gly Leu Ala Gln
 465 470 475 480
 55 Ala Phe Asn Glu Pro Asp Phe Asn Lys Gln Leu Asn Pro Met Val Lys
 485 490 495
 Lys Ala Val Ala Val Leu Met Ala Cys Asp Ser Tyr Asp Glu Ala Ala
 500 505 510
 60
 Glu Lys Leu Ala Glu Ala Tyr Pro Glu Ile Ser Ser His Glu His Glu
 515 520 525
 65 Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Leu Phe Leu Ala Asp Leu Leu Gly Gly Thr
 530 535 540
 Asn Val
 545

ES 2 362 041 T3

<210> 27
 <211> 1353
 <212> DNA
 5 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 <223> hmbR
 10 <220>
 <221> CDS
 <222> (2)..(1351)
 15 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 125
 20 <223> Xaa = any or unknown amino acid
 <220>
 25 <221> misc_feature
 <222> 133
 <223> Xaa = any or unknown amino acid
 30 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 141
 <223> Xaa = any or unknown amino acid
 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 151
 40 <223> Xaa = any or unknown amino acid
 <400> 27

45 **g tca acg aaa gtc ggt tac gat att aat aac act cat cgt ttt aca ctg 49**
Ser Thr Lys Val Gly Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu
1 5 10 15

50 **ttt tta gaa gat cgc cgt gaa aag aag ctt acc gaa gaa aaa aca tta 97**
Phe Leu Glu Asp Arg Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu
20 25 30

55 **ggg ctt agt gat gca gtg cgt ttt gct aat gat caa acc cct tat etc 145**
Gly Leu Ser Asp Ala Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu
35 40 45

60 **cgt tat ggt att gaa tat cga tat aac ggc ttg tct tgg ttg gaa acg 193**
Arg Tyr Gly Ile Glu Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr
50 55 60

65 **gta aag ctt ttt ttg gca aag cag aas atc gaa caa cgt tct gct etc 241**
Val Lys Leu Phe Leu Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu
65 70 75 80

ES 2 362 041 T3

caa gag ttt gat att aat aat agg aat aaa ttg gat tcg act atg tcg 289
 Gln Glu Phe Asp Ile Asn Asn Arg Asn Lys Leu Asp Ser Thr Met Ser
 85 90 95

5

ttt gta tat tta caa aga cag aat ata gct cgg gga gaa ttt tca acg 337
 Phe Val Tyr Leu Gln Arg Gln Asn Ile Ala Arg Gly Glu Phe Ser Thr
 100 105 110

10

agt cct tta tat tgg ggg ccg agt cgc cat cgt tta tnt gcg aaa ttc 385
 Ser Pro Leu Tyr Trp Gly Pro Ser Arg His Arg Leu Xaa Ala Lys Phe
 115 120 125

15

gaa ttt cgt gat ang ttt tta gaa aat atg aat aag cnt ttt acg ttt 433
 Glu Phe Arg Asp Xaa Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys Xaa Phe Thr Phe
 130 135 140

20

cgg ccg tgg caa atc aat ana ttc aga caa caa ggt cga aat aac tat 481
 Arg Pro Trp Gln Ile Asn Xaa Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr
 145 150 155 160

25

aca gaa gtg ttt ccc gtt aaa tcc cga gag ttt tct ttt tct ctt atg 529
 Thr Glu Val Phe Pro Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met
 165 170 175

30

gac gac att aag att ggc gaa ttg cta cat ctc gga ttg ggc ggt cgg 577
 Asp Asp Ile Lys Ile Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Gly Arg
 180 185 190

35

tgg gat cac tat aac tat aag cca tta tta aat tct cag cat aat atc 625
 Trp Asp His Tyr Asn Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile
 195 200 205

40

aac agg aca cag aga tta cct tat cca aaa aca tca tcc aaa ttt tcg 673
 Asn Arg Thr Gln Arg Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser
 210 215 220

45

tat caa ttg agt tta gag tat caa tta cat cca tca cat caa att gca 721
 Tyr Gln Leu Ser Leu Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala
 225 230 235 240

50

tac cgt tta agt acc ggt ttt agg gtt ccc cgt gtt gaa gat ctt tat 769
 Tyr Arg Leu Ser Thr Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr
 245 250 255

55

ttt gaa gac cga gga aaa agt tct tca caa ttt ctt cct aac ccc gat 817
 Phe Glu Asp Arg Gly Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp
 260 265 270

60

cta caa ccg gaa act gca ctg aat cat gaa ata agt tac cgt ttc caa 865
 Leu Gln Pro Glu Thr Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln
 275 280 285

65

aat caa tat gcc cat ttc agc gtc ggg ctt ttc cgt aca cgt tat cat 913
 Asn Gln Tyr Ala His Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His
 290 295 300

aac ttt att caa gaa cgt gag atg acc tgt gat aaa att cca tat gag 961
 Asn Phe Ile Gln Glu Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu
 305 310 315 320

tat aat agg act tat gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt 1009
 Tyr Asn Arg Thr Tyr Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe
 325 330 335

ES 2 362 041 T3

```

ggt aat gaa cct gaa gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct 1057
Val Asn Glu Pro Glu Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala
          340          345          350

5  tta aat ggg tcg gca ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc 1105
Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu
          355          360          365

10  aaa ggg agc tac agc aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa 1153
Lys Gly Ser Tyr Ser Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys
          370          375          380

15  tct att caa cca tgg aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa 1201
Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu
          385          390          395          400

20  ggg tgg agc gtg agt ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc 1249
Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala
          405          410          415

25  aaa gat gcg ata gaa acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa 1297
Lys Asp Ala Ile Glu Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys
          420          425          430

30  caa tgg ccg cat tta agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg 1345
Gln Trp Pro His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly
          435          440          445

35  caa gtt ga 1353
Gln Val
          450

```

```

30 <210> 28
    <211> 450
    <212> PRT
35 <213> Pasteurella multocida

    <220>
    <221> misc_feature
40 <222> 125
    <223> Xaa = any or unknown amino acid

    <220>
45 <221> misc_feature
    <222> 133
    <223> Xaa = any or unknown amino acid

50 <220>
    <221> misc_feature
    <222> 141
55 <223> Xaa = any or unknown amino acid

    <220>
    <221> misc_feature
60 <222> 151
    <223> Xaa = any or unknown amino acid

```

65

ES 2 362 041 T3

<400> 28

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

65

ES 2 362 041 T3

Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu
 355 360 365
 Lys Gly Ser Tyr Ser Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys
 370 375 380
 Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu
 385 390 395 400
 Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala
 405 410 415
 Lys Asp Ala Ile Glu Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys
 420 425 430
 Gln Trp Pro His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly
 435 440 445
 Gln Val
 450

<210> 29

<211> 4936

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (1078)..(2769)

<220>

<223> hxC

<400> 29

gtcaacaaca aagcgcacag gcattacttc atgccacaca catcatacag aaagtaegta 60
 ccgatttaac gcaaattaat gccgtcaaca ttcattcttt cctatcataa agcgtttcat 120
 catggctagc attctagcaa aaattagttg aggaaaatag cggctctggt ttgcttaaaa 180
 aacaaccac cccgtagggc acggctggtt ctttttgaga aattacgett cttcatcttg 240
 atcttttttc aagatctcat cttcattgag ttttaaaaga cgggcaatcg cattgcbgta 300
 ggagatttca aggctttctc gactagtagc aatgacacct tgatcgatta agaaccgctc 360
 attgacatca taaccccaac catgtaatga gagttttttc ccatttttcc acgcbgattt 420
 aatgattgac gagcgaccta agttataaac ttgctctgcg acgtaattt tcbgtagcat 480
 atcagcccgt ttttcaggcg gtaaattgcc aagtaaatga ctatgcttat accaaatatac 540
 gcgtaagtgg agtaaccagt tattaattaa acctaatct tgatccgcca ttgcbgcttt 600
 aattccacca cagtttgat gtccacaaat aataatgtgt tcaatattta agacctcaac 660
 ggcattatgc acaacagata aacagtttaa atcgggtgta atgacttgat ttgcaacatt 720
 acgatgcaca aacagctcac ccggtcctaa atttgtaat ttttctgcag gaacacggct 780
 atccgagcaa ccaatccaaa gatagctcgg ggtttgatga tcagccaatt ctttaagta 840

ES 2 362 041 T3

agaggagttt tcctctttca tccgtaacgc ccagctataa ttattggcaa aaagttgttc 900
 aatTTTTTTC attagagtga ttcctatacc gcaaaaataa gggggctagt atagcttaga 960
 5 aatagacagt gggtaaagaa aggcaaaaaa ttgtatagga taacttgttt tttattgcca 1020
 tttatttaga attagaatct ttaataataa aaataattat cattaagggtt aatagtt 1077
 atg gat aaa aat tta atg aag gga tgt gta ttc tta tca ata gtc ggt 1125
 10 Met Asp Lys Asn Leu Met Lys Gly Cys Val Phe Leu Ser Ile Val Gly
 1 5 10 15
 tgc ggt atc caa ata ggg cta gca tca aat cca aat cct cca gat gtg 1173
 Cys Gly Ile Gln Ile Gly Leu Ala Ser Asn Pro Asn Pro Pro Asp Val
 20 25 30
 gat gag tta tta cct att att gtg aat gct gat gaa gat aat aaa tta 1221
 Asp Glu Leu Leu Pro Ile Ile Val Asn Ala Asp Glu Asp Asn Lys Leu
 35 40 45
 20 cca ggt cgt tct gta tta aaa cag aaa aat atc gat caa caa caa gca 1269
 Pro Gly Arg Ser Val Leu Lys Gln Lys Asn Ile Asp Gln Gln Gln Ala
 50 55 60
 gat aat gcc gct gac tta ata aat att tta cct ggg gta aat atg gcg 1317
 Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ile Asn Ile Leu Pro Gly Val Asn Met Ala
 65 70 75 80
 25 gga gga ttt cgc cct ggt ggt caa aca tta aat att aat gga atg ggt 1365
 Gly Gly Phe Arg Pro Gly Gly Gln Thr Leu Asn Ile Asn Gly Met Gly
 85 90 95
 30 gat gct gaa gat gtt aga gtt caa cta gac ggc gca aca aaa agt ttc 1413
 Asp Ala Glu Asp Val Arg Val Gln Leu Asp Gly Ala Thr Lys Ser Phe
 100 105 110
 gaa aaa tat caa caa ggc tct att ttt att gaa cct gag tta tta aga 1461
 Glu Lys Tyr Gln Gln Gly Ser Ile Phe Ile Glu Pro Glu Leu Leu Arg
 115 120 125
 35 aag gtg aca gta gac aaa gga aat tat tct cct caa tat ggc aat ggt 1509
 Lys Val Thr Val Asp Lys Gly Asn Tyr Ser Pro Gln Tyr Gly Asn Gly
 130 135 140
 40 ggc ttt gct ggt act gta aaa ttt gaa aca aaa gat gca act gat ttt 1557
 Gly Phe Ala Gly Thr Val Lys Phe Glu Thr Lys Asp Ala Thr Asp Phe
 145 150 155 160
 ttg aaa gaa aat cag aaa ata ggt gga tta ttt aaa tat gga aat aat 1605
 Leu Lys Glu Asn Gln Lys Ile Gly Gly Leu Phe Lys Tyr Gly Asn Asn
 165 170 175
 45 agc aat aat aac caa aaa act tat agt aca gcc cta gtt tta cag aat 1653
 Ser Asn Asn Asn Gln Lys Thr Tyr Ser Thr Ala Leu Val Leu Gln Asn
 180 185 190
 50 gaa caa aaa aat att gat ttg tta tta ttt ggt tct gta aga aat gca 1701
 Glu Gln Lys Asn Ile Asp Leu Leu Leu Phe Gly Ser Val Arg Asn Ala
 195 200 205
 55 agc aat tat aca aga cct gat aaa agt aaa att ctt ttt tca aaa aac 1749
 Ser Asn Tyr Thr Arg Pro Asp Lys Ser Lys Ile Leu Phe Ser Lys Asn
 210 215 220

ES 2 362 041 T3

aat caa aaa agt gga tta ata aaa gta aat tgg caa att act cct gaa 1797
 Asn Gln Lys Ser Gly Leu Ile Lys Val Asn Trp Gln Ile Thr Pro Glu
 225 230 235 240

5

cat tta tta act tta tcc agt gtt tat ggc att cat aaa ggg tgg gaa 1845
 His Leu Leu Thr Leu Ser Ser Val Tyr Gly Ile His Lys Gly Trp Glu
 245 250 255

10

cct tgg gca gca aaa aga gat gtg atg tgc aga cca aca gaa aca gaa 1893
 Pro Trp Ala Ala Lys Arg Asp Val Met Ser Arg Pro Thr Glu Thr Glu
 260 265 270

15

ata aaa cac tat ggg att gat gtt gcg tgg aaa cgt aaa ctt gtt tat 1941
 Ile Lys His Tyr Gly Ile Asp Val Ala Trp Lys Arg Lys Leu Val Tyr
 275 280 285

20

cga gat caa aaa gat gaa agt tat tca ttg aaa tat cgc tat tta cct 1989
 Arg Asp Gln Lys Asp Glu Ser Tyr Ser Leu Lys Tyr Arg Tyr Leu Pro
 290 295 300

25

gaa aat aat' aag tgg att aat ttg tct gtt cag ctg agt tat agt aaa 2037
 Glu Asn Asn Lys Trp Ile Asn Leu Ser Val Gln Leu Ser Tyr Ser Lys
 305 310 315 320

30

aca gag cag aat gat act cgc cat gag aaa gtc act tct tca ttc cta 2085
 Thr Glu Gln Asn Asp Thr Arg His Glu Lys Val Thr Ser Ser Phe Leu
 325 330 335

35

ggt aca tta gga aat aaa agt tgg ata act tat tca gat ctt act ttt 2133
 Gly Thr Leu Gly Asn Lys Ser Trp Ile Thr Tyr Ser Asp Leu Thr Phe
 340 345 350

40

gat ata agt aac aca agt act cta aat att ggg cgt gct gag cat gaa 2181
 Asp Ile Ser Asn Thr Ser Thr Leu Asn Ile Gly Arg Ala Glu His Glu
 355 360 365

45

cta cta ttt ggt tta cag tgg tta aaa aat aaa aga aat acc ctt atg 2229
 Leu Leu Phe Gly Leu Gln Trp Leu Lys Asn Lys Arg Asn Thr Leu Met
 370 375 380

50

tat cat aaa ggg gga gtc aag aag gca gac tat aat tat ggc tat ttt 2277
 Tyr His Lys Gly Gly Val Lys Lys Ala Asp Tyr Asn Tyr Gly Tyr Phe
 385 390 395 400

55

cag cct tat tat atg cct tct gga cgc cag tat aca caa gca ttt tat 2325
 Gln Pro Tyr Tyr Met Pro Ser Gly Arg Gln Tyr Thr Gln Ala Phe Tyr
 405 410 415

60

tta caa gat caa ata aaa tgg cag aat ttc ctc ttt aca gga ggg ata 2373
 Leu Gln Asp Gln Ile Lys Trp Gln Asn Phe Leu Phe Thr Gly Gly Ile
 420 425 430

65

aga tat gac cat atc aat aat ata ggg cag aaa aat tta gcg cca cga 2421
 Arg Tyr Asp His Ile Asn Asn Ile Gly Gln Lys Asn Leu Ala Pro Arg
 435 440 445

tat aat gat atc tct gca gga cat gat tat agc cag aaa aat tat aat 2469
 Tyr Asn Asp Ile Ser Ala Gly His Asp Tyr Ser Gln Lys Asn Tyr Asn
 450 455 460

ggt tgg tct tat tat tta ggt ctt aag tat gat gta aat cat tat tta 2517
 Gly Trp Ser Tyr Tyr Leu Gly Leu Lys Tyr Asp Val Asn His Tyr Leu
 465 470 475 480

ES 2 362 041 T3

agt tta ttt acg aat ttt agt aaa act tgg cga gcc cct gtt att gat 2565
 Ser Leu Phe Thr Asn Phe Ser Lys Thr Trp Arg Ala Pro Val Ile Asp
 485 490 495

5 gaa cag tat gag aca caa tat agt caa gct tct gta tct gcg act tct 2613
 Glu Gln Tyr Glu Thr Gln Tyr Ser Gln Ala Ser Val Ser Ala Thr Ser
 500 505 510

10 tta aat tta gaa aaa gaa atg att aat caa acc aga gtg ggt gga att 2661
 Leu Asn Leu Glu Lys Glu Met Ile Asn Gln Thr Arg Val Gly Gly Ile
 515 520 525

att act ctc aat cat cta ttt cag gaa aat gat gct ttt caa ttt aga 2709
 Ile Thr Leu Asn His Leu Phe Gln Glu Asn Asp Ala Phe Gln Phe Arg
 530 535 540

15 act act tat ttt tac aat cgc gcc aag aat gaa atc ttc aaa acg aga 2757
 Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg
 545 550 555 560

20 ggg gtt aac cgt tagagttggg tgaatgact gaaaaattag acctatacgt 2809
 Gly Val Asn Arg

tactgttaaa ggtggcggta tttctggtca agcgggtgca atccgctcacg gtatcactcg 2869
 tgcattaatc gaatatgatg agagtttaacg ctctgtatta cgcgcagctg gtttcggtac 2929
 25 tcgcgatgca cgtaagttg aacgtaaaaa agtgggttta cgcaaagcgc gtcgctcgtcc 2989
 acaattctca aaacgtaaat tttctcttta cgttttatat tcagattgca agcccaaaag 3049
 gcttgcaatt tttttatctc aataaaattt acgataatct ttggaaatca gtgggcgatt 3109
 30 tgtggtagaa taaacgcca ttttttatat aaatcatgc cagaatcagg caaagttaa 3169
 taaattttaa ttcattttag agctgctcga ggaatagatg acaagcgcgtg caaataaacg 3229
 ttcaataatg acactttttt cagataaaac agatatttat tgccaccaag taaggattgt 3289
 35 tttggctgaa aagggtggtg cttatgaaac ggaagtgtga gatcctcaag tegtatcaga 3349
 agatttaatg gaattaatc cgtatggcac gttgccgaca ttagttgatc gtgatttagt 3409
 gttatttaat tcacgtatta ttatggaata tcttgatgag cgtttccctc atccaccttt 3469
 40 gatgcctggt tatccagtgg cacgtgggaa aagccgttta ttaatgttac gtattgagca 3529
 agattggtac ccagtattag caaaagctga aaaaggcacg gacgcagaac gtgctgtcgc 3589
 attaaaaca ttaagagaag agatttttagc gattgcgctt attttcacgc agatgcctta 3649
 45 ttttatgagc gaagagttta gtttagtaga ttgttatatc gccccattat tatggcgtat 3709
 gcaagaactg ggtgtgggtt tcagtggggc gggtagcaaa gcaattaaag cttacatggc 3769
 acgtgttttt gaacgcgatt catttatgca atctttaggc gtgtcggctc cgaaaaactt 3829
 50 aatggatgag aaataatcag tatgctacat aatcatcac caaagcgtcc ttacttgta 3889
 agagcgtatt atgattggtt agtggataat gatttcaccc cttatttagt ggtggacgcg 3949
 acttatgttg gtgtgaaagt ccctgtggaa tatgtcaaag atgggcaaat tgcctcaat 4009

ES 2 362 041 T3

5 ttatctgcga atgcgacagg taatctggta ctaagcaatg aaagtattca gtttagcgcg 4069
 cgtttctcgtg gtattttcaca agatattttt attcctatgg gggctgcggt agccatttat 4129
 gctcgtgaaa atgggtgatgg tgtactgttt gaacctgaag cgatttatga tgagctcgca 4189
 acacaaaata ttggtattga gcagccactg agctttgttg aggctgtcga taaaccaaaa 4249
 10 accagtgaga atactcaaaa aagcacaaac aaagacaaa cgacgganaa aaaagcgact 4309
 tctcatttaa gaattattaa ataaaagagg ttttctttct tcataaaaaa acacgctttt 4369
 acgcgtgttt tttgttgcg gacagtttat tgtgccattt tttttgcggc ttttaagaag 4429
 15 ccttgcgcac tcgtgtgat gtcactttta ttctgtgccc ctaaaatcat atccgacatt 4489
 tcacgaaagg cccttctgcc acctttcagg cttagtacgt gatcagcgtg ctttttgata 4549
 taagcggcgc atcttctact gcaaaaggcaa caccacagcg gcaaaagcag gcagatcaac 4609
 20 gctgtcatca ccaatataag ccgtttcttg cgoacagaca ttggcttgtt gtatcaattc 4669
 aagacagggc ctttcttttt ccaatttccc gaggaaaaag tgttggatgc ctatctctgc 4729
 aatacgtttg cgtagaatcg gggaaatctcg ccccagagat accgcgactt gaatgccaga 4789
 25 ttccattaac attctgatcc ccaagccatc acgaacatga aaggttttga aagcttcacc 4849
 atgggcatcg taatgcaaag agccgctcggc cagtacaccg tcgatctctg taatcacaaa 4909
 30 ttttaattttt ttgagttttt ccgttga 4936

<210> 30

<211> 564

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 30

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

65

ES 2 362 041 T3

Lys Val Thr Val Asp Lys Gly Asn Tyr Ser Pro Gln Tyr Gly Asn Gly
 130 135 140
 5 Gly Phe Ala Gly Thr Val Lys Phe Glu Thr Lys Asp Ala Thr Asp Phe
 145 150 155 160
 Leu Lys Glu Asn Gln Lys Ile Gly Gly Leu Phe Lys Tyr Gly Asn Asn
 165 170 175
 10 Ser Asn Asn Asn Gln Lys Thr Tyr Ser Thr Ala Leu Val Leu Gln Asn
 180 185 190
 Glu Gln Lys Asn Ile Asp Leu Leu Leu Phe Gly Ser Val Arg Asn Ala
 195 200 205
 15 Ser Asn Tyr Thr Arg Pro Asp Lys Ser Lys Ile Leu Phe Ser Lys Asn
 210 215 220
 Asn Gln Lys Ser Gly Leu Ile Lys Val Asn Trp Gln Ile Thr Pro Glu
 225 230 235 240
 20 His Leu Leu Thr Leu Ser Ser Val Tyr Gly Ile His Lys Gly Trp Glu
 245 250 255
 Pro Trp Ala Ala Lys Arg Asp Val Met Ser Arg Pro Thr Glu Thr Glu
 260 265 270
 25 Ile Lys His Tyr Gly Ile Asp Val Ala Trp Lys Arg Lys Leu Val Tyr
 275 280 285
 Arg Asp Gln Lys Asp Glu Ser Tyr Ser Leu Lys Tyr Arg Tyr Leu Pro
 290 295 300
 30 Glu Asn Asn Lys Trp Ile Asn Leu Ser Val Gln Leu Ser Tyr Ser Lys
 305 310 315 320
 35 Thr Glu Gln Asn Asp Thr Arg His Glu Lys Val Thr Ser Ser Phe Leu
 325 330 335
 Gly Thr Leu Gly Asn Lys Ser Trp Ile Thr Tyr Ser Asp Leu Thr Phe
 340 345 350
 40 Asp Ile Ser Asn Thr Ser Thr Leu Asn Ile Gly Arg Ala Glu His Glu
 355 360 365
 Leu Leu Phe Gly Leu Gln Trp Leu Lys Asn Lys Arg Asn Thr Leu Met
 370 375 380
 45 Tyr His Lys Gly Gly Val Lys Lys Ala Asp Tyr Asn Tyr Gly Tyr Phe
 385 390 395 400
 Gln Pro Tyr Tyr Met Pro Ser Gly Arg Gln Tyr Thr Gln Ala Phe Tyr
 405 410 415
 50 Leu Gln Asp Gln Ile Lys Trp Gln Asn Phe Leu Phe Thr Gly Gly Ile
 420 425 430
 Arg Tyr Asp His Ile Asn Asn Ile Gly Gln Lys Asn Leu Ala Pro Arg
 435 440 445
 55 Tyr Asn Asp Ile Ser Ala Gly His Asp Tyr Ser Gln Lys Asn Tyr Asn
 450 455 460

60

65

ES 2 362 041 T3

Gly Trp Ser Tyr Tyr Leu Gly Leu Lys Tyr Asp Val Asn His Tyr Leu
 465 470 475 480
 Ser Leu Phe Thr Asn Phe Ser Lys Thr Trp Arg Ala Pro Val Ile Asp
 485 490 495
 Glu Gln Tyr Glu Thr Gln Tyr Ser Gln Ala Ser Val Ser Ala Thr Ser
 500 505 510
 Leu Asn Leu Glu Lys Glu Met Ile Asn Gln Thr Arg Val Gly Gly Ile
 515 520 525
 Ile Thr Leu Asn His Leu Phe Gln Glu Asn Asp Ala Phe Gln Phe Arg
 530 535 540
 Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg
 545 550 555 560
 Gly Val Asn Arg

<210> 31

<211> 9814

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (4762)..(7662)

<220>

<223> iroA

<400> 31

gtcgacctgc agcagacaaat gtccactgtg taatagtcca acgactgtta taaaaatcct 60
 ccgctgcttt ttctaattgtt tgtacacggg gtttttcaaa ttcttccaaa ttcttggttg 120
 gttggactaa aagttgttca gccgccgctt taaaattggc gacaaaatcc gattgtttga 180
 ttaaacata ggattttgct tggattttgtg cgccggctgc ttcacccaat ttatcgaaaa 240
 attcaggcgt ataagtcacg tttgggatcg taggcgcat gatctgatta acaccagcct 300
 gttgtaatgc tccccattgc tgtgccatcg tttgtgcat ggttttaata ctggctaaca 360
 cgtaggcttg tttctcttca ggtgttgcct tcgttactgc tgttgetaat actgtcgcca 420
 aatcattacc acctgcccac agaatatgta aagcttcttt ttgactggc gcatgtaaat 480
 actcgttgat ctgcttttct agtgctaaat gaggttgttc tgctgttcta gtattatgtg 540
 caccaacaat caccaccgg ctgtacggc agttcaaac accttgtgta gaaggatta 600
 attttttccc aaatgcttga gctaaatatt catcataaag gtgatgatag tttccatcag 660
 cctttaata agaggcttcc ttattccaac ctggttgccc catatcactt aaactatcac 720
 caaacacgac aacatcttgt gccagagcag ccgaacttag tgaacaaaat aatgcgaatg 780
 aaagtgtatt aattttcaca ataatgtcct tcaattattc atcgtcagtc aaaaatttgc 840

ES 2 362 041 T3

gtcacatac gttgattata ggaagatacc tagccagacc actactggta tgaacagaag 900
 tcaatgttta atcacataaa aaagcctctg tgctttcaca cagaggcttt tatgtccatt 960
 5 cacctactca aattacatcg cttgagtaaa ggtagcgtg atcacgtctt gttgttggtc 1020
 tttggttaac gagttaaagc gtactgcata acccgaacaa cgaatggta attgtggata 1080
 10 tttctccgga ttttccattg catctaaca catttcacgg ttcacgacgt tcacgtttaa 1140
 gtgttgctcg ccttcaatcg ttgcttcatg gtggaagtaa ccgtccatta gacctgcaag 1200
 gttacgtttt tgtgcttcgt aatctttacc taaggcattt ggtacgattg agaaggtata 1260
 15 agaantacca tctttcgcac aagcaaatgg caatttcgca acagaagta acgatgctac 1320
 tgcacctttt tggtcacgac cgtgcattgg gttcgcaccc ggtcccaatg gtgcaccaga 1380
 acgacgacca tctgggggtg tacctgtttt cttaccataa accacgttag atgtaatagt 1440
 20 aagtacagat tgtgtcggtg tgcattacg ataagtacc aatttttggg ttttcttcat 1500
 aaagcgttca actaaatcac aagcgaattc atcaacacgg ttatcgttgt taccgaattg 1560
 tggatattcg ccttcaattt caaagtcgat tgcacatct tttgcaatc caaccacttc 1620
 25 acccgcttta tttttgattt cgatatcacc acgaactggg ttcactttcg catatttaat 1680
 ggcagataaa gagtccgctg cgacagaaag ccctgcgata ccacaagcca tagtacggaa 1740
 tacatcacga tcatgaagtg ccattagtgc ggcttcatac gcgtatttat cgtgcataaa 1800
 30 gtgaatgatg ttcaatgcag taacatattg tttcgtaac caatccataa agctgtctaa 1860
 ggcgctcatg acatcatcat aatctaagta ttcgctggta attggatcgg tttcgggtcc 1920
 tacttggtea cctgatttct catccacacc gccattgat gcgtataaca aggttttcgc 1980
 35 taagttggca cgtgcaccga agaattgcat ctttttacc acgatcattg gcgatacaca 2040
 gcatgcaatc gcatagtcac cgttttggaa gtcaggacgc attaatcat cgttttcata 2100
 40 ctgaacagaa gacgatcga tagacacttt tgccgcataa cgtttgaaac cttctggtaa 2160
 ttttccagac caaagaatcg ttaagtttgg ctctggtgac ggtcccatcg tataaagggg 2220
 gtgtaagata cggaaagctgt ttttgggttac taaagtacga ccatttaagc ccataccgc 2280
 45 taaggtttcc gttgcccaca ttgggtcgc cgagaataat tgatcgtact ctgggggtacg 2340
 taagaacgc accatacgtg atttcatgac taagtgtca attaatctt gtgcttcttg 2400
 tttctgaatt ttgcctgctt ttaaatacag ctcaatataa atatctaaga aagtcgatac 2460
 50 acgaccaaat gacatggcag caccgttttg tgatttcaact gcagcggtag gactttgca 2520
 agttatcggg agataattga aatcataacc agcaacaaat gtcagccgtt ctatttcttc 2580
 tgaagaatat cggcgattgc gttctggcgg aatggctggg ttttccacat tcttgagatg 2640
 55 attttcttcc aagtatttcc attctgtgat tgctgtcgta ataatgtcg aaagagtatt 2700
 ccattctcta agcacacttg ccgcactaac ttgtgaaagt cgttcatcac gccactgcat 2760

60

65

ES 2 362 041 T3

aaagtgatgt tcttgtaat cgattaatct cacgttagaa atcggcatat ttagcaagcg 2820
 aagtaaacgc aacttttcag cacgatagcc ctttttattt atgctcactt ctttgatata 2880
 5 tttatcgaca agttgtgcaa aagtgatgtc gggaaatca gtgaatacac cgtttatgat 2940
 tttttgttct atgtctaacg cccacgettg cgcacagct ttagtccgaa atgttgetga 3000
 tttatagaca ctttttttgc gaatttgaac tcgccaacct gatttttgtt tgttanaagt 3060
 10 cgccacgcct aactaccatt aattttgac aattcgttgt gcaattttgt gcaattttat 3120
 ttcttaaatg atgttttagcg gatcataaat gaagaaaaa cagaagtaa aactatata 3180
 15 aaaaaacagt atattttttg ttgaagtgtc taatgtagt tgaacttat tgatttttaa 3240
 atattaaga taagaaaaa gccgacaaa gtcggctttc tttttttatg ctgtttatca 3300
 atggtgccta gggccggact cgaaccgca caccggaagg cggttgattt tgaatcaact 3360
 20 gcgtctacca atttcgccac ccaggcta attgataaag agcatcaaat taggtctgta 3420
 ttataccttt tcaattgatg gttacaagca aaaaatgatt ttagatattc aattgtcttt 3480
 attttcatca gtgtggctgt tctctcttac tttattcagg tgcagtgaag taaccttata 3540
 25 aaaaataaagg ttttttgttt aaattttaaa taactttttt gtaaaaagat cgcagtttct 3600
 tttgaaaaa agaccgatta caaatataat taaaactat tatcaatatt gataantaatg 3660
 ggattttaac catgacattt ataaggataa agtcaagatg atgctaaaag cacaaattgc 3720
 30 agattatatt acacaaaatc cactggcaat tactttggat atggcttcgc actttggcaa 3780
 acctgaagggt gaatttttat gtgctttacc tgatgagttt gttcagagtgt ttctcgcgga 3840
 acgtgcggag gaagtgttgc ctgagatcag tagttggggg attttcacga ccattattga 3900
 35 aaaaagaagg tcgatttttg aaattaaga ccgttttcgc accgggatgg ttgggcgtgg 3960
 ttattataat ttgaatatga aagatgaaga aggcacgctt catggtcacc ttaaattaga 4020
 40 taacatcagc aaaattgcct ttgtgagttt accgtttcgc ggtaaagaaa gttataacat 4080
 cgcatttatt gcgaataatg ggcaactat ttttaaagtt tatttggggc gcgatgctga 4140
 gcgtcaatta tttccagaac aagtcaaaa atttaaagca tttattttaga aggttaaaaa 4200
 45 agtaatgaca acaaatcgtc aagaagtatt acaaatcgt ttaggtccag aattcaaga 4260
 gttaaaggca caatgtaaaa cagtcacgct cgctactgtc ggtgaagatg gtaatcccaa 4320
 tgtgagttat gcgccatttg caattaataa tggggaatac caagtcttta tttctactat 4380
 50 tgcacgtcat gcacgtaatc tacaagaagt accaaaagtt tctttaatgt tgatcgaaga 4440
 tgaagttaa agtcgtcaga tttttgctcg tcgctgttta tcttttgatg cggttgcgcy 4500
 55 tgttgtcgag agagaaagtg aagaatggca ttctggtgtt gaggcactca aagcaagaca 4560
 tgggtcatta atggatgaat tgtctcggat gaaagatttt catttgttta gttttaagcc 4620
 60 ctcacaaggg ttatttgtaa aaggtttttg tcaagctttc caagtgaagta atgatgattt 4680

60

65

ES 2 362 041 T3

agtgagcttt gttcacttgg ttgaaggaca ccaagaataa attttgtcaa ctttttaggg 4740
 tatttacttg aggttaggaa a atg cgt aca aca aca ata aaa ttt tct gca 4791
 Met Arg Thr Thr Thr Ile Lys Phe Ser Ala
 1 5 10
 att aca ttg gca tta ttg agt tat tgt ggg acc att ttg gcg gat agt 4839
 Ile Thr Leu Ala Leu Leu Ser Tyr Cys Gly Thr Ile Leu Ala Asp Ser
 15 20 25
 cat caa gag gcg act gaa ctt gat acg att acc gtt tct tct caa caa 4887
 His Gln Glu Ala Thr Glu Leu Asp Thr Ile Thr Val Ser Ser Gln Gln
 30 35 40
 gat gag atg aat att aaa gag aaa aaa atc ggt gaa act gtg aaa acg 4935
 Asp Glu Met Asn Ile Lys Glu Lys Lys Ile Gly Glu Thr Val Lys Thr
 45 50 55
 gcg agt caa ttg aaa cgc cag caa gta cag gat agt cgt gat ctt gtg 4983
 Ala Ser Gln Leu Lys Arg Gln Gln Val Gln Asp Ser Arg Asp Leu Val
 60 65 70
 cgc tat gaa acc ggt gtg act gtg gta gaa gct gga cgt ttt ggt tcg 5031
 Arg Tyr Glu Thr Gly Val Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser
 75 80 85 90
 agc ggt tat gcc att cgt ggt gtg gat gag aac cga gta gca att aca 5079
 Ser Gly Tyr Ala Ile Arg Gly Val Asp Glu Asn Arg Val Ala Ile Thr
 95 100 105
 gta gat ggc tta cat caa gca gaa acc ctt tct tct caa ggc ttt aaa 5127
 Val Asp Gly Leu His Gln Ala Glu Thr Leu Ser Ser Gln Gly Phe Lys
 110 115 120
 gaa tta ttc gaa ggt tac ggc aat ttt aac aat acc cga aat agt gtg 5175
 Glu Leu Phe Glu Gly Tyr Gly Asn Phe Asn Asn Thr Arg Asn Ser Val
 125 130 135
 gaa att gag acg ttg aaa gtc gct aaa atc gcg aaa ggt gct gat tct 5223
 Glu Ile Glu Thr Leu Lys Val Ala Lys Ile Ala Lys Gly Ala Asp Ser
 140 145 150
 gta aaa gtg ggt agt ggt tct ttg gga ggc gct gta ctt ttt gaa aca 5271
 Val Lys Val Gly Ser Gly Ser Leu Gly Gly Ala Val Leu Phe Glu Thr
 155 160 165 170
 aaa gat gcc aga gat ttc ctg act gaa aaa gat tgg cat atc ggc tat 5319
 Lys Asp Ala Arg Asp Phe Leu Thr Glu Lys Asp Trp His Ile Gly Tyr
 175 180 185
 aaa gcg ggc tac tca acg gca gat aat cag gga tta aat gca gtg act 5367
 Lys Ala Gly Tyr Ser Thr Ala Asp Asn Gln Gly Leu Asn Ala Val Thr
 190 195 200
 ctt gca ggt cgc tat caa atg ttt gat gca ttg att atg cat tct aag 5415
 Leu Ala Gly Arg Tyr Gln Met Phe Asp Ala Leu Ile Met His Ser Lys
 205 210 215
 cga cat gga cat gaa tta gaa aat tat gac tat aaa aat ggc aga gat 5463
 Arg His Gly His Glu Leu Glu Asn Tyr Asp Tyr Lys Asn Gly Arg Asp
 220 225 230

ES 2 362 041 T3

	att caa ggg aaa gaa aga gag aaa gcg gat cct tat acg att acg aaa	5511
	Ile Gln Gly Lys Glu Arg Glu Lys Ala Asp Pro Tyr Thr Ile Thr Lys	
	235 240 245 250	
5	gaa sgt aca tta gtg aaa ttc tct ttt tcg cca aca gaa aat cat cgt	5559
	Glu Ser Thr Leu Val Lys Phe Ser Phe Ser Pro Thr Glu Asn His Arg	
	255 260 265	
10	ttt aca gtc gct tct gat act tat ctt cag cat tcc cgc gga cat gat	5607
	Phe Thr Val Ala Ser Asp Thr Tyr Leu Gln His Ser Arg Gly His Asp	
	270 275 280	
15	ctt tca tat aat ctt gtt gca aca aca cat att cag tta gat gag aaa	5655
	Leu Ser Tyr Asn Leu Val Ala Thr Thr His Ile Gln Leu Asp Glu Lys	
	285 290 295	
20	gaa tct cgt cat gca aat gat ttg aca aaa cgt aaa aat gtt tcc ttt	5703
	Glu Ser Arg His Ala Asn Asp Leu Thr Lys Arg Lys Asn Val Ser Phe	
	300 305 310	
25	act tat gaa aat tat act gtt acg cca ttt tgg gat acg ctc aag tta	5751
	Thr Tyr Glu Asn Tyr Thr Val Thr Pro Phe Trp Asp Thr Leu Lys Leu	
	315 320 325 330	
30	agc tat tca caa caa aga att aca aca aga gca aga aca gaa gat tat	5799
	Ser Tyr Ser Gln Gln Arg Ile Thr Thr Arg Ala Arg Thr Glu Asp Tyr	
	335 340 345	
35	tgt gat gga aat gag tta tgt gat tct tat aaa aat cca tta ggt ctc	5847
	Cys Asp Gly Asn Glu Leu Cys Asp Ser Tyr Lys Asn Pro Leu Gly Leu	
	350 355 360	
40	caa ttt aaa gat ggt cag att ctt gat cct gca ggg aat aaa att aaa	5895
	Gln Phe Lys Asp Gly Gln Ile Leu Asp Pro Ala Gly Asn Lys Ile Lys	
	365 370 375	
45	cta cag ggg tct gga ttg agc act cag att gta gat gaa aat gga aaa	5943
	Leu Gln Gly Ser Gly Leu Ser Thr Gln Ile Val Asp Glu Asn Gly Lys	
	380 385 390	
50	cca ttt cct aca aca aca ggt act aat aat gct gct ttt sgt aat aat	5991
	Pro Phe Pro Thr Thr Thr Gly Thr Asn Asn Ala Ala Phe Ser Asn Asn	
	395 400 405 410	
55	tta cga ctc agg cct aca ggt ttt tgg tta gat tgc tcg gtt ttt gac	6039
	Leu Arg Leu Arg Pro Thr Gly Phe Trp Leu Asp Cys Ser Val Phe Asp	
	415 420 425	
60	tgt aat aaa cca ttc act gtt tat aat att agt aat gga aca tat caa	6087
	Cys Asn Lys Pro Phe Thr Val Tyr Asn Ile Ser Asn Gly Thr Tyr Gln	
	430 435 440	
65	gca aga gag gtt cta ctg tct gaa gag ata act gtg gat ggt aaa tta	6135
	Ala Arg Glu Val Leu Leu Ser Glu Glu Ile Thr Val Asp Gly Lys Leu	
	445 450 455	
70	tac aaa aca gct aag gaa gaa gga ggg ctt cca aat tat ttg att tta	6183
	Tyr Lys Thr Ala Lys Glu Glu Gly Gly Leu Pro Asn Tyr Leu Ile Leu	
	460 465 470	
75	cct aat tct aaa ggt tat ctt cct tat gat tat aaa gaa agg gat ctt	6231
	Pro Asn Ser Lys Gly Tyr Leu Pro Tyr Asp Tyr Lys Glu Arg Asp Leu	
	475 480 485 490	

ES 2 362 041 T3

aat acg aat aca aaa caa att aat tta gat tta act aaa aca ttt tta 6279
 Asn Thr Asn Thr Lys Gln Ile Asn Leu Asp Leu Thr Lys Thr Phe Leu
 495 500 505

5
 act ttc aac atc gaa aat aat ctg tca tat ggt gga gtt tat tct cgg 6327
 Thr Phe Asn Ile Glu Asn Asn Leu Ser Tyr Gly Gly Val Tyr Ser Arg
 510 515 520

10
 ata gag aaa gaa atg att aat aaa gct ggt tat gag ggg aga aat cct 6375
 Ile Glu Lys Glu Met Ile Asn Lys Ala Gly Tyr Glu Gly Arg Asn Pro
 525 530 535

15
 act tgg tgg gct gat aga att tta ggg caa agt agt tac tgt ggt tat 6423
 Thr Trp Trp Ala Asp Arg Ile Leu Gly Gln Ser Ser Tyr Cys Gly Tyr
 540 545 550

20
 aat gca ttg aag tgt ccg aaa cat gag cca tta acg tca ttt tta att 6471
 Asn Ala Leu Lys Cys Pro Lys His Glu Pro Leu Thr Ser Phe Leu Ile
 555 560 565 570

25
 cca gtt gaa gca acg aca cag tca tta tat ttt gca aat att ctt aag 6519
 Pro Val Glu Ala Thr Thr Gln Ser Leu Tyr Phe Ala Asn Ile Leu Lys
 575 580 585

30
 gta cat aat atg att agc ata gat tta gga tat cgt tat gat cat att 6567
 Val His Asn Met Ile Ser Ile Asp Leu Gly Tyr Arg Tyr Asp His Ile
 590 595 600

35
 aaa tat aac cct gaa tac act cca gga gta act cca aaa att cca gat 6615
 Lys Tyr Asn Pro Glu Tyr Thr Pro Gly Val Thr Pro Lys Ile Pro Asp
 605 610 615

40
 gat atg gta aaa ggt ttg ttt att cct atg cca aaa gag cca cag cta 6663
 Asp Met Val Lys Gly Leu Phe Ile Pro Met Pro Lys Glu Pro Gln Leu
 620 625 630

45
 aag gat ttt gat tat aac tat gct aaa ttt ggt gag gcc tat aaa aaa 6711
 Lys Asp Phe Asp Tyr Asn Tyr Ala Lys Phe Gly Glu Ala Tyr Lys Lys
 635 640 645 650

50
 tgg aaa gaa tat ctg cca aaa aat gcg gaa gaa aat att gct tac att 6759
 Trp Lys Glu Tyr Leu Pro Lys Asn Ala Glu Glu Asn Ile Ala Tyr Ile
 655 660 665

55
 gct caa gat aag aca ttt aaa aaa cat tct tat tct ctt ggt gca act 6807
 Ala Gln Asp Lys Thr Phe Lys Lys His Ser Tyr Ser Leu Gly Ala Thr
 670 675 680

60
 ttc gat cct ctg aat ttt tta cga gta caa gta aaa tat tca aaa ggg 6855
 Phe Asp Pro Leu Asn Phe Leu Arg Val Gln Val Lys Tyr Ser Lys Gly
 685 690 695

65
 ttt aga gcc ccg act tcg gat gaa ctt tat ttt acc ttt aag cat cca 6903
 Phe Arg Ala Pro Thr Ser Asp Glu Leu Tyr Phe Thr Phe Lys His Pro
 700 705 710

70
 gat ttt acg att tta ccg aac ccc gtg ttg aaa cca gag gaa gca aaa 6951
 Asp Phe Thr Ile Leu Pro Asn Pro Val Leu Lys Pro Glu Glu Ala Lys
 715 720 725 730

75
 aat caa gag att gca tta aca gtg cac gat aat tgg gga ttt gtt agc 6999
 Asn Gln Glu Ile Ala Leu Thr Val His Asp Asn Trp Gly Phe Val Ser
 735 740 745

ES 2 362 041 T3

aca agt gtt ttc caa acm aag tat cgt cat ttt att gat tta gcg tat 7047
 Thr Ser Val Phe Gln Thr Lys Tyr Arg His Phe Ile Asp Leu Ala Tyr
 750 755 760

5

tta ggt tca aga aat tta tca aat tcc gtg gga ggg cag gca caa gca 7095
 Leu Gly Ser Arg Asn Leu Ser Asn Ser Val Gly Gly Gln Ala Gln Ala
 765 770 775

10

aga gat ttc caa gtt tat caa aat gtc aat gtc gat aat gcc aaa gtt 7143
 Arg Asp Phe Gln Val Tyr Gln Asn Val Asn Val Asp Asn Ala Lys Val
 780 785 790

15

aaa gga ctt gaa att aat gca cgt ttg aat ttg gga tat ttt tgg cat 7191
 Lys Gly Leu Glu Ile Asn Ala Arg Leu Asn Leu Gly Tyr Phe Trp His
 795 800 805 810

20

gtg ttg gat gga ttt aat acg agc tat aaa ttc act tac caa cgt ggt 7239
 Val Leu Asp Gly Phe Asn Thr Ser Tyr Lys Phe Thr Tyr Gln Arg Gly
 815 820 825

25

cgt ttg gat ggc gat cgt cca atg aat gcg att cag cct aaa gct tct 7287
 Arg Leu Asp Gly Asp Arg Pro Met Asn Ala Ile Gln Pro Lys Ala Ser
 830 835 840

30

gtt ttt ggt ttg ggc tac gat cat aaa gaa aat aaa ttt ggc gct gat 7335
 Val Phe Gly Leu Gly Tyr Asp His Lys Glu Asn Lys Phe Gly Ala Asp
 845 850 855

35

tta tat att aca cgt gtg agt gag aaa aaa gcg aaa gac act tat aat 7383
 Leu Tyr Ile Thr Arg Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Asp Thr Tyr Asn
 860 865 870

40

atg ttc tat aaa gaa cag gga tat aaa gat agt gct gtt cgt tgg aga 7431
 Met Phe Tyr Lys Glu Gln Gly Tyr Lys Asp Ser Ala Val Arg Trp Arg
 875 880 885 890

45

agt gat gac tat acg cta gtt gat gcg gtt ggt tat att aaa ccg att 7479
 Ser Asp Asp Tyr Thr Leu Val Asp Ala Val Gly Tyr Ile Lys Pro Ile
 895 900 905

50

aag aat tta acg tta cag ttt ggc gtt tat aat ttg aca gac cgt aaa 7527
 Lys Asn Leu Thr Leu Gln Phe Gly Val Tyr Asn Leu Thr Asp Arg Lys
 910 915 920

55

tac ttg aca tgg gaa tct gct cgt tca att aaa cca ttt ggt aca agt 7575
 Tyr Leu Thr Trp Glu Ser Ala Arg Ser Ile Lys Pro Phe Gly Thr Ser
 925 930 935

60

aat tta att aat caa aaa aca ggc gca gga att aat cgt ttt tac tca 7623
 Asn Leu Ile Asn Gln Lys Thr Gly Ala Gly Ile Asn Arg Phe Tyr Ser
 940 945 950

65

cca ggt cgt aac ttt aaa ctc agt gcc gaa atc acc ttc taatcctaag 7672
 Pro Gly Arg Asn Phe Lys Leu Ser Ala Glu Ile Thr Phe
 955 960 965

cctgcgtatg caggctttct ttttagggaa agtgcggtgg atttgacaaa gattttattgc 7732
 ttttctgtaa atcaatgcta aaattcacac tcctttgtcg tagctggatt agagatcggc 7792
 tagcgatgta tttttaactt aacttttagg agttatcaaa tgtctctaag tacagaaaaa 7852
 aaagcagcaa ttgttgctga atttggctgt gatgcaaaag ataccgggtc ttcagaagtg 7912

ES 2 362 041 T3

caaatcgcat tattaactgc acaaatcaac cacttacaat ctcactttgc aacgcacaaa 7972
 aaagaccacc acggtcgctg tggtttattg cgtatgggtt ctctgctgctg taaactttta 8032
 5 gattacttaa aacgtactaa tcttgagctt tacacttcaa ctatcgctcg tttaggttta 8092
 cgctgctaatt ttgtattagg atttattcca aacaaaaaac ccttgataat tttatcaagg 8152
 gttttctttt ttctgcatac taggcatggt taaattatcg caaacacacac cgcacatttc 8212
 10 gtggaaaagt gcggtcattt ttttaattta ttttacttct ttaaacaatga tctcacttgg 8272
 gattactgaa ccttgccagt aaagctcagt agcgactttt tcagctaatt gcataaacga 8332
 ttgggcaatg tcgctttcag gtgcgggcgac aacggttggg atacctttgt ctaaactctc 8392
 acgtaagcga atatgtaatg cctggtgtcc taaaactttg acattatatt tttgtgcaat 8452
 gcgctcagca cgcctgttc cgaaaatcgt ttcttgatga ccacaattgc tacaaatatg 8512
 20 catcgacata ttttcgataa tgcctaaaac ggggtacagaa acacgctcaa acatcgccac 8572
 acctttaatc gcatccagta aagcaatatac ttgtgggtgt gtcaccacga ccgccccctg 8632
 cactggaatt tgttgagaaa gggctcagctg gatatcccct gtaccgggtg gcatatcaat 8692
 25 gactaataaa tctaaatcag gccataaggt ttcttgcaaa agctgactta aggcactgct 8752
 tgccattgga ccgcgccaaa tcgtagcatt gtccgggtcc attaagaaac caatggaatt 8812
 ggcaaaaata tgatgtgctt gaattggggg aatgtgctgg ttatctggcg aagttgggcg 8872
 ttgatcagca acccctaaca tgtgtggaat agatggacca taaatatcgg catctaaaat 8932
 tccaacacga gcacctgtc tttgtaaggc aagagcaaga ttgacggaaa tagtagattt 8992
 35 tcctacacca cctttaccog atgtcacggc aataatattt tttaccctt ttacggctgg 9052
 gtggctatta gcgcgtttta atgtcgcgat ttgataattt aattgccatt tgatgtcttt 9112
 gcattctgct aatgtgagaa gttctgtgga gagagcgtc ttgagttgtt cgaatgcagt 9172
 40 attccaagca aacggcatgc tgatttcaat acgtaacgtc tcaccgcctt tttcaatttt 9232
 tttgatagca tttaggctga cgagatcttt ttgtaagcta ggatgttgaa attggtgaaa 9292
 tgtgttttgg atagcttgtt tttgactgtc cgttaaactg tcagaaaata aaattcccat 9352
 tgattttatc ccgttatttt tgggtgctaa ttaaagccct agttaatcac tcaactatat 9412
 ttaaccacga agctgtagaa ctgtaagca gaaatgtgga aaagcgcggt taaagtagaa 9472
 50 aaaatactgc gaataaggta acataagcgc caattttttg atgaaaaata ggaatgataa 9532
 catggcaaat tcggcacgcg atattttggt cacttgcgcc ttaccttatg caaatggtgc 9592
 aattcattta gggcatttat tagaacatat tcaagcagat atttgggtgc gttccaacgt 9652
 55 atgctggggc ataaagtgca ttttatttgg gcagatgatg cccatggcac accaatcatg 9712
 ttaaagcga taaattaggc attacaccaa agcattaatt gctcctcgaa agcagaacat 9772
 60 gtggcggatt tgaaggctta atattagcta tgataaatatc at 9814

<210> 32

<211> 967

65 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<400> 32

5 Met Arg Thr Thr Thr Ile Lys Phe Ser Ala Ile Thr Leu Ala Leu Leu
1 5 10 15

Ser Tyr Cys Gly Thr Ile Leu Ala Asp Ser His Gln Glu Ala Thr Glu
20 25 30

10 Leu Asp Thr Ile Thr Val Ser Ser Gln Gln Asp Glu Met Asn Ile Lys
35 40 45

Glu Lys Lys Ile Gly Glu Thr Val Lys Thr Ala Ser Gln Leu Lys Arg
50 55 60

15 Gln Gln Val Gln Asp Ser Arg Asp Leu Val Arg Tyr Glu Thr Gly Val
65 70 75 80

Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser Ser Gly Tyr Ala Ile Arg
85 90 95

20 Gly Val Asp Glu Asn Arg Val Ala Ile Thr Val Asp Gly Leu His Gln
100 105 110

Ala Glu Thr Leu Ser Ser Gln Gly Phe Lys Glu Leu Phe Glu Gly Tyr
115 120 125

25 Gly Asn Phe Asn Asn Thr Arg Asn Ser Val Glu Ile Glu Thr Leu Lys
130 135 140

30 Val Ala Lys Ile Ala Lys Gly Ala Asp Ser Val Lys Val Gly Ser Gly
145 150 155 160

Ser Leu Gly Gly Ala Val Leu Phe Glu Thr Lys Asp Ala Arg Asp Phe
165 170 175

35 Leu Thr Glu Lys Asp Trp His Ile Gly Tyr Lys Ala Gly Tyr Ser Thr
180 185 190

Ala Asp Asn Gln Gly Leu Asn Ala Val Thr Leu Ala Gly Arg Tyr Gln
195 200 205

40 Met Phe Asp Ala Leu Ile Met His Ser Lys Arg His Gly His Glu Leu
210 215 220

Glu Asn Tyr Asp Tyr Lys Asn Gly Arg Asp Ile Gln Gly Lys Glu Arg
225 230 235 240

45 Glu Lys Ala Asp Pro Tyr Thr Ile Thr Lys Glu Ser Thr Leu Val Lys
245 250 255

Phe Ser Phe Ser Pro Thr Glu Asn His Arg Phe Thr Val Ala Ser Asp
260 265 270

50 Thr Tyr Leu Gln His Ser Arg Gly His Asp Leu Ser Tyr Asn Leu Val
275 280 285

55 Ala Thr Thr His Ile Gln Leu Asp Glu Lys Glu Ser Arg His Ala Asn
290 295 300

60

65

ES 2 362 041 T3

Asp Leu Thr Lys Arg Lys Asn Val Ser Phe Thr Tyr Glu Asn Tyr Thr
 305 310 315 320
 Val Thr Pro Phe Trp Asp Thr Leu Lys Leu Ser Tyr Ser Gln Gln Arg
 5 325 330 335
 Ile Thr Thr Arg Ala Arg Thr Glu Asp Tyr Cys Asp Gly Asn Glu Leu
 340 345 350
 Cys Asp Ser Tyr Lys Asn Pro Leu Gly Leu Gln Phe Lys Asp Gly Gln
 10 355 360 365
 Ile Leu Asp Pro Ala Gly Asn Lys Ile Lys Leu Gln Gly Ser Gly Leu
 370 375 380
 Ser Thr Gln Ile Val Asp Glu Asn Gly Lys Pro Phe Pro Thr Thr Thr
 15 385 390 395 400
 Gly Thr Asn Asn Ala Ala Phe Ser Asn Asn Leu Arg Leu Arg Pro Thr
 20 405 410 415
 Gly Phe Trp Leu Asp Cys Ser Val Phe Asp Cys Asn Lys Pro Phe Thr
 420 425 430
 Val Tyr Asn Ile Ser Asn Gly Thr Tyr Gln Ala Arg Glu Val Leu Leu
 25 435 440 445
 Ser Glu Glu Ile Thr Val Asp Gly Lys Leu Tyr Lys Thr Ala Lys Glu
 450 455 460
 Glu Gly Gly Leu Pro Asn Tyr Leu Ile Leu Pro Asn Ser Lys Gly Tyr
 30 465 470 475 480
 Leu Pro Tyr Asp Tyr Lys Glu Arg Asp Leu Asn Thr Asn Thr Lys Gln
 485 490 495
 Ile Asn Leu Asp Leu Thr Lys Thr Phe Leu Thr Phe Asn Ile Glu Asn
 35 500 505 510
 Asn Leu Ser Tyr Gly Gly Val Tyr Ser Arg Ile Glu Lys Glu Met Ile
 515 520 525
 Asn Lys Ala Gly Tyr Glu Gly Arg Asn Pro Thr Trp Trp Ala Asp Arg
 40 530 535 540
 Ile Leu Gly Gln Ser Ser Tyr Cys Gly Tyr Asn Ala Leu Lys Cys Pro
 545 550 555 560
 Lys His Glu Pro Leu Thr Ser Phe Leu Ile Pro Val Glu Ala Thr Thr
 45 565 570 575
 Gln Ser Leu Tyr Phe Ala Asn Ile Leu Lys Val His Asn Met Ile Ser
 580 585 590
 Ile Asp Leu Gly Tyr Arg Tyr Asp His Ile Lys Tyr Asn Pro Glu Tyr
 595 600 605
 Thr Pro Gly Val Thr Pro Lys Ile Pro Asp Asp Met Val Lys Gly Leu
 610 615 620
 Phe Ile Pro Met Pro Lys Glu Pro Gln Leu Lys Asp Phe Asp Tyr Asn
 625 630 635 640

ES 2 362 041 T3

Tyr Ala Lys Phe Gly Glu Ala Tyr Lys Lys Trp Lys Glu Tyr Leu Pro
 645 650 655
 5 Lys Asn Ala Glu Glu Asn Ile Ala Tyr Ile Ala Gln Asp Lys Thr Phe
 660 665 670
 Lys Lys His Ser Tyr Ser Leu Gly Ala Thr Phe Asp Pro Leu Asn Phe
 675 680 685
 10 Leu Arg Val Gln Val Lys Tyr Ser Lys Gly Phe Arg Ala Pro Thr Ser
 690 695 700
 Asp Glu Leu Tyr Phe Thr Phe Lys His Pro Asp Phe Thr Ile Leu Pro
 705 710 715 720
 15 Asn Pro Val Leu Lys Pro Glu Glu Ala Lys Asn Gln Glu Ile Ala Leu
 725 730 735
 Thr Val His Asp Asn Trp Gly Phe Val Ser Thr Ser Val Phe Gln Thr
 740 745 750
 20 Lys Tyr Arg His Phe Ile Asp Leu Ala Tyr Leu Gly Ser Arg Asn Leu
 755 760 765
 Ser Asn Ser Val Gly Gly Gln Ala Gln Ala Arg Asp Phe Gln Val Tyr
 770 775 780
 25 Gln Asn Val Asn Val Asp Asn Ala Lys Val Lys Gly Leu Glu Ile Asn
 785 790 795 800
 Ala Arg Leu Asn Leu Gly Tyr Phe Trp His Val Leu Asp Gly Phe Asn
 805 810 815
 30 Thr Ser Tyr Lys Phe Thr Tyr Gln Arg Gly Arg Leu Asp Gly Asp Arg
 820 825 830
 Pro Met Asn Ala Ile Gln Pro Lys Ala Ser Val Phe Gly Leu Gly Tyr
 835 840 845
 35 Asp His Lys Glu Asn Lys Phe Gly Ala Asp Leu Tyr Ile Thr Arg Val
 850 855 860
 Ser Glu Lys Lys Ala Lys Asp Thr Tyr Asn Met Phe Tyr Lys Glu Gln
 865 870 875 880
 Gly Tyr Lys Asp Ser Ala Val Arg Trp Arg Ser Asp Asp Tyr Thr Leu
 885 890 895
 45 Val Asp Ala Val Gly Tyr Ile Lys Pro Ile Lys Asn Leu Thr Leu Gln
 900 905 910
 Phe Gly Val Tyr Asn Leu Thr Asp Arg Lys Tyr Leu Thr Trp Glu Ser
 915 920 925
 50 Ala Arg Ser Ile Lys Pro Phe Gly Thr Ser Asn Leu Ile Asn Gln Lys
 930 935 940
 Thr Gly Ala Gly Ile Asn Arg Phe Tyr Ser Pro Gly Arg Asn Phe Lys
 945 950 955 960
 55 Leu Ser Ala Glu Ile Thr Phe
 965

60 <210> 33
 <211> 2990
 <212> DNA
 65 <213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> CDS

<222> (1106)..(1564)

5

<220>

<223> kdtB

10 <400> 33

```

gtcaaccct ttggcttga gttgtgctaa taaagcatcg tcaaatgca agccggcagt 60
tgggtgccga accgcgccag ggactttggt ataacgggt tgataacggt ctttatccgc 120
ttcttcgca gggcgatcaa tataaggggg caatggcata tgcccaattt gctgtaaac 180
gtctaaaagt gcggtctggt ttgcgcgat ttctaattca aataaggat catggcgcgc 240
aacatgatc attttgacac catgatgttc acctactta tcttcgcta accacagtte 300
tgccccctct ttcggtgctt ttgaggagcg cacatgggt aaaaagcgtg tgcggataa 360
aatccgctcg accaacactt ccaccttacc gccactggct ttacgtcaa acatccttgc 420
aggaatcacg cgcgtgttat taaaaattaa taagtcgctt tcatgaattt gatcaaggat 480
atcagcaaaa gtgcggtggg taatctcacc attttcgcg ttaagttgta ataagcgact 540
agcggtgca tccggttttg ggtaacgagc aatcagctca tcgggtaaat caaataaaa 600
gtcagaaaca cgcataaata gggttataaa aagttatcta aaaaatcgtg ggcgtaagtc 660
tagtgtgaat tccgctcttg cacaaggaaa aatccagatt ttggtgttta gtatcgaatt 720
gagatgattt tggacaaaa aaaagccctt tcaagaaga cgaaggggcg aaatatatt 780
tggagtcata ctttttaggg tatgtgtcgg attatacaca caaaaataac aatgcaaca 840
ttttttaac aatcatatgt aagcgtattg tgtgagaacg agcgtaaaaa tgaacgcatt 900
ctaaaggatg atttatttag cctattaaaa aaacacatga gatgagagtt tgcgagagcg 960
gtaataaaag tgcggtgggt tttagaaaag tttgaaatg gatcacaat taacaangt 1020
ttgtgaata ccaagtagta gtttttaagt atatgatgaa tcatatgcta aagtttaac 1080
ccgttaata accaagaggt ggaag atg aca gaa gaa aat aaa gga aag aga 1132
                Met Thr Glu Glu Asn Lys Gly Lys Arg
                1                    5

tat ttt tta tgg ttc ata ttg ttt atc ctt tca atc tat tta ttt att 1180
Tyr Phe Leu Trp Phe Ile Leu Phe Ile Leu Ser Ile Tyr Leu Phe Ile
    10                15                20                25

acc ata caa gaa aga cga ggt tat tgt ttt gac aaa cgt gca tat att 1228
Thr Ile Gln Glu Arg Arg Gly Tyr Cys Phe Asp Lys Arg Ala Tyr Ile
                30                35                40

```

55

60

65

ES 2 362 041 T3

cat gag ctt tat act gag caa gag tta att gat cgg ggg att gaa tat 1276
 His Glu Leu Tyr Thr Glu Gln Glu Leu Ile Asp Arg Gly Ile Glu Tyr
 45 50 55
 5
 gtg gta tcc acc atg ccg tca ggt gtt att aaa cca gat ggc aca ata 1324
 Val Val Ser Thr Met Pro Ser Gly Val Ile Lys Pro Asp Gly Thr Ile
 60 65 70
 10
 aaa gaa gta aag cgt tac acg agt gtc gag gag ttt aaa cag atg aac 1372
 Lys Glu Val Lys Arg Tyr Thr Ser Val Glu Glu Phe Lys Gln Met Asn
 75 80 85
 15
 cca gct tgt tgt aca tta acc acc ttt att gat gaa gga ggc gat ggc 1420
 Pro Ala Cys Cys Thr Leu Thr Thr Phe Ile Asp Glu Gly Gly Asp Gly
 90 95 100 105
 20
 tat cca gat gat gat gga tat ggt tat gtc aga att gaa tat tta aga 1468
 Tyr Pro Asp Asp Glu Asn Gly Tyr Gly Tyr Val Arg Ile Glu Tyr Leu Arg
 110 115 120
 25
 cat tat gtt gag aat cta aaa cct tat cat aga gtg att tat ctt gaa 1516
 His Tyr Val Glu Asn Leu Lys Pro Tyr His Arg Val Ile Tyr Leu Glu
 125 130 135
 30
 tat acg ccc tgt gga gag tta agg gaa gag gcg gct ttt tca aaa aat 1564
 Tyr Thr Pro Cys Gly Glu Leu Arg Glu Glu Ala Ala Phe Ser Lys Asn
 140 145 150
 35
 taagagtgag gtgaagaaat ggcattacca acagcaaca taatgaggaa tttatcttta 1624
 tctaaaaatc aattcactct gaaagggatg gaatgcgtag attccctatt tcaagcatgc 1684
 40
 agtaatatgg atcatgggta ctgaggtgga agatggcaga agaaaataaa ggaagagat 1744
 attttttatg gttcatattg tttatccttt caatctattt atttattacc atacaagaaa 1804
 gacgaggtta ttgttttgac aaatgggaat atatccataa cctttatacc gagcaagagt 1864
 45
 tgatcgatag aggggttgaa tatgtggtat ccaccatgcc gtcaggtggt tttgaaccag 1924
 atggcacaac aaccgaaata aaacgttatg ctagtgttga ggagtttaa cagatgaacc 1984
 ctgattgttg taaattaaca agatttatta atgaaggaat agatggctat ccagatgatg 2044
 50
 atgatagagt gctttatctc gaatatacgc cttgtggaga attaagggaa gaggtttctt 2164
 tttaaaaaat aaataatagt gaggtgaaga aatggcatta ccaacagcaa cagaaatcac 2224
 55
 aatgcataat ttatataaaa ataaattaac tcctaaagcg gaggaagag tagattcaat 2284
 acaaattctt gaaaaaggag atgaacattt cgaagtaaat ttaattgat caaagtactc 2344
 tattgattga aggaaaaaca gtggaattaa tggcaggtat ggcagtttct gggaaatta 2404
 60
 aaacaggtaa acgcagtgta ttagattact tatttagccc attaaaaacc acaaaataat 2464
 attaaggaga ataatatgct gtataataaa tatactgttg ctttgattac gttctcaaca 2524
 gggatctgta ttccggcaat atgctacgct ctaaattcgc tgggatacag atcctgtttg 2584
 65
 agactatgta gaaaagacta aactttgtgt ggtaactgg gcttcggtaa aattctggaa 2644

ES 2 362 041 T3

acaaatgggc ttaacccgcg tgatcttate ccgtagctt tgccttgatg aaattgccga 2704
 aattgcgcag caagtgccag aaatggaaat tgaagtgttc gtgcatgggg cattatgcat 2764
 5 ggcgtattct ggacgctggt tattatcagg ctatattaat aaacgtgatc caaatcaagg 2824
 cacctgtacc aatgcgtgcc gttgggaata cagtgtacc gaagccaag aagatgagat 2884
 cggcaacatt gtgaatgtgg gtgaagaaat tccagtgaaa aatgtagcac cgacacttgg 2944
 10 cgaaggcgac accaccagta aagtattttt attagcagaa agtcga 2990

<210> 34

<211> 153

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 34

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

<210> 35

<211> 1683

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (325)..(1230)

<220>

<223> lgtC

<220>

<221> misc_feature

ES 2 362 041 T3

<222> 219

<223> Xaa = any or unknown amino acid

5 <220>

<221> misc_feature

<222> 226

<223> Xaa = any or unknown amino acid

10

<220>

<221> misc_feature

<222> 269

15

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

20

<222> 270

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

25

<221> misc_feature

<222> 274

<223> Xaa = any or unknown amino acid

30

<400> 35

```

atatcaaagt ctcattggcaa gaaattaga aaagagcgat caattattat ttgcaagatt 60
tgggattat tcataggcta ggtgaaagat atatttttcc atgatattaa aacgattcag 120
gcagaactgg ctactttatc acttttagat aattgtatta ttaaaageag ctgtatgatt 180
gttattctat cattagtgga taataaatat tctttatttt ttgagagata aaaacaattc 240
atatttcaat agaaaacaga aataaagat tatcaaaaga attatccgtc cttataaata 300
tgagtctgta ttgtgagatg atat atg aat att tta ttt gtt tct gat gat 351
Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp
1 5
ggt tat gct aaa cat ctg gtg gtt gcg att aaa agc att ata aat cat 399
Val Tyr Ala Lys His Leu Val Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His
10 15 20 25
aat gaa aaa ggt att tca ttt tat att ttt gat ttg ggt ata aag gat 447
Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp
30 35 40
gaa aat aag aga aat att aat gat att gtt tct tct tat gga agt gaa 495
Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu
45 50 55
gtc aac ttt att gct gtg aat gag aaa gaa ttt gag agt ttt cct gtt 543
Val Asn Phe Ile Ala Val Asn Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val
60 65 70
caa att agt tat att tct tta gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca 591
Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala
75 80 85
gag tat ttg ccg gat aat tta aat aaa att att tat tta gat gtt gat 639
Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp
90 95 100 105

```

ES 2 362 041 T3

gtt ttg gtt ttt aac tca tta gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat 687
 Val Leu Val Phe Asn Ser Leu Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn
 110 115 120

5 aat ttt ctt acc gca gcc tgt tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag 735
 Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys
 125 130 135

10 tct gag cat aaa aaa tcg att tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt 783
 Ser Glu His Lys Lys Ser Ile Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe
 140 145 150

15 aat gca gga gta atg cta ttt aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat 831
 Asn Ala Gly Val Met Leu Phe Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp
 155 160 165

gta ttc tca aga gct tta gac ctg tta gct atg tat cct aat caa atg 879
 Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met
 170 175 180 185

20 att tat cag gat caa gat ata ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc 927
 Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val
 190 195 200

25 tgt tat tta gat tgc aga ttt aat ttc atg cca sat caa ctt gaa aga 975
 Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg
 205 210 215

ata aan caa tac cat aaa gga aaa ntg agc aac tta cat tct tta gaa 1023
 Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu
 220 225 230

30 aaa aca acg atg cct gtc gtt att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa 1071
 Lys Thr Thr Met Pro Val Val Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys
 235 240 245

35 gcg tgg cat gcg gat tgt aaa cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa 1119
 Ala Trp His Ala Asp Cys Lys His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys
 250 255 260 265

40 ata tta gca naa atn tcg aga ggc ncg gat aaa gaa cgc gta tta tct 1167
 Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser
 270 275 280

45 ata aaa act tat ctc aag gcc ttg att aga agg att aga tat aaa ttc 1215
 Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe
 285 290 295

50 aaa tat caa gtc tat taactattga atttttgcaa atgagataag agtatagtgc 1270
 Lys Tyr Gln Val Tyr
 300

55 tgatttcttc aaagcgaaaa ggaggaaata gcttggttcta atttattaca ataattggttg 1330
 tattcatctt gattttgaag gaaagagagt gttttttgta taaaagcatt ttcgtcacct 1390
 aaatttacta atcctccaaa ttctctctct cgnagaattt ctlttcggacc ggtagggcag 1450
 tccatggata ttacaggtgt accgcaagcc atgcttttcta ggataactgt cggtaacccc 1510
 tctttcaaag aggtgtgtaa aaatagctta gcatttttta ttaatggata cggattatct 1570
 ttatttctta aaagaaaaca atcttcttgt agattgagtg atcttatttg tttctcta 1630

60 tttctcgcac actcaccate ccaaacata tatancnttt ctggatacc tcc 1683

<210> 36

<211> 302

65 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> misc_feature

<222> 219

5 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

10 <222> 226

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

15 <221> misc_feature

<222> 269

<223> Xaa = any or unknown amino acid

20 <220>

<221> misc_feature

<222> 270

25 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

30 <222> 274

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<400> 36

35

Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val
 1 5 10 15

40

Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe
 20 25 30

Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn
 35 40 45

45

Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu Val Asn Phe Ile Ala Val Asn
 50 55 60

Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu
 65 70 75 80

50

Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu
 85 90 95

Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp Val Leu Val Phe Asn Ser Leu
 100 105 110

55

Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys
 115 120 125

Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys Ser Glu His Lys Lys Ser Ile
 130 135 140

60

65

ES 2 362 041 T3

Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe Asn Ala Gly Val Met Leu Phe
145 150 155 160
Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp
165 170 175
Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile
180 185 190
Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe
195 200 205
Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly
210 215 220
Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val
225 230 235 240
Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys
245 250 255
His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg
260 265 270
Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala
275 280 285
Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr
290 295 300

5 <210> 37
 <211> 2029
 30 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 35 <221> CDS
 <222> (2)..(499)
 <220>
 40 <223> mglB
 <220>
 <221> misc_feature
 45 <222> 33
 <223> Xaa = any or unknown amino acid
 <220>
 50 <221> misc_feature
 <222> 99
 <223> Xaa = any or unknown amino acid
 55 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 101
 60 <223> Xaa = any or unknown amino acid
 <220>
 <221> misc_feature
 65 <222> 928
 <223> n = A or T or G or C

ES 2 362 041 T3

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1007
 5 <223> n = A or T or G or C

<220>
 10 <221> misc_feature
 <222> 1740
 <223> n = A or T or G or C

15 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 1808
 20 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 25 <222> 1816
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 30 <221> misc_feature
 <222> 1820
 <223> n = A or T or G or C

35 <400> 37

```

c tta aat aaa gcc ggt aaa att caa tac gtt tta tta aaa ggt aac caa 49
  Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
    1           5           10           15

40 gga cac cca gat gca gaa gct cgt aca aaa ttc gtc att aaa gaa tta 97
  Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
                20           25           30

45 nat aat aaa ggc att caa gat gag caa tta ttc atc gac acg ggg atg 145
  Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
                35           40           45

50 tgg gat gcc gct tta gcg aaa gat aaa atg gat gca tgg tta tct agc 193
  Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
                50           55           60

55 tct aaa gca aat caa att gaa gtg atc atc gct aac aac gat ggt atg 241
  Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
    65           70           75           80

60 gcg atg ggg gca ttg gaa gcc acg aaa gca cat ggt aaa aaa tta cca 289
  Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro
                85           90           95

65 atc ttc ngf gta nat gcg tta cca gaa gtc ctc caa tta atc aaa aaa 337
  Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
    100           105           110

  ggt gaa att gca ggt acg gtg tta aat gac ggt gtg aac caa ggt aaa 385
  Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys
    115           120           125

  gcc gtt gtt caa tta agt aat aat ctt gca aaa gga aaa cct gcc act 433
  Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr
    130           135           140
  
```

ES 2 362 041 T3

gaa ggc aca aaa tgg cag tta aaa cga tcg tgt cct acg tat ccc tta 481
 Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu
 145 150 155 160

5 tgt tgg tgt gga tgc gga taacttaaac gagttcctaa aataataaac 529
 Cys Trp Cys Gly Cys Gly
 165

10 tataacaaaa caagamgttg taattctcgg ggagggtatac cctccccctt tttatgtgag 589
 gttggatattg acaactcaaa ttccaaatca agacagtgaa atactgctca caatgacca 649
 cgtctgtaaa tcctttcccc gtgtaaaagc gttagacaat gcaaacctaa ctgtgcgctc 709
 gcattctgtc catgccttaa tgggcgaaaa tggggcgggc aaatcgacct tattaanaatg 769
 15 cttatattggt atttacagta aagatgaagg tgacatcctt ttcttaggca agccagtcaa 829
 ctttaaaacg tcgaagaag ccttagagaa cgggattttc atggtgcacc aagaacttaa 889
 cttggtaaaa caatgtactg taatggataa tcctttggnt aggacgttat ccattaanaag 949
 20 caggctttgt cgatcacggc aaaatgtatc gtgataccaa agcagatttt tgaagaanta 1009
 gatatcgata tcgatccaaa agaaaaagtg gccaaattgt cagtgtcaca aatgcaaatg 1069
 atcgagatcg caaaggcctt ttcatacaat gccaaaatcg taatcatgga cgaaccgact 1129
 25 tcttcgcttt cagaaaaaga agttgaacac ctatttaaaa ttatcgcgaa gctaaaacaa 1189
 cgtggctgtg gcattattta tatttcgcac aaatggagc aaatctcaa aatttgtgac 1249
 gaaattacga ttttacgcga tggtaaatgg atcaatacgg tcgctgttaa aggcaccaca 1309
 atggatcaga ttgtatccat gatggttggg cgtgaactca cgcaacgctt cccaccaaaa 1369
 accaatacc caaaagaac catcttaacg gtggaaaatc tgaccgact taatcagcca 1429
 30 tctattcaag atgtagttt tgaattacgc aaaggcgaag tgctcggcat tgcgggactg 1489
 gttggggcaa aacggtaccg atattgtgga aacgatcttc ggggtgcgtg aacgtaaatc 1549
 tgggtgtgatt aactacacg ataaggaat gaaaaccgg aatgcgttcg aagccattaa 1609
 caatggtttt gccttggta cggagaacg tcgctctaca gggatttatg cgaatctcag 1669
 35 tattgagttt aactcattaa tttctaacat gaagaaatcc tatatcagca agttaggttt 1729
 attgagtaac ncaaaaatga aagcgacac gcaatggggc cattgattcc atgaatgtga 1789
 aaacgccatc acaaaaaccna tattggntca ntatctgggg tggtaaccaa caaaaagtgg 1849
 40 tcattggctg ttggttatta acccaccctg aaatcttgat gttgacgaa ccaacacgtg 1909
 gtatcgacat tggtcgaaa tatgaaatct atcagctgat tatggagtta gccaaaaaag 1969
 50 ataaaggat catcatgatt tcatctaaag gccagagtta ttaggggtac tgaccgaatt 2029

- 55 <210> 38
- <211> 166
- <212> PRT
- <213> *Pasteurella multocida*
- 60 <220>
- <221> misc_feature
- <222> 33
- 65 <223> Xaa = any or unknown amino acid

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> misc_feature

<222> 99

5 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

10 <222> 101

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<400> 38

15

Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
1 5 10 15

20

Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
20 25 30

Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
35 40 45

25

Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
50 55 60

Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
65 70 75 80

30

Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro
85 90 95

Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
100 105 110

35

Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys
115 120 125

Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr
130 135 140

40

Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu
145 150 155 160

Cys Trp Cys Gly Cys Gly
165

45

<210> 39

50 <211> 2628

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

55 <220>

<221> CDS

<222> (326)..(766)

60 <220>

<223> mioC

65

ES 2 362 041 T3

<400> 39

5 gtcaactaga gtaaataga cacacttaac tacattgtag aggaatcctt ttatgtcttt 60
 agaaatttta gatcagttag aagaaaaaat taacaagcg gttgaaacta tccaattact 120
 tcaattggaa attgatgaat taaaagaaaa aaataaccaaa tctcaacaag caaatgacgc 180
 10 attacgcagt gaaaatgaac aactaaagag tgagcaccac aactggcaag sacgtttacg 240
 ctcattatta ggcaaaattg ataacgtata attcacttct tattaaggct tagtttttct 300
 aagccttatt ttttaggaga aatta atg aaa aca aaa att tgt att atc act 352
 Met Lys Thr Lys Ile Cys Ile Ile Thr
 1 5
 ggc agt acg ctt ggt ggt gca gaa tat gtt gca gaa cat att gct gaa 400
 Gly Ser Thr Leu Gly Gly Ala Glu Tyr Val Ala Glu His Ile Ala Glu
 10 15 20 25
 ata tta gaa caa caa gat tat cct gta cgt tta gaa cat gga cca aat 448
 Ile Leu Glu Gln Gln Asp Tyr Pro Val Arg Leu Glu His Gly Pro Asn
 30 35 40
 ttt gaa gaa gtg atc gat gaa aaa tgt tgg ctt gtt gtc acc tct acc 496
 Phe Glu Glu Val Ile Asp Glu Lys Cys Trp Leu Val Val Thr Ser Thr
 45 50 55
 cat ggt gca ggt gaa tta ccg gat aat att aaa cct ctg ttt gaa aaa 544
 His Gly Ala Gly Glu Leu Pro Asp Asn Ile Lys Pro Leu Phe Glu Lys
 60 65 70
 tta gca ttt cac cca aaa cag tta gct gac tta cgc ttt gcg gtg atc 592
 Leu Ala Phe His Pro Lys Gln Leu Ala Asp Leu Arg Phe Ala Val Ile
 75 80 85
 ggg tta ggt aat tcg gat tat gat acc ttc tgt cac gca gtg gat cat 640
 Gly Leu Gly Asn Ser Asp Tyr Asp Thr Phe Cys His Ala Val Asp His
 90 95 100 105
 gtg gaa caa tta ctg cta agc aaa gat gct tta caa ctg tgt gaa tcg 688
 Val Glu Gln Leu Leu Ser Lys Asp Ala Leu Gln Leu Cys Glu Ser
 110 115 120
 cta aga atg gat atg cta acc att act gat cct gaa cac acg gcc gaa 736
 Leu Arg Met Asp Met Leu Thr Ile Thr Asp Pro Glu His Thr Ala Glu
 125 130 135
 caa tgg ctc cca caa ttt ctc agt caa tta taatatttat tccctataca 786
 Gln Trp Leu Pro Gln Phe Leu Ser Gln Leu
 140 145
 atggcatatg taaatcaaat atgccatttt tcatctcgat caagcataat atttaaccaaa 846
 tcaaatcaat attttctctg tggataacta agatcaaac tgtataaaag ctgtttttat 906
 tccctgaata agattgaaatg ttttttatcc tgtggataac taaagaagtt attcacagtt 966
 55 ttttctggtg ccaaattgag atcttaacaa cttaaaaaat gatctaagtt attcatttaa 1026
 aaaaagaana ggatcttaat cacagcacta taggatccta ataatacaaa taataagatc 1086
 tctttatata aaaagatcct atctttatta actcacgatc tttttcacga tcatcgtaca 1146
 60 gtcttgatca aaaatgtttc tttcatggat ccataaattt cagtagaata gccaccagc 1206

ES 2 362 041 T3

Lys Cys Trp Leu Val Val Thr Ser Thr His Gly Ala Gly Glu Leu Pro
 50 55 60
 Asp Asn Ile Lys Pro Leu Phe Glu Lys Leu Ala Phe His Pro Lys Gln
 65 70 75 80
 Leu Ala Asp Leu Arg Phe Ala Val Ile Gly Leu Gly Asn Ser Asp Tyr
 85 90 95
 Asp Thr Phe Cys His Ala Val Asp His Val Glu Gln Leu Leu Ser
 100 105 110
 Lys Asp Ala Leu Gln Leu Cys Glu Ser Leu Arg Met Asp Met Leu Thr
 115 120 125
 Ile Thr Asp Pro Glu His Thr Ala Glu Gln Trp Leu Pro Gln Phe Leu
 130 135 140
 Ser Gln Leu
 145

<210> 41

<211> 5191

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (3203)..(4255)

<220>

<223> mreB

<400> 41

ctgcagtaacc aaccacccaa atgttggtgct tctgctgtaa ttcacgcaa gtgcgcgcga 60
 ggttggttac acggattaat ggcacgactt cagcggcacc acaagctact ttacgtcgca 120
 tagcgggtaa ttgggcagat ttatcttttg gtactatcac agcacacacg cccgctgcat 180
 ccgcagtacg caaacaagca cctaagttat gtggatcagt cacaccatct aacactaata 240
 gcaacggatt ggactgattt tgtaaaagcg tatctaatac tgcttcattc aattctttcg 300
 ctggctgaac acgtgccatg atgccttggg gtacttcgcc ctctgctttt ttatcaaggg 360
 tttggcgatt aacaaattgg atagtaatac ccaaccgatg aagttcattg agcaaagggt 420
 gtaaacgttt atcgtcgcgc cctttgagtg cataaacttc aattaacgc tctggcgcgt 480
 tgtttaaaaa ggcacttact gcatgaatgc cataaatatt ttcactcacc tactttctct 540
 ttttagctga tttcttactg gcttttttcg tgggtgttga tggtttaaca acgcttgttt 600
 ttcttaccgc acttttactg gtgcttgggt tacgtttatg gcgttgttt tcgagacttt 660
 cagcgtagcg tgcatttttc ttgagcttgt ctttggctgt ttgccttct cgtaatgggt 720
 tacgctcact cgacactaaa gaaaaatcca cttggcgttg ttcaaggcta actgcttcca 780
 cacggatttt taccttatcg ccaatgcggt agatcatacc actatcttca ccgattaaac 840

ES 2 362 041 T3

gttgctgagc gagatcaaat tggtagtagt cgttatctaa ggtagaatg tggactaagc 900
 catcaataaa gaggtcatct aagcggacaa ataagccaaa acctgtcaca gatgaaatca 960
 5 cacctgtaaa ttcttcgcct acatgatctt gcataatctc gcatttttagc cagtctgcaa 1020
 catcacgagt ggcacatcgc gcccgctggt ctgtcatgga gcagtggtcg cctaatacat 1080
 ccatgtcacc aagtgtatag tgataccctc ccgtatcagt ggttctccgt ttcgagcctt 1140
 10 ttagtttggc taacaagtat ttaatcccaac gatgcaaatg caaatcagga taacggcgaa 1200
 ttggcgaagt aaaatgcgca tattcttcga gtgcaagccc aaagtgccca atattgtcag 1260
 gatgataaac ggcttgactt aacgaacgta atacatgggt tgcaataact catgatctgg 1320
 15 acgttcgcca atttgctcca ataatttagc gtagtctgcg gtacttggtt tactgccacc 1380
 ttcaaggctt aaaccacatt cactgaggaa ttggcggaag cccgtcactt tttcttcgct 1440
 20 tggaccgcga tgaatacggg aaagggctgg ctcttgatgt tttccataa agtttgccgc 1500
 cgcaatattg gcgaggatca tacattcttc aatgatttta tgccatcat tacgaaatac 1560
 aggtcaatc cgttcgattc gccccatttc attaaacaca aacttacttt caatggtttc 1620
 25 aaagtcaatg gcgccacgtt gatgacgggc ttccactaag gcttggtaca ttacatggag 1680
 ttcttttaaa tggggaacca gtgcttgata acgagtaca agttcttcat cgtcctctaa 1740
 aatcacgaca actttggtat aggttaagcg agcatgagag ttcatgaccg ctccataaaa 1800
 30 ttcatagcct gtgattttac cttttgctga aacattcagc tcacagacca tacataagcg 1860
 atcgacttgt gggtttaatg aacaaagtcc attggagagg atttccggtg gcataggaac 1920
 aacgcgattt gggaaatata ccgagtttc acgcgcagt gcttcggtat caagggcagt 1980
 35 acgtaaacga acatagtagc tgacatcggc aatggcaacc cacagtttc aaccgcctcc 2040
 acgttttttc tggcaaaaaa ccgcacgctc aaaatcgca gcattctcac catcaatggt 2100
 40 gactaacgga agatggcgta aatcaatagc tcctgatttg gcttcttccg gtacttcttc 2160
 actcagttta gaaacttgtt tgaggaccgc gtctggaaaa acatggggaa tatcatgatt 2220
 acggatagca atttccacct ccatcccttt tgccatattt tcaccgagaa tttcgctaat 2280
 45 cattccaaca ggttggctaa atgttgcggt acgtggtttt aattcaacta caaccacttg 2340
 tcccatacga gcgccttggc ggtgttcatt cggaattaaa atgtcgcgat taattcgact 2400
 atcgtcaggt actacataac caataccatc ttctaagaaa aaacgaccaa caatctgttt 2460
 50 tttacgctgt tgtaagacgc ggacaatccg cacttcttgg cgaccacgac ggtcaaaacc 2520
 gctaggttgg gcgaggacat agtcaccgtg cactactcgc tgcatttggc tgttgggtat 2580
 aaaccaatcg ctgtctttac cttcgacttg taaaaacca taaccatcac gatgacctaa 2640
 55 tacggtccct ttaataaat ccagtttttc cggtaaagcg tagcgtttac gtttagtgaa 2700
 aaccaattgt ccgtcatttt ccatcgtctc taagcgacgg cgcatggctt ctgttgttcc 2760
 60
 65

ES 2 362 041 T3

ttcattttga atagcaaatg tggtcagtaa ttcttctttt gagatagggtg cattatggtg 2820
 acgaattgta tcaagaataa attcgcgact tgggatcggg ttctcatatt ttgcgagttc 2880
 5 ttcttgatag ttgggatctt gcaaatgtgg attgtttttg atttttgcca taatgactcc 2940
 ctttgagaat ggaaatcgc attcgtttta tgacctcaag ttgacactc tgatttggtg 3000
 aaagcaagta aaaaaacctgt tcgtgactga ascaatctgt actcgcggga ttgtcgtgc 3060
 10 atgaaagcgt aaagacaaag caaatttcga caatttacag aaaattctct gttataaagg 3120
 tacatttttt gatacattta gcacaatttt tcaatactca aatcagagtg tccattattt 3180
 aatttagttc agcggaaattc tt atg tta ttt aaa aaa att cga ggc tta ttt 3232
 Met Leu Phe Lys Lys Ile Arg Gly Leu Phe
 1 5 10
 tca aat gat ctg tcc atc gat ctt ggc sca gcg aat acc tta att tat 3280
 Ser Asn Asp Leu Ser Ile Asp Leu Gly Thr Ala Asn Thr Leu Ile Tyr
 15 20 25
 gtc aaa gga caa ggg att gtt tta gat gaa cct tct gtt gtg gcg att 3328
 Val Lys Gly Gln Gly Ile Val Leu Asp Glu Pro Ser Val Val Ala Ile
 30 35 40
 cgc caa gaa cgt tca ggt gca tta aaa agc att gct gcg gtt ggt cgt 3376
 Arg Gln Glu Arg Ser Gly Ala Leu Lys Ser Ile Ala Ala Val Gly Arg
 45 50 55
 gat gcc aaa tta atg tta ggc cgt aca cag aaa agc att gca gcg att 3424
 Asp Ala Lys Leu Met Leu Gly Arg Thr Pro Lys Ser Ile Ala Ala Ile
 60 65 70
 cgt cct atg aaa gat ggg gtg atc gca gat ttc ttt gtg aca gaa aaa 3472
 Arg Pro Met Lys Asp Gly Val Ile Ala Asp Phe Phe Val Thr Glu Lys
 75 80 85 90
 atg ttg caa tat ttt att aaa caa gtg cac agc agc aat ttt atg cgt 3520
 Met Leu Gln Tyr Phe Ile Lys Gln Val His Ser Ser Asn Phe Met Arg
 95 100 105
 cca agt cca cgt gtc tta gtt tgt gta cct gcg gga gct acg caa gtc 3568
 Pro Ser Pro Arg Val Leu Val Cys Val Pro Ala Gly Ala Thr Gln Val
 110 115 120
 gaa cga cgt gca atc aaa gaa tct gcc att ggt gct ggg gca cgc gag 3616
 Glu Arg Arg Ala Ile Lys Glu Ser Ala Ile Gly Ala Gly Ala Arg Glu
 125 130 135
 gtg tac ttg att gag gaa ccg atg gcg gca gcg att ggt gct aaa tta 3664
 Val Tyr Leu Ile Glu Glu Pro Met Ala Ala Ala Ile Gly Ala Lys Leu
 140 145 150
 cct gtt tcg act gcc aca ggt tcg atg gtg atc gat atc ggt ggt ggt 3712
 Pro Val Ser Thr Ala Thr Gly Ser Met Val Ile Asp Ile Gly Gly Gly
 155 160 165 170
 acg acg gaa gtt gcg gtg att tct tta aat ggc att gtg tat tcc tct 3760
 Thr Thr Glu Val Ala Val Ile Ser Leu Asn Gly Ile Val Tyr Ser Ser
 175 180 185
 tca gtc cgc att ggt ggt gat cgt ttt gat gag gcg att att tct tat 3808

ES 2 362 041 T3

	Ser	Val	Arg	Ile	Gly	Gly	Asp	Arg	Phe	Asp	Glu	Ala	Ile	Ile	Ser	Tyr	
				190					195					200			
5	gta	cgc	aag	acg	ttc	ggt	tca	att	att	ggg	gaa	ccg	aca	gca	gag	cgt	3856
	Val	Arg	Lys	Thr	Phe	Gly	Ser	Ile	Ile	Gly	Glu	Pro	Thr	Ala	Glu	Arg	
			205				210						215				
10	atc	aaa	caa	gag	att	ggt	agt	gcg	ttt	att	caa	gaa	ggc	gat	gaa	gtc	3904
	Ile	Lys	Gln	Glu	Ile	Gly	Ser	Ala	Phe	Ile	Gln	Glu	Gly	Asp	Glu	Val	
		220					225					230					
15	cgt	gaa	att	gaa	gtg	cat	ggt	cat	aac	tta	gca	gaa	ggt	gcg	ccg	cgt	3952
	Arg	Glu	Ile	Glu	Val	His	Gly	His	Asn	Leu	Ala	Glu	Gly	Ala	Pro	Arg	
		235				240					245					250	
20	tct	ttc	aaa	ctc	acc	tca	cgt	gat	gtg	tta	gaa	gct	att	caa	gcc	ccg	4000
	Ser	Phe	Lys	Leu	Thr	Ser	Arg	Asp	Val	Leu	Glu	Ala	Ile	Gln	Ala	Pro	
				255						260					265		
25	tta	aat	ggc	att	ggt	gcg	gca	gtg	cgc	acg	gcc	ttg	gaa	gag	tgt	caa	4048
	Leu	Asn	Gly	Ile	Val	Ala	Ala	Val	Arg	Thr	Ala	Leu	Glu	Glu	Cys	Gln	
			270						275					280			
30	cca	gaa	cat	gct	gcg	gat	att	ttt	gaa	cgt	ggc	atg	gtc	tta	act	ggt	4096
	Pro	Glu	His	Ala	Ala	Asp	Ile	Phe	Glu	Arg	Gly	Met	Val	Leu	Thr	Gly	
			285				290						295				
35	ggc	ggt	gcc	ctt	att	cgt	aat	att	gat	ggt	tta	ctg	tca	aaa	gaa	acc	4144
	Gly	Gly	Ala	Leu	Ile	Arg	Asn	Ile	Asp	Val	Leu	Leu	Ser	Lys	Glu	Thr	
			300				305					310					
40	ggt	gtg	ccg	ggt	atc	atc	gcc	gat	gat	cct	tta	acc	tgt	ggt	gcc	cgt	4192
	Gly	Val	Pro	Val	Ile	Ile	Ala	Asp	Asp	Pro	Leu	Thr	Cys	Val	Ala	Arg	
			315			320					325					330	
45	ggt	ggt	ggc	gag	gca	tta	gag	atg	atc	gat	atg	cac	ggt	ggt	gat	att	4240
	Gly	Gly	Gly	Glu	Ala	Leu	Glu	Met	Ile	Asp	Met	His	Gly	Gly	Asp	Ile	
				335						340					345		
50	ttt	agt	gac	gat	atc	taat	atgatt	taaa	agtgcg	gtgat	attag	accgc	acttt				4295
	Phe	Ser	Asp	Asp	Ile												
				350													
55	tacttctctt	ttattgctga	caaggctagc	ctaattcgta	tatgaaacct	atctttggaa											4355
60	aagcacctcc	tttaggtcct	cgcttaattc	tggcgatttt	agcatccatt	gcattgattg											4415
65	tttcggacgg	tcaatccaat	gcgatgatta	aagcacgcag	tattatggaa	accgcagtag											4475
70	gcgggctgta	ttatcttgcc	aatacaccga	gaacggatt	ggatgggggt	tcagataatt											4535
75	tggttgatac	caataaattg	caaattgaaa	accgagtttt	gcgtgatcaa	ctgcgtgaaa											4595
80	aaatgcaga	tttattgttg	ttagatcaac	tcaaagtaga	aaatcaacgc	ctgcgccttat											4655
85	tgcttaattc	ccctctacgt	acagatgagt	ataaaaaaat	tgctgaagtt	ttaacggcag											4715
90	aaactgatgt	gtatcgtaag	caagtcgtga	ttaaccaagg	acaacgtgac	ggtgcttatg											4775
95	tcgggcagcc	gattattgat	gaaaagggta	ttggtgggca	acttatctcc	gttggtgaaa											4835
100	atacgagtcg	cgttcttcta	ttgacagatg	tgactcattc	tattccagta	caagtactac											4895
105	gtaatgatgt	ccgtttgatt	gctagtggaa	caggacggaa	tgatgaactg	agtttagatc											4955
110	atgtgccgcg	ttcggtcgat	attgtcaaag	gggatttatt	agtcacttct	ggattaggtg											5015
115	ggcgtttttt	agaaggttat	cctgttgcca	ttgtggaatc	cgtatcacgt	gatgggcaaa											5075
120	attatcttgc	tactgtaaca	gcaaagccat	tagcttcgat	tgaacgttta	cgetatgttt											5135
125	tgcttttatg	gccgacgaat	gaagagatgc	gcaaagtcca	gtctatttca	cctgca											5191

ES 2 362 041 T3

<210> 42

<211> 351

<212> PRT

5 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 42

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

ES 2 362 041 T3

245 250 255

Arg Asp Val Leu Glu Ala Ile Gln Ala Pro Leu Asn Gly Ile Val Ala
260 265 270

Ala Val Arg Thr Ala Leu Glu Glu Cys Gln Pro Glu His Ala Ala Asp
275 280 285

Ile Phe Glu Arg Gly Met Val Leu Thr Gly Gly Gly Ala Leu Ile Arg
290 295 300

Asn Ile Asp Val Leu Leu Ser Lys Glu Thr Gly Val Pro Val Ile Ile
305 310 315 320

Ala Asp Asp Pro Leu Thr Cys Val Ala Arg Gly Gly Gly Glu Ala Leu
325 330 335

Glu Met Ile Asp Met His Gly Gly Asp Ile Phe Ser Asp Asp Ile
340 345 350

20

<210> 43

<211> 2172

25 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

30 <221> CDS

<222> (1)..(1464)

<220>

35 <223> pnp

<400> 43

40 acc cgc gtt ggg att ggg tgg cac ctg aac cca aat act gcg tta att 48
Thr Arg Val Gly Ile Gly Trp His Leu Asn Pro Asn Thr Ala Leu Ile
1 5 10 15

45 gaa aaa gtg aaa gcg att gca gaa gcg cgt tta ggc gaa gca tac cgt 96
Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly Glu Ala Tyr Arg
20 25 30

50 atc act gaa aac aag cac gtt atg aac aaa att gat gcg att aaa gct 144
Ile Thr Glu Asn Lys His Val Met Asn Lys Ile Asp Ala Ile Lys Ala
35 40 45

55 gat gtg att gca caa atc aca gct gaa gta gca gaa ggc gaa gac atc 192
Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile
50 55 60

60 agt gaa ggg aaa att gtc gat att ttc acc gca ctt gaa agc caa atc 240
Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile
65 70 75 80

65 gta cgt agc cgt atc att gct ggt gaa cca cgt att gat ggt cgt aca 288
Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr
85 90 95

gtg gat act gtt cgt gca tta gat att tgt act ggt gtt tta cca cgt 336
Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg
100 105 110

aca cac ggt tct gcg att ttc acc cgt ggt gaa aca cag gcg tta gct 384

ES 2 362 041 T3

	Thr	His	Gly	Ser	Ala	Ile	Phe	Thr	Arg	Gly	Glu	Thr	Gln	Ala	Leu	Ala	
			115					120					125				
5	gtc	gcg	aca	tta	ggt	aca	gaa	cgt	gat	gca	caa	att	att	gat	gaa	tta	432
	Val	Ala	Thr	Leu	Gly	Thr	Glu	Arg	Asp	Ala	Gln	Ile	Ile	Asp	Glu	Leu	
			130				135					140					
10	aca	ggt	gag	cgt	tca	gat	cac	ttc	tta	ttc	cac	tac	aac	ttc	ccg	cca	480
	Thr	Gly	Glu	Arg	Ser	Asp	His	Phe	Leu	Phe	His	Tyr	Asn	Phe	Pro	Pro	
					145		150				155				160		
15	tat	tct	gtg	ggt	gaa	acc	ggt	atg	att	ggt	tca	cca	aaa	cgt	cgt	gaa	528
	Tyr	Ser	Val	Gly	Glu	Thr	Gly	Met	Ile	Gly	Ser	Pro	Lys	Arg	Arg	Glu	
					165					170					175		
20	att	ggt	cat	ggt	cgt	tta	gcg	aaa	cgc	ggt	gta	gct	gca	gtg	atg	cca	576
	Ile	Gly	His	Gly	Arg	Leu	Ala	Lys	Arg	Gly	Val	Ala	Ala	Val	Met	Pro	
				180					185					190			
25	aca	ctt	gcc	gag	ttc	ccg	tat	gtg	gta	cgt	ggt	gtc	tct	gaa	atc	aca	624
	Thr	Leu	Ala	Glu	Phe	Pro	Tyr	Val	Val	Arg	Val	Val	Ser	Glu	Ile	Thr	
				195			200						205				
30	gaa	tca	aat	ggt	tct	tct	tct	atg	gca	tcg	ggt	tgt	ggt	gcg	tct	tta	672
	Glu	Ser	Asn	Gly	Ser	Ser	Ser	Met	Ala	Ser	Val	Cys	Gly	Ala	Ser	Leu	
			210				215					220					
35	gca	tta	atg	gat	gcg	ggt	gta	cca	att	aaa	gcg	gcg	ggt	gca	ggt	att	720
	Ala	Leu	Met	Asp	Ala	Gly	Val	Pro	Ile	Lys	Ala	Ala	Val	Ala	Gly	Ile	
					225		230				235				240		
40	gca	atg	ggc	tta	gtc	aaa	gaa	gac	gaa	aaa	ttt	gtg	gtg	ctt	tca	gac	768
	Ala	Met	Gly	Leu	Val	Lys	Glu	Asp	Glu	Lys	Phe	Val	Val	Leu	Ser	Asp	
					245					250					255		
45	atc	tta	ggt	gat	gaa	gat	cac	tta	ggt	gac	atg	gac	ttc	aaa	gtc	gcg	816
	Ile	Leu	Gly	Asp	Glu	Asp	His	Leu	Gly	Asp	Met	Asp	Phe	Lys	Val	Ala	
				260					265					270			
50	ggt	aca	cgt	acg	ggt	gtg	acg	gca	tta	caa	atg	gat	atc	aaa	atc	gaa	864
	Gly	Thr	Arg	Thr	Gly	Val	Thr	Ala	Leu	Gln	Met	Asp	Ile	Lys	Ile	Glu	
				275				280					285				
55	ggt	atc	aca	gca	gaa	atc	atg	caa	att	gcg	tta	aac	caa	gcg	aaa	agc	912
	Gly	Ile	Thr	Ala	Glu	Ile	Met	Gln	Ile	Ala	Leu	Asn	Gln	Ala	Lys	Ser	
					290			295				300					
60	gca	cgt	tta	cac	att	tta	ggt	gtg	atg	gag	caa	gcg	atc	cca	gcg	cca	960
	Ala	Arg	Leu	His	Ile	Leu	Gly	Val	Met	Glu	Gln	Ala	Ile	Pro	Ala	Pro	
						305		310			315				320		
65	cgt	gcg	gat	att	tct	gat	ttt	gca	ccg	cgt	att	tac	act	atg	aaa	att	1008
	Arg	Ala	Asp	Ile	Ser	Asp	Phe	Ala	Pro	Arg	Ile	Tyr	Thr	Met	Lys	Ile	
					325					330					335		
70	gat	ccg	aag	aaa	atc	aaa	gat	gtg	atc	ggt	aaa	ggt	ggt	gca	acc	att	1056
	Asp	Pro	Lys	Lys	Ile	Lys	Asp	Val	Ile	Gly	Lys	Gly	Gly	Ala	Thr	Ile	
					340			345						350			
75	cgt	gcc	tta	aca	gaa	gaa	aca	ggt	acc	tca	att	gat	atc	gat	gat	gat	1104
	Arg	Ala	Leu	Thr	Glu	Glu	Thr	Gly	Thr	Ser	Ile	Asp	Ile	Asp	Asp	Asp	
				355				360						365			

ES 2 362 041 T3

5 ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca gca aaa gag gtg 1152
 Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser Ala Lys Glu Val
 370 375 380
 atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa gcg ggt gca gtg 1200
 Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu Ala Gly Ala Val
 385 390 395 400
 10 tat aaa ggt aaa gtt act cgt tta gct gat ttt ggt gcc ttc gtt tct 1248
 Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser
 405 410 415
 atc gta ggt aac aaa gaa ggc tta gtg cat att tct caa atc gcg gaa 1296
 Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Ala Glu
 420 425 430
 15 gag cgt gtt gag aaa gtg agt gat tat ctt gca gtg ggg caa gaa gtg 1344
 Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val Gly Gln Glu Val
 435 440 445
 20 act gtt aaa gtg gtt gag att gat cgt caa ggt cgt att cgt tta acc 1392
 Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr
 450 455 460
 25 atg aaa gaa gtt gca cca aag caa gaa cac gtt gat tct gtt gtc gca 1440
 Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp Ser Val Val Ala
 465 470 475 480
 30 gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca taagcaataa acaccaacgc ccttcgtgat 1494
 Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
 485
 aaagggcggt ggtgtgcatg ttgataagta caatttgtgc ttttaaggcga agcgaaatga 1554
 agcaatttca tccgtgggta aagtgcctgc taattttccc attttgggta tgttgtttaa 1614
 35 cagcttgtgt taatcatgaa caagtttttc tttcaaaaga gaaattaatg ttagcagagc 1674
 aacatccgaa tgatcatcct gagcatgagg tgatgggtgc gcaatttagc gaattgttac 1734
 ttgttaaagg gttaaaaaaa gaagaacgtg cgattttaca ttttgagcga ggcgtgctgt 1794
 40 acgatagcctt aggattgtgg scattggcgc gttatgattt tgaccaaaaca ttagcgttgt 1854
 atccaaagtt ggcagcagcg ttaattatt taggtttata tttattgtta gaggaagatt 1914
 acagcgcac tctagatc ttaaatgtgt tgtttgaact tgatcctcaa tatgagtatg 1974
 45 cattcctaaa tagagggcta aatttttatt acgtcggacg ttatgaatta gctcagcggg 2034
 attttcttca atttatcaa gccgataaat cagatccata ccgcacttta tggctttatt 2094
 taaatgaatt aaagcataat cctcaggatg cttctaaaaa tcttgcctcaa cgagcaatgg 2154
 50 ggctttctga tgaatatt 2172

55 <210> 44
 <211> 488
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 44

5 Thr Arg Val Gly Ile Gly Trp His Leu Asn Pro Asn Thr Ala Leu Ile
1 5 10 15

Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly Glu Ala Tyr Arg
20 25 30

10 Ile Thr Glu Asn Lys His Val Met Asn Lys Ile Asp Ala Ile Lys Ala
35 40 45

Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile
50 55 60

15 Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile
65 70 75 80

20 Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr
85 90 95

Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg
100 105 110

25 Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala
115 120 125

Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile Ile Asp Glu Leu
130 135 140

30 Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro
145 150 155 160

Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu
165 170 175

35 Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala Ala Val Met Pro
180 185 190

Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val Ser Glu Ile Thr
195 200 205

40 Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu
210 215 220

Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile
225 230 235 240

45 Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val Val Leu Ser Asp
245 250 255

Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala
260 265 270

50 Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu
275 280 285

Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn Gln Ala Lys Ser
290 295 300

55 Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro
305 310 315 320

60 Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr Thr Met Lys Ile
325 330 335

65

ES 2 362 041 T3

Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ile
 340 345 350
 5 Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp Ile Asp Asp Asp
 355 360 365
 Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser Ala Lys Glu Val
 370 375 380
 10 Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr A`a Glu Val Glu Ala Gly Ala Val
 385 390 395
 Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser
 405 410 415
 15 Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Ala Glu
 420 425 430
 Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val Gly Gln Glu Val
 435 440 445
 20 Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr
 450 455 460
 Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp Ser Val Val Ala
 465 470 475 480
 Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
 485

30 <210> 45
 <211> 633
 <212> DNA
 35 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 <221> CDS
 40 <222> (2)..(631)
 <220>
 <223> purF
 45 <400> 45

50 c gat ggg gtt tct gtt tat gct gcc cgt gtt cat atg gga caa cgt tta 49
 Asp Gly Val Ser Val Tyr Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu
 1 5 10 15
 ggt gaa aaa att gca cgg gaa tgg gcg gat gtg gat gat att gat gtg 97
 Gly Glu Lys Ile Ala Arg Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val
 20 25 30
 55 gtc att cct gtg cct gaa acc tct aac gat att gct tta cgt att gcg 145
 Val Ile Pro Val Pro Glu Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala
 35 40 45
 60 cgc gtg tta aat aaa ccg tat cgt caa ggt ttt gtg aaa aat cgc tat 193
 Arg Val Leu Asn Lys Pro Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr
 50 55 60
 65 gta gga cgt acg ttt att atg ccg ggg cag gca ttg cga gtc agt tct 241
 Val Gly Arg Thr Phe Ile Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser
 65 70 75 80

ES 2 362 041 T3

gtt aga cgt aaa ctc aat acc att gct tca gaa ttt aaa gat aag aat 289
 Val Arg Arg Lys Leu Asn Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn
 85 90 95
 5 gtt tta tta gtt gac gac tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa 337
 Val Leu Leu Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln
 100 105 110
 10 att gtc gaa atg gcg aga gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc 385
 Ile Val Glu Met Ala Arg Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala
 115 120 125
 15 tct gct gca cca gaa att cgt tat cca aat gtg tat ggt att gat atg 433
 Ser Ala Ala Pro Glu Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met
 130 135 140
 20 cca acc aaa aat gaa ttg atc gct tat ggt cgt gat gta gat gaa att 481
 Pro Thr Lys Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile
 145 150 155 160
 25 gct aac tta att ggt gtg gat aaa ttg att ttc caa gat ttg gat gcg 529
 Ala Asn Leu Ile Gly Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala
 165 170 175
 30 tta act ggt tct gtg caa caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat 577
 Leu Thr Gly Ser Val Gln Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp
 180 185 190
 35 tgt tcg gtg ttt aca ggg gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa 625
 Cys Ser Val Phe Thr Gly Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu
 195 200 205
 40 tat ctg ga 633
 Tyr Leu
 210

35 <210> 46
 <211> 210
 <212> PRT
 40 <213> *Pasteurella multocida*
 <400> 46

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

65

ES 2 362 041 T3

Ile Val Glu Met Ala Arg Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala
 115 120 125
 Ser Ala Ala Pro Glu Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met
 130 135 140
 Pro Thr Lys Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile
 145 150 155 160
 Ala Asn Leu Ile Gly Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala
 165 170 175
 Leu Thr Gly Ser Val Gln Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp
 180 185 190
 Cys Ser Val Phe Thr Gly Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu
 195 200 205
 Tyr Leu
 210

20

<210> 47

<211> 4788

<212> DNA

25

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

30

<221> CDS

<222> (1)..(876)

<220>

35

<223> rci

<220>

<223> Nucleotide at position 3084 is A, T, G or C.

40

<400> 47

gac gag gag aga aaa tta gct gat ttg gca aaa ggt atc gct cca gat 48
 Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys Gly Ile Ala Pro Asp
 1 5 10 15
 att att ttt aga gat gta ata gaa cgc tat caa aat gaa gtg tct ata 96
 Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln Asn Glu Val Ser Ile
 20 25 30
 act aaa aaa ggc gcg cga aat gaa att ata aga tta aac cgc ttt tta 144
 Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg Leu Asn Arg Phe Leu
 35 40 45
 aga tat gat att tct aat ctg tat att cgt gat tta aga aaa gaa gat 192
 Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp Leu Arg Lys Glu Asp
 50 55 60
 ttt gag gag tgg atc aga att cgc cta acc gaa gta tcg gat gct agc 240
 Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu Val Ser Asp Ala Ser
 65 70 75 80
 gtt aga cgt gag ctt gtt act ata tcg tca gtg ctg aca aca gca ata 288
 Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val Leu Thr Thr Ala Ile
 85 90 95
 aat aag tgg gga tat att tca agg cat cca atg act ggt att gaa aaa 336

65

ES 2 362 041 T3

	Asn	Lys	Trp	Gly	Tyr	Ile	Ser	Arg	His	Pro	Met	Thr	Gly	Ile	Glu	Lys	
				100					105					110			
5	cca	aaa	aac	tcg	gca	gaa	aga	aaa	gaa	cga	tat	tca	gaa	cag	gac	att	384
	Pro	Lys	Asn	Ser	Ala	Glu	Arg	Lys	Glu	Arg	Tyr	Ser	Glu	Gln	Asp	Ile	
			115					120					125				
10	aaa	aca	ata	tta	gaa	aca	gct	aga	tat	tgt	gaa	gat	aaa	cta	ccc	ata	432
	Lys	Thr	Ile	Leu	Glu	Thr	Ala	Arg	Tyr	Cys	Glu	Asp	Lys	Leu	Pro	Ile	
		130					135					140					
15	aca	ctc	aaa	caa	aga	gta	gca	att	gca	atg	tta	ttt	gct	att	gaa	acc	480
	Thr	Leu	Lys	Gln	Arg	Val	Ala	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Ile	Glu	Thr	
	145				150					155					160		
20	gct	atg	cgt	gct	ggg	gag	att	gct	agt	ata	aaa	tgg	gat	aat	ggt	ttt	528
	Ala	Met	Arg	Ala	Gly	Glu	Ile	Ala	Ser	Ile	Lys	Trp	Asp	Asn	Val	Phe	
				165					170						175		
25	ctt	gaa	aag	aga	ata	gta	cat	tta	ccg	aca	act	aaa	aac	ggg	cac	tct	576
	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Val	His	Leu	Pro	Thr	Thr	Lys	Asn	Gly	His	Ser	
			180						185					190			
30	aga	gat	gtg	ccg	ctt	tcg	caa	aga	gct	ggt	gcg	cta	att	tta	aaa	atg	624
	Arg	Asp	Val	Pro	Leu	Ser	Gln	Arg	Ala	Val	Ala	Leu	Ile	Leu	Lys	Met	
			195				200						205				
35	aaa	gag	gta	gaa	aat	gga	gat	ctt	gtg	ttt	cag	acc	acg	cct	gaa	tca	672
	Lys	Glu	Val	Glu	Asn	Gly	Asp	Leu	Val	Phe	Gln	Thr	Thr	Pro	Glu	Ser	
		210				215						220					
40	tta	agc	acc	acg	ttt	aga	gtg	tta	aag	aaa	gag	tgt	gga	ctt	gaa	cat	720
	Leu	Ser	Thr	Thr	Phe	Arg	Val	Leu	Lys	Lys	Glu	Cys	Gly	Leu	Glu	His	
	225				230						235				240		
45	ctc	cat	ttt	cat	gat	acg	aga	agg	gaa	gcg	ttg	acg	aga	tta	tct	aag	768
	Leu	His	Phe	His	Asp	Thr	Arg	Arg	Glu	Ala	Leu	Thr	Arg	Leu	Ser	Lys	
				245					250					255			
50	aaa	gta	gat	gta	atg	act	cta	gcc	aaa	att	agc	gga	cat	aga	gat	tta	816
	Lys	Val	Asp	Val	Met	Thr	Leu	Ala	Lys	Ile	Ser	Gly	His	Arg	Asp	Leu	
			260					265					270				
55	aga	att	tta	caa	sac	aca	tat	tac	gca	ccg	aat	atg	agt	gaa	gtg	gca	864
	Arg	Ile	Leu	Gln	Asn	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Pro	Asn	Met	Ser	Glu	Val	Ala	
			275				280						285				
60	aac	ttg	ttg	gat	taattcactc	ttcttaata	cgcttttgc	cacttgatta									916
	Asn	Leu	Leu	Asp													
			290														
65	catcgccagc	cttatatctt	ttactttcat	tacttctttt	ttctaatagaa	actggggatg											976
50	gaaagtcttg	gcgggtaata	atatgacgag	atgtgtaatt	gtaagaacga	ttaatcatga											1036
	tagaaatgtc	ttcaatacta	agaagaactg	gactatcttc	tttaegtga	gctaaggctc											1096
	caaacctcac	agagcgtagc	acttcatctt	gttgtttctt	tgtagagaa	atattttcca											1156
55	tttttacctc	acttaataaa	aaaagccgtc	atggacggct	taataaagca	tttcgctata											1216
	cagttctttt	gaggtgtacc	caatategaa	cttgatttga	ttgttttggt	ttgcgatttc											1276

ES 2 362 041 T3

5 cagtgtctct tttcgatcaa caaatctctcc gaagttggta ataacacctt gtttcttacc 1336
 aatttagcggg tatttgtgtac cgcttccaat agatttaatt tgtttacgca taaacatgtc 1396
 atagtgtctc gcgccagtca ctaaatagaag ttcttttggt gtgtaatctt caagctcgca 1456
 cgcagcgcag acgattaant ctggacgacg tcccattttc ctatctccga gcatttttca 1516
 tagcctcaaa ccaagcttgt gcgtctcctt cactgtaaaa taatgaaccg ctttctagca 1576
 10 tttttctgtg cttatctcta ttagcatcaa aatagaatct aataattggt gagttacctc 1636
 ttttaagac ctcttgattg tgggtgtgctg ttttgattgg agcgggcaaa gtaagcgta 1696
 ctgttggggc tggttcttcc cacattccga ctatatcaaa tggattttct aaatgcggat 1756
 15 atttgttatg ttcaaaaaa gaagatccat caatcgtcca agaatttctc tcaaatgtg 1816
 tcttgctctt gccaatgtga aatacacctt gatataagaa agtggtgaac ggaagaact 1876
 ttgaataatc agcagttaca tatcctttac ttccatttct aagcacaact ggctcaccgg 1936
 20 ttaatgtctt ttctaagtca aatgctttca tttttactc tccagcttgc tcatcaataa 1996
 gctcatcaat ccattctcga atttcagatt ggaattttc taacgaatta ttttcattaa 2056
 aataatctgc ttcttttaac ttactcaccg ctgttttact aaagcattta taaaaagac 2116
 25 gcttttcttc aaacaaatca tcttttgaga ttgcgcatac ttttctacg ccctctatac 2176
 ttttgtcttg aataaaacta ttaaaaagaa cctcttcttg ctgcttgttt tctactaaaa 2236
 tagaaatcgt atattttttt ggatattcca tttttaatcc ttcttttag ataacaaaa 2296
 30 accgcatttc tgcggttatt ctgtgtattt atttaaata ttacttatag tttcagcacc 2356
 ttctaagtgt aatttagaat agcttgaggt catttttctt ttaacggcaa tctcaatc 2416
 ttccagcttt aagctataca agtagtcttt tttatcttta taaatcgcac cgtacaccat 2476
 35 tccggataat ttaccttctt catacccat agataaattg atctttctat ctgcaccgag 2536
 cactctaatt gttaaatatt ttcttccaat ttttaagact tcagcctcat gttcaatgtt 2596
 tgagcgcag agtggttcta aaaaatatac ggtatcgcca actttaagat ttttaatcca 2656
 40 atctttatcc ataaatccc ttatacttcc ggtggcagtg gaagtgggtg ccaatgagtt 2716
 actgaagata gatggttaagt acgaagagac ataaagaaaa catcatctcg ccacgcgatt 2776
 45 tttatttccc ctctatctgt ataaatcaga atatectctc tctcactggg caatctatct 2836
 tttactacta tccagccatc atcttgcgaa aattccacaa tttctggctt ttcaagcacc 2896
 aatcagagc cgtaatcttc ttttctctc tctctcaact gcttttctt gcagtcagcc 2956
 50 ttgccaagga cgacaccgta cacggcataa ggtaaatcat tcaacgcaaa atcctcatga 3016
 tcacacatat catctgcgaa ctcatgagct tctactgcac catctaaaca actttgctta 3076
 gcttgatnta atgtttcgtg taagttaacg atatgtatgt cattagatac atctactgag 3136
 55 aaaaattttt tttctgttcc talcatagtt aaattcctta ttcttttatt aatgggcgag 3196

60

65

ES 2 362 041 T3

5 gaatcgggtg ccagtgtgta acgttaatag ctagatcata aattggacca ttctgattta 3256
 tagctaccca aaatattca ccacagcaa tttctcttga tgcaattgcy taatgctcgc 3316
 10 catattcacc ttcacaaaa gcaatgactg gtggttcaac ttctggtaac ttgtcatcaa 3376
 cactaatcca gttgctatat tcccaatgaa aattaagctt ctcatagcca ttgatgactt 3436
 gatctaacgc aggtcttaant tgggtttctc caacaataat atgtgttgtt atcttaantct 3496
 15 ctgggattcc atctattact tcacaccagt ttttttcaat aaagtccaat ctttttttat 3556
 ctgctaaaag actttcatal tctgcttttg tgattgttac tgtttctgtc atagttaaat 3616
 tcctcatgat aaattccatg tttatttace ttttttctgg cacaaaaaa cacgctattg 3676
 cgtgctgtct tgattgatat aatcaattaa tctaagccca atccatttca taactggaac 3736
 20 agccatactg tttccaattg ctttgtatcg tggagaatca gggcattcat ctattgattt 3796
 gttgcgatat gggattttag tgtaatcgtc tggaaatccc tgtaatcttt cacactcacy 3856
 cggcgttagt tttctaaca ctgattctac tgataaagca acgcaaggaa cattattacc 3916
 accagttccc attcttgctt ttaaggttgg tgaaatatca tegtgaatac gacaagcttc 3976
 25 ttcaccctta acctcaaata gaatattttc caatcctcca tttcttccaa tgcaatgcy 4036
 tgtattttta gaaatgattg gatcttgtga accgtgaaca acaaaagttt cactaccgcc 4096
 agcaagaact ccaccgcttg ctcttaatgt tcccgaaca tcygatttgc gatattgagc 4156
 30 aaagcttgtc tcaataaagg cggcaatata ttttgctgc gttccgctct gttcaatatt 4216
 ccctcgcacy cttttggact caatgagtat ttgtgcaaca cttcgtttcc tagcacttgc 4276
 cacaagaac actcttttac gacgttgggc aactccgaag tattgagcat cgagaactcg 4336
 35 ccagcagatt gttcggattg aatgcacata accagcgttc gtccatcttc tccctgtgtg 4396
 ctgcaatggc tcacactctt gaaccagtcc agccagaagg tgtccgaatg cgttgtccga 4456
 ggtggatagc acaccggaa cgttttccca cacgagaatg cacggtggtt tgttgcatt 4516
 40 gaatctaaca tagtcgatcg cttctaaaat ttaattaa actaacgtga gatttctcgy 4576
 ctcatcgtct aaactttgac gattgccagc aactgaaaa gattgacaag gagtaccacc 4636
 aactaaaacy tctggtgccg gaatttcacy atctaataat ttctggtgca attcagtcac 4696
 45 atcaccaaga ttgggaacgt tagggtaatg gtaagctaata actgcycttg ggaattgctc 4756
 aatttcagaa aaccagagtg gctctgcgaa tt 4788

50

<210> 48

<211> 292

55 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 48

```

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

```

55 <210> 49

<211> 1618

<212> DNA

60

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

65

<222> (2)..(1195)

<220>

ES 2 362 041 T3

<223> scpE

<400> 49

5
g ggc gat cta tgt ctg aaa ata tct aca tgg tgt caa agt cac aga atc 49
Gly Asp Leu Cys Leu Lys Ile Ser Thr Trp Cys Gln Ser His Arg Ile
1 5 10 15

10
aat caa gca att cgc aca att caa agt cta tca acc gca gtc atc ggt 97
Asn Gln Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly
20 25 30

15
att gtc tgt act gca aat gac gca gac aat gaa aca ttc cca ctc aat 145
Ile Val Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn
35 40 45

20
gaa ccc gtt ctc atc aca aac gtg gca gcg gca att ggc aag gct gga 193
Glu Pro Val Leu Ile Thr Asn Val Ala Ala Ala Ile Gly Lys Ala Gly
50 55 60

25
aaa caa ggc acg ctt tca cgt gcg ctt gac ggg att tct gat gta gtc 241
Lys Gln Gly Thr Leu Ser Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Asp Val Val
65 70 75 80

30
aat tgc aaa gtg att gtt gtg cga gtg caa gaa agt gcg caa gaa gac 289
Asn Cys Lys Val Ile Val Val Arg Val Gln Glu Ser Ala Gln Glu Asp
85 90 95

35
gaa gaa aca aaa gca agt gaa atg aac acg gca att att ggc aca atc 337
Glu Glu Thr Lys Ala Ser Glu Met Asn Thr Ala Ile Ile Gly Thr Ile
100 105 110

40
aca gaa gaa ggg cag tac aca ggc ttg aag gcg tta ttg att gcg aaa 385
Thr Glu Glu Gly Gln Tyr Thr Gly Leu Lys Ala Leu Leu Ile Ala Lys
115 120 125

45
aac aaa ttc ggt atc aaa cca cgt att tta tgt gtg cca aaa ttc gac 433
Asn Lys Phe Gly Ile Lys Pro Arg Ile Leu Cys Val Pro Lys Phe Asp
130 135 140

50
aca aaa gaa gtc gcc aca gag ctt gca agt atc gcc gcc aaa ctc aac 481
Thr Lys Glu Val Ala Thr Glu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Lys Leu Asn
145 150 155 160

55
gca ttt gct tac att tca tgt caa ggg tgt aaa acg aaa gaa caa gcg 529
Ala Phe Ala Tyr Ile Ser Cys Gln Gly Cys Lys Thr Lys Glu Gln Ala
165 170 175

60
gtg caa tat aaa cgc aac ttc tca caa cgt gaa gtc atg ctg atc atg 577
Val Gln Tyr Lys Arg Asn Phe Ser Gln Arg Glu Val Met Leu Ile Met
180 185 190

65
ggc gat ttt ctg tca ttt aat gtc aac aca tca aaa gtt gag att gac 625
Gly Asp Phe Leu Ser Phe Asn Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp
195 200 205

70
tat gcc gtc act cgt gcg gcg gca atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa 673
Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu
210 215 220

75
cag ggc tgg cat acg tct att tca aat aaa ggc att aat ggc gtg agc 721
Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser
225 230 235 240

ES 2 362 041 T3

5 ggt gtc aca caa cca ctc tat ttt gac att aac gac agc tcg act gat 769
 Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp
 245 250 255
 10 gtc aac tat ctc aat gaa caa ggc atc acg tgt tgc gtg aat cat aat 817
 Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn
 260 265 270
 15 ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta cgc acg act gca gaa gat cca tta ttc 865
 Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe
 275 280 285
 20 aag ttt gaa gtg tac acc cgc act gca caa atc tta aaa gat acg att 913
 Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile
 290 295 300
 25 gca ggg gcg ttt gat tgg gca gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta 961
 Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu
 305 310 315 320
 30 gtg aaa gat att att gaa gca atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc 1009
 Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr
 325 330 335
 35 aca aaa ggc tac tta att ggc ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt 1057
 Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu
 340 345 350
 40 aac agt gca acg aat tta aaa gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat 1105
 Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp
 355 360 365
 45 tat cac cca gta cca ccg ctc gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att 1153
 Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile
 370 375 380
 50 tct gat gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tcg 1195
 Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 385 390 395
 taaggggtag aaaatggctt taccacgcaa acttaaatg atgaatttaa tcatcgacgg 1255
 taacaaatat ctcggegaag tcacggaagt gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga 1315
 agaatttcgc gcgggcggtg tgattggttc ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct 1375
 cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat ggtcgaatta attaaaaat tcggcggggtc 1435
 aatcaacggc attccattgc gttttcttgg ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt 1495
 cacatctggt gagcttgtga tgcaaggtcg atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa 1555
 agtgggcat gacactgaac aaacattcaa agtgccttta acgtattaca aaatcattgt 1615
 tga 1618

55 <210> 50
 <211> 398
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 50

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

65

ES 2 362 041 T3

Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu
 340 345 350
 Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp
 355 360 365
 Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile
 370 375 380
 Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 385 390 395

<210> 51

<211> 353

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(351)

<220>

<223> unknown C1

<400> 51

atg aca tta ttt gat gaa tgt aaa tta gct ctt aga gac gat ttt aat 48
 Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn
 1 5 10 15
 cta att tgt gat gaa gag aag gat tgt gta atg gat aag ttt tat ttc 96
 Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe
 20 25 30
 tat ttc ttg gaa aag aaa gag gaa ttt aat ttt caa gat tat tca ttt 144
 Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe
 35 40 45
 gaa gaa atg tat ata ttt tca aaa atg gaa cct gtg tat gtt tta tgt 192
 Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys
 50 55 60
 gat agc tct aat ata cct ttg ttt agg agt aat tgg gaa ttg att atc 240
 Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile
 65 70 75 80
 aat aat ata tat gat gtt gtc tgt tta tct aca aaa gta ttt ttt cta 288
 Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu
 85 90 95
 gat gat gaa aag tta atg atg gaa tta ttt cct gaa gat aaa gta aga 336
 Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg
 100 105 110
 gtc atc tat aaa aga ta 353
 Val Ile Tyr Lys Arg
 115

<210> 52

<211> 117

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<400> 52

5 Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn
1 5 10 15

Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe
20 25 30

10 Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe
35 40 45

Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys
50 55 60

15 Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile
65 70 75 80

Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu
85 90 95

20 Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg
100 105 110

Val Ile Tyr Lys Arg
115

25

<210> 53

<211> 509

<212> DNA

30

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

35

<221> CDS

<222> (1)..(507)

<220>

40

<223> unknown C2

<400> 53

45

atg aaa aat ttt agg aat ata aat att tat agt gat tat gga aag gtt 48
Met Lys Asn Phe Arg Asn Ile Asn Ile Tyr Ser Asp Tyr Gly Lys Val
1 5 10 15

50

gat aag gaa att ata tta gaa ttc gaa aat gaa ttt aat ata aag ctt 96
Asp Lys Glu Ile Ile Leu Glu Phe Glu Asn Glu Phe Asn Ile Lys Leu
20 25 30

55

cct tct tta tac ata gat tta att acg gcg cat aat gct ccg aag agt 144
Pro Ser Leu Tyr Ile Asp Leu Ile Thr Ala His Asn Ala Pro Lys Ser
35 40 45

60

gaa gag aat tgc ttt gaa tat tac aat gag cgt aat gag ccc acg ttt 192
Glu Glu Asn Cys Phe Glu Tyr Tyr Asn Glu Arg Asn Glu Pro Thr Phe
50 55 60

65

tct tcc ttt gga ttt gaa ggg ttt gag aca gag cgg tct agc gcc tct 240
Ser Ser Phe Gly Phe Glu Gly Phe Glu Thr Glu Arg Ser Ser Ala Ser
65 70 75 80

ctt gaa aat ata tat gct cag tat att tat gat gat cca atc tat ggt 288
Leu Glu Asn Ile Tyr Ala Gln Tyr Ile Tyr Asp Asp Pro Ile Tyr Gly
85 90 95

ES 2 362 041 T3

5 tat gaa cat gtg tat tct ttt ggt agt act ggc gag gga cat ttt atc 336
 Tyr Glu His Val Tyr Ser Phe Gly Ser Thr Gly Glu Gly His Phe Ile
 100 105 110
 10 tgt ttt gat tat cgt gat gat cca aaa ggt gat gaa ccc aaa atc tgt 384
 Cys Phe Asp Tyr Arg Asp Asp Pro Lys Gly Asp Glu Pro Lys Ile Cys
 115 120 125
 15 atc gtg att cac gat gaa tat gat gaa aaa aca ggg aaa atg cga ctg 432
 Ile Val Ile His Asp Glu Tyr Asp Glu Lys Thr Gly Lys Met Arg Leu
 130 135 140
 20 ttt cct ata gca gag aat ttt gaa gcg ttt tta gat agt ttg aaa tca 480
 Phe Pro Ile Ala Glu Asn Phe Glu Ala Phe Leu Asp Ser Leu Lys Ser
 145 150 155 160
 25 ttt gat gaa atg ata gag aag tat tcg ta 509
 Phe Asp Glu Met Ile Glu Lys Tyr Ser
 165

20 <210> 54
 <211> 169
 <212> PRT
 25 <213> *Pasteurella multocida*

 <400> 54

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

60 <210> 55
 <211> 443
 <212> DNA
 65 <213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(441)

5

<220>

<223> unknown C3

10 <400> 55

```

    atg ata aaa tat tta gag gga aat att aac tcg ttt ata tcg gca tta   48
    Met Ile Lys Tyr Leu Glu Gly Asn Ile Asn Ser Phe Ile Ser Ala Leu
      1             5             10             15

    ggt aaa aac gaa agt aat aaa gat att tta aaa tta gta gaa ata gtt   96
    Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val
      20             25             30

    tct tca gat ttt gaa gtg gat gaa cta agt cat aaa gat gaa cac gag   144
    Ser Ser Asp Phe Glu Val Asp Glu Leu Ser His Lys Asp Glu His Glu
      35             40             45

    ata tat tat ttg ttt tat aag agg ggt gtt gaa ttt tgt ttt aaa aga   192
    Ile Tyr Tyr Leu Phe Tyr Lys Arg Gly Val Glu Phe Cys Phe Lys Arg
      50             55             60

    ata gat gaa gag tat gtc tta tat tcg gtt ttc ttt ttc ttg gta gag   240
    Ile Asp Glu Glu Tyr Val Leu Tyr Ser Val Phe Phe Phe Leu Val Glu
      65             70             75             80

    gtt gat aat tat ttt tca tgc cca ttt att cat gaa tta ata tgt gat   288
    Val Asp Asn Tyr Phe Ser Cys Pro Phe Ile His Glu Leu Ile Cys Asp
      85             90             95

    ctt aaa cac gga ttc tca ata gag gat att ata agg ttt tta ggg gag   336
    Leu Lys His Gly Phe Ser Ile Glu Asp Ile Ile Arg Phe Leu Gly Glu
      100            105            110

    cca aat ttt aaa ggt agt ggc tgg gta aga tat tct tat aat gga aga   384
    Pro Asn Phe Lys Gly Ser Gly Trp Val Arg Tyr Ser Tyr Asn Gly Arg
      115            120            125

    aat att cat ttc gaa ttt aat gaa tct aat gaa tta tcc cag att agc   432
    Asn Ile His Phe Glu Phe Asn Glu Ser Asn Glu Leu Ser Gln Ile Ser
      130            135            140

    att ttt att ta                                     443
    Ile Phe Ile
    145
  
```

50 <210> 56

<211> 147

<212> PRT

55 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 56

```

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

    Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val
      20             25             30
  
```

65

ES 2 362 041 T3

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

<210> 57

25 <211> 8498

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

30 <220>

<223> unknown C

<400> 57

35 gaattcgaat taagcgagaa aattgctgaa aactagAAC aaagtcAatt aatattagT 60
 caattatcaa ttgttGaaat ttatcctttc aatgaagaac aagggatacg ttttcataat 120
 40 aaaagtgtgg tacaacttaa accagaagag gtggaatggt catcaatcca ttatcctttc 180
 tttgctggcg atattcagca agtcgctcat ctgcgaaag ccgcagaaat gggttgcgtg 240
 gtgattgata tGaaagggat ttgtgccagc ttgcaagacg tccctgtggt gataccggga 300
 45 gtaaatcagg aaaaattggt agatttacgt cagcgtaata ttgtgtcctt agccgatcca 360
 caagtGacac aacttgCatt agtcatcgcc tcgttgatgt caaatcagca aatcaaagac 420
 attgccgtaa cctcgttatt acctgcAtct tatactaacg gagaaacggt aggtaaatta 480
 50 gcgggacaaa cagcgcgatt gttaaatggc attccacttg atgaaggcga acaacgttta 540
 gcttttgatg ttttcctac gcctgcAtcg catttaaata tgcaaattca caagatcttt 600
 ccacaattag ataatgtcgt atttcattct atccaagtgc ctgttttcta cgggatgggg 660
 55 caaatggTga gcgtattatc ggattatgca ttagatcctc aatcttgctt agcgagctgg 720
 actgacaatc cgttgatgac ttatcatgca gaaaaatatt gcacccagcT gacgaatggc 780
 60 gaacaggaaa tggcagaaga gcaagcagca aaattacata taagtggggt aagtgcgggtg 840
 gaaaatggTc tacaattttg gtcggttgca gatgaacagc gctttaatct tgctttattg 900

65

ES 2 362 041 T3

agtggtacgc ttgcagagtt aatttactcg caagggttatt aatttaaagtg tgtttttgca 960
 cgatattttt atcttgaact ttgagagcgc atcctgtttt gacgagtgcg tttttgttaa 1020
 5 aacattcgtt tgaagacag tgaatgaata gcggagttat tgataagaat caatttatac 1080
 aaaagcaact gaatgttatt aatcgaggca ataaacctat tgatagtttt agttggcgcc 1140
 10 ataatacata aactgtactt aataatatgc aatcaatacc tagaastatt catgacgtaa 1200
 tccaacatat cggggagggg attttaagtg atggtagaaa aaacatttag aatctaaaa 1260
 atatatgatg attatgggtc tgtctctcag gaaattattt ttaattttga aaagagttt 1320
 15 gatataaac tccctttatc ctatatctca cttgtgaaa agtataatgg cgtttggttt 1380
 aaggaaagtg attttgaata tttatctcaa aatgggaaaa gaataataag ctcatagagt 1440
 tttgatagtt ttgagacaaa agataatata gaaccaatga ataatatatt aagacaatat 1500
 20 atttatgatg atgaaattta tggatataag aatgtttatt cctttggtta cactggaaat 1560
 ggtgactttg tctgttttga ttatcgtgat gacccaaaag gtgatgagcc caaaatctgt 1620
 atcgtgatcc atgatgaata tgatgaaaa acaggcaagc gtttgttatt gcctgtggca 1680
 25 gaaaattttg aggcattttt agatatgctt tacgattttg atgaacgcta tccgaatggt 1740
 tatgaatagg tatttgttta aataatgtgt tgtatttttt aagcattatt tacaactaac 1800
 attttaagtg cggtcattt tgaaaaagtt ttgggctttg agaattgggc gcattttttt 1860
 30 tgaaatattc ttcaatgatg agcactaatt atggattaga taatgggaat tatcgagata 1920
 tggatggtaa taaaggatgg aggctagatt ttgatcctga gaaagttgtt catgtaaata 1980
 tttttgactt tactaaaggt aaaggactag gtaaagcagt taaaagtcata ttctttttga 2040
 35 tagtactgaa caagagtttg aaaaatttta aagcaattaa ataaggaaga taaaatgaca 2100
 ttatttgatg aatgtaaatt agctcttaga gacgatttta atctaatttg tgatgaagag 2160
 aaggattgtg taatggataa gttttatttc tatttcttgg aaaagaaaga ggaatttaat 2220
 40 tttcaagatt attcatttga agaaatgtat atattttcaa aaatggaacc tgtgtatggt 2280
 ttatgtgata gctctaatat acctttgttt aggagtaatt ggggaattgat tatcaataat 2340
 atatatgatg ttgtctgttt atctacaaa gtattttttc tagatgatga aaagttaatg 2400
 45 atggaattat ttcctgaaga taaagtaaga gtcactata aaagataatt accccttgat 2460
 cgcgctcgtg tcagcacgag ttcgctttca ttaaagctct cgttaaagac tagcactagc 2520
 agtgagggtg atcgtaatca atttactgaa gaacagttaa ttaaaattaa taagaggctt 2580
 50 gataaaatag agggattttac atggcatcat aactcacaaa gtagtcccca aaatatgtag 2640
 ttaataccta caccaattca taaggctgtt cagcatatag gtgaaggcgc ttttaagtga 2700
 55 ggaaagtgat aaaatgaaaa attttaggaa tataaatatt tatagtgatt atggaaaggt 2760
 tgataaggaa attatattag aattcgaaaa tgaatttaat ataaagcttc ctctttata 2820

ES 2 362 041 T3

catagattta attacggcgc atantgctcc gaagagtga gagaattgct ttgaatatta 2880
 caatgagcgt aatgagccca cgtttcttc ctttggattt gaagggttg agacagagcg 2940
 5 gtctagcgc tctcttgaaa atatatatgc tcagtatatt tatgatgatc caatctatgg 3000
 ttatgaacat gtgtattctt ttggtagtac tggcgagggg cattttatct gttttgatta 3060
 tcgtgatgat ccaaaaggty atgaacccaa aatctgtatc gtgattcacg atgaatatga 3120
 10 tgaaaaaaca gggaaaatgc gactgtttcc tatagcagag aattttgaag cgtttttaga 3180
 tagtttgaaa tcatttgatg aatgataga gaagtattcg taatgtctcc gttcatatct 3240
 catagcgatg ctctctccc tgattttatg gaattttgt ttaatttagg agggcactaa 3300
 15 aatgaaaaaa ttttatttaa tttttttatt attcctaagt ggatgttttt atcatgatgg 3360
 atgtatctat actcctcaga tggtaaattg ttttgtgat aaaggagata tatttccatc 3420
 aatctctcgg tatcaaaagc cttatagtct aggaaaaacc aattcagaac agcgttggaa 3480
 20 ggatgttatg ttttgtggag gtaaatatgg tgattataaa ttagagaata taaaaacagt 3540
 ggaacaatcg gataaattac atcattgtat gacccaaaaa gggatatatcc atttaactcc 3600
 25 cgcagaatgt ggataccaaa atcctaattg ggataaaggc gtttgaatt tataagtgtt 3660
 ttggatttta ctttacgaat tttttttgaa aaaagttacc gcaggtatgt ttttaataca 3720
 agcccaggty gegcttgttg gatgtgttat tcgcatagta gttattatgc ggaagtgcta 3780
 30 aatgaattca ttattaaaaa tggaaattaa gagcgttaatt agcaccgttt gcggtgagty 3840
 atttaatttc tcctgatgtt atggaaatat tatttaagtt aggaggtgat taggatgaaa 3900
 35 aagtgttat tgttcagttt attattactt taaatggat gcctatattc ttttgaagag 3960
 gagtgtttta gaccgttaat tcaggtgggg tcactctgctt gtcataagaa taaggagat 4020
 atatttccat caatagcacg tttccaaaaa gtagagaaca tcggaaaaac tgatgccaag 4080
 40 caacgttga aagatgcggt tgattgtgga agtaagtatg gcgatgaaga tttaatatat 4140
 ataaatgata ataatttata tagcattttt cactcctgta tggttaaaaa aggatataaa 4200
 aagtttcatc ccgcagaatg tggataccaa aatcctaatt gggataaggg tatttgtaat 4260
 45 ttataagtgt ttgaaattt actttacaaa ctttttttga. aaaatgttac cgctggtatg 4320
 tctgttttta gggataaaga ttcgttcatt ttctttaaat ttaggcacgg tataaagag 4380
 cttgattatc aaataataat atcgtgttcg tgtccacacg agtagggttt gattaagta 4440
 50 ctctcaaaa gcgagtgcta gctgtggggt aaacggtggg aaagaaagta aagagtatat 4500
 aaaccaattg accgcataac gtgcggtcaa tttctaagat ttatgagttc cagaaaaata 4560
 55 gaccgaaaag tgcggtaaag gggtaacgaa acacaaaaaa taaaaatag acagcaagct 4620
 gtgtcattaa accccagaaa aaaacttgac cgattgttgc actgctgaaa atggcaaaaa 4680
 gtaagccgat ttcatagggt agcattgcaa taaaccagat taatccactt ggatgatcac 4740
 60
 65

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

ttttcattac ggactcctta tttatggctg ataacttaac acttgtattg aaaattaaag 4800
 cagatttaaa caatgcgctg agcgatttta aagcgcttaa aacggaattg caacgcgcag 4860
 gcgtggagtc tatcagtaag taactcgcca gtttttgcaa tcatttatca tattcacaaa 4920
 gccgtaatgc atattggaga aggttaagtg taagtgaagg aagataaaat gaaatttaga 4980
 ctttttgcca tttattatga ttatggcgta gtttccaag agattathtt agattttgag 5040
 gaaacgtttg gtattaaatt accaaaattg tatattgagt tgatcacaaa acataattcc 5100
 ccaagattga atagagatca tttcaattat tatgatttct ctacgagtga ggaagaagga 5160
 acggaattta tattcaaagg atttgaaaca gaaagtaata ggcattgccc gccagaaaat 5220
 atttatgcac aatatcttta tgatgatgaa atatatgggt atgaacatgt gtattctttt 5280
 ggcagtaccg ctagtgggta ctttgtctgt tttgattacc gagataatcc gaaaggcagt 5340
 gaacctaaaa tttgtcttgt gattcatgat gaatatgatg aagaacagg caagcattta 5400
 ttgtttcctg tggcagaaaa tttgaggta ttttagata tgctttacga tttgatgaa 5460
 cgctatccga atggttatga ataggtatht aaataatgta ttgtathttt taagcgttat 5520
 ttaataacgt ttaagtgcg gtcaatttca aaaaaghttt gctttgagga attgaccgtt 5580
 tttgtatcat ggatatgatg tgagcaattg atatcctggt tgtgttaact ggcattggtt 5640
 aaagcattcg tcaaagacga gctctagtgg tgagggacta atcatgaatg aactattgga 5700
 cttttataga aatataactt tttttgaga atatgatgaa aactcattca taggaagatg 5760
 gcttgattac tcggaatgga atgataaaga atattggaaa ttagagaaag atttactgaa 5820
 aattgctcaa atgtatagaa ctactaatga agtttttcca gatattttaa taggggttat 5880
 gcgtatcatt gaattattaa tgatacctaa ctggaatagt tttataatat ctaattcaga 5940
 aagtgttgat atttatgata gatatgaacg atttaaatat ataatttcaa tacttttcaa 6000
 taataaagat gttagactag atggcttttc atatacagaa aagaatgatg atgtathtta 6060
 taatgaatag aaaaattaaa agtaagctaa tttgtagmaa taataaagt ctcgcttgta 6120
 tttttctttt gagatcgtgc ttgagtccac acgagtgcta gctgtaggca gagtgtcttg 6180
 gtgattataa aaagttaagg atagtattgt tgatatgaaa gaaaagacta aatattcaat 6240
 ggggaatcaa agtgataaaa aataahtttt atatttcttg gttaggattt tcaatatcat 6300
 tatatgthtt gcttttatgt agagatttgt tttattctct ttatatgthtt tttattatga 6360
 tgtatttgtc ttaaahtttt cttttaagga ggcgtthttt actatcttta tttttattgt 6420
 gctatgthtt attattcatt attcattatt cattattcat tattcattat tcattathttt 6480
 atatataaat atggtaaaag gtctgaatgc ccaaaaaaga aaccattaag tgaanaatgta 6540
 acatacaata aaaggtagta ggaataaata aatatttagg aataacagaa tgataaata 6600
 tttagagggga aatattaact cgthttatct ggcattaggt aaaaacgaaa gtaataaaga 6660

ES 2 362 041 T3

5 ttttttaaaa ttagtagaaa tagtttcttc agattttga gtagatgaac taagtcataa 6720
 agatgaacac gagatatatt atttgtttta taagaggggt gttgaatttt gttttaaaag 6780
 aatagatgaa gagtatgtct tatattcggc tttctttttc ttggtagagg ttgataatta 6840
 tttttcatgc ccattttatt atgaattaat atgtgatctt aaacacggat tctcaataga 6900
 10 ggatattata aggttttttag gggagccaaa ttttaaagggt agtggctggg taagatattc 6960
 ttataatgga agaaatattc atttcgaatt taatgaatct aatgaattat cccagattag 7020
 catttttatt taataattta ggattgggaa cgctctcgtg ttcacacaag tgcggtttga 7080
 15 ttaaagcact tgtaaaaggc gagatccagc tgtgggagat ttgatagaga aatggctctc 7140
 aggattgacg ttagtagagg gagcataaat caagaaaaaa catttaaat aggaacatta 7200
 ggtggtgagt aatggaatc actcgtttta aatcctact tattgccttg atttatattag 7260
 20 gtaatgggta tgtgtttctt ggtggaccag ctaaaaaaca attcgtata gaagcagaaa 7320
 caaggcggat ttatcgtact ttaacgaag aattattttt tatgaatgga gaatataaac 7380
 aatttggagg gcgagttatt caaggattta ctttagtcat ttctttttct cattcaagta 7440
 25 cagaaaaccg cattaugatt ttgaaaaaaa taaagagat gggatttgat tcaaaaaata 7500
 aaacatcaaa accgagtctt catctttttt gtcaaggaga aagtggtttt ttgatcgcag 7560
 aaaaacctga atttagaata gattatgaga aaaagatgac ttattgtttg gagtagcaaa 7620
 30 ggaaggcaat gataagtgta ttttctaact agatttaatt taagtattaa agtgcggtca 7680
 attttgaaa cgttttactt tgaaaaattg accgtttttt tacatgagag agtgaagta 7740
 caccacctta ggcaatgtgg ttgtggataa ggtgattaag gaatacccaa atgggggtta 7800
 35 tgaagcagag gtgctgatcc ctaacecgaa agcgaaaacc gatcctgatg cgccgaaatt 7860
 tttggagaaa aggggaaatg aaggtgtatc cacaatgttt ccaagaacat ggacagagga 7920
 taggttgaaa gtggagttag agcatgcgtt taataataga gtaccaatgg aaaagtttga 7980
 40 aataaatgg gaaggtataa caaantcagg cgtgaaagta gaatgggttc tggatagaaa 8040
 tggtaaagtg ttgactctat tttgttaatt ttctgtgtct ttttgtaaaa aataagttgt 8100
 tgaataaca tttttctcta taatcaaatc ttaatgataa ttaatatcat taataagaa 8160
 45 tggatactta gatgaggatt atatgaaaga tttatcaaaa atgacctgcc ttgaagactt 8220
 acgccgtggt gcgcaacgta aagtgcctaa aatgttttat gactatgtag tttcaggatc 8280
 50 ttggagcga agcacattgc atgccaaccg taatgatttt caagcaatta agctacgtcg 8340
 acctgtggcg attttgecca tttctgcatt cagctctgca attcgtcgtc tgtgctgttc 8400
 tgttgcgcgc gcaagctctc ttgtcgactt gccttttcta attgggcttg ttgctcccaa 8460
 55 taacgtgagg tcgccacatc cactttacgt agtgttga 8498

<210> 58

60 <211> 5798

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

65 <220>

<221> CDS

<222> (2686)..(4446)

ES 2 362 041 T3

<220>

<223> unknown D1

5 <400> 58

gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaata gaattgaat tactacttat taacaataat 60
 ccttttttaa agattctagc tgttttagat aaaaatatac gtgtgaagct tttggtcaca 120
 10 ttattattat caggcctata ttatttatat gcagtaaaaa acgattcaaa ttttgtcata 180
 ggtttatcta ttattttagt ttttattatt gtcattccag ggattttgac aaatgctatt 240
 15 ttgaaagcta aggtgaaaaa aatcatggta gatttaccag gttttattga cttagttgca 300
 gtaaatgttc aaacagggat tagtattgat gcggcttaa aacaagtggc aatcgatttt 360
 aagaaactta atccagatct tacttatgtg atgtaagga ttattagaaa atctgaactt 420
 20 acgggattat cacaagcgtt acaggatctt tcgatctcat tgccaacaac agaantaaga 480
 atgttttgta ctgttttaca acagagttaa aattttgggt cttcaattta ttctcactta 540
 attcagttgt ctgcagatat caggagata caattattaa tcattgagga aaagttaggt 600
 25 acattatcag ctaaaatgag tatcccattg attttgttta ttatgtfcc ctaaatcatt 660
 ttaattctag caccaggtat aatgagggta ttccaantg ttttttaaat ttaccaagaa 720
 aatcgttttt gttagtttag ctttatctgt cgttggttgt tctaccatt ctcagcaagg 780
 30 catgacacag aaaagtatgt catctgaac aataacggca aaagagactt tatatgaaag 840
 tacgcaaaat tattcggcac tcatttcact gtatcgcgat gtgttgaag ccaaagaaga 900
 tccttcaata cgctataaat tagcgaagac atactatcag cgaggtgaca gcaaatcttc 960
 35 tttactttat ttaacgcat tactgaatga taatcgaag cttgctacac sagcgaat 1020
 attacagata aaaaatctaa ttcaattaaa taatttcaa gaagcaattt ctgtcgcaa 1080
 40 tgaactctta ttaaaatcac ctaatgaagg agaagtatat aatttaagag gtatcgctta 1140
 tgcgcaaaat gggaaatttg tgaatgccg aatgatatc aataaagcaa gagagttctt 1200
 tattaatgat aatgttgcta ttaataattt agccatgcta aatattatta atggcgattt 1260
 45 taataatgct gtttctttac tgttgccaca atatttaaat ggcgttaaga attctcgatt 1320
 gattcataat cttgtttttg ctttagttaa aaatggatgat cttgattatg caaaagatat 1380
 cattgttaa gagcgttaa atcttcacc agatgattta attaatgat tgaaaaaaac 1440
 50 cacacatgta tcaaaagggt taactcggta acactaagga tttgatatga aaaagtttct 1500

55

60

65

ES 2 362 041 T3

atcaaatata aaaggaacct cgtcaattga atttgcttg acgatagcgt tctattttatt 1560
 5 tgttgtgatg tttatttttg aattttgtcg atttagcgggt gcgacagctt attgggattt 1620
 agctataacg gaaagtgtca gaattgcgaa gaatgaacaa gcaatttctg gaaattatga 1680
 agaagcattt aggaaagctc ttacaaagca aaaaaaatc catgatgaat cgacaattgg 1740
 10 atatttggcg ttgttagaag ataataaatt tgatgtaaaa gtccaatag tggattgtga 1800
 taaagaaacg gaatgtatta aaaatcttct gcttaataaa tttcgccaac cacaaaaaaaa 1860
 tcataaagga gagttaatct ctcctacggg gagtcgcgcg actttagcac aatattcttt 1920
 15 aactataaa tataagttta tgggtgccgtt agtattttatt cctgagtctt ggtctcaagt 1980
 agtgcgtaac cgtgaatttg ttgtgttaca ggaatttgag cgttctcaat ttatgttagg 2040
 agcaaaacca agttctcttg ggaagcaatcc atagaaaatt tactcattat ttcgagctat 2100
 20 atatgaaaga gtcagggtta gttaaattca agcatttttg gaaaaataaa aaggggcgag 2160
 tgacgataga gttccttttt atgtcaatgt ttctgattgt gctatttgca tttctcttcg 2220
 atttagtaat gttacgttct acattaggca agttagataa tgcctcatat acattagtta 2280
 25 gtattctcgg tgaacgtaca cagttgtacg atagagttgc acaaattaat attgatgatc 2340
 ataagcaatt tgaagagctt gctaagaaac tgatttatgg tgatcagaat agtaataaaa 2400
 ggatcgatgt tgttttagaa tattgggcac aagacggttc tggacggagg attccaata 2460
 30 tcattggcga ttgtacgcct tacaaaaaac tttctgattt atcctattta tctcctcgct 2520
 cagaactcaa taatgaaga aaaataccgc tttatcaaat tactctttgt gttgaaactc 2580
 agggcttgtt tgaacaata ttactggata agtctgagcg ttcaacgggg ctgattagat 2640
 35 catcgtcaat gtcagtatca cgataaatta tcgttagggg acttt atg aaa aaa ctt 2697
 Met Lys Lys Leu
 1
 40 tat tta att cgt tct tgc tat gat tca gtc aga aaa ttt tat gag aat 2745
 Tyr Leu Ile Arg Ser Cys Tyr Asp Ser Val Arg Lys Phe Tyr Glu Asn
 5 10 15 20
 gag cta ggt gtt tat aca gta atg act gca tta cta gca ttt cca tta 2793
 Glu Leu Gly Val Tyr Thr Val Met Thr Ala Leu Leu Ala Phe Pro Leu
 25 30 35
 45 tta gtt ttg att gga ttt acg gtt gat gga act ggg gtt gtg ctt gat 2841
 Leu Val Leu Ile Gly Phe Thr Val Asp Gly Thr Gly Val Val Leu Asp
 40 45 50
 50 aaa gca cgt tta gct caa gga atg gat caa gct gct tta gct ttg gtt 2889
 Lys Ala Arg Leu Ala Gln Gly Met Asp Gln Ala Ala Leu Ala Leu Val
 55 60 65
 gct gaa aac aat gac tac cga gaa aat aaa aaa cat ggt gat gtt aat 2937
 Ala Glu Asn Asn Asp Tyr Arg Glu Asn Lys Lys His Gly Asp Val Asn
 70 75 80
 55 cgg caa gta gta tcg cct caa gac aaa gca aaa ttt ggt ggt aat gaa 2985

60

65

ES 2 362 041 T3

	Arg	Gln	Val	Val	Ser	Pro	Gln	Asp	Lys	Ala	Lys	Phe	Gly	Gly	Asn	Glu	
	85					90					95					100	
5	ttt	atg	gcg	aaa	caa	gaa	aag	cgt	aat	caa	gag	ctt	atc	cag	ggc	att	3033
	Phe	Met	Ala	Lys	Gln	Glu	Lys	Arg	Asn	Gln	Glu	Leu	Ile	Gln	Gly	Ile	
				105						110					115		
10	gcc	aaa	ctt	tat	tta	cgt	tca	gaa	aat	gcg	aat	gct	tca	tct	gat	gca	3081
	Ala	Lys	Leu	Tyr	Leu	Arg	Ser	Glu	Asn	Ala	Asn	Ala	Ser	Ser	Asp	Ala	
				120						125					130		
15	cca	atc	act	att	gat	aaa	cct	ttt	cat	tat	tca	tgt	gag	gag	tta	gat	3129
	Pro	Ile	Thr	Ile	Asp	Lys	Pro	Phe	His	Tyr	Ser	Cys	Glu	Glu	Leu	Asp	
				135						140					145		
20	tta	cct	aca	gct	aat	gag	tat	gca	cgt	cgt	aaa	cct	att	ggt	tgt	gaa	3177
	Leu	Pro	Thr	Ala	Asn	Glu	Tyr	Ala	Arg	Arg	Lys	Pro	Ile	Val	Cys	Glu	
				150											160		
25	gtg	caa	ggc	ggc	gtc	aat	cgt	aaa	ttt	tgg	ctt	cct	gtc	agt	gaa	tcg	3225
	Val	Gln	Gly	Gly	Val	Asn	Arg	Lys	Phe	Trp	Leu	Pro	Val	Ser	Glu	Ser	
						170					175				180		
30	tta	ggt	agt	gaa	gat	aaa	ctg	aaa	aaa	gat	cga	ggt	aga	ctg	gaa	tcc	3273
	Leu	Val	Ser	Glu	Asp	Lys	Leu	Lys	Lys	Asp	Arg	Val	Arg	Leu	Glu	Ser	
					185					190					195		
35	gat	acc	agt	tat	gcg	att	aaa	gaa	aaa	ggc	atc	gtg	att	cct	gtg	gag	3321
	Asp	Thr	Ser	Tyr	Ala	Ile	Lys	Glu	Lys	Gly	Ile	Val	Ile	Pro	Val	Glu	
				200						205					210		
40	cta	atg	ctt	ggt	tcg	gat	tat	tct	ggt	tcg	atg	aat	agt	cat	tta	cag	3369
	Leu	Met	Leu	Val	Ser	Asp	Tyr	Ser	Gly	Ser	Met	Asn	Ser	His	Leu	Gln	
				215					220					225			
45	gat	aaa	aac	ggc	aga	tct	cta	gga	aaa	gct	aaa	att	act	att	tta	aga	3417
	Asp	Lys	Asn	Gly	Arg	Ser	Leu	Gly	Lys	Ala	Lys	Ile	Thr	Ile	Leu	Arg	
				230			235						240				
50	gaa	gtg	ggt	agt	gaa	att	tcg	aaa	att	tta	ttg	cca	gaa	gat	ggt	agc	3465
	Glu	Val	Val	Ser	Glu	Ile	Ser	Lys	Ile	Leu	Leu	Pro	Glu	Asp	Val	Ser	
						250					255				260		
55	gaa	ggc	gtg	agc	cct	ttc	aac	cgt	att	ggc	ttt	acg	act	ttt	tct	ggc	3513
	Glu	Gly	Val	Ser	Pro	Phe	Asn	Arg	Ile	Gly	Phe	Thr	Thr	Phe	Ser	Gly	
					265					270					275		
60	ggc	ggt	aga	caa	cgg	gat	gtc	act	gaa	ggc	tgt	gtg	ctt	cca	tat	gaa	3561
	Gly	Val	Arg	Gln	Arg	Asp	Val	Thr	Glu	Gly	Cys	Val	Leu	Pro	Tyr	Glu	
				280					285					290			
65	gga	aaa	ata	tca	caa	act	tct	cga	aaa	tta	act	att	cgt	tat	tgg	att	3609
	Gly	Lys	Ile	Ser	Gln	Thr	Ser	Arg	Lys	Leu	Thr	Ile	Arg	Tyr	Trp	Ile	
				295				300					305				
70	acg	ggc	aat	aat	aca	cct	tgg	aaa	ttt	aat	gct	ggg	aga	tgg	gag	aga	3657
	Thr	Gly	Asn	Asn	Thr	Pro	Trp	Lys	Phe	Asn	Ala	Gly	Arg	Trp	Glu	Arg	
							315					320					
75	agt	aca	gtg	tct	ttc	cag	gag	cat	tat	aaa	ggc	tat	tat	gac	aaa	ttc	3705
	Ser	Thr	Val	Ser	Phe	Gln	Glu	His	Tyr	Lys	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Lys	Phe	
						330					335				340		

ES 2 362 041 T3

5
 cat tct tca act tgt aga ggc tca ggg agc tct aga act tgt caa att 3753
 His Ser Ser Thr Cys Arg Gly Ser Gly Ser Ser Arg Thr Cys Gln Ile
 345 350 355

10
 gat gca aat cct aag aaa att atg gat tat gca cta aaa att aat gac 3801
 Asp Ala Asn Pro Lys Lys Ile Met Asp Tyr Ala Leu Lys Ile Asn Asp
 360 365 370

15
 tgg acg aca att aga gaa tta ttt aat act tat ata gat gta agt ggg 3849
 Trp Thr Thr Ile Arg Glu Leu Phe Asn Thr Tyr Ile Asp Val Ser Gly
 375 380 385

20
 acg att gac caa att tcc cag ttt gat ggt tca aac aga cgt tat gat 3897
 Thr Ile Asp Gln Ile Ser Gln Phe Asp Gly Ser Asn Arg Arg Tyr Asp
 390 395 400

25
 atg gtg ttt act gat gaa gaa cgg tgt ctt ggc gga aat att ggt aga 3945
 Met Val Phe Thr Asp Glu Glu Arg Cys Leu Gly Gly Asn Ile Gly Arg
 405 410 415 420

30
 aga aca act cga gct tgg ttt gat caa aaa aat aaa gat att aca aga 3993
 Arg Thr Thr Arg Ala Trp Phe Asp Gln Lys Asn Lys Asp Ile Thr Arg
 425 430 435

35
 gag ttg aat att gtt cgt cct tct ggt tgg act tct gca tct tcg ggg 4041
 Glu Leu Asn Ile Val Arg Pro Ser Gly Trp Thr Ser Ala Ser Ser Gly
 440 445 450

40
 ctt ctt gtt gga gct aat atc atg atg gac gag aat aag aat cct gat 4089
 Leu Leu Val Gly Ala Asn Ile Met Met Asp Glu Asn Lys Asn Pro Asp
 455 460 465

45
 gcg caa cct tcg aaa ctc ggg aca aat att caa cgt gtt atc tta gta 4137
 Ala Gln Pro Ser Lys Leu Gly Thr Asn Ile Gln Arg Val Ile Leu Val
 470 475 480

50
 tta tct gat ggt gaa gat aac tgg cca act tat agt aca tta acg act 4185
 Leu Ser Asp Gly Glu Asp Asn Trp Pro Thr Tyr Ser Thr Leu Thr Thr
 485 490 495 500

55
 ctt tta aac aat ggt atg tgt gac aaa att cga gaa caa ttg ggc aag 4233
 Leu Leu Asn Asn Gly Met Cys Asp Lys Ile Arg Glu Gln Leu Gly Lys
 505 510 515

60
 tta caa gat cca aat tta cga gag tta cca gga aga att gcg ttt gtt 4281
 Leu Gln Asp Pro Asn Leu Arg Glu Leu Pro Gly Arg Ile Ala Phe Val
 520 525 530

65
 gcg ttt ggc tat agt cca cca gca aac caa gtt gcc gct tgg aaa aaa 4329
 Ala Phe Gly Tyr Ser Pro Pro Ala Asn Gln Val Ala Ala Trp Lys Lys
 535 540 545

70
 tgt gta ggt gat caa tat tat acg gct tat tcg aaa gaa gag ttg tta 4377
 Cys Val Gly Asp Gln Tyr Tyr Thr Ala Tyr Ser Lys Glu Glu Leu Leu
 550 555 560

75
 gat agt ttc aaa caa att att gga ttt gaa gaa gag gtg ggg cgt tct 4425
 Asp Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gly Phe Glu Glu Glu Val Gly Arg Ser
 565 570 575 580

80
 tca tct cat aaa ccg aaa ttt taagattgtc caaggataac gctaaaaaat 4476
 Ser Ser His Lys Pro Lys Phe
 585

ES 2 362 041 T3

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

ES 2 362 041 T3

aagaaactta atccagatct tacttatgtg atgtaagga ttattagaaa atctgaactt 420
 acgggattat cacaagcgtt acaggatcct tccatctcat tcccaacaac agaaataaga 480
 5 atgttttgta ctgttttaca acagagttta aattttgggt cttcaattta ttctcactta 540
 attcagttgt ctgcagatat caggagata caattattaa ccattgagga aaagttaggt 600
 acattatcag ctaaaatgag tatccattg attttgttta ttatgttccc aataatcatt 660
 10 ttaattctag caccaggtat aatgagggta tttccaa atg ttt ttt aaa ttt acc 715
 Met Phe Phe Lys Phe Thr
 1 5
 aag aaa atc gtt ttt gtt agt tta gct tta tct gtc gtt ggt tgt tct 763
 15 Lys Lys Ile Val Phe Val Ser Leu Ala Leu Ser Val Val Gly Cys Ser
 10 15 20
 acc cat tct cag caa ggc atg aca cag aaa agt atg tca tct gaa aca 811
 Thr His Ser Gln Gln Gly Met Thr Gln Lys Ser Met Ser Ser Glu Thr
 25 30 35
 20 ata acg gca aaa gag act tta tat gaa agt acg caa aat tat tcc gca 859
 Ile Thr Ala Lys Glu Thr Leu Tyr Glu Ser Thr Gln Asn Tyr Ser Ala
 40 45 50
 25 ctc att tca ctg tat cgc gat gtg ttg aaa gcc aaa gaa gat cct tca 907
 Leu Ile Ser Leu Tyr Arg Asp Val Leu Lys Ala Lys Glu Asp Pro Ser
 55 60 65 70
 ata cgc tat aaa tta gcg aag aca tac tat cag cga ggt gac agc aaa 955
 Ile Arg Tyr Lys Leu Ala Lys Thr Tyr Tyr Gln Arg Gly Asp Ser Lys
 75 80 85
 30 tct tct tta ctt tat tta acg cca tta ctg aat gat aat acg aag ctt 1003
 Ser Ser Leu Leu Tyr Leu Thr Pro Leu Leu Asn Asp Asn Thr Lys Leu
 90 95 100
 35 gct aca caa gcg aaa ata tta cag ata aaa aat cta att caa tta aat 1051
 Ala Thr Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ile Lys Asn Leu Ile Gln Leu Asn
 105 110 115
 aat ttc caa gaa gca att tct gtc gca aat gaa ctc tta tta aaa tca 1099
 Asn Phe Gln Glu Ala Ile Ser Val Ala Asn Glu Leu Leu Leu Lys Ser
 120 125 130
 40 cct aat gaa gga gaa gta tat aat tta aga ggt atc gct tat gcg caa 1147
 Pro Asn Glu Gly Glu Val Tyr Asn Leu Arg Gly Ile Ala Tyr Ala Gln
 135 140 145 150
 45 aat ggg aat ttg gtg aat gcc cga aat gat atc aat aaa gca aga gag 1195
 Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp Ile Asn Lys Ala Arg Glu
 155 160 165
 ttc ttt att aat gat aat gtt gct att aat aat tta gcc atg cta aat 1243
 Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn Asn Leu Ala Met Leu Asn
 170 175 180
 50 att att aat ggc gat ttt aat aat gct gtt tct tta ctg ttg cca caa 1291
 Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val Ser Leu Leu Leu Pro Gln
 185 190 195
 55 tat tta aat ggc gtt aag aat tct cga ttg att cat aat ctt gtt ttt 1339

ES 2 362 041 T3

Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu Ile His Asn Leu Val Phe
 200 205 210
 5 gct tta gtt aaa aat ggt gat ctt gat tat gca aaa gat atc att gtt 1387
 Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr Ala Lys Asp Ile Ile Val
 215 220 225 230
 10 aaa gag cgt tta aat act tca cca gat gat tta att aat gca ttg aaa 1435
 Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp Leu Ile Asn Ala Leu Lys
 235 240 245
 15 aaa act aca cat gta tca aaa ggt gta act cgg taacactaag gatttgatat 1488
 Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr Arg
 250 255
 20 gaaaaagttt ctatcaaata taaaaggaac ctctgcaatt gaatttgctt tgacgatagc 1548
 gttctattta tttggttga tgtttatttt tgaattttgt cgattagcgg ttgcgacagc 1608
 ttattgggat ttagctataa cggaaagtgt cagaattgcy aagaatgaac aagcaatttc 1668
 25 tggaaattat gaagaagcat ttaggaaagc tcttacaag caaaaaaat tccatgatga 1728
 atcgacaatt ggatatttgg cgttggtaga agataataaa tttgatgtaa aagtccaata 1788
 tgtggattgt gataaagaaa cggaaatgat taaaaatcct ctgcttaata aatttcgcca 1848
 accacaaaaa aatcataaag gagagttaat ctctcctacg gggagtcgcy cgactttagc 1908
 acaatattct ttaacttata aatataagtt tatggtgccc ttagtattta ttcttgagtc 1968
 30 ttggtctcaa gtagtgctga accgtgaatt tgttgttga caggaatttg agcgttctca 2028
 atttatgtta ggagcaaac caagttctct tgggacgaat ccatagaaa tttactcatt 2088
 atttcgagct atatatgaag gagtcagggt tagttaaatt caagcatttt tggaaaaata 2148
 35 aaaaagggcgc agtgacgata gagttccttt ttatgtcaat gtttctgatt gtgctatttg 2208
 ctttctctct cgatttagta atgttacggt ctacattagg caagttagat aatgcctcat 2268
 atacattagt tagtattctc cgtgaacgta cacagttgta cgatagagtt gcacaaatta 2328
 40 atattgatga tcataagcaa tttgaaaagc ttgctaagaa actgatttat ggtgatcaga 2388
 atagtaataa aaggatcgat gttgttttag aatattgggc acaagacggt tctggacgga 2448
 ggattccaaa tatcattggc gattgtacgc cttacaaaaa actttctgat ttatcctatt 2508
 45 tatctctcgc ctcagaactc aataatgaaa gaaaaatacc gctttatcaa attactcttt 2568
 gtggtgaaac tcagggcttg tttgaaacaa tattactgga taagtctgag cgttcaacgy 2628
 ggctgattag atcatcgtca atgtcagtat cacgataaat tatcgttagg gaactttatg 2688
 50 aaaaaacttt atttaattcg ttcttgctat gattcagtcg gaaaatttta tgagaatgag 2748
 ctagggtgtt atacagtaat gactgcatta ctagcatttc cattattagt tttgattgga 2808
 55 tttacggttg atggaactgg ggttgtgctt gataaagcac gtttagctca aggaatggat 2868
 caagctgctt tagctttggg tgctgaaaac aatgactacc gagaaaaata aaacatgggt 2928

ES 2 362 041 T3

gatgtaatc ggcaagtagt atcgcccaa gacaaagcaa aatttggtgg taatgaattt 2988
 atggcgaaac aagaaaagcg taatcaagag cttatccagg gtattgcaa acctttatta 3048
 5 cgttcagaaa atgcgaatgc ttcacctgat gcaccaatca ctattgataa accttttcat 3108
 tattcatgtg aggagttaga tttacctaca gctaagtagt atgcacgtcg taaacctatt 3168
 10 gtttgtgaag tgcaagggtg cgtcaatcgt aaattttggc ttctctgtag tgaatcgta 3228
 gttagtgaag ataaactgaa aaaagatcga gttagactgg aatccgatac cagttatgcy 3288
 attaaagaaa aaggcatcgt gattcctgtg gagctaagtc ttgtttcggg ttattctggt 3348
 15 tcgatgaata gtcatttaca ggataaaaac ggtagatctc taggaaaagc taaaattact 3408
 attttaagag aagtggtag tgaatttcg aaaattttat tggcagaaga tgtagcgaa 3468
 ggtgtgagcc ctttcaaccg tattggcttt acgactttt ctggcggtgt tagacaacgy 3528
 20 gatgtcactg aaggctgtgt gcttccatat gaaggaaaaa taccacaaac ttctcgaaa 3588
 ttaactatc gttattggat tacgggtaat aatacacctt ggaaattta tgctgggaga 3648
 tgggagagaa gtacagtgtc tttccaggag cattataaag gctattatga caattccat 3708
 25 tcttcaactt gttagggctc agggagctct agaacttgtc aanttgtgc aaatcctaag 3768
 aaanttattg attatgcact aaaaattaat gactggacga caattagaga attatttaat 3828
 acttatatag atgtaagtgg gacgattgac caaatttccc agtttgatgg ttcaaacaga 3888
 30 cgttatgata tgggttttac tgmtgaagaa cgggtgtctt gcggaatat tggtagaaga 3948
 acaactcgag cttggtttga tcaaaaaaat aaagatatta caagagagtt gaatattggt 4008
 cgtccttctg gttggacttc tgcctctctg gggcttcttg ttggagctaa tatcatgatg 4068
 35 gacgagaata agaactctga tgcgcaacct tggaaactcg ggacaaatat tcaacgtgtt 4128
 atcttagtat tatctgatgg tgaagataac tggccaactt atagtacatt aacgactctt 4188
 ttaaacaatg gtatgtgtga caaaattcga gaacaattgg gcaagttaca agatccaaat 4248
 40 ttacgagagt taccaggaag aattgcgttt gttgcgtttg gctatagtc accagcaaac 4308
 caagttgccg cttggaaaaa atgtgtaggt gatcaatatt atacggctta ttcgaaagan 4368
 gagttgttag atagtttcaa acaattatt ggalltgaag aagaggtggg gcgttcttca 4428
 45 tctcataaac cgaaatttta agattgtcca aggataacgc taaaaaatct cttagcacag 4488
 gctaagagat ttttttatgt gtttttcaa ttttatctac tggtgatttt aattcattac 4548
 50 ataacataac ttttctgtga ataatacaga atgacaaca ataagaatta aaacgctcaa 4608
 ggcataagag cttagtcgaa caaactaagc tattttgctc gattgattgg gatatagatg 4668
 ttatttcaa taagcaataa ccatggtact gagaaagaag atgagtgccg taataaagta 4728
 55 gaagcgattt tcttttggc tgaagggtg tgttagcctt tttcggctaa agaaaatagt 4788
 agcaacggca atataaaggg cgataaagag cattttgtaa atgaaccatg ttgttacatt 4848

60

65

ES 2 362 041 T3

ttgctgaaa agaagaata gcccaattcc cgaacagAAC aacagcgtat cacttaagtg 4908
 cggtAagatt tttAataactt ttctgtctcg ccaatttttg cctgttaatt gcatcatgcc 4968
 5 acggataata aatagactga ggctgagaaa ggAcaggca atgtgtagat aaataagata 5028
 atatgccatc gatttttttc ctaagataaa gaaagcagta gcgaggctac tgctttaaaa 5088
 taatategta tttagtgAat gaatttaact ttctgcgctt tcgaccgcac tttcgcctcg 5148
 10 atcactetca atgtcttctt catcgacatc acaaacgagt tgtaatccaa ccagtgcttc 5208
 actttcactt gttcggatga gacgtactcc ttgtgtattt cgaccgataa tattgatttc 5268
 gtttacgcga gtacgtacta gcgtaccggc atcagtaatg agcataattt gategctttc 5328
 15 ctcaacttgt gttgctgcaa cgactttacc gttacgctca ctcactttaa tcgagatcac 5388
 gcctttggtg ttacgtgatt tagttgggta ttccgctaatt tcagtagctt taccataacc 5448
 gttttgtgtg gcggttaaaa tggcgcttc attttttgga ataacaagtg acacgacttt 5508
 20 atcaatattg agatccaagg catcattagt attctcatca gagatctctt ccatatcgac 5568
 cgcactttca tcatccgaca aatcattcgt taacgccagt ttaataccgc gtacacctgt 5628
 25 tgctgcacgc cccatggcac gcacagcatt ttcactaaag cgaactacac gtccttgtgc 5688
 ggagaagagc atgatttcat tttgaccatc ggtgatatcc acaccgataa gttcgtcttc 5748
 atcacgcaag ttgagtgcaa taatgcctgt tgaacgagga cgactgaatt 5798

<210> 61
 <211> 257
 35 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 61
 40
 Met Phe Phe Lys Phe Thr Lys Lys Ile Val Phe Val Ser Leu Ala Leu
 1 5 10 15
 Ser Val Val Gly Cys Ser Thr His Ser Gln Gln Gly Met Thr Gln Lys
 20 25 30
 Ser Met Ser Ser Glu Thr Ile Thr Ala Lys Glu Thr Leu Tyr Glu Ser
 35 40 45
 Thr Gln Asn Tyr Ser Ala Leu Ile Ser Leu Tyr Arg Asp Val Leu Lys
 50 55 60
 Ala Lys Glu Asp Pro Ser Ile Arg Tyr Lys Leu Ala Lys Thr Tyr Tyr
 65 70 75 80
 55 Gln Arg Gly Asp Ser Lys Ser Ser Leu Leu Tyr Leu Thr Pro Leu Leu
 85 90 95
 Asn Asp Asn Thr Lys Leu Ala Thr Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ile Lys
 100 105 110
 60 Asn Leu Ile Gln Leu Asn Asn Phe Gln Glu Ala Ile Ser Val Ala Asn
 115 120 125

ES 2 362 041 T3

Glu Leu Leu Leu Lys Ser Pro Asn Glu Gly Glu Val Tyr Asn Leu Arg
 130 135 140
 5 Gly Ile Ala Tyr Ala Gln Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp
 145 150 155 160
 Ile Asn Lys Ala Arg Glu Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn
 165 170 175
 10 Asn Leu Ala Met Leu Asn Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val
 180 185 190
 Ser Leu Leu Leu Pro Gln Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu
 195 200 205
 15 Ile His Asn Leu Val Phe Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr
 210 215 220
 Ala Lys Asp Ile Ile Val Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp
 225 230 235 240
 20 Leu Ile Asn Ala Leu Lys Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr
 245 250 255
 Arg

25

<210> 62

<211> 1788

30 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

35 <221> CDS

<222> (1)..(600)

<220>

40 <223> unknown K

<400> 62

45

gtc aac act ggg cta att cac agt aac ggt aat gcc aag ctc act ttt 48
 Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe
 1 5 10 15

50

aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga aat aac ttt atc aca gca 96
 Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Thr Ala
 20 25 30

55

aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat gtt caa att gat caa gcg 144
 Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn Val Gln Ile Asp Gln Ala
 35 40 45

60

aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg atc aat acc aag tct ggt 192
 Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr Ile Asn Thr Lys Ser Gly
 50 55 60

65

ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct caa aat tta acg att aat 240
 Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala Gln Asn Leu Thr Ile Asn
 65 70 75 80

acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc ggt atc ttg ggg gcg ggt 288
 Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly Gly Ile Leu Gly Ala Gly

ES 2 362 041 T3

	85	90	95	
5	aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga gaa aac caa gga gga tat Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly Glu Asn Gln Gly Gly Tyr 100 105 110			336
	ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat tct gaa ggc gcc atg aac Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His Ser Glu Gly Ala Met Asn 115 120 125			384
10	ctc aca gcg gat cgc acg gty tac aat tta ggg aat att ttt gct aaa Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu Gly Asn Ile Phe Ala Lys 130 135 140			432
15	ggg gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta att aat gat gtt act ctc Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu Ile Asn Asp Val Thr Leu 145 150 155 160			480
20	aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa aaa gat tat acg cgt tat Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr 165 170 175			528
	tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt tgg cat sat aac ttc tat Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly Trp His Asn Asn Phe Tyr 180 185 190			576
25	gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tgatttgtgc atcaattttg taaccaccgg Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser 195 200			630
30	ttaataaaac accagcaatt tcaacgccat tcatggcaga taatgccgct gcgacgatca catcaggacg atccgcggaa gtgacaagta aacttccaac gcggaatgt tccaccatat tggtcaaatt acgtgcacag aaagtgatgc cacgaatgcg acgttcattg atcgcgctt			690 750 810
35	catgaataat ggcagcacct aaatgtttgg ctaaataat ggcacgagtc gcaattaat ctgcgctcca aggaatacat gccaaagatt taattgggct tttctcaaat aatgataaa			870 930
40	tctcagatac ttgattttgt gtgtgttggg aagaatcaaa aatttctgcc aagtcagggc gagtacgacc agattcatca atcggcgcat taaatttatt gatcacaaca ccaagtaaat tagggttatt tttgctgcca aataatgagg ctgcggcttt gatgcttct ttgagttctg			1050 1110
45	ccggtgtttc cgtcgcgggt gctgcaaca gaatgatttc cgcacaaagt gcttgagcaa tttcatagtt aatgctattg gcataagaat gcttacgcgt agggattaaa ccttccacca cgacaatttc attgtttttg gcgagttgt gatgattttc aacaattttt tctagtacca			1170 1230 1290
50	catcagattg attttgaccg atgagtgatt cagctacact taacataaat ggttactg tttcaatggt ggtactggtg cgaataattg atgttgtgcg atcaatcata tcttcacctg agttcggctg agaaattggt ttcataaagc cgactttcgc ccctttttgc tccagtgc			1350 1410 1470
55	gtgttaaac taagctgaca ctggttaagc ctacaccagc actaatcggg ataaggataa ttgtacgtga cataataaac cctaatttgt tgataattta taaaaaaga aactgccgat gaatcggcag ttaattgatc tttacgcgat gcaaaggcgc gcggtatctt gtgcaataac			1530 1590 1650
60	aagttcttca ttcgttggga tcaccatggc aacaggcgta ttgtctgctg taatcacc ttcatgacca aagcagccg ctttgtttt atctgaatcc acttgataac cgaacagttt taaattggtt aaggttga			1710 1770 1788

ES 2 362 041 T3

<210> 63

<211> 200

<212> PRT

5 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 63

```

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

```

45 <210> 64

<211> 278

<212> DNA

50 <213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

55 <222> (108)..(278)

<220>

<223> unknown O

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 64

```

gaattccaac caaatctcac accagagcaa gaacgctaca tagtggaatg gttggcagaa 60
5   cattacccea atggaataa accttaacca tagcaagaga gaagaaa atg aaa att   116
                                     Met Lys Ile
                                     1

act att aca cga aat cat cca gaa gta ttt caa gaa tcc gct cgt tta   164
10  Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser Ala Arg Leu
      5           10           15

gta gcc gaa aag ttc att aaa gcc caa tgt gta gaa gca tta aca ttg   212
15  Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala Leu Thr Leu
      20           25           30           35

gct ttg att gag ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt gag gag gaa   260
20  Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly Glu Glu
      40           45           50

agc aaa agg gga cat agt   270
25  Ser Lys Arg Gly His Ser
      55

```

<210> 65

<211> 57

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 65

```

Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
1           5           10           15

35  Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala
      20           25           30

Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly
35           40           45

40  Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser
      50           55

```

<210> 66

<211> 1020

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<220>

<223> unknown P

<400> 66

```

gtc aac aca tca aaa gtt gag att gac tat gcc gtc act cgt gcg gcg   48
65  Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala
      1           5           10           15

gca atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc tgg cat acg tct att   96

```

ES 2 362 041 T3

	Ala Met Arg	Ala Tyr	Leu Asp	Lys Glu	Gln Gly	Trp His	Thr Ser	Ile	
		20		25			30		
5	tca aat aaa	ggc att	aat ggc	gtg agc	ggt gtc	aca caa	cca ctc	tat	144
	Ser Asn Lys	Gly Ile	Asn Gly	Val Ser	Gly Val	Thr Gln	Pro Leu	Tyr	
		35		40		45			
10	ttt gac att	sac gac	agc tcg	act gat	gtg aac	tat ctc	aat gaa	caa	192
	Phe Asp Ile	Asn Asp	Ser Ser	Thr Asp	Val Asn	Tyr Leu	Asn Glu	Gln	
		50		55		60			
15	ggc atc acg	tgt tgc	gtg aat	cat aat	ggc ttt	cgt ttt	tgg ggc	tta	240
	Gly Ile Thr	Cys Cys	Val Asn	His Asn	Gly Phe	Arg Phe	Trp Gly	Leu	
		65		70		75		80	
20	cgc acg act	gca gaa	gat cca	tta ttc	aag ttt	gaa gtg	tac acc	cgc	288
	Arg Thr Thr	Ala Glu	Asp Pro	Leu Phe	Lys Phe	Glu Val	Tyr Thr	Arg	
		85		90		95			
25	act gca caa	atc tta	aaa gat	acg att	gca ggg	gcg ttt	gat tgg	gca	336
	Thr Ala Gln	Ile Leu	Lys Asp	Thr Ile	Ala Gly	Ala Phe	Asp Trp	Ala	
		100		105		110			
30	gtg gat aaa	gat att	tct gtc	acg cta	gtg aaa	gat att	att gaa	gca	384
	Val Asp Lys	Asp Ile	Ser Val	Thr Leu	Val Lys	Asp Ile	Ile Glu	Ala	
		115		120		125			
35	atc aat gcg	aag tgg	cgt gat	tac acc	aca aaa	ggc tac	tta att	ggc	432
	Ile Asn Ala	Lys Trp	Arg Asp	Tyr Thr	Thr Thr	Lys Gly	Tyr Leu	Ile Gly	
		130		135		140			
40	ggt aaa gcg	tgg ctt	aat aaa	gag ctt	aac agt	gca acg	aat tta	aaa	480
	Gly Lys Ala	Trp Leu	Asn Lys	Glu Leu	Asn Ser	Ala Thr	Asn Leu	Lys	
		145		150		155		160	
45	gat gcg aag	ttg ttg	atc tct	tat gat	tat cac	cca gta	cca ccg	ctc	528
	Asp Ala Lys	Leu Leu	Ile Ser	Tyr Asp	Tyr His	Pro Val	Pro Pro	Leu	
		165		170		175			
50	gaa cag cta	ggc ttt	aat cag	tac att	tct gat	gaa tac	ctt gtt	gat	576
	Glu Gln Leu	Gly Phe	Asn Gln	Tyr Ile	Ser Asp	Glu Tyr	Leu Val	Asp	
		180		185		190			
55	ttt tca aat	cgt tta	gca tcg	taagggtag	aaaatggctt	taccacgcaa			627
	Phe Ser Asn	Arg Leu	Ala Ser						
		195							
60	acttaaattg	atgaatttaa	tcacgcacgg	taacaaatat	ctcggcgaag	tcacggaagt			687
65	gactcaacca	aaattagcaa	tgaaaatcga	agaatttcgc	gcgggcggta	tgattggctc			747
70	ggtggatgtc	aatctcgggc	ttgaaaagct	cgaagcggaa	tttaaagccg	gtggctacat			807
75	ggtcgaatta	attaaaaaat	tcggcgggtc	aatcaacggc	attccattgc	gttttcttgg			867
80	ctcatatcag	cgtgatgaca	cagaagaagt	cacatctggt	gagcttgtga	tgcaaggctc			927
85	atttactgaa	attgacagcg	gaaacagcaa	agtgggcgat	gacactgaac	saacattcaa			987
90	agtccttta	acgtattaca	aatcattgt	tga					1020

<210> 67

60 <211> 199

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

65

ES 2 362 041 T3

<400> 67

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

<210> 68

40 <211> 2584

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

45 <220>

<221> CDS

<222> (1042)..(2286)

50 <220>

<223> xylA

<400> 68

55 gtcgaccagc ttagattttg cgacgggggtt aatttcttct atcgtttcaa tcattgcggtt 60
 taccattatt ttatggaatc tctctggacc gatgaccatt gccaatattg aaattcctca 120
 60 cgcgatggtc ttttgggtct ttatttacgt gctggttagc agtattgtgg catttaaaat 180

65

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

```

cggctgcccc ttaattcagc tcaattttgc caatgaacgc ttaaacgccca actaccgcta 240
ttcacttatc cgtctgaang aatattgctga aagcattgct ttttatcgtg gtgaaaaaat 300
ggaaaaacgt ctattgacca cacaatttaa tcaggtgatt gataacgttt ggcaagtaat 360
ctaccgcacc ttgaaattat ccggttttaa cttaatcatt acgcagattt cggtggtttt 420
tccgctggtg attcaagtga cacgttattt tcgtcgacaa taggtgcata tgagggtggt 480
agaatagcga tactttctgt tggaaaagta aactctttaa tataaataga aatcgccttga 540
atgatttctg ggcaaaaaat aatgtactca tttgcatct catactgata atggcgaggt 600
aaatatcttc ttacaatatt atggtaatta tcaggtaata ccgtatagcc atagattcca 660
gttctatttt gttttgctaa ataattgatg agcatttgag gcgcaggtaa atccatatct 720
gcaacagaca ttgaaatcat atccttgccg tatttacgag taattgccca tttagcacta 780
tgacaatctg atctatcagt aaaaacatca aacaaattat ccgtcataca tgttctccaa 840
tattggattt atataaactt tagaacttga ggtagattgt tggaattggt aatcctggta 900
tttctattac gtttttcttc ttttgtgata taagccacaa taaccaataa tcttaattgt 960
taagtgaat aacgtaattg atcctcccat tgttttacta aattatgtct ctgaaactta 1020
tttgttcagg agaaatcatt t atg tcc act tac ttc gac aaa att gaa aaa 1071
                               Met Ser Thr Tyr Phe Asp Lys Ile Glu Lys
                               1                               5                               10
gta aat tat gaa ggt gta act tca tct aat ccg ttt gca tat aag cat 1119
Val Asn Tyr Glu Gly Val Thr Ser Ser Asn Pro Phe Ala Tyr Lys His
                               15                               20                               25
tat gat gct aat caa gtt att tta ggt aag acg atg gct gaa cac tta 1167
Tyr Asp Ala Asn Gln Val Ile Leu Gly Lys Thr Met Ala Glu His Leu
                               30                               35                               40
cgt tta gcc gtc tgt tat tgg cac act ttc tgt tgg aca ggg aat gat 1215
Arg Leu Ala Val Cys Tyr Trp His Thr Phe Cys Trp Thr Gly Asn Asp
                               45                               50                               55
atg ttc ggt gtc ggt tct ttc gat cgt tgt tgg cag aag gcg agt gat 1263
Met Phe Gly Val Gly Ser Phe Asp Arg Cys Trp Gln Lys Ala Ser Asp
                               60                               65                               70
tca tta gca ggt gca aaa caa aaa gca gat atc gct ttt gaa ttt ttc 1311
Ser Leu Ala Gly Ala Lys Gln Lys Ala Asp Ile Ala Phe Glu Phe Phe
                               75                               80                               85                               90
agt aaa tta ggc ata cct tat tat tgt ttt cat gat gtt gat gtt gcg 1359
Ser Lys Leu Gly Ile Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ala
                               95                               100                               105
cca gaa ggt cat tca ttt aaa gaa tat ttg tcg aac ttt aat aca atg 1407
Pro Glu Gly His Ser Phe Lys Glu Tyr Leu Ser Asn Phe Asn Thr Met
                               110                               115                               120
atc gat gtt tta gcg cag aaa caa gaa gaa aca ggc gtc aaa ttg ttg 1455
Ile Asp Val Leu Ala Gln Lys Gln Glu Glu Thr Gly Val Lys Leu Leu
                               125                               130                               135
  
```

ES 2 362 041 T3

tgg ggg act gca aat tgt ttt aca cac cct cgt tat atg tct ggt gct 1503
 Trp Gly Thr Ala Asn Cys Phe Thr His Pro Arg Tyr Met Ser Gly Ala
 140 145 150

5
 gca aca aat ccg aat cca gaa att ttt gct tgg gct gct gca caa gta 1551
 Ala Thr Asn Pro Asn Pro Glu Ile Phe Ala Trp Ala Ala Ala Gln Val
 155 160 165 170

10
 ttt act gcc atg ggg gca act cag cgt tta ggt ggt gaa aat tat gtt 1599
 Phe Thr Ala Met Gly Ala Thr Gln Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val
 175 180 185

15
 ttg tgg gga gga cgt gaa gga tat gaa acg tta tta aat acc aat tta 1647
 Leu Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asn Leu
 190 195 200

20
 aaa cag gag cga gag caa att gga cgt ttc atg caa atg gtg gtt gag 1695
 Lys Gln Glu Arg Glu Gln Ile Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu
 205 210 215

25
 cat aaa tat aaa atc ggt ttt aac ggg act ttg ctg att gaa cca aag 1743
 His Lys Tyr Lys Ile Gly Phe Asn Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys
 220 225 230

30
 cca caa gag cca acg aaa cat caa tat gac tat gat gtg gcg acc gtt 1791
 Pro Gln Glu Pro Thr Lys His Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val
 235 240 245 250

35
 tat ggc ttt tta aag cag ttt ggt tta gaa aaa gaa att aaa gtg aat 1839
 Tyr Gly Phe Leu Lys Gln Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Val Asn
 255 260 265

40
 att gaa gct aat cac gca aca tta gct gga cac act ttc cag cat gaa 1887
 Ile Glu Ala Asn His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu
 270 275 280

45
 gtc gcc atg gct aca gcg tta gat att ttt ggt tct att gat gca aat 1935
 Val Ala Met Ala Thr Ala Leu Asp Ile Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn
 285 290 295

50
 cgt ggt gat cca caa tta ggt tgg gat acc gat caa ttc cct aat agc 1983
 Arg Gly Asp Pro Gln Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser
 300 305 310

55
 gta gaa gaa aat act ttg gtc ata tat gaa att ctc aaa gca ggg ggc 2031
 Val Glu Glu Asn Thr Leu Val Ile Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly
 315 320 325 330

60
 ttt aca acc ggt ggt ttt aat ttt gat gct aaa atc cgt cgg cag agt 2079
 Phe Thr Thr Gly Gly Phe Asn Phe Asp Ala Lys Ile Arg Arg Gln Ser
 335 340 345

65
 acg gat cct tac gat tta ttt cat gga cat att ggc gcg att gat gta 2127
 Thr Asp Pro Tyr Asp Leu Phe His Gly His Ile Gly Ala Ile Asp Val
 350 355 360

70
 ctt gcc tta tca cta aaa tgt gcg gcg aaa atg ctt gaa gag caa gct 2175
 Leu Ala Leu Ser Leu Lys Cys Ala Ala Lys Met Leu Glu Glu Gln Ala
 365 370 375

75
 tta caa aaa gtc gtc aat caa cgt tat gct ggt tgg aca tca tca ctt 2223
 Leu Gln Lys Val Val Asn Gln Arg Tyr Ala Gly Trp Thr Ser Ser Leu
 380 385 390

ES 2 362 041 T3

ggt caa ctt gtt caa atc cgg tcc tac cac gcg tgt ctg caa tac aga 2271
 Gly Gln Leu Val Gln Ile Arg Ser Tyr His Ala Cys Leu Gln Tyr Arg
 395 400 405 410

5 cta aca aaa gtg ctt taaaacgttc cggcttacgc cagacatcta gacgattgaa 2326
 Leu Thr Lys Val Leu
 415

10 taatttcaat attgtctccg cacgtaattc aaaggctttg tgtatgtgcg aatgatattc 2386

acaacaaagt tctgcaaaat cttgaattgc gtgaggtaat ttaaagcgcg gacataagcg 2446

tcttgtcggc atgacaccag ctttttcatg tccataatga tgtggcaata tttcttttgg 2506

15 tgtaaggct tttcctaaat catgacaaat tgcagcaaaa cgtaccgcac ttttgtcact 2566

gtccgtgttt tctgtcga 2584

20 <210> 69

<211> 415

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

25

<400> 69

30 Met Ser Thr Tyr Phe Asp Lys Ile Glu Lys Val Asn Tyr Glu Gly Val
 1 5 10 15

Thr Ser Ser Asn Pro Phe Ala Tyr Lys His Tyr Asp Ala Asn Gln Val
 20 25 30

35 Ile Leu Gly Lys Thr Met Ala Glu His Leu Arg Leu Ala Val Cys Tyr
 35 40 45

Trp His Thr Phe Cys Trp Thr Gly Asn Asp Met Phe Gly Val Gly Ser
 50 55 60

40 Phe Asp Arg Cys Trp Gln Lys Ala Ser Asp Ser Leu Ala Gly Ala Lys
 65 70 75 80

Gln Lys Ala Asp Ile Ala Phe Glu Phe Phe Ser Lys Leu Gly Ile Pro
 85 90 95

45 Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ala Pro Glu Gly His Ser Phe
 100 105 110

Lys Glu Tyr Leu Ser Asn Phe Asn Thr Met Ile Asp Val Leu Ala Gln
 115 120 125

50 Lys Gln Glu Glu Thr Gly Val Lys Leu Leu Trp Gly Thr Ala Asn Cys
 130 135 140

Phe Thr His Pro Arg Tyr Met Ser Gly Ala Ala Thr Asn Pro Asn Pro
 145 150 155 160

55 Glu Ile Phe Ala Trp Ala Ala Ala Gln Val Phe Thr Ala Met Gly Ala
 165 170 175

60 Thr Gln Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val Leu Trp Gly Gly Arg Glu
 180 185 190

Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asn Leu Lys Gln Glu Arg Glu Gln
 195 200 205

65

ES 2 362 041 T3

Ile Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu His Lys Tyr Lys Ile Gly
 210 215 220
 Phe Asn Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys Pro Gln Glu Pro Thr Lys
 225 230 235 240
 His Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val Tyr Gly Phe Leu Lys Gln
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Val Asn Ile Glu Ala Asn His Ala
 260 265 270
 Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Val Ala Met Ala Thr Ala
 275 280 285
 Leu Asp Ile Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn Arg Gly Asp Pro Gln Leu
 290 295 300
 Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser Val Glu Glu Asn Thr Leu
 305 310 315 320
 Val Ile Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly Phe Thr Thr Gly Gly Phe
 325 330 335
 Asn Phe Asp Ala Lys Ile Arg Arg Gln Ser Thr Asp Pro Tyr Asp Leu
 340 345 350
 Phe His Gly His Ile Gly Ala Ile Asp Val Leu Ala Leu Ser Leu Lys
 355 360 365
 Cys Ala Ala Lys Met Leu Glu Glu Gln Ala Leu Gln Lys Val Val Asn
 370 375 380
 Gln Arg Tyr Ala Gly Trp Thr Ser Ser Leu Gly Gln Leu Val Gln Ile
 385 390 395 400
 Arg Ser Tyr His Ala Cys Leu Gln Tyr Arg Leu Thr Lys Val Leu
 405 410 415

<210> 70
 <211> 3501
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (298)..(1905)
 <220>
 <223> yabk
 <400> 70

gaattcgagg aagggggcgt attacaaatt gaaacggctg cacgtgtagc acaacatgat 60
 aatgcctgtg cggatcattt ccttgccttt ttacttcate cagaagcaca agggcattta 120
 gtcaagaata atgtgatgtt accggtgatt aataccaata ttgaaccgca ctttgatgcc 180
 cttagagcca cccaaatgaa cacgaaagtg ctcgatacct caaaagtgaa tgccgaacaa 240
 gtcaaaaaat ggattgctgt ttggcaaacg accctaaccc aataattggt tgtcttg 297

ES 2 362 041 T3

atg ttt aag cga ttt cgt gca ttc aca tac cgt ccc gcc agt tat ctt 345
 Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 1 5 10 15

5 ggc ggg atg ttg gtg att gtt ttt ctg agc get ttt tat gcg ttc gcc 393
 Gly Gly Met Leu Val Ile Val Phe Leu Ser Ala Phe Tyr Ala Phe Ala
 20 25 30

10 tta ggg gcg gtt ttt tcg ctc cct ttt gcg cgc agt tgg aca gcg ttg 441
 Leu Gly Ala Val Phe Ser Leu Pro Phe Ala Arg Ser Trp Thr Ala Leu
 35 40 45

15 ttg agt gat cag tat tta caa cac gtg atc atc ttt agc ttt tgg caa 489
 Leu Ser Asp Gln Tyr Leu Gln His Val Ile Ile Phe Ser Phe Trp Gln
 50 55 60

gcc ttt ctg tcg gcg gta ctt gcg gtc ctc ttt ggt gcc att gta gca 537
 Ala Phe Leu Ser Ala Val Leu Ala Val Leu Phe Gly Gly Ile Val Ala
 65 70 75 80

20 cga gcc ttt ttt tat caa ccg ttt gtg ggc aag aaa ctg atc ctc aaa 585
 Arg Ala Phe Phe Tyr Gln Pro Phe Val Gly Lys Lys Leu Ile Leu Lys
 85 90 95

25 tta ttt tca ctg act ttt gtg tta cct gcc tta gtg gcg att ttt ggt 633
 Leu Phe Ser Leu Thr Phe Val Leu Pro Ala Leu Val Ala Ile Phe Gly
 100 105 110

tta tta ggc gtg tat ggc gct tct ggc tgg tta gcg atg tta agc cag 681
 Leu Leu Gly Val Tyr Gly Ala Ser Gly Trp Leu Ala Met Leu Ser Gln
 115 120 125

30 ttt ttc gct tgg gat tgg act cct aat att tac ggc tta aca ggt att 729
 Phe Phe Ala Trp Asp Trp Thr Pro Asn Ile Tyr Gly Leu Thr Gly Ile
 130 135 140

35 tta ctg gcg cat ctt ttt ttt aat gtc cca tta gct tgt cgc ctg ttt 777
 Leu Leu Ala His Leu Phe Phe Asn Val Pro Leu Ala Cys Arg Leu Phe
 145 150 155 160

tta caa ggt ttg caa gca att ccg gtg caa caa cgt cag ctc gcg gca 825
 Leu Gln Gly Leu Gln Ala Ile Pro Val Gln Gln Arg Gln Leu Ala Ala
 165 170 175

40 caa ctc aat tta cgt ggt tgg cat ttt ata cgt ctg att gag tgg ccc 873
 Gln Leu Asn Leu Arg Gly Trp His Phe Ile Arg Leu Ile Glu Trp Pro
 180 185 190

45 tat tta cgc cag caa ttg tta cct gca ttt act ttg att ttc atg ctg 921
 Tyr Leu Arg Gln Gln Leu Leu Pro Ala Phe Thr Leu Ile Phe Met Leu
 195 200 205

tgt ttt acc agt ttt gcg att gtg ctc act tta ggt ggc gga ccg aaa 969
 Cys Phe Thr Ser Phe Ala Ile Val Leu Thr Leu Gly Gly Gly Pro Lys
 210 215 220

50 tat acc acg ttg gaa gtg gct atc tat caa gcg att tta ttt gag ttt 1017
 Tyr Thr Thr Leu Glu Val Ala Ile Tyr Gln Ala Ile Leu Phe Glu Phe
 225 230 235 240

55 gat gta ccg aaa gcc ggc tta ttt gcg tta tta caa ttt gtt ttt tgt 1065
 Asp Val Pro Lys Ala Gly Leu Phe Ala Leu Leu Gln Phe Val Phe Cys
 245 250 255

ES 2 362 041 T3

ttt ctg tta ttc acg ctg agt agc ttt ttt tct cca gcc ccc gcc acg 1113
 Phe Leu Leu Phe Thr Leu Ser Ser Phe Phe Ser Pro Ala Pro Ala Thr
 260 265 270

5
 aca tta cac agt caa cct act tgg ttt gcg ccc caa tcg tat tgg gtt 1161
 Thr Leu His Ser Gln Pro Thr Trp Phe Ala Pro Gln Ser Tyr Trp Val
 275 280 285

10
 aaa tta tgg caa cgt atg atc att gtg tgt gcg aca gta ttt atc tta 1209
 Lys Leu Trp Gln Arg Met Ile Ile Val Cys Ala Thr Val Phe Ile Leu
 290 295 300

15
 tta ccg cta ctc aat acg cta gtt tct get ttg ctt tcg tct cag ttt 1257
 Leu Pro Leu Leu Asn Thr Leu Val Ser Ala Leu Leu Ser Ser Gln Phe
 305 310 315 320

20
 ttt acc ttg tgg tta caa cct caa tta tgg aaa gca tta ggt tac tcg 1305
 Phe Thr Leu Trp Leu Gln Pro Gln Leu Trp Lys Ala Leu Gly Tyr Ser
 325 330 335

25
 ctc acc atc gcc ccc act tct gca ttg ctc gct tta gta ctg tct ttt 1353
 Leu Thr Ile Ala Pro Thr Ser Ala Leu Leu Ala Leu Val Leu Ser Phe
 340 345 350

30
 gcc tta tta ttg ctt gcc aga gaa tta cat tgg cga cat tat cgc agc 1401
 Ala Leu Leu Leu Leu Ala Arg Glu Leu His Trp Arg His Tyr Arg Ser
 355 360 365

35
 tta tcc cat gtg att tta aat atc ggt gcg acc att tta gcc att cca 1449
 Leu Ser His Val Ile Leu Asn Ile Gly Ala Thr Ile Leu Ala Ile Pro
 370 375 380

40
 acg tta gtg tta gct att ggt tta ttc att tta tta cgt gag atc gat 1497
 Thr Leu Val Leu Ala Ile Gly Leu Phe Ile Leu Leu Arg Glu Ile Asp
 385 390 395 400

45
 ttt tct cca tac cat ctt ttt ggg gtt gtg gta tgc tgt aac gcg tta 1545
 Phe Ser Pro Tyr His Leu Phe Gly Val Val Val Cys Cys Asn Ala Leu
 405 410 415

50
 gct gct atg cct ttt gtg ttg cgt att ttg gct tta ccg atg cat aac 1593
 Ala Ala Met Pro Phe Val Leu Arg Ile Leu Ala Leu Pro Met His Asn
 420 425 430

55
 aat atg att tat tat gaa aaa tta tgc caa tca ctt aac ctg cgt ggt 1641
 Asn Met Ile Tyr Tyr Glu Lys Leu Cys Gln Ser Leu Asn Leu Arg Gly
 435 440 445

60
 tgg caa cgt ttt cga ttg att gaa tgg cac aag ctt cgt gcg cca atg 1689
 Trp Gln Arg Phe Arg Leu Ile Glu Trp His Lys Leu Arg Ala Pro Met
 450 455 460

65
 aaa tac gcc ttt gca ctg gct tgt gcg tta tca tta ggc gat ttc acc 1737
 Lys Tyr Ala Phe Ala Leu Ala Cys Ala Leu Ser Leu Gly Asp Phe Thr
 465 470 475 480

70
 gca atc gcg tta ttt ggt cag gct gac ttc aca tcg tta ccg cat ttg 1785
 Ala Ile Ala Leu Phe Gly Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Pro His Leu
 485 490 495

75
 ttg tat caa caa ttg ggg cat tat cgt agt cag gaa gcg gca gta aca 1833
 Leu Tyr Gln Gln Leu Gly His Tyr Arg Ser Gln Glu Ala Ala Val Thr
 500 505 510

ES 2 362 041 T3

<400> 71

1 Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 5 Gly Gly Met Leu Val Ile Val Phe Leu Ser Ala Phe Tyr Ala Phe Ala
 10 Leu Gly Ala Val Phe Ser Leu Pro Phe Ala Arg Ser Trp Thr Ala Leu
 15 Ala Phe Leu Ser Ala Val Leu Ala Val Leu Phe Gly Gly Ile Val Ala
 20 Arg Ala Phe Phe Tyr Gln Pro Phe Val Gly Lys Lys Leu Ile Leu Lys
 25 Leu Phe Ser Leu Thr Phe Val Leu Pro Ala Leu Val Ala Ile Phe Gly
 30 Leu Leu Gly Val Tyr Gly Ala Ser Gly Trp Leu Ala Met Leu Ser Gln
 35 Phe Phe Ala Trp Asp Trp Thr Pro Asn Ile Tyr Gly Leu Thr Gly Ile
 40 Leu Leu Ala His Leu Phe Phe Asn Val Pro Leu Ala Cys Arg Leu Phe
 45 Leu Gln Gly Leu Gln Ala Ile Pro Val Gln Gln Arg Gln Leu Ala Ala
 50 Gln Leu Asn Leu Arg Gly Trp His Phe Ile Arg Leu Ile Glu Trp Pro
 55 Tyr Leu Arg Gln Gln Leu Leu Pro Ala Phe Thr Leu Ile Phe Met Leu
 60 Cys Phe Thr Ser Phe Ala Ile Val Leu Thr Leu Gly Gly Gly Pro Lys
 65 Tyr Thr Thr Leu Glu Val Ala Ile Tyr Gln Ala Ile Leu Phe Glu Phe
 70 Asp Val Pro Lys Ala Gly Leu Phe Ala Leu Leu Gln Phe Val Phe Cys
 75 Phe Leu Leu Phe Thr Leu Ser Ser Phe Phe Ser Pro Ala Pro Ala Thr
 80 Thr Leu His Ser Gln Pro Thr Trp Phe Ala Pro Gln Ser Tyr Trp Val
 85 Lys Leu Trp Gln Arg Met Ile Ile Val Cys Ala Thr Val Phe Ile Leu
 90 290 295 300

ES 2 362 041 T3

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

45 <210> 72
 <211> 3182
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*
 50
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1544)..(2809)
 55
 <220>
 <223> ygiK
 60
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 452
 65 <223> N = A or T or G or C

ES 2 362 041 T3

<400> 72

5 aactactaag gagttatgta tgaatattag aaaatcatta ctattaakat ccctagcaag 60
cttcatgtca ctttcagttt cagctgcaga aattaatttg aaatttgaaa gttcgaattt 120
10 tgcaggagaa aaagtttatg aaatccaaaa agaattggact gacaatattg aaaaagcttc 180
caatgggaga ataagtatag agttattacc tctcgactca gtcttaaaat ctagtgcacat 240
gctttctggg gttcgaataa aaattattga tggagcgggt gcaacagcgg caatgtatgc 300
aggcactgac cctggattcg gattaattgg tgatactatt tctgcttggg accatgacga 360
15 agatatttta aatttttact ataattggagg tggttttgaa gttgttgata atattttcca 420
acaatattgg gccaaactca ttggtgtatc anttacggga gcagaatcat taccatcga 480
agtaaaaaata gctaatactg aagattttta aggtataaaa attcgggctc cctctggctc 540
20 tatccaaaaa ttgtttgcaa gattaggagc cgctctctgt ggtcttctctg gttcagaaat 600
ctatactagt ttagaaaaag gtattattga tgctgccgat ttctcaacgt ttgcaataa 660
tcaagcaciaa ggagtccatg atattgcaa atatccaatc tatccgggaa ttcattcttc 720
25 accagccggt catatgatta tgaatcataa aacttggagt agcttaactc catcggatca 780
agcattctta attgcttact ttaaagggat ggctctcgat actctgactc gtgctcatta 840
tgaagataaa cttagcatata aagaagcact tgagaaagga gtacaaccag tttcttggaa 900
30 tcaacaagaa attacaaaag ttcgctctat cgctaaagaa atttggcaag agatagctca 960
acaatctgaa ataggtaatc aagtattatc aagtattaat gaaattccta gaatctcaag 1020
gaatgctgca ataactgtca agatggataa gacgatatcg tcttatccat taaggagtaa 1080
35 aacatgctta tttctaataa tttattatgg ctctgtaata agctagatca aatattcatt 1140
aaagtagggt attacgtttc ttatattttt ctattagttg ttatcattgg ttttacgagg 1200
ttgttgctcg gtatttattc tctagcccaa cactttgggt tcatgaagta acaacatttt 1260
40 taataagtct atcattactt tatgggtggag tagcttgta cgccagtaat aaacatattg 1320
ccatgacatt tattagaciaa aaattaccta ataagatcaa atggttacta gaactcttag 1380
ttgaaatact tatttttatt tcttttattt tgcttagtta cggagcatac ttatcagcta 1440
45 gagaagcatt atttactcca tcaggaaaat tcaaaatgca aacttctgga agtgatttag 1500
acatgccatt tccagcaatt gaaaaaagtt tcttctttat ttc atg cct cat cat 1555
Met Pro His His
1

50 tgt tgt tct ttc agt act aca tat att ccg tca cat cta tac aaa ata 1603
Cys Cys Ser Phe Ser Thr Thr Tyr Ile Pro Ser His Leu Tyr Lys Ile
5 10 15 20

55 tca gga gga att atc atg ata agt gca ttt ggg ata ggt att gga act 1651
Ser Gly Gly Ile Ile Met Ile Ser Ala Phe Gly Ile Gly Ile Gly Thr
25 30 35

ES 2 362 041 T3

	ctt att atc ttt tta atg atg att tcc ctt tta ttt att gga atg cca	1699
	Leu Ile Ile Phe Leu Met Met Ile Ser Leu Leu Phe Ile Gly Met Pro	
	40 45 50	
5	tta ggt ttt ctc act ggg tta atc gct tta gtt att tca tat ctt tgg	1747
	Leu Gly Phe Leu Thr Gly Leu Ile Ala Leu Val Ile Ser Tyr Leu Trp	
	55 60 65	
10	ttt gat act acc gca ata atg caa atg ata gct tca cgt gtc act gat	1795
	Phe Asp Thr Thr Ala Ile Met Gln Met Ile Ala Ser Arg Val Thr Asp	
	70 75 80	
15	ttc aca tca tct tac act ttt gta gct gtg cct atg ttt gtt ctt atg	1843
	Phe Thr Ser Ser Tyr Thr Phe Val Ala Val Pro Met Phe Val Leu Met	
	85 90 95 100	
20	gca aca tta ctt gat aag act gga att gct aga gat ctc tac aac gca	1891
	Ala Thr Leu Leu Asp Lys Thr Gly Ile Ala Arg Asp Leu Tyr Asn Ala	
	105 110 115	
25	atg cga gtc att ggc ggt cga tta cga ggt gga att gca att caa tcg	1939
	Met Arg Val Ile Gly Gly Arg Leu Arg Gly Gly Ile Ala Ile Gln Ser	
	120 125 130	
30	atg ttt gtt gca gtt cta ctt gct acg atg tca ggt att atc ggt gga	1987
	Met Phe Val Ala Val Leu Leu Ala Thr Met Ser Gly Ile Ile Gly Gly	
	135 140 145	
35	gaa act gtt tta tta ggc atg ttg gca tta cca caa atg tta cgc tta	2035
	Glu Thr Val Leu Leu Gly Met Leu Ala Leu Pro Gln Met Leu Arg Leu	
	150 155 160	
40	ggc tat aat aaa aac tta gct ata gga act gtt gta gca gga gga gca	2083
	Gly Tyr Asn Lys Asn Leu Ala Ile Gly Thr Val Val Ala Gly Gly Ala	
	165 170 175 180	
45	ttg ggt aca atg gtt cct cca agt atc gtg ttg att att tac gga atg	2131
	Leu Gly Thr Met Val Pro Pro Ser Ile Val Leu Ile Ile Tyr Gly Met	
	185 190 195	
50	acc gca aat gtt tct att gga gaa cta ttt ctt gca gca att cca gcc	2179
	Thr Ala Asn Val Ser Ile Gly Glu Leu Phe Leu Ala Ala Ile Pro Ala	
	200 205 210	
55	tcc tta cta ctt tct aca ttc tat att tta tat att cta gta ctt tgc	2227
	Ser Leu Leu Leu Ser Thr Phe Tyr Ile Leu Tyr Ile Leu Val Leu Cys	
	215 220 225	
60	tac ttc aaa cct agc tat ggc cct gca atg cct agc tca gaa aat cat	2275
	Tyr Phe Lys Pro Ser Tyr Gly Pro Ala Met Pro Ser Ser Glu Asn His	
	230 235 240	
65	aca tta acg aaa gaa gat att aaa aaa att att cat gat att gca att	2323
	Thr Leu Thr Lys Glu Asp Ile Lys Lys Ile Ile His Asp Ile Ala Ile	
	245 250 255 260	
70	cca gta gct atc gcc aca tgg att tta gga agt att tat ggc ggg ata	2371
	Pro Val Ala Ile Ala Thr Trp Ile Leu Gly Ser Ile Tyr Gly Gly Ile	
	265 270 275	
75	gca tca atc act gaa tct gcc tgt gtt ggt gta gtt ggg gta ata tta	2419
	Ala Ser Ile Thr Glu Ser Ala Cys Val Gly Val Val Gly Val Ile Leu	
	280 285 290	

ES 2 362 041 T3

gca gca ttc tat cga aaa gaa tta aat ttc aaa ata gta caa gaa tca 2467
 Ala Ala Phe Tyr Arg Lys Glu Leu Asn Phe Lys Ile Val Gln Glu Ser
 295 300 305

5 cta aaa cat aca atc aat act gtt ggt atg ata atc tgg gtc ggc att 2515
 Leu Lys His Thr Ile Asn Thr Val Gly Met Ile Ile Trp Val Gly Ile
 310 315 320

10 ggc gca aca atg att ata ggt att tat aat cta atg ggt ggg gac cga 2563
 Gly Ala Thr Met Ile Ile Gly Ile Tyr Asn Leu Met Gly Gly Asp Arg
 325 330 335 340

15 ttt ata gct aac tta ttc gct agc tta gat gcc tct cca att tat act 2611
 Phe Ile Ala Asn Leu Phe Ala Ser Leu Asp Ala Ser Pro Ile Tyr Thr
 345 350 355

20 atc att att atg atg gtt att tta tta ata ctt ggt atg ttc tta gat 2659
 Ile Ile Ile Met Met Val Ile Leu Leu Ile Leu Gly Met Phe Leu Asp
 360 365 370

25 tgg att ggt gtt gcc atg ttg act ttc ctc aag aca agt aaa gcg aca 2707
 Trp Ile Gly Val Ala Met Leu Thr Phe Leu Lys Thr Ser Lys Ala Thr
 375 380 385

30 atc aat ttg tgt ttt gac ata gtc agg tac agt att tgg cgt ggt ccc 2755
 Ile Asn Leu Cys Phe Asp Ile Val Arg Tyr Ser Ile Trp Arg Gly Pro
 390 395 400

35 tcc ttc cac agt acc aat gtt cat cgt ggt acc ttt gtc ggg cgc ggt 2803
 Ser Phe His Ser Thr Asn Val His Arg Gly Thr Phe Val Gly Arg Gly
 405 410 415 420

40 act ttt tagtaaatct tgccgatac gaataaacgc attgatggca tttgctccgt 2859
 Thr Phe

45 tttgtggatc gactgccgca tgagcagatt tgccaaaaaa ttcaattaca tacttcccaa 2919

50 tcccttttct ttcgntaacg ttccactta gattgccccag aagccgatct gtctgaatgg 2979

55 gaacaagtgt tataccaaga agcgaatcca acaggtgaag tggtgatcgg tatggtgggt 3039

60 aaatacactg aattaccgga tgcctacaaa tcggttaatg aagccttgaa acacgcaggc 3099

65 ttaaaaaacc gtcttagcgt gcaaatcaaa tatattgatt cacaagatgt ggaaacccaaa 3159

ggcacagaag tgtagaagg cgt 3182

45 <210> 73

<211> 422

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

50

<400> 73

Met Pro His His Cys Cys Ser Phe Ser Thr Thr Tyr Ile Pro Ser His
 1 5 10 15

Leu Tyr Lys Ile Ser Gly Gly Ile Ile Met Ile Ser Ala Phe Gly Ile
 20 25 30

Gly Ile Gly Thr Leu Ile Ile Phe Leu Met Met Ile Ser Leu Leu Phe
 35 40 45

65

ES 2 362 041 T3

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

60

65

ES 2 362 041 T3

Ser Lys Ala Thr Ile Asn Leu Cys Phe Asp Ile Val Arg Tyr Ser Ile
 385 390 395 400
 Trp Arg Gly Pro Ser Phe His Ser Thr Asn Val His Arg Gly Thr Phe
 405 410 415
 Val Gly Arg Gly Thr Phe
 420

5

10

<210> 74
 <211> 2787
 <212> DNA

15

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

20

<222> (463)..(936)

<220>

<223> yhcJ

25

<400> 74

30

gttaacacac catgattaat gatgccgggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
 gcatacaaaag caagaatggt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagettgt 120
 ggcggtgcaa tctgttgccg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
 tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataaggct etccttctgt gatgacttat 240
 tttgccgatt tgacggcacc ggcaaaccag cttacgatat gttcagggcg agtcagcgcga 300
 gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgccc ttttcgccaa ttctgggggtg 360
 ttatagcgcc cttctgceat cactcggcag ccagcagcat tcaatcttt gactaactga 420
 taatccgggt cagctggaat ttcaccgccca gtataaccag ac atg gtg cta cca 474
 Met Val Leu Pro
 1

45

ata att tct acc cct aag ttg tgg caa tac atc cct tct tca aaa tta 522
 Ile Ile Ser Thr Pro Lys Leu Trp Gln Tyr Ile Pro Ser Ser Lys Leu
 5 10 15 20

50

gaa caa tcc gcc atg gct aaa caa cct aat tct ttg att cgt tta ata 570
 Glu Gln Ser Ala Met Ala Lys Gln Pro Asn Ser Leu Ile Arg Leu Ile
 25 30 35

55

atg gct tca cgt gta gtt gga cgg acg cga tcc gta cca tca aaa gca 618
 Met Ala Ser Arg Val Val Gly Arg Thr Arg Ser Val Pro Ser Lys Ala
 40 45 50

60

ata ata tcc gcc cct gct gcc gct aac tct tca atg tct tgt aaa aat 666
 Ile Ile Ser Ala Pro Ala Ala Ala Asn Ser Ser Met Ser Cys Lys Asn
 55 60 65

65

ggg cta ata cga acg gga ctg tca ggt aaa tcc cgt tta acg ata cca 714
 Gly Leu Ile Arg Thr Gly Leu Ser Gly Lys Ser Arg Leu Thr Ile Pro
 70 75 80

ata atc ggt aca ttg acg acg tta cgc gtg gct ttt aaa ttt tcc atc 762
 Ile Ile Gly Thr Leu Thr Thr Leu Arg Val Ala Phe Lys Phe Ser Ile

ES 2 362 041 T3

	85	90	95	100	
5	cct tca ata cgt aac ccg gca gca cca ccg ata acg gat gct tgc gcc				810
	Pro Ser Ile Arg Asn Pro Ala Ala Pro Pro Ile Thr Asp Ala Cys Ala	105	110	115	
10	atg gcg gca aca att tct ggc gag tcc att ggc cca tta tct acg ggc				858
	Met Ala Ala Thr Ile Ser Gly Glu Ser Ile Gly Pro Leu Ser Thr Gly	120	125	130	
15	tgg caa gat gcg att aag cca tat tta att tgt tct aaa act tgc gga				906
	Trp Gln Asp Ala Ile Lys Pro Tyr Leu Ile Cys Ser Lys Thr Cys Gly	135	140	145	
20	tgt gat agt ttt gac ata tta act cca gtc taaatttate aaaagaagat				956
	Cys Asp Ser Phe Asp Ile Leu Thr Pro Val	150	155		
25	tgactccaat ttgcataggt taatcttaga attaaaaaat aacaaccaaa ataataaaaa				1016
30	tttgagatct ttgtcgcata tttattcata gggaaatgac agcttaattt tagttatgat				1076
35	ttgtcaatcc ttgtattttt ttgtgtttgc tggtttgca tacactgttc taatattgct				1136
40	ttgagcactt gataacctg ctcatataaa tgaantccgt cggtaaaaag gcgtaaatcc				1196
45	agttcaccgt tagaatcaca aaagtatttt tgtgtttcaa cgtaagtcac gtctgacgga				1256
50	caatgttgtt ttaaantaggt attgagcctg tgaatttgtg cgttagtac cgtattaatc				1316
55	tgattgaccg gtgtggcttc taataaaaaag tagtgggacg taggagaat ggtgtgtagg				1376
60	tgagtcagaa tgtcatttaa ctatcgcatg acttgcgccg gtgaatcgt ttcttcctta				1436
65	caaatatcat tgacgcctaa aaaaagaaaa acagattgtc caagttgttg aatccgttta				1496
70	ggtttaacga taacatccaa statgtgcgc gtactgacgc cagaaagtcc taaattggcg				1556
75	acggtttgc ccgctaattg aggtgtgcct gctacctgtt cgtcccacat gtcaaaaagt				1616
80	gaatgaccaa ttaagctgat attggcaggt ttggaaaatt ccgccatttt gctctgatag				1676
85	cgttgataaa taccctgatc acttagcatg tgtggacctc tattttgaaa taaaacgcta				1736
90	agtattatat aaacctgat atgccggtaa acagtaaact tatcttccgt aggggtaaat				1796
95	attcaatttt gtgacgaacc tatcatttat gaaatamaac ttcattttct acataaaaa				1856
100	tagtttttct actttagaat gccaaacgtg tgaatttat ttcacatca ttttaacgta				1916
105	atcccaactg aaccaataga ggagaactca taatgaaatt taaaaaacta ctacttgcac				1976
110	ctttatgttt aggtgtttca gcttctgtat ttgcagcaga ttacgatctt aaattcggta				2036
115	tggttgcggg tccaagctca aacgaatata aagcagtaga attctttgcg aaagaagtga				2096
120	aagaaaaatc caatggcaaa attgatgtgg ctattttccc tagctcacag ttaggtgatg				2156
125	accgtgtgat gattaacaa ttaaaagacg gtgcattaga ctttacgtta ggtgaatcag				2216
130	cacgtttcca aatttacttc ccagaagcag aagtatttgc gttgccttat atgattecta				2276
135	atthtgaac ctctaaaaaa gcgttgctcg acacaaaatt tggtaaggt ttattgaaaa				2336

ES 2 362 041 T3

aaattgataa agagttaaac gtacaagtgt tatctgtggc gtataacggg acacgtcaaa 2196
 caacttctaa ccgtgcaatc aacagcattg aagacatgaa aggggttaaaa ttacgtgtac 2456
 5 ctaacgcggc aaccaacctt gcttatgcaa aatacgtggg tgcagcgcca acaccaatgg 2516
 cattctctga agtttacctt gcgcttcaaa caaactctgt ggatgggtcaa gaaaacccat 2576
 10 taccgacaat ccaagcacia aaattctatg aagtacaaaa atacttagcg ttaactaacc 2636
 acctcttaaa tgaccaactt tacttaatca gtaacgatac gttggcagat ttaccagaag 2696
 atttcaaaaa agtgggttaa gatgcagcag cgaagccgc tgaatatcac actaaactct 2756
 15 tcggtgacgg tgagaacagc ttagttgaat t 2787

<210> 75

<211> 158

20 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 75

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

<210> 76

<211> 2787

55 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

60 <221> CDS

<222> (1949)..(2785)

<220>

65 <223> yiaO

ES 2 362 041 T3

<400> 76

5 gttaacacac catgattaat gatgccgggt gaagccactg caacgtaate gaattgtccg 60
 gcatacaaa caagaatggt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggecag atcagcttgt 120
 ggcgttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacantagc cgaggcaatt 180
 10 tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcatagget ttccttctgt gatgacttat 240
 tttgccgatt tgacggcadc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
 gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcyg ttttcgcaa ttctgggggtg 360
 15 ttatagcgcc cttctgccat cacteggcag ccagcagcat tcaaatcttt gactaactga 420
 taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag acatgggtgct accaataatt 480
 tctaccoccta agttgtggca atacatccct tcttcaaat tagaacaatc cgccatggct 540
 20 aaacaacctt attctttgat tegttaata atggcttcac gtgtagttgg acggagcgca 600
 tccgtaccat caaaagcaat aatatacggcg cctgctgcyg ctaactcttc aatgtcttgt 660
 aaaaatgggc taatacgaac gggactgtca ggtaaatcgc gtttaacgat accaataatc 720
 25 ggtacattga cgacgttacg cgtggctttt aaattttcga tcccttcaat acgtaacccg 780
 gcagcaccac cgataacgga tgcttgccgc atggcgcaa caatttctgg cagctccatt 840
 ggcccattat ctaegggctg gcaagatgcy attaagccat atttaatttg ttctaaaact 900
 30 tgcggatgtg atagttttga catattaact ccagtctaaa tttatcaaaa gaagattgac 960
 tccaatgtgc ataggttaat cttagaatta aaaaataaca accaaaataa taaaattttg 1020
 agatctttgt cgcataattt ttcataggga atagacagct taattttagt tatgatttgt 1080
 35 caatccttgc tattttttgt gtttgcgtgt ttgcgataca ctgttctaat attgctttga 1140
 gcacttgata accttgcctc ttaaatgta atccgctcgt acaaagcgtt aaatccagtt 1200
 caccgctaga atcacaaaag tattttttgt tttcaacgta agtcacgtct gacggacaat 1260
 40 gttgttttaa ataggtattg agcctgtgaa tttgtgcgtt agtgaccgta ttaactctgat 1320
 tgaccggtgt ggcttctaat aaaaagtagt gggacgtagg agaatgggtg tgtaggtgag 1380
 tcagaatgtc atttaactat cgcatagact gcgcccgtga atacgtttct tccctacaaa 1440
 45 tatcattgac gcctaaaaaa agaaaaacag attgtccaag tctgtgaatc cgttttaggtt 1500
 taacgataac atccaaatat tgtcgcgtac tgacgccaga aagtcctaaa ttggcgacgg 1560
 tttgtcccgc taattgaggt gtgcctgcta cctgttcgtc ccacatgtca aaaagtgaat 1620
 50 gaccaattaa gctgataatt gcaggtttgg aaaattccgc ctttttctc tgatagcgtt 1680
 gataaatatc ctgatcactt agcatgtgtg gacctctatt ttgaaataaa acgctaagta 1740
 55 ttatataaaa cctgatatgc cggtaaacag taaacttctc tcccgtaggg gtaaatatc 1800

ES 2 362 041 T3

aattttgtga cgaacctatc atttatgaaa taaaacttca ttttctatat aaaaaatagt 1860
tttttcaett tagaatgcca aacgtgtgaa atttatttca tcatcatttt aacgtaatcc 1920
5 caacgtaacc aatagaggag aactcata atg aaa ttt aaa aaa cta cta ctt 1972
Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu
1 5
gca tct tta tgt tta ggt gtt tca gct tct gta ttt gca gca gat tac 2020
Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr
10 10 15 20
gat ctt aaa ttc ggt atg gtt gcg ggt cca agc tca aac gaa tat aaa 2068
Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys
25 30 35 40
15 gca gta gaa ttc ttt gcg aaa gaa gtg aaa gaa aaa tcc aat ggc aaa 2116
Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys
45 50 55
att gat gtg gct att ttc cct agc tca cag tta ggt gat gac cgt gtg 2164
Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val
20 60 65 70
atg att aaa caa tta aaa gac ggt gca tta gac ttt acg tta ggt gaa 2212
Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu
75 80 85
25 tca gca cgt ttc caa att tac ttc cca gaa gca gaa gta ttt gcg ttg 2260
Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu
90 95 100
cct tat atg att cct aat ttt gaa acc tct aaa aaa gcg ttg ctc gac 2308
Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp
30 105 110 115 120
aca aaa ttt ggt caa ggt tta ttg aaa aaa att gat aaa gag tta aac 2356
Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn
125 130 135
35 gta caa gtg tta tct gtg gcg tat aac ggt aca cgt caa aca act tct 2404
Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser
140 145 150
aac cgt gca atc aac agc att gaa gac atg aaa ggg tta aaa tta cgt 2452
Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg
40 155 160 165
gta cct aac gcg gca acc aac ctt gct tat gca aaa tac gtg ggt gca 2500
Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala
170 175 180
45 gcg cca aca cca atg gca ttc tct gaa gtt tac ctt gcg ctt caa aca 2548
Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr
185 190 195 200
aac tct gtg gat ggt caa gaa aac cca tta ccg aca atc caa gca caa 2596
Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln
50 205 210 215
aaa ttc tat gaa gta caa aaa tac tta gcg tta act aac cac atc tta 2644
Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu
55 220 225 230
aat gac caa ctt tac tta atc agt aac gat acg ttg gca gat tta cca 2692
Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro
235 240 245
60 gaa gat tta caa aaa gtg gtt aaa gat gca gca gcg aaa gcc gct gaa 2740
Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu
250 255 260
tat cac act aaa ctc ttc gtt gac ggt gag aac agc tta gtt gaa tt 2787
Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu
65 265 270 275

ES 2 362 041 T3

<210> 77

<211> 279

<212> PRT

5 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 77

```

10      Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser
        1           5           10           15
      Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala
        20           25           30
15      Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu
        35           40           45
      Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser
        50           55           60
20      Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly
        65           70           75           80
      Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe
        85           90           95
25      Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu
        100          105
      Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu
        115          120          125
30      Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr
        130          135          140
      Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu
        145          150          155          160
35      Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu
        165          170          175
      Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser
        180          185          190
40      Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn
        195          200          205
      Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr
        210          215          220
45      Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser
        225          230          235          240
50      Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys
        245          250          255
      Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp
        260          265          270
55      Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu
        275

```

<210> 78

<211> 2590

60 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

65 <221> CDS

<222> (908)..(1294)

ES 2 362 041 T3

<220>

<223> yjgF

5 <400> 78

ctgcaggctc gattagtggg gcaccgaaag aaaaaaccgt gcaaattatt cacgccgcag 60
 aacagcagcc acgcgggttat tacacgggga tttttggtct gttcgatggg gagtcgttac 120
 10 aaagtgcggt ggcaattcgt tttattgagc aagtggacga gaaattgatt ttccgcagcg 180
 gtggcgggat tacgatctta agcgagctag aagacgagta ccaagaattg atccaaaaag 240
 tgtatgtacc agtaggataa gcgatgacat ttcctttatt tgagacgac gctattgtga 300
 15 acggtgaaat tcagcacctt gccctgcatc aacaacgta tgcggcaagt ttggcgacct 360
 tttacggcga gaaaggagcg aaagtacagg atcttgcgaa aattattcag attccgaccg 420
 cacttgaaca cactcaacat gcgccgataa tccgttgtcg gattgattac aatcagcaag 480
 20 actgtgacgt gcattatctt ccctatcaac gcamaattta cgcactttt cagcctgtca 540
 tttgcgatga aattaactat gatctgaaat atgctgatcg ggcattatta aatcagttat 600
 ttgctcagcg tagggattgt gatgagatta tgattatcaa acacggcaag gtgacggatt 660
 25 gcagtattgg taatctggtg tttcgcgaag gtgagcaatg gttcacgcca gatagcccgt 720
 tattttacgg cacacaacga gcctgggttat tacaacaagg caaattcaa gcccgttcca 780
 tcttattgca agagatcgca caatttgaag aaattcgggt aattaatgca ctaaaccgc 840
 30 tgtaaatttt ccttgaacag cgtaaaataa aacaactttt tcagtcagat aaaaggagat 900
 aaacgac atg acg aaa gta att cat act gac aat gca cca gcc gcc att 949
 Met Thr Lys Val Ile His Thr Asp Asn Ala Pro Ala Ala Ile
 1 5 10
 35 ggt cct tat gta caa gcg gta gat tta ggt aat atg ctg tta acc tct 997
 Gly Pro Tyr Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Leu Leu Thr Ser
 15 20 25 30
 40 ggg caa att cca gtg aat cca aaa acc ggt gaa gtg cca gcg gat atc 1045
 Gly Gln Ile Pro Val Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Ile

45

50

55

60

65

ES 2 362 041 T3

	35	40	45	
5	gta gca caa gca cgt caa tcg tta gaa aac gtg aaa gcg att gtg gaa Val Ala Gln Ala Arg Gln Ser Leu Glu Asn Val Lys Ala Ile Val Glu 50 55 60	1093		
	caa gcg gga tta caa gtc gca aat atc gtg aaa acc acg gtg ttt gtg Gln Ala Gly Leu Gln Val Ala Asn Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val 65 70 75	1141		
10	aaa gat tta aat gac ttt gca g g gtc aat gcg gag tat gaa cgt ttc Lys Asp Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe 80 85 90	1189		
15	ttt aaa gag aac aat cac cct agc ttc cct gct cgt tca tgt gtg gaa Phe Lys Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu 95 100 105 110	1237		
	gtg gca cgt ttg ccg aaa gat gtg ggg att gaa atc gag gca atc gct Val Ala Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala 115 120 125	1285		
20	gta aaa gcc taatgaatag cttgcattta tcttagtcgt agcaaaacaa Val Lys Ala	1334		
25	tctcttttca cttgctctct tcaaagcaag ttgataagtg atttttattg ggcgtrtctc	1394		
	tattgatagc caaaaacgcc ctttactgat agagaataaa ctatgcaaaa tcaagtcctc	1454		
	gagattctac aataccgttt aaaaccacaa tcaggacaaa cgtttcacca aattatgcgt	1514		
30	gagatcagtg ttccactcca taacaacat gggattgatg tcattgcgta tggaaattca	1574		
	ttacatgata ttgacagcta ttatttaatc cgtgcatttg agacagaaac caaattgcaa	1634		
	cagcagctcg atgcttttta tgccagtgat gattggcgtg atggaccaag agaaagtatc	1694		
35	attcgctga ttgaaagcag tttaaaatcg gtgatcatgc tcccacaca ggcaatccat	1754		
	gcactacgca accattatcc tcaataaaat caacaaccgc acccaatcag tgcggtcatt	1814		
	ttttcttact ttttcagtgc taagggaaaa acaacgatag tggacgttgt ttaatcaatt	1874		
40	tccaaacaca ttgcgcgata tcacaccaac tctcaatttc tgtttctaaa gaacgcagcg	1934		
	caaccataa cgcgataaag aaactgacaa tcaaattcac cataccaatc aataacacga	1994		
	acactaaacc ttgtaagaac atctgccaag taaacgcgcc actgatcgcc atatagccca	2054		
45	aattcgcaga agaaaacgcc acatggcgaa tatctaacgy taaattaagc aaatacccga	2114		
	ctaaccctgt taaaccaagc aataaaccaa aacacagatt tcccataatc gaaccgtaat	2174		
	tatcatgcca gtattctgca aattttagtc gcatattacg ggtcaacaga cggcgtaaaa	2234		
50	tagggtgatt tcttagtcgc atttttaagt tcaataaatt actacgatta tcaaaataac	2294		
	cagaaataat cccagaaaag aataaccaga aaccgcgaat ggcggcaaac cataaggacc	2354		
55	ctttcatcgg atcaagggat ttttgttggt aggcaatctc cgcgtcactc aataaaggty	2414		
	taccaacata atggtgatag cctagcgcaa gcaacaagc cacagaaatc gctaaagtga	2474		
	cattacccaa gactgccact gtttgcgagc gaaacacatc gatcagcagt tgagctaatt	2534		
60	gcagattaac ggatttgctt tgtccattat ccaccgtttc tgcaaacgt gctgca	2590		

65

ES 2 362 041 T3

<210> 79

<211> 129

<212> PRT

5 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 79

```

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

35 <210> 80

<211> 6642

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

40 <220>

<221> CDS

<222> (463)..(1884)

45 <220>

<223> yleA

50 <400> 80

```

55      aaccagctc agataagttt aattctggct atggaaagtg gaccaaatec ttcgatctcc 60
        caggtttcta aggcgcgata cgggcaaata cgagtatttt cgatatactg ccaagcacct 120
        agttgtttta agagattaac ggaagcaaca ctgatcgcag aaatgcgaag atcgtaagge 180
        gaattagggt gaaactgtgg gagtggggcg tgttcgataa gctggacttg atgtccttgt 240
60      ttacgtaagc caagcgcaca ggctgcacca accatgccac cgccaaccac gatcatgtct 300
        ttttgatga cgtccatagg attttccttt tctttttggt acgtattcta ccgtcaatga 360
    
```

65

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

```

gggaatttca aaagaaatct ctttttttagc tagccagcat aggttcaaga ctgtaaaata 420
gtcagtcaca tttttatagg ttaactgaat tttttaaacg at atg acg caa aaa 474
Met Thr Gln Lys
1

tta cat att aaa acg tgg ggt tgt cag atg aat gaa tat gat tca tct 522
Leu His Ile Lys Thr Trp Gly Cys Gln Met Asn Glu Tyr Asp Ser Ser
5 10 15 20

aaa atg gca gat ctc tta aac agt act cac ggc tta gag tta aca gaa 570
Lys Met Ala Asp Leu Leu Asn Ser Thr His Gly Leu Glu Leu Thr Glu
25 30 35

att ccg gaa gaa gcg gat gtg tta ttg tta aac act tgc tca att cgt 618
Ile Pro Glu Ala Asp Val Leu Leu Asn Thr Cys Ser Ile Arg
40 45 50

gaa aaa gca caa gaa aaa gtt ttc cat caa tta gga cgt tgg aaa gaa 666
Glu Lys Ala Gln Glu Lys Val Phe His Gln Leu Gly Arg Trp Lys Glu
55 60 65

tta aag aaa cat aag ccg gga ctc gtt atc ggt gtt ggg ggc tgt gtt 714
Leu Lys Lys His Lys Pro Gly Leu Val Ile Gly Val Gly Gly Cys Val
70 75 80

gcc tca caa gaa gga gaa cac att cgt act cgt gct cct tat gtc gat 762
Ala Ser Gln Glu Gly Glu His Ile Arg Thr Arg Ala Pro Tyr Val Asp
85 90 95

att att ttt gga cca caa acc tta cat cgt tta cct gaa atg atc aat 810
Ile Ile Phe Gly Pro Gln Thr Leu His Arg Leu Pro Glu Met Ile Asn
105 110 115

cag atc aga ggt ggt aaa agc tca gta gtc gat gtc agt ttt cca gaa 858
Gln Ile Arg Gly Gly Lys Ser Ser Val Val Asp Val Ser Phe Pro Glu
120 125 130

att gaa aaa ttc gac cgt tta cca gaa ccg cgt gca gaa ggt cca act 906
Ile Glu Lys Phe Asp Arg Leu Pro Glu Pro Arg Ala Glu Gly Pro Thr
135 140 145

gct ttc gta tcc att atg gaa ggc tgt aat aaa tat tgc tca ttc tgt 954
Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr Cys Ser Phe Cys
150 155 160

gtc gtg cct tat acg cgt ggt gaa gaa gtc agt cgt cca gtg gat gat 1002
Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg Pro Val Asp Asp
165 170 175 180

gta tta ttt gaa att gca cag ttg gca gag caa ggc gtg cgt gaa gtg 1050
Val Leu Phe Glu Ile Ala Gln Leu Ala Glu Gln Gly Val Arg Glu Val
185 190 195

aat tta tta gga caa aac gtg aac gct tat cgt ggt gca act cat gat 1098
Asn Leu Leu Gly Gln Asn Val Asn Ala Tyr Arg Gly Ala Thr His Asp
200 205 210

gac ggt att tgt act ttt gcg gaa ttg tta cgt tta gta gcc gct att 1146
Asp Gly Ile Cys Thr Phe Ala Glu Leu Leu Arg Leu Val Ala Ala Ile
215 220 225

gat ggt att gac cgt tta cgt ttt acc acc agt cac cca att gag ttc 1194
  
```

60

65

ES 2 362 041 T3

	Asp Gly Ile Asp Arg Leu Arg phe Thr Thr Ser His Pro Ile Glu Phe	
	230 235 240	
5	act gat gac att att gat gtg tac cgt gat acg cca gag ttg gtg agt 1242	
	Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro Glu Leu Val Ser 260	
	245 250 255	
10	ttc tta cac tta cct gca caa agt ggt tct gat cgt gtg tta tct atg 1290	
	Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg Val Leu Ser Met 275	
	265 270	
15	atg aaa cgc aat cat acg gca tta gaa tat aaa tcg att att cgg aag 1338	
	Met Lys Arg Asn His Thr Ala Leu Glu Tyr Lys Ser Ile Ile Arg Lys 290	
	280 285 290	
20	ttc tta cgc aat cat acg gca tta gaa tat aaa tcg att att cgg aag 1386	
	Leu Arg Ala Val Arg Pro Glu Ile Gln Ile Ser Ser Asp Phe Ile Val 305	
	295 300 305	
25	ggt ttc cgc ggc gaa aca gca gaa gat ttc gag caa acc atg aat tta 1434	
	Gly Phe Pro Gly Glu Thr Ala Glu Asp Phe Glu Gln Thr Met Asn Leu 320	
	310 315 320	
30	att gca caa gta aat ttt gat atg agt ttc agc ttc att tat tca gca 1482	
	Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe Ile Tyr Ser Ala 340	
	325 330 335 340	
35	cgt cca ggc acg cca gca gca gat atg cct gat gat gtg aca gaa gaa 1530	
	Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp Val Thr Glu Glu 355	
	345 350 355	
40	gag aag aaa caa cgt tta tat gtg ttg caa caa cgc att aac aat caa 1578	
	Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg Ile Asn Asn Gln 370	
	360 365 370	
45	gcc gcg caa ttt agt cga gca atg tta ggc aca gaa cag cgc gtg tta 1626	
	Ala Ala Gln Phe Ser Arg Ala Met Leu Gly Thr Glu Gln Arg Val Leu 385	
	375 380 385	
50	gtg gaa gga ccc tcg aaa aaa gat tta atg gaa ctc aca ggg cgt aca 1674	
	Val Glu Gly Pro Ser Lys Lys Asp Leu Met Glu Leu Thr Gly Arg Thr 400	
	390 395 400	
55	gaa act aat cgt atc gtc aat ttt gtg ggc acg cct gat atg att ggg 1722	
	Glu Thr Asn Arg Ile Val Asn Phe Val Gly Thr Pro Asp Met Ile Gly 420	
	405 410 415 420	
60	aag ttt gtt gat atc aag atc acg gat gtg ttt act aac tca ctg cgt 1770	
	Lys Phe Val Asp Ile Lys Ile Thr Asp Val Phe Thr Asn Ser Leu Arg 435	
	425 430 435	
65	ggt gaa gtc gtt aga act gaa gaa caa atg gga ctt cgc gtt gtt caa 1818	
	Gly Glu Val Val Arg Thr Glu Glu Gln Met Gly Leu Arg Val Val Gln 450	
	440 445 450	
70	tcg cca caa atg gtg att aat cgt act cgt aaa gaa gat gaa ctc ggc 1866	
	Ser Pro Gln Met Val Ile Asn Arg Thr Arg Lys Glu Asp Glu Leu Gly 465	
	455 460 465	
75	gtg gga cgt tat cac gcg tagtcgtgct atcccttcaa atatttaacc 1914	
	Val Gly Arg Tyr His Ala	
	470	

ES 2 362 041 T3

5 gctctcgagt ttctcaagag cggttatfff ttatgaaaaa tttttgataa attgaccgct 1974
 cttttttattg cttcatttta tgatagacag cgtgttttct gttattcacc gtatttcttt 2034
 ttatttcact tcattaataa attattaat ttcaattgct tatcaaanatt gttgtttttt 2094
 gcttttttfc tatttatagc atggttatft tttatacaca catggcgtat ttctccatat 2154
 ttttacaaaa aactgtgact tcactctaac tattgttctc tcgtgcttta ctccatttta 2214
 10 taaggcgggt agtttagatc atgttgtttt tacaacatat tttgagggtg tttgaagggt 2274
 gagcttattt tatagttgag gtgatgatga aaaaatttaa tcctagtata ttggcgttgt 2334
 ccatatcaag tctgctactc acatccacat tgacctttgg tcaaatccag caacaagata 2394
 15 aagcactctt tgggtgtaaa gaacatcaag aaagcctact ctttcatcag agcttagtag 2454
 aacaaggtag tgataatgtg ccaatttggc gcattccgfc tttattaaga acaaaagacg 2514
 gtgtattaat tgccgccgca gataagcgtt ggcaacaccg tggtgactgg ggcgatattg 2574
 20 ataccgcaat ccgaattagt catgatgatg ggaaaacatg gggaaatatt acaacgattt 2634
 tggatttgcc atcaaagaat ggggaaaaat ccccatcagc accagatcct gtaacattca 2694
 acgctgggg agatagacaa aattgtacaa cttactgtaa ttctgctttt ttgatcgatg 2754
 25 ctccagatgt acaagataaa cgtaatggtg gaattttttt agcagttgat atgtttgccg 2814
 atggagcagg tttttttggt gtaaaagaca gtggtaatgg ggcattaat attgatggta 2874
 aacagtatcc tattttaaat gaaaagcaat cgggtcgaca ttgaacctg tgttcttaac 2934
 30 tctttcactt gctcaacgtt caccggaatc acgcggtcaa taaaagtcgg tttccagttt 2994
 aaacccgggt gaacaatagc gtgtaattca caaaacgca tcaccacgcc acgttctgct 3054
 35 tctttgacag tataaaaacc gctaacgccc cagacaattg caccaatcac cgctgcaatt 3114
 ggcaantaat taccaagatt taacgatcca ccagaatgog agttattgog tttaccgcca 3174
 ttccctgaac cgcttaattt tttcagcaga ttattaaaaa tctcttcaat atcaggtggt 3234
 40 gattgctctt gattgttttg cttacgacct gactggttat cattccaatt cggctgaccg 3294
 ccttcattat caggacgctg actctcaggt tttttctgfc cgggtttgcc ccaaggatct 3354
 tgatctgaac cgttcaatga cattacgttc tccatttgc aaaaaattgt tacttgttta 3414
 45 aacaaattcc cacagtctaa acaaatggtt ggattaagtc taacgaact cgttactaaa 3474
 tggggatatt ttttatgatt taaagtgcg ccaataaaaa cgcacaatgg tctcattttt 3534
 acggcttact acctgacttt tgcctatcg ctttgcgggt catgtttttt cattcacctt 3594
 50 ataataaatg gcgtcgtgta aggtggtttc cgctaattt cccctctgcc aagtaaaata 3654
 gtgcacatct aagcactgtg tttggttaat aaaaaagcc aagtaaaacg gcaagcgggtg 3714
 55 actaaagagg agttaaactaa gtttctgtat gctagcgtac tattgactct tcttgcactg 3774
 tgtttgggtt ttattgcggt gaatgaaacc ctagcgtgta tttctttggt attgttggtt 3834

60

65

ES 2 362 041 T3

tatttaagec ttageccgagt attatttgcg ctgcgcttgt tgggcgtgat catgaatttg 3894
 agctattact attatctctt gagtatccct ttattacata aatctttctt actcatggga 3954
 5 gtaggcacgc ttctggcact agttacgttt gttttatcac gttataacaa ggcaaccgcag 4014
 gcaacattac aagctgaate gcacaatagc tttcaaccac aaacaatggt acgtaaaaaa 4074
 ctaggattca ctttgttggc gacatgtttg attgcctttg ccacgaatta tactattcat 4134
 10 aatatgaag atattttaac gaatgggtgag tcaattatct taaaaacggc acccgttgat 4194
 ccgcgttccct tgatgcaagg ggattatatg acgttgaaact atgaaatctt ggcagacatt 4254
 agtgaggaat ggggaaaaaa tttagaagag gaaaaaacac agtattttgt ttatgctgtg 4314
 15 ttaaaacgag acagcctagg gattgctacc ttgtgtcgtc ttgaaaccaa agcacctaca 4374
 acatttgacg ggtgtacacc aatattttac ttaccggtga atgtcgcgat gtggtggccg 4434
 cgtttaccaa gtcaagacta cttttttgcc gagggaaaag gtgaatatta tgcacaagct 4494
 gaatatgccg aatctcgtt taaaggggga aaagcgttgt tgttccgctt actagataaa 4554
 aatttaaaag cattataaaa caaaaggcgg tagtgaaccg cctttatggt gtatgccact 4614
 25 tacttcaccg caatcattga gccaaaatta aagcattgaa accataattc cacttgttga 4674
 aaaccgactt cagctaaacg cattttatgg gcttgaatgc tgtctgtacg catcacattt 4734
 tcaagtgcgg tgcgtttttg gctgacttca agttcactgt atccattcgc gcgtttaaat 4794
 30 tgatgatgta aatcaatcaa caaggcattc atgttttgat cttcaaatg aaatttctcg 4854
 gatagtacca agatcccatt cggttgtaag ccttggtaaa tcttacttaa taaggctcga 4914
 cgatcttcag gtggcagaaa ttgcaaagtg aaatttaaaa ttaccatgaa ggcattttcg 4974
 35 atttcgatat ggcgtatctc atcacaaaata atgtccacag gtattgtact ttgataggca 5034
 ctaacatgct ggcgacaacg atcgaccatg ggtgtgagt tatcaacacc aatgatcttg 5094
 acgccgggtt gattaatatg acgacgtgca gataatggtg ccgcaccgcg cgagcaccct 5154
 40 agatcataga cgttgctatt cgcgtaaca aagcgtgatg ccaacatccc aatagcggta 5214
 atgatggttg catagccggg aatagagcgt tggatcatgt cgggaaagac ttcagctacg 5274
 ctttcatcaa aagtaaaatc ccccaattta gcaatgggga gtcgaaaata gagtatcttt 5334
 tgtcataatg tattaagac cgagaaaaag tgcggtcatt ttagaagaag tttcgacctt 5394
 tcacaaataa attatgattt cgggaataaa tgcgccatgg cactttcttc ttgtttaata 5454
 50 cgcacgccta ggataagcaa ataaatgggt aatccaatca atgcggtata ttttgccttg 5514
 csgaaaagcg ataaaccaat taactcggga ataatgttta agaaataatt cgggtgacgt 5574
 acgtatttta acaagaaaga gcggttaatg tgatgttccg gtaaaatgta aagtttctt 5634
 55 gtccaaatct ctttcagttc ataaatcacg taaaatagca tggcgatcgc aagactaaa 5694
 atcgcagacc ctatttgtga ggtgctatta aatgctgtgt tttggttatt agcttcaatg 5754

ES 2 362 041 T3

atcgcggcga gataaaatac aacatgggca atggataaca gcgtagaatt gcgtttacca 5814
 tattgtattg caccttttgc aatcaatgct ttttcatggc ggattgaaat agacagacta 5874
 5 taaaaacgga tcgctaaaat acaggcaaaa gtgatattga taaataacat gtggttatcc 5934
 ttaacataat tttattccaa taaagtggcg taatataaca aaaaatccga tgatatggca 5994
 tggaaatacg cctttatttt gaacgttcat cgcttttctt tttctttatt ggttgatttg 6054
 10 taagcataaa taaccttttt atctctcttg gtttccgct ataattgagt gaatttttga 6114
 gcataattaa gagtacaag gattttgaaa tgatgcgtac acattattgc ggtgcattaa 6174
 accgtgacaa tatcggacaa gaagtaacat tgagtggttg ggtgcatcgt cgccgtgatt 6234
 15 tagtggggtt aatttttatt gatatgcgtg atcgtgaagg gattgtacaa gtgtgtttcg 6294
 atccaatata tcaagaagca ctaccacag cagcaagttt acgtaatgag ttttgtattc 6354
 aattaaggg cgaagtgatt gcccgccag ataatcaaat caacaaaaat atggcaacag 6414
 20 gcgaagtgga agtgttagca aaatccctgt ctatttataa cagcgcagag ccattacctc 6474
 tcgactttaa ccaaaataat acggaagaac agcgtttaaa ataccgttat ttagacttac 6534
 25 gtcgcccaga aatggcgcaa cgtttaaaaa cagcagccaa aattaccagc tttgtgcgtc 6594
 gctttatgga cgaacatggt ttcttagata ttgaacacc gatgttga 6642

30 <210> 81

<211> 474

<212> PRT

35 <213> *Pasteurella multocida*

<400> 81

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

65

ES 2 362 041 T3

Glu Gly Pro Thr Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr
 145 150 155 160
 5 Cys Ser Phe Cys Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg
 165 170 175
 Pro Val Asp Asp Val Leu Phe Glu Ile Ala Gln Leu Ala Glu Gln Gly
 180 185 190
 10 Val Arg Glu Val Asn Leu Leu Gly Gln Asn Val Asn Ala Tyr Arg Gly
 195 200 205
 Ala Thr His Asp Asp Gly Ile Cys Thr Phe Ala Glu Leu Leu Arg Leu
 210 215 220
 15 Val Ala Ala Ile Asp Gly Ile Asp Arg Leu Arg Phe Thr Thr Ser His
 225 230 235 240
 Pro Ile Glu Phe Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro
 245 250 255
 20 Glu Leu Val Ser Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg
 260 265 270
 Val Leu Ser Met Met Lys Arg Asn His Thr Ala Leu Glu Tyr Lys Ser
 275 280 285
 25 Ile Ile Arg Lys Leu Arg Ala Val Arg Pro Glu Ile Gln Ile Ser Ser
 290 295 300
 Asp Phe Ile Val Gly Phe Pro Gly Glu Thr Ala Glu Asp Phe Glu Gln
 305 310 315 320
 Thr Met Asn Leu Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe
 325 330 335
 35 Ile Tyr Ser Ala Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp
 340 345 350
 Val Thr Glu Glu Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg
 355 360 365
 40 Ile Asn Asn Gln Ala Ala Gln Phe Ser Arg Ala Met Leu Gly Thr Glu
 370 375 380
 Gln Arg Val Leu Val Glu Gly Pro Ser Lys Lys Asp Leu Met Glu Leu
 385 390 395 400
 45 Thr Gly Arg Thr Glu Thr Asn Arg Ile Val Asn Phe Val Gly Thr Pro
 405 410 415
 Asp Met Ile Gly Lys Phe Val Asp Ile Lys Ile Thr Asp Val Phe Thr
 420 425 430
 50 Asn Ser Leu Arg Gly Glu Val Val Arg Thr Glu Glu Gln Met Gly Leu
 435 440 445
 Arg Val Val Gln Ser Pro Gln Met Val Ile Asn Arg Thr Arg Lys Glu
 450 455 460
 55 Asp Glu Leu Gly Val Gly Arg Tyr His Ala
 465 470

60

<210> 82

<211> 4835

65 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> CDS

<222> (407)..(1156)

5

<220>

<223> yojB

10 <400> 82

```

gtcaacgacg gggcgggtct tagaacattg gcatacgggt acgatgacac gccgtgtccc 60
agagctccat cgctccttcc caaataaactt ggtttggatg cacccattag atgcgaaaaa 120
acgtggttta cgctatggcg ataaagtgaa gatcagctca cgctegtggcg aatgatttc 180
tcacttagat acccgtggac gtaataaagt cccacaaggc ttagtttaca ccactttctt 240
tgatgcaggt cagttagcaa actatctcac ttagatgctg acagacccaa tttcaaaaga 300
aacggacttc aaaaaatgtg cggtcaaagt ggaaaaagcg taacacgta aanttaatga 360
ggaacgaccg cactttgctt tcagtaaagt gcggttgaa agtcga atg aaa ara 415
                                     Met Lys Lys
                                     1
aca gtt gtg aat cct gaa cgt cgt cga ttt ttt aaa gag gct acg cgc 463
Thr Val Val Asn Pro Glu Arg Arg Phe Phe Lys Glu Ala Thr Arg
      5                               10                               15
act gca ggc ggg ttg gca ggg gtg act ttg ctc ctt ggt ttg caa caa 511
Thr Ala Gly Gly Leu Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Gly Leu Gln Gln
      20                               25                               30                               35
aag cag agt ctt gcg cgc gaa ggc gtg gcg tta cgc cca cct ttt gcc 559
Lys Gln Ser Leu Ala Arg Glu Gly Val Ala Leu Arg Pro Pro Phe Ala
                               40                               45                               50
ctt gag aat gag aaa gcg ttt tct gct gcg tgc att cgt tgt ggt cag 607
Leu Glu Asn Glu Lys Ala Phe Ser Ala Ala Cys Ile Arg Cys Gly Gln
                               55                               60                               65
tgt gta caa gcc tgt cca cat gag atg ttg cat ctt gcc tca ctg att 655
Cys Val Gln Ala Cys Pro His Glu Met Leu His Leu Ala Ser Leu Ile
                               70                               75                               80
tca ccg atg gaa gca ggt aca ccg tat ttc att gcg cgc gat aag ccc 703
Ser Pro Met Glu Ala Gly Thr Pro Tyr Phe Ile Ala Arg Asp Lys Pro
      85                               90                               95
tgt gaa atg tgt gtg gat att cct tgt gca aaa gcc tgc cca acc ggt 751
Cys Glu Met Cys Val Asp Ile Pro Cys Ala Lys Ala Cys Pro Thr Gly
      100                               105                               110                               115
gca ttg gat aat caa gca aca gaa atc gat gat gcg cgt atg ggg tta 799
Ala Leu Asp Asn Gln Ala Thr Glu Ile Asp Asp Ala Arg Met Gly Leu
                               120                               125                               130
gct gtc ctg cta gat cat gaa act tgt ctg aac tgg caa ggt tta cgc 847
Ala Val Leu Leu Asp His Glu Thr Cys Leu Asn Trp Gln Gly Leu Arg

```

60

65

ES 2 362 041 T3

	135		140		145		
5	tgt gat gtg tgt tat cgc gtc tgt ccg ctg att aat aaa gcg att acg	895					
	Cys Asp Val Cys Tyr Arg Val Cys Pro Leu Ile Asn Lys Ala Ile Thr						
	150		155		160		
10	tta gtg atg cat cgt aat gag cgt acg ggt aag cac gcc gtc ttt atc	943					
	Leu Val Met His Arg Asn Glu Arg Thr Gly Lys His Ala Val Phe Ile						
	165		170		175		
15	cca aca gtg cat tcc gaa gcc tgt aca gga tgt ggc aaa tgt gaa gaa	991					
	Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys Cys Glu Glu						
	180		185		190		195
20	gct tgc gtt cta gaa gaa gcg gca atc aaa gtg tta ccg atg gca tta	1039					
	Ala Cys Val Leu Glu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro Met Ala Leu						
	200		205		210		
25	gcg aaa ggc atg tta ggt aaa cat tac cgt tta ggt tgg gaa gag aaa	1087					
	Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp Glu Glu Lys						
	215		220		225		
30	gaa aaa gcc ggg cat tcc ctt gcg cca gaa ggc att att tct ctc ccg	1135					
	Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile Ser Leu Pro						
	230		235		240		
35	act cgg tta ccg gag agc ttg taatggcaaa ttcaccaaaa tatgcgggta	1186					
	Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu						
	245		250				
40	aagaagcacg agaaaagtta ggctggtggt acgccaatcg ctttttgttc tggcgacgtt	1246					
	taaccagct gagtattcct gccatgtttt taagcggacc ttattttggg gtgtggatct	1306					
	tgaaggcaa ttacagtagt agtcttttgc ttgatttgat cccgatgact gatccttga	1366					
	ttatggcaga aagtctcgcg accggtttta tgcctacat gaccgcgttg ttgggtgccc	1426					
45	tgattgtggt ggtgctttat gccattttag ggagtcgcgt tttctgtgct tgggtttgtc	1486					
	cgtaaacat cgtgacagat gcgtccgctt ggctcagacg taaattagaa attcgtcaat	1546					
	cggcaaaact cccacgaagt ttacgctatg cgatcttagt gatgattttg ttaggcagtg	1606					
50	cgctaagcgg gttattactt tgggaatggc tcaatccggt tgcagcacta ggtcgtgct	1666					
	taatttacgg tttcgggtgcg acagtttggc ttgttcttgc ggtgttttta tttgatttat	1726					
	ttattgtcga gcatgggttg tgtgggcatt tatgcccatt aggtgcagcc tatggtgtga	1786					
55	ttggtgcgaa aggacttttt cgtatcaaaag ttgagcatcg ccaacaatgt gataattgca	1846					
	tggattgcta taacgtctgt ccagaaccac aagtgttacg cgatccatta catgcaaaaa	1906					
	agagtgaaag cccacttgtg ctttcaaaag attgtatcag ctgtggacgt tgtategacg	1966					
	tttgcctga aaaagtattt atttttacaa cacgatttaa tcattcagtt aatcattcgg	2026					
	gggagtgatc aaaatgaaaa aaacaatgct aattttgacc gcactttttg ctttcacggg	2086					
60	caatgccaat gaagtcaaaag tgggcaaaaag tttacaagat tcacctgaaa atatcgcgcc	2146					
	agccttcac aatacaccaa aagaaagtgg cttggcgccg ttaaactatg tgaaccaacc	2206					

ES 2 362 041 T3

accgatggtg ccacacgca cgaaaaaacta tcaggtgacg aaaaatatca accaatgttt 2266
 aacttgtcat agcccagaag cctcacgtgt tactggtgca acacgcatca gtccaacca 2326
 5 ctttatggat cgtgatggta acattgtcgg aggcacctca cctcgcegtt acttctgttt 2386
 acaatgcat gtctctcaat ctgatgttga gccgattatt caaatgaat ttaaaccgat 2446
 ggctggtttt ggtaaataag ttaaggacgg aactatgttg aacttaatta aacgcttttg 2506
 10 gaaatggttt cgctcgccca gtcgtattgc cgttgggtacc ttgattacc cttgctttat 2566
 tgcaggtatt gtctcttggg ttgggtttaa ttatggctta gagcaaacca atacagagga 2626
 attctgtgtt agttgtcaca gtaatgatgt gtatccagaa tatttacata cggcgcatta 2686
 15 tttaaatcgc agtggagtaa aagccacttg tcctgattgc catgtaccgc acgaatttat 2746
 tccaaaaatg atccgtaaag tccaagccag tcgagaagtg tatgcgcac cttatgggtta 2806
 tacggatacc attgataaat ttaactcccg tcgtttgcat atggcagaac gtgaatgggc 2866
 acgattaana gccataaact cgcaggaatg ccgtaactgc cataactttg agaatatgga 2926
 ttttagtcag caaaaaacgg tggcggaaaa aatgcatgca cttgctataa aagaagaaaa 2986
 25 aacctgtatt gactgtcaca aagggattgc gcaccaatta ccggatatga gcggtgttga 3046
 gtcgggtttt agtacggaac aaaaataaca cttttcttgt tctcccacag gaaatctgca 3106
 tcgtattcag gtgcagattt ttttattttt acgatcatcc tcacaacctt ttcgctgata 3166
 30 aataggatac aacgctagct acacgctatc ttgctgcttt ttgtgttgtt gtgagggatt 3226
 atgtcatctt atctgcctct tttattacgt ttgttacaaa ttccgcgttt gggttcgtctg 3286
 gcgatccagc gtttattgga gcacatcagt ccagcggaat taatggaata tgatacaaaa 3346
 35 gcctttcaac agataggctg gacggcacag cagattcagc gttggtttac gcctgagaac 3406
 cgttatattg atcccgcgtt agcctgggta aacgaacaac aacatattgt ggattggttt 3466
 gatcctcatt atctccctt gttaaagcaa acagaagagg caccacttgt cttgtttgtg 3526
 40 aaaggggaag tggctacgct atctgcacag caagtggcga tcgtgggcag tcgtcattgt 3586
 tcacgttatg ggaataactg ggcaattat ttcgccactc aactggctta tgccgatatt 3646
 gtggtgacca gtggtttagc gttaggtatt gatggtttct cacatcaagc ggtagtggat 3706
 atccacggga agacgattgc agtattagge agtggtttag aggtcattta tccgaaaaaa 3766
 caccgaggtt tagccgaaaa aattattgaa catcaagggtg cgttagtgtc tgaattttta 3826
 50 cttttccaac cccctgtggc agaaaatttt ccacgtcgta atcgattat tagtggttta 3886
 tctttgggga cattagtcac tgaagcctca gaaaacagtg gttctttaat tactgcccgc 3946
 tatgctttag agcaaatcg agatgttttt gcgttaccgg ggcagattca gcatggattt 4006
 55 agccaagggt gtcataaact gattaaacag ggggcaatat tagtcgaaag tattcaggat 4066
 attttagaac atctctcgcc ttattcgcac tgtgccatgc cagcgttgc cgttacggag 4126

60

65

ES 2 362 041 T3

aacgcctttt ctcaacaagt aacagacaca tcaaccatca atactgcgcg gataacgcc 4186
 gaacatccgg aattatatgc caaaattggc tatatgcccg tcagtattga tgtattagcc 4246
 5 caacaagtca atctacctat tgatacctta ttagtacagc ttttaacctt ggaattgcaa 4306
 gacttgattg ttgctgaaa tggattatat cagcgcaaat aacggaaaga gtaaccacaa 4366
 atgagaaagg actgtgtga aacggctatc aacatcagtc cttgcagtat attatctcat 4426
 10 atgacacgag acggcagttt catgagatta atagagacta aacgcttgta aatacggtag 4486
 ttgcctcgt thtagcattt tctcaatatt gcctttgtga tcatcacgac ctaagcctcg 4546
 tagtcaata ttgatccaa tacttttgc ataaaaaatt tgattcgccg tttggttttc 4606
 15 ttgctggtc aactacgtc gggcaccaac attaatcgcc caacagcaag tgctgtattc 4666
 tagtccaaa tattgctcaa caggctttct caacgcaaga tcttgataat gacgtgctac 4726
 caccgccc atgatccgtga gtgccatgc cacagttaga ccaagctggt ttatgtcttg 4786
 20 tccgtagcgg ttcgccgctg aggtgaggtt ttggtcaata tattgttga 4835

<210> 83

<211> 250

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 83

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

65

ES 2 362 041 T3

Val Phe Ile Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys
 180 185 190
 5 Cys Glu Glu Ala Cys Val Leu Glu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro
 195 200 205
 Met Ala Leu Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp
 210 215 220
 10 Glu Glu Lys Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile
 225 230 235 240
 Ser Leu Pro Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu
 245 250

15

<210> 84

<211> 3494

20 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

25 <221> CDS

<222> (2411)..(2719)

<220>

30 <223> yyaM

<400> 84

35 gtcaacgadc cgaatacgac ggaagaaaac tatatgcaag tcatttatgg caagactgcg 60
 cgtctattcg aagctgcgac gcattgcgcc gcgatacttg ctcatgcgac ggaagcccaa 120
 gaaaatgctt tacgcgaata tggttggtat ctaggcacag cttttcaatt agtcgatgat 180
 40 attttagatt atagtgcaga tgcaaaagca ctcggcaaaa atattggtga tgatttagcg 240
 gaaggtaaac caacattacc gttattacac gccatgcac acggcaatcc agcacaagca 300
 aaattgattc gcgaagcgat tgagcaaggg ggtaagcgtg atattttaga ggatgtactg 360
 45 acaattatga cagaacataa atccctcgac tatgcatgta tgcgcgctaa acaagaagca 420
 caaaaagccg ttgatgcat tgcattatg cctgaaaatg aatataaaca agcgttaatt 480
 tcattagctt acttatccgt cgatcgcgct tattaaccac ttaataaggc gagacatggt 540
 50 agcgtaacga ccgcctaaag tgcggtcatt tatttagtaa ttttaaacac gacaatgaca 600
 gaacaaaaca tcctacgaa aaaaacacgc aaaggcaaag atcctcacgc gccttttgta 660
 cgcgaaaat tatecctacc aaatgggcat acaaaattgt tattgcattc ttgtrgtgcy 720
 55 ccttgctcgg gagaagtaat ggaggcaatt catgcttcag gtattgaatt tactatttac 780
 ttctacaacc caaacattca cccattaaaa gaatatctca ttcgtaaaga agaaaatatt 840
 60 cgttttgcyg aaaaatgggg cattccggtt attgatgcyg attatgatcg tcaagaatgg 900
 tttgaccgty ccaaaaggcat ggaagatgag ccagagcgtg gtattcgttg cactatgtgc 960
 tttgatatgc gttttgaaaa agccgcagaa tatgcacaca acaatgggtt ccccgatttt 1020

65

ES 2 362 041 T3

actagctget taggtatttc acgttggaaa gacatgaacc aaatcaacgg ttgtggacac 1080
 cgtgccgccc aaaaatatga tgatgtagt tattgggatt ataactggcg taaagtggt 1140
 5 ggctcacaac gtagtattga aatcagtaag cgtgaacggt tttaccagca agaattattgc 1200
 ggttgtgtgt attctttgcg tgacacgaat aaatggcgtg aagcaaacgg acgccaaaaa 1260
 attgaaattg gcaaattgta ttattccgcc gattaaaaca accaagtaaa ccatcgtgcc 1320
 10 gtcataatac atggcggcac ttttttaggc tttatatatg caacgttttc gccaatcttt 1380
 cgaaacctaa tgctaacgcc tcttactaa tatttaatgc tggggcaaaa cgcaatacat 1440
 taggacccgc cactaaatc attaagccat tatctgctgc ttttttgaca aattcgctcg 1500
 15 ctcttcctg atattgctcg ataagttctg caccaattaa caaaccttcg ccacggattt 1560
 cttaaataa gccacattgc tgattaattt cttgcagctt ttgcataaat ttttcagaag 1620
 tgcgctgaat tttttgcaag aatgggtggt ctgaaatgat atcaatcact ttttctgcca 1680
 20 cggcacaaag gagaggattg ccaccaaaag tgggtccatg cacgccagggt gcaaaacttt 1740
 tggcgatctc atgctgtgtc aacgaatgag aaanttgta cagattgggc tccaacggga 1800
 cgtgctgatg agattgggga tacgcaagta cgttatgaaa ttgagcagggt gagttctagc 1860
 25 aattatagtg cactgtttgt ctccatttta cagatgaaac gtaatgagggt ggtatttagt 1920
 ccacatttag cggataaaca acgttatagt tctgacgct tgaaccaact tgttggtgaa 1980
 ttagatgctg cttatcgtaa acaagtccgt gatttgaata acagcggatt gatgccatt 2040
 30 cagtctgtat tcggtacgga cagtaatggg cgtactgctc tcgtgttagg cgcacccttt 2100
 aatcatgctg ggacaaaact aggacaagtt ttaccgcagc ttgaatttga tattaagat 2160
 gaaattattg gtcgtggggg aagggagtta aaataccgtc cagctggagc aaaaagttgg 2220
 35 tgggtggccat ttggtcgtgc tgaaggcagt agcggactga aaacaggtae ctattttatg 2280
 cagttaagcg ccttagggaa gcaaagtgcg gtggtgatga ccgatgatga tggcaatgcg 2340
 ttatctgggg agcaagctca ggcgctttat caagcattac aaaatctctt agcgaataaa 2400
 40 tacagtcaag atg act aaa ctc agt atc cag cga gat aac ttg att tgt 2449
 Met Thr Lys Leu Ser Ile Gln Arg Asp Asn Leu Ile Cys
 1 5 10
 ttg agt tat gtc gca tta atg gga ttc ggc ttt ccc att atg cgt tat 2497
 Leu Ser Tyr Val Ala Leu Met Gly Phe Gly Phe Pro Ile Met Arg Tyr
 15 20 25
 atg agt att cat ttt gat aca tta aat aat aac gct gtt cgc ttt ctc 2545
 Met Ser Ile His Phe Asp Thr Leu Asn Asn Ala Val Arg Phe Leu
 30 35 40 45
 50 tca ggg ggc agc gtt ttt att tta gcc tgt ttt ttt tat tat cgc gct 2593
 Ser Gly Gly Ser Val Phe Ile Leu Ala Cys Phe Phe Tyr Tyr Arg Ala
 50 55 60
 gag tta aca tct tcg ggg gct ggc gtc cag tcc gtt gcg atg ttg ccg 2641

ES 2 362 041 T3

Glu Leu Thr Ser Ser Gly Ala Gly Val Gln Ser Val Ala Met Leu Pro
 65 70 75
 5 agt tca agt tta ggt ttc tta ata ttg aaa act gta cca tct ttt tca 2689
 Ser Ser Ser Leu Gly Phe Leu Ile Leu Lys Thr Val Pro Ser Phe Ser
 80 85 90
 10 tac gtt aca atc tca aca ctt aat cgc gtt tgaccttccg atttttgata 2739
 Tyr Val Thr Ile Ser Thr Leu Asn Arg Val
 95 100
 15 gtc^{aa}agact actgagtaac gctt^gtagtc gcgt^{ga}atcg actg^{tt}acat aagccgatat 2799
 gtcaga^{ata} gtactg^{cc}cg tatatc^{gt}tct taat^{ct}aaga ttaagct^{tg}c cact^{tt}tgtt 2859
 20 cgataa^{ag}cg tcaaac^{gaa} gcacgact^{tt} accg^{tc}cctg actt^{cc}acct gatc^{tt}caat 2919
 gagcact^{tga} cttagt^goga ccaatc^gacc gttg^{gc}agtc agt^gtcgca tgcc^{gt}gac 2979
 cgtatc^agc gttacacc^{gc} tatt^{tt}tccc ccag^{tt}ttta ttgagc^{tt}t cactat^{gt}tt 3039
 25 cagtaag^{ttt} ctgccacca tctg^{ca}actg attaa^{act}ta gctt^{ca}agcg tttcact^{ctt} 3099
 gactg^{ca}gc gact^{tg}tttt catt^gctaac cgt^{ct}gctca agt^gctgtga ttt^ggatgt 3159
 taa^{ct}taac ttag^{tt}gcat tgact^{tc}atc agt^{cc}attct gact^{tt}aa^{ct} ctt^{tt}ctcgc 3219
 30 aagt^{ga}gcc actt^{ca}tctt tgctag^{ctt}t cg^{tt}ttcttt aag^{tc}agaaa tgcc^{ct}ag^t 3279
 at^{tt}g^{gc}cc act^{tt}aga^{at} cgag^{cg}tttc tag^{tt}ttg^{ta} gaga^{ag}att t^gt^{ct}tttc 3339
 gctag^{cc}gt ttt^gaatta gct^gtatt^{tc} act^{tt}cg^{ctc} ant^{cc}a^{actc} tagcag^{tt}ag 3399
 35 act^gtet^{agc} tt^gtcagcag tagat^{tt}tatt cacag^{tc}gct t^gt^gatt^gct t^gt^gtt^gaat 3459
 aat^{at}ccgc cttact^{tc}cg agat^{ag}ccac g^{tc}ga 3494

35 <210> 85
 <211> 103
 <212> PRT
 40 <213> *Pasteurella multocida*
 <400> 85

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

<210> 86
 65 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

ES 2 362 041 T3

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

5 <400> 86

aggccggtac eggccgcct **19**

10 <210> 87
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

15 <220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

20 <400> 87

eggccggtac eggcctagg **19**

25 <210> 88
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

30 <220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

35 <400> 88

catggtaccc attctaac **18**

40 <210> 89
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

45 <220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

50 <400> 89

ctaggtaacct acaacctc **18**

55 <210> 90
<211> 119
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

60 <220>
<221>
<222>
<223> Description of Artificial Sequence: transposon insert

65

ES 2 362 041 T3

<220>
<221> misc_feature
<222> 25
5 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
10 <222> 27
<223> N = A or T or G or C

<220>
15 <221> misc_feature
<222> 29
<223> N = A or T or G or C

20 <220>
<221> misc_feature
<222> 31
25 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
30 <222> 33
<223> N = A or T or G or C

<220>
35 <221> misc_feature
<222> 35
<223> N = A or T or G or C

40 <220>
<221> misc_feature
<222> 37
45 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
50 <222> 39
<223> N = A or T or G or C

<220>
55 <221> misc_feature
<222> 41
<223> N = A or T or G or C

60 <220>
<221> misc_feature
<222> 43
65 <223> N = A or T or G or C

ES 2 362 041 T3

<220>
<221> misc_feature
<222> 45
5 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
10 <222> 47
<223> N = A or T or G or C

<220>
15 <221> misc_feature
<222> 49
<223> N = A or T or G or C

<220>
20 <221> misc_feature
<222> 51
25 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
30 <222> 53
<223> N = A or T or G or C

<220>
35 <221> misc_feature
<222> 57
<223> N = A or T or G or C

<220>
40 <221> misc_feature
<222> 59
45 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
50 <222> 61
<223> N = A or T or G or C

<220>
55 <221> misc_feature
<222> 63
<223> N = A or T or G or C

<220>
60 <221> misc_feature
<222> 65
65 <223> N = A or T or G or C

ES 2 362 041 T3

<220>
<221> misc_feature
<222> 67
5 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
10 <222> 69
<223> N = A or T or G or C

<220>
15 <221> misc_feature
<222> 71
<223> N = A or T or G or C

20 <220>
<221> misc_feature
<222> 73
25 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
30 <222> 75
<223> N = A or T or G or C

<220>
35 <221> misc_feature
<222> 77
<223> N = A or T or G or C

40 <220>
<221> misc_feature
<222> 79
45 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
50 <222> 81
<223> N = A or T or G or C

<220>
55 <221> misc_feature
<222> 83
<223> N = A or T or G or C

60 <220>
<221> misc_feature
<222> 85
65 <223> N = A or T or G or C

ES 2 362 041 T3

<220>
<221> misc_feature
<222> 87
5 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
10 <222> 89
<223> N = A or T or G or C

<220>
15 <221> misc_feature
<222> 91
<223> N = A or T or G or C

20 <220>
<221> misc_feature
<222> 93
25 <223> N = A or T or G or C

<400> 90

30 **ctaggtacct acaacctcaa gcttnknknk nknknknknk nknknknknk nknknknknk 60**
nknknknknk nknknknknk nknknknknk nknkaagctt ggtagaatg ggtaccatg 119

35 <210> 91
<211> 18
<212> DNA
40 <213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

45 <400> 91

tacctacaac ctcaagct 18

50 <210> 92
<211> 18
<212> DNA
55 <213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

60 <400> 92

taccattct aaccaagc 18

65 <210> 93
<211> 19

ES 2 362 041 T3

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

5 <220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 93

10

tacctacaac ctcaagctt

19

<210> 94

15

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

20

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 94

25

taccattct aaccaagctt

20

<210> 95

30

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

35

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 95

40

ggcagagcat tacgctgac

19

<210> 96

45

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

50

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 96

55

gtaccggcca ggcggccacg cgtattc

27

<210> 97

60

<211> 531

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

65

<220>

<223> atpG

ES 2 362 041 T3

<400> 100

5	atg ttt aaa aat aaa aca ctt tta att aca ggt gga acg ggt tct ttt Met Phe Lys Asn Lys Thr Leu Leu Ile Thr Gly Gly Thr Gly Ser Phe 1 5 10 15	48
10	ggc aat gct gta ctc aaa cgt ttc tta gaa aca gat att cga gaa att Gly Asn Ala Val Leu Lys Arg Phe Leu Glu Thr Asp Ile Arg Glu Ile 20 25 30	96
15	cgt gtt ttt tcg cgt gat gag aag aaa caa gat gac atg cgg aaa aaa Arg Val Phe Ser Arg Asp Glu Lys Lys Gln Asp Asp Met Arg Lys Lys 35 40 45	144
20	tat aat gat gca aaa tta aaa ttt tat att ggc gat gtt cgt gac tac Tyr Asn Asp Ala Lys Leu Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Val Arg Asp Tyr 50 55 60	192
25	gat agt att tta aat gcc tcg cga ggt gtt gac tat att tat cat gct Asp Ser Ile Leu Asn Ala Ser Arg Gly Val Asp Tyr Ile Tyr His Ala 65 70 75 80	240
30	gcc gca tta aag caa gtg cct tca tgc gag ttt tac ccg tta gag gca Ala Ala Leu Lys Gln Val Pro Ser Cys Glu Phe Tyr Pro Leu Glu Ala 85 90 95	288
35	gtg aaa acc aat att tta ggt acg gca aat gtc tta gaa gcc gcc atc Val Lys Thr Asn Ile Leu Gly Thr Ala Asn Val Leu Glu Ala Ala Ile 100 105 110	336
40	caa aac cag ata aaa cgc gtc gtc tgt ctt agc aca gat aaa gcg gtg Gln Asn Gln Ile Lys Arg Val Val Cys Leu Ser Thr Asp Lys Ala Val 115 120 125	384
45	tac cca att aat gcg atg ggc att tct aaa gca atg atg gaa aaa gtc Tyr Pro Ile Asn Ala Met Gly Ile Ser Lys Ala Met Met Glu Lys Val 130 135 140	432
50	atc atc gca aaa tcg cgt aac cta gaa ggc aca cca acg aca atc tgt Ile Ile Ala Lys Ser Arg Asn Leu Glu Gly Thr Pro Thr Thr Ile Cys 145 150 155 160	480
55	tgt act cgc tat ggc aat gtc atg gca tcg cgt ggt tcg gtt atc cca Cys Thr Arg Tyr Gly Asn Val Met Ala Ser Arg Gly Ser Val Ile Pro 165 170 175	528
60	tta ttt gtc gat caa ata cgt caa ggc aag cct ttt act att act gat Leu Phe Val Asp Gln Ile Arg Gln Gly Lys Pro Phe Thr Ile Thr Asp 180 185 190	576
65	cct gag atg aca cgc ttt atg atg aca ttg gaa gat gct gtg gat tta Pro Glu Met Thr Arg Phe Met Met Thr Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu 195 200 205	624
70	gtc cta tat gca ttt aaa aat ggt caa aat ggt gat gtt ttt gta caa Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln Asn Gly Asp Val Phe Val Gln 210 215 220	672
75	aaa gcc ccc gca gca acc att ggt acc ctt gcc aaa gca att acc gaa Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu 225 230 235 240	720
80	tta tta tct gtc cca aat cac cct att tcc att ata ggt acg cgt cat Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile Ser Ile Ile Gly Thr Arg His	768

ES 2 362 041 T3

Cys Thr Arg Tyr Gly Asn Val Met Ala Ser Arg Gly Ser Val Ile Pro
 165 170 175
 5 Leu Phe Val Asp Gln Ile Arg Gln Gly Lys Pro Phe Thr Ile Thr Asp
 180 185 190
 Pro Glu Met Thr Arg Phe Met Met Thr Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu
 195 200 205
 10 Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln Asn Gly Asp Val Phe Val Gln
 210 215 220
 Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu
 225 230 235 240
 15 Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile Ser Ile Ile Gly Thr Arg His
 245 250 255
 Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu Ser Arg Glu Glu Met Val His
 260 265 270
 20 Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser
 275 280 285
 Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys Gly Glu Pro Lys Ile Thr Glu
 290 295 300
 25 Val Thr Asp Tyr Asn Ser His Asn Thr Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu
 305 310 315 320
 Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu
 325 330 335
 30 Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
 340

35 <210> 102
 <211> 4931
 <212> DNA
 40 <213> *Pasteurella multocida*

<220>
 <223> fhaB2

45 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(4929)

50 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 1632
 55 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<400> 102

60 atg aac aaa aat cgt tac aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt 48
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
 1 5 10 15
 65 ctc gtt cct gtg gca gas tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca 96
 Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser

ES 2 362 041 T3

	20	25	30		
5	tct gat tca Ser Asp Ser	aca tcc aca tca Thr Ser Thr Ser	gaa caa gtt gaa gag Glu Gln Val Glu Glu Glu	cct ttc ctt Pro Phe Leu	144
	35	40	45		
10	cta gaa caa Leu Glu Gln	tat tca ctt tcc tcc Tyr Ser Leu Ser Ser	gtg tct tta tta gta Val Ser Leu Leu Val	aaa agc acg Lys Ser Thr	192
	50	55	60		
15	ttc aat cct Phe Asn Pro	ggt tcc tat gca atg Val Ser Tyr Ala Met	caa ttg act tgg Gln Leu Thr Trp	aaa cag ctt tct Lys Gln Leu Ser	240
	65	70	75	80	
20	att tta ttt Ile Leu Phe	tta act gtg att tct Leu Thr Val Ile Ser	ggt cct gtt ttg gct Val Pro Val Leu Ala	gag gga aaa Glu Gly Lys	288
	85	90	95		
25	ggg gat gaa Gly Asp Glu	aga aat caa tta aca Arg Asn Gln Leu Thr	gtg att gat aat agc Val Ile Asp Asn Ser	gat cat att Thr Asp His Ile	336
	100	105	110		
30	aaa tta gat Lys Leu Asp	gca tct aat ctt gct Ala Ser Asn Leu Ala	ggt aat gat aaa aca Gly Asn Asp Lys Thr	aaa atc tat Lys Ile Tyr	384
	115	120	125		
35	caa gca gaa Gln Ala Glu	aat aaa gtt ctg gtt Asn Lys Val Leu Val	att gat att gct aaa Ile Asp Ile Ala Lys	cca aat ggg Pro Asn Gly	432
	130	135	140		
40	aaa ggg att Lys Gly Ile	tca gat aac cgt ttt Ser Asp Asn Arg Phe	gaa aaa ttt aat att Glu Lys Phe Asn Ile	cca aat agc Pro Asn Ser	480
	145	150	155	160	
45	gcg gtg ttt Ala Val Phe	aat aat aat ggg act Asn Asn Asn Gly Thr	gaa gcg cag gca aga Glu Ala Gln Ala Arg	tca aca tta Ser Thr Leu	528
	165	170	175		
50	att ggt tac Ile Gly Tyr	att ccg caa aat caa Ile Pro Gln Asn Gln	aat tta agg gga ggg Leu Arg Gly Gly Lys	aaa gaa gct Lys Glu Ala	576
	180	185	190		
55	gat gtt ata Asp Val Ile	tta aat caa gtg aca Leu Asn Gln Val Thr	ggt cct caa gaa agt Gly Pro Gln Glu Ser	aaa att gtt Lys Ile Val	624
	195	200	205		
60	ggc gcg ctt Gly Ala Leu	gaa gta tta ggt aaa Glu Val Leu Gly Lys	aaa gct gat atc gtc Lys Lys Ala Asp Ile	att gca aac Val Ile Ala Asn	672
	210	215	220		
65	caa aat ggt Gln Asn Gly	att acc tta aat ggt Ile Thr Leu Asn Gly	gta aga aca ata aat Val Arg Thr Ile Asn	tca gat cgt Ser Asp Arg	720
	225	230	235	240	
70	ttt gtt gcc Phe Val Ala	act acg agt gag ctt Thr Thr Ser Glu Leu	ata gat ccg aat cag Ile Asp Pro Asn Gln	atg atg tta Met Met Leu	768
	245	250	255		
75	aag gtt aca Lys Val Thr	aaa gga aat gtg atc Lys Gly Asn Val Ile	att gat att gat ggt Ile Asp Ile Asp Gly	ttt tcc aca Phe Ser Thr	816
	260	265	270		
80	gat gga tta Ser Asp Thr	aag tat tta gat att Thr Val Leu Val Thr	att att gct aaa Thr Val Leu Val Thr	aaa aag Leu Val Thr	864

ES 2 362 041 T3

	Asp Gly Leu Lys Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile Glu Gln Lys	
	275 280 285	
5	caa tca att aca tca ggg gat aat tca gaa gca aaa aca gat gtc act Gln Ser Ile Thr Ser Gly Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr	912
	290 295 300	
10	ctt att gcg ggt tcc agt gaa tat gat tta agc aaa cat gag ctg aaa Leu Ile Ala Gly Ser Ser Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys	960
	305 310 315 320	
15	aaa acg agc ggt gaa aat gta tct aat gat gtt att gct atc acg gga Lys Thr Ser Gly Glu Asn Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly	1008
	325 330 335	
20	tct agt aca ggc gca atg cat ggt aaa aat att aag ttg att gtg aca Ser Ser Thr Gly Ala Met His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr	1056
	340 345 350	
25	gat aaa ggt gca ggc gta aaa cat gat gga att att ttg tct gaa aat Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser Glu Asn	1104
	355 360 365	
30	gat att cag att gaa atg aat gaa ggt gac tta gaa ctt ggc aat acg Asp Ile Gln Ile Glu Met Asn Glu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr	1152
	370 375 380	
35	att cag caa aca gtg gta aaa aaa gac cga aat att cga gcc aag aaa Ile Gln Gln Thr Val Val Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys	1200
	385 390 395 400	
40	aaa att gaa gtg aaa aac gct aat cgt gtt ttt gtt ggt agt caa acg Lys Ile Glu Val Lys Asn Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr	1248
	405 410 415	
45	aaa tca gat gaa att tcg tta gag gcg aaa caa gtt aaa atc aga aaa Lys Ser Asp Glu Ile Ser Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys	1296
	420 425 430	
50	aac gca gag att agg agt acg aca caa gcc aaa atc gta gca aag ggt Asn Ala Glu Ile Arg Ser Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly	1344
	435 440 445	
55	gcc ctg tct att gag caa aat gcg aag ctc gtc gct aaa aag ata gat Ala Leu Ser Ile Glu Gln Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp	1392
	450 455 460	
60	gtg gca aca gaa act cta act aat gct ggg cgt att tat ggt cga gag Val Ala Thr Glu Thr Leu Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu	1440
	465 470 475 480	
65	gtt aag ctt gac act aat aat ttg att aat gat aaa gaa att tat gct Val Lys Leu Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala	1488
	485 490 495	
70	gaa cgg aaa ttg agt att ttg acg aaa gga aaa gat ctt gaa att att Glu Arg Lys Leu Ser Ile Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile	1536
	500 505 510	
75	caa gat aga tat ttg tct cca ctg atg cgc gta aaa agt agt gtc cgc Gln Asp Arg Tyr Leu Ser Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg	1584
	515 520 525	

ES 2 362 041 T3

ttt tta ggc tct ccg ttt ttc tca ata tct ccg tcg atg ctc gca agc 1632
 Phe Leu Gly Ser Pro Phe Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser
 530 535 540

5 ctt agt gca cag ttt aag cct ggt ttt gtg aat aag gga ctc att gaa 1680
 Leu Ser Ala Gln Phe Lys Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu
 545 550 555 560

10 agt gcg ggg agt gca gaa tta act ttt aaa gaa aaa acc agt ttt tta 1728
 Ser Ala Gly Ser Ala Glu Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu
 565 570 575

15 aca gag ggc aat aat ttt att aga gct aaa gat gcg tta act att aac 1776
 Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu Thr Ile Asn
 580 585 590

gcc caa aat att gaa att gat aaa aat caa gat att caa ttg ggt gct 1824
 Ala Gln Asn Ile Glu Ile Asp Lys Asn Gln Asp Ile Gln Leu Gly Ala
 595 600 605

20 aat ata acg ttg aat gtg gaa gaa aac ttt gtt aat cgt gca gga aca 1872
 Asn Ile Thr Leu Asn Val Glu Glu Asn Phe Val Asn Arg Ala Gly Thr
 610 615 620

25 ctg gca act ggt aaa aca ctg aca att aat acc gaa agt ggc agt att 1920
 Leu Ala Thr Gly Lys Thr Leu Thr Ile Asn Thr Glu Ser Gly Ser Ile
 625 630 635 640

30 tac aat ctt ggt ggg aca tta ggt gct gga aaa tca tta aaa ctg act 1968
 Tyr Asn Leu Gly Thr Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Lys Leu Thr
 645 650 655

35 gct aaa tca acg gaa gaa ggt atg gga aat att gtt aac caa gaa aac 2016
 Ala Lys Ser Thr Glu Glu Gly Met Gly Asn Ile Val Asn Gln Glu Asn
 660 665 670

40 ggt tta ttc cat aca ctc ggt aat atg atg tta gaa gca gag cgt tct 2064
 Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala Glu Arg Ser
 675 680 685

45 gtt tat aat att ggc gat att tat gcg agt aaa aaa tta aca gtt cat 2112
 Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu Thr Val His
 690 695 700

50 act cat aat ttg att aat gat gtg cgt tta tct ggc aat gtg agt tat 2160
 Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn Val Ser Tyr
 705 710 715 720

55 aag cct atc ggt tca agt cgt gat tat gat atc agt cgt gtt gcg gta 2208
 Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg Val Ala Val
 725 730 735

60 cat ggt tgg cac aat aat gtt tat aag ctc aac tta aat ctg caa gaa 2256
 His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn Leu Gln Glu
 740 745 750

65 caa gat aaa acc gat att aaa gtt gtg aaa atg ggg gct atc cgt tct 2304
 Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile Arg Ser
 755 760 765

gat ggt gat ttt gac ttt aag gga ata aag gcg aca tca tca gaa tca 2352
 Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser Glu Ser
 770 775 780

ES 2 362 041 T3

cat tct aat tca tcg gat gac gtg ctt agc atg aat gat gat gag tct 3168
 His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp Glu Ser
 1045 1050 1055

5 gat aca gac gat agc aag tgg agt atg ggc aat gat gag aaa gag atg 3216
 Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys Glu Met
 1060 1065 1070

10 ccc gat gat aag ctg ggt ata agt cgt gat gat cgt gga aat aaa cca 3264
 Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn Lys Pro
 1075 1080 1085

15 cct tgt act gat cct aca gtt gat tat ctt aac cct gat gaa ttc ttt 3312
 Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu Phe Phe
 1090 1095 1100

20 gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta cta cag gag ctt gga gaa gag 3360
 Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu
 1105 1110 1115 1120

25 ccg tta cta aaa gaa ggg gaa gat cat ttt aaa cgt tct acc aat cta 3408
 Pro Leu Leu Lys Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu
 1125 1130 1135

30 gtc cgt cta ggc gag aga gat agg caa aat aga gaa aag aga gaa aaa 3456
 Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys
 1140 1145 1150

35 gag ggg tat ttt gat ctg cct ggt aca tta gat atg aaa ctg cag gag 3504
 Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu
 1155 1160 1165

40 tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa gca aga 3552
 Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg
 1170 1175 1180

45 ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa cgt gtt 3600
 Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val
 1185 1190 1195 1200

50 gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa att gct 3648
 Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala
 1205 1210 1215

55 aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa att cgc 3696
 Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg
 1220 1225 1230

60 cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag aag aaa 3744
 Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys
 1235 1240 1245

65 caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct gaa cag 3792
 Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln
 1250 1255 1260

70 aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac att gaa 3840
 Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu
 1265 1270 1275 1280

75 caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag gca tca 3888
 Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser
 1285 1290 1295

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa gtg gaa 3936
 Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu
 1300 1305 1310

act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa gat gac 3984
 Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp
 1315 1320 1325

tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat aca aaa 4032
 Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys
 1330 1335 1340

ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat cat caa 4080
 Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln
 1345 1350 1355 1360

gtg att act cgc tcg att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt aac caa 4128
 Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln
 1365 1370 1375

aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg gac aat 4176
 Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn
 1380 1385 1390

tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg gca tta 4224
 Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu
 1395 1400 1405

act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg tat gtc 4272
 Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val
 1410 1415 1420

aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt tat ttc 4320
 Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe
 1425 1430 1435 1440

gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta ggc act 4368
 Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr
 1445 1450 1455

ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat gtg gtg 4416
 Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val
 1460 1465 1470

aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc sat gtt gaa gcg agt aat 4464
 Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn
 1475 1480 1485

aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca cgt tta 4512
 Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu
 1490 1495 1500

gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca aat gat 4560
 Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp
 1505 1510 1515 1520

gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa ggt cat 4608
 Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His
 1525 1530 1535

tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa gca tcg 4656
 Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser
 1540 1545 1550

ES 2 362 041 T3

```

gat att aaa gca aaa aca agc ttt gtg aag act ggt gat  gtg aat ctc 4704
Asp Ile Lys  Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu
      1555                      1560                      1565

5   aaa aat aca tac aat act aaa  cat gcc tac cgt gag  aaa ttc tcg ccg 4752
Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys  His Ala Tyr Arg  Glu Lys Phe Ser Pro
      1570                      1575                      1580

10  agt gca cta caa gtt gca  gaa ctt gat gtg gca  ggg ctt aaa gtc cca 4800
Ser Ala Leu Gln Val Ala  Glu Leu Asp Val Ala  Gly Leu Lys Val Pro
      1585                      1590                      1595                      1600

15  ctt tta ggc gtg tcc  gtc tcc atc cag ttt  att cag agc ata cta  gtg 4848
Leu Leu Gly Val Ser  Val Ser Ile Gln Phe  Ile Gln Ser Ile Leu Val
      1605                      1610                      1615

20  agg caa ctt caa  gag gga tca atc ttc  gaa gta ggg cac tta  cat ntt 4896
Arg Gln Leu Gln  Glu Gly Ser Ile Phe  Glu Val Gly His Leu  His Xaa
      1620                      1625                      1630

25  gcg gta gac  aga aga tgt gaa cca  agc ggg gag ta 4931
Ala Val Asp  Arg Arg Cys Glu Pro  Ser Gly Glu
      1635                      1640

```

```

25 <210> 103
    <211> 1643
    <212> PRT
    <213> Pasteurella multocida

30 <220>
    <221> misc_feature
    <222> 1632
35 <223> Xaa = any or unknown amino acid

    <400> 103

```

```

40  Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
      1          5          10          15

    Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser
      20          25          30

45  Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
      35          40          45

    Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
      50          55          60

50  Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
      65          70          75          80

    Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys
      85          90          95

55  Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile
      100         105         110

    Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr
      115         120         125

60  Gln Ala Glu Asn Lys Val Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly
      130         135         140

```

65

ES 2 362 041 T3

Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser
 145 150 155 160
 Ala Val Phe Asn Asn Asn Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu
 5 165 170 175
 Ile Gly Tyr Ile Pro Gln Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala
 180 185 190
 Asp Val Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val
 10 195 200 205
 Gly Ala Leu Glu Val Leu Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn
 210 215 220
 Gln Asn Gly Ile Thr Leu Asn Gly Val Arg Thr Ile Asn Ser Asp Arg
 15 225 230 235 240
 Phe Val Ala Thr Thr Ser Glu Leu Ile Asp Pro Asn Gln Met Met Leu
 20 245 250 255
 Lys Val Thr Lys Gly Asn Val Ile Ile Asp Ile Asp Gly Phe Ser Thr
 260 265 270
 Asp Gly Leu Lys Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile Glu Gln Lys
 25 275 280 285
 Gln Ser Ile Thr Ser Gly Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr
 290 295 300
 Leu Ile Ala Gly Ser Ser Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys
 30 305 310 315 320
 Lys Thr Ser Gly Glu Asn Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly
 325 330 335
 Ser Ser Thr Gly Ala Met His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr
 35 340 345 350
 Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser Glu Asn
 355 360 365
 Asp Ile Gln Ile Glu Met Asn Glu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr
 40 370 375 380
 Ile Gln Gln Thr Val Val Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys
 385 390 395 400
 Lys Ile Glu Val Lys Asn Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr
 45 405 410 415
 Lys Ser Asp Glu Ile Ser Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys
 420 425 430
 Asn Ala Glu Ile Arg Ser Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly
 435 440 445
 Ala Leu Ser Ile Glu Gln Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp
 450 455 460
 Val Ala Thr Glu Thr Leu Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu
 465 470 475 480

ES 2 362 041 T3

Val Lys Leu Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala
 485 490 495
 5 Glu Arg Lys Leu Ser Ile Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile
 500 505 510
 Gln Asp Arg Tyr Leu Ser Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg
 515 520 525
 10 Phe Leu Gly Ser Pro Phe Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser
 530 535 540
 Leu Ser Ala Gln Phe Lys Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu
 545 550 555 560
 15 Ser Ala Gly Ser Ala Glu Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu
 565 570 575
 Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu Thr Ile Asn
 580 585 590
 20 Ala Gln Asn Ile Glu Ile Asp Lys Asn Gln Asp Ile Gln Leu Gly Ala
 595 600 605
 Asn Ile Thr Leu Asn Val Glu Glu Asn Phe Val Asn Arg Ala Gly Thr
 610 615 620
 25 Leu Ala Thr Gly Lys Thr Leu Thr Ile Asn Thr Glu Ser Gly Ser Ile
 625 630 635 640
 Tyr Asn Leu Gly Gly Thr Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Lys Leu Thr
 645 650 655
 30 Ala Lys Ser Thr Glu Glu Gly Met Gly Asn Ile Val Asn Gln Glu Asn
 660 665 670
 Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala Glu Arg Ser
 675 680 685
 35 Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu Thr Val His
 690 695 700
 40 Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn Val Ser Tyr
 705 710 715 720
 Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg Val Ala Val
 725 730 735
 45 His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn Leu Gln Glu
 740 745 750
 Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile Arg Ser
 755 760 765
 50 Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser Glu Ser
 770 775 780
 Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly Thr Phe
 785 790 795 800
 55 Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala Phe Asn Gln
 805 810 815
 60
 65

ES 2 362 041 T3

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

60

65

ES 2 362 041 T3

Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu
 1155 1160 1165
 5 Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg
 1170 1175 1180
 Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val
 1185 1190 1195 1200
 10 Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala
 1205 1210 1215
 Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg
 1220 1225 1230
 15 Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys
 1235 1240 1245
 Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln
 1250 1255 1260
 20 Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu
 1265 1270 1275 1280
 Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser
 1285 1290 1295
 25 Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu
 1300 1305 1310
 Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp
 1315 1320 1325
 30 Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys
 1330 1335 1340
 Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln
 1345 1350 1355 1360
 35 Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln
 1365 1370 1375
 Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn
 1380 1385 1390
 40 Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu
 1395 1400 1405
 Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val
 1410 1415 1420
 45 Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe
 1425 1430 1435 1440
 50 Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr
 1445 1450 1455
 Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val
 1460 1465 1470
 55 Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn
 1475 1480 1485
 60
 65

ES 2 362 041 T3

Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu
 1490 1495 1500
 Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp
 1505 1510 1515 1520
 Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His
 1525 1530 1535
 Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser
 1540 1545 1550
 Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu
 1555 1560 1565
 Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe Ser Pro
 1570 1575 1580
 Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys Val Pro
 1585 1590 1595 1600
 Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val
 1605 1610 1615
 Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa
 1620 1625 1630
 Ala Val Asp Arg Arg Cys Glu Pro Ser Gly Glu
 1635 1640

<210> 104
 <211> 2009
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*
 <220>
 <223> hmbR
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(2007)
 <400> 104

atc cgt ggc gtt gat aaa gat cgt gtc gct gtt att gtt gat gga ata 48
 Ile Arg Gly Val Asp Lys Asp Arg Val Ala Val Ile Val Asp Gly Ile
 1 5 10 15
 ccg cag gct gaa tcg act ata tct act tcc gca cgt tat tcg act gaa 96
 Pro Gln Ala Glu Ser Thr Ile Ser Thr Ser Ala Arg Tyr Ser Thr Glu
 20 25 30
 cgt cat aat ggt aat att aat att gaa tac gaa aat gtt agt tcg 144
 Arg His Asn Gly Asn Ile Asn Asn Ile Glu Tyr Glu Asn Val Ser Ser
 35 40 45
 ttg aaa gtt caa aaa ggg gca gct tct gta atg tat ggt agc ggt gcg 192
 Leu Lys Val Gln Lys Gly Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Ser Gly Ala
 50 55 60
 tta ggt gga acc gtg gag ttt acc aca aaa gat att gag gac ttt gtc 240
 Leu Gly Gly Thr Val Glu Phe Thr Thr Lys Asp Ile Glu Asp Phe Val
 65 70 75 80

ES 2 362 041 T3

gaa cct ggt cgc cat ttg ggc ttt ttg tct aaa acc ggc tat act tca 288
 Glu Pro Gly Arg His Leu Gly Phe Leu Ser Lys Thr Gly Tyr Thr Ser
 85 90 95

5 aaa aac aga gaa tat cgt caa gtc atc gga gtt gga ggg aaa ggg gaa 336
 Lys Asn Arg Glu Tyr Arg Gln Val Ile Gly Val Gly Gly Lys Gly Glu
 100 105 110

10 cac ttt ttt ggt ttt gta caa tta acc aaa cgt tgg ggg cat gaa aca 384
 His Phe Phe Gly Phe Val Gln Leu Thr Lys Arg Trp Gly His Glu Thr
 115 120 125

15 atc aac aac ggc aaa ggt aca gac att ctc ggc gaa cat cga ggt aaa 432
 Ile Asn Asn Gly Lys Gly Thr Asp Ile Leu Gly Glu His Arg Gly Lys
 130 135 140

20 ccc aat ccg ctc aac tac tat act aca tca tgg tta acg aaa gtc ggt 480
 Pro Asn Pro Leu Asn Tyr Tyr Thr Thr Ser Trp Leu Thr Lys Val Gly
 145 150 155 160

25 tac gat att aat aac act cat cgt ttt aca ctg ttt tta gaa gat cgc 528
 Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu Phe Leu Glu Asp Arg
 165 170 175

30 cgt gaa aag aag ctt acc gaa gaa aaa aca tta ggg ctt agt gat gca 576
 Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu Gly Leu Ser Asp Ala
 180 185 190

35 gtg cgt ttt gct aat gat caa acc cct tat ctc cgt tat ggt att gaa 624
 Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu Arg Tyr Gly Ile Glu
 195 200 205

40 tat cga tat aac ggc ttg tct tgg ttg gaa acg gta aag ctt ttt ttg 672
 Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr Val Lys Leu Phe Leu
 210 215 220

45 gca aag cag aaa atc gaa caa cgt tct gct ctc caa gag ttt gat att 720
 Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu Gln Glu Phe Asp Ile
 225 230 235 240

50 aat aat agg aat aaa ttg gat tcg act atg tcg ttt gta tat tta caa 768
 Asn Asn Arg Asn Lys Leu Asp Ser Thr Met Ser Phe Val Tyr Leu Gln
 245 250 255

55 aga cag aat ata gct cgg gga gaa ttt tca acg agt cct tta tat tgg 816
 Arg Gln Asn Ile Ala Arg Gly Glu Phe Ser Thr Ser Pro Leu Tyr Trp
 260 265 270

60 ggg ccg agt cgc cat cgt tta tct gcg aaa ttc gaa ttt cgt gat aag 864
 Gly Pro Ser Arg His Arg Leu Ser Ala Lys Phe Glu Phe Arg Asp Lys
 275 280 285

65 ttt tta gaa aat atg aat aag cat ttt acg ttt cgg ccg tgg caa atc 912
 Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys His Phe Thr Phe Arg Pro Trp Gln Ile
 290 295 300

70 aat aga ttc aga caa caa ggt cga aat aac tat aca gaa gtg ttt ccc 960
 Asn Arg Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr Thr Glu Val Phe Pro
 305 310 315 320

75 gtt aaa tcc cga gag ttt tct ttt tct ctt atg gac gac att aag att 1008
 Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met Asp Asp Ile Lys Ile
 325 330 335

ES 2 362 041 T3

5 ggc gaa ttg cta cat ctc gga ttg ggc ggt cgg tgg gat cac tat aac 1056
 Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Gly Arg Trp Asp His Tyr Asn
 340 345 350

10 tat aag cca tta tta aat tct cag cat aat atc aac agg aca cag aga 1104
 Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile Asn Arg Thr Gln Arg
 355 360 365

15 tta cct tat cca aaa aca tca tcc aaa ttt tcg tat caa ttg agt tta 1152
 Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser Tyr Gln Leu Ser Leu
 370 375 380

20 gag tat caa tta cat cca tca cat caa att gca tac cgt tta agt acc 1200
 Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala Tyr Arg Leu Ser Thr
 385 390 395 400

25 ggt ttt agg gtt ccc cgt gtt gaa gat ctt tat ttt gaa gac cga gga 1248
 Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr Phe Glu Asp Arg Gly
 405 410 415

30 aaa agt tct tca caa ttt ctt cct aac ccc gat cta caa ccg gaa act 1296
 Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp Leu Gln Pro Glu Thr
 420 425 430

35 gca ctg aat cat gaa ata agt tac cgt ttc caa aat caa tat gcc cat 1344
 Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Asn Gln Tyr Ala His
 435 440 445

40 ttc agc gtc ggg ctt ttc cgt aca cgt tat cat aac ttt att caa gaa 1392
 Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His Asn Phe Ile Gln Glu
 450 455 460

45 cgt gag atg acc tgt gat aaa att cca tat gag tat aat agg act tat 1440
 Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu Tyr Asn Arg Thr Tyr
 465 470 475 480

50 gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt gtt aat gaa cct gaa 1488
 Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe Val Asn Glu Pro Glu
 485 490 495

55 gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct tta aat ggg tcg gca 1536
 Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala Leu Asn Gly Ser Ala
 500 505 510

60 ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc aaa ggg agc tac agc 1584
 Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu Lys Gly Ser Tyr Ser
 515 520 525

65 aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa tct att caa cca tgg 1632
 Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys Ser Ile Gln Pro Trp
 530 535 540

70 aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa ggg tgg agc gtg agt 1680
 Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu Gly Trp Ser Val Ser
 545 550 555 560

75 ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc aaa gat gcg ata gaa 1728
 Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala Lys Asp Ala Ile Glu
 565 570 575

80 acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa caa tgg ccg cat tta 1776
 Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys Gln Trp Pro His Leu
 580 585 590

ES 2 362 041 T3

agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg caa gtt aac ctc agt 1824
 Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly Gln Val Asn Leu Ser
 595 600 605
 5 aaa aat gtc att ttg aat atg ggg gta ttt aac ttg ttc aat cgt gat 1872
 Lys Asn Val Ile Leu Asn Met Gly Val Phe Asn Leu Phe Asn Arg Asp
 610 615 620
 10 tat atg acg tgg gac agt gca tat aac ttg ttt act agg ggg tat act 1920
 Tyr Met Thr Trp Asp Ser Ala Tyr Asn Leu Phe Thr Arg Gly Tyr Thr
 625 630 635 640
 15 tcc cgt tct gtc cgt gct aac agc cca ggc att aat cgg ttt acc gca 1968
 Ser Arg Ser Val Arg Ala Asn Ser Pro Gly Ile Asn Arg Phe Thr Ala
 645 650 655
 cca aaa cgt aat ttt gct gcc tgg gtg gaa att cgt ttt ta 2009
 Pro Lys Arg Asn Phe Ala Ala Ser Val Glu Ile Arg Phe
 660 665

20 <210> 105
 <211> 669
 <212> PRT
 25 <213> *Pasteurella multocida*
 <400> 105

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

65

ES 2 362 041 T3

Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu Arg Tyr Gly Ile Glu
 195 200 205
 Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr Val Lys Leu Phe Leu
 210 215 220
 Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu Gln Glu Phe Asp Ile
 225 230 235 240
 Asn Asn Arg Asn Lys Leu Asp Ser Thr Met Ser Phe Val Tyr Leu Gln
 245 250 255
 Arg Gln Asn Ile Ala Arg Gly Glu Phe Ser Thr Ser Pro Leu Tyr Trp
 260 265 270
 Gly Pro Ser Arg His Arg Leu Ser Ala Lys Phe Glu Phe Arg Asp Lys
 275 280 285
 Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys His Phe Thr Phe Arg Pro Trp Gln Ile
 290 295 300
 Asn Arg Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr Thr Glu Val Phe Pro
 305 310 315 320
 Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met Asp Asp Ile Lys Ile
 325 330 335
 Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Arg Trp Asp His Tyr Asn
 340 345 350
 Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile Asn Arg Thr Gln Arg
 355 360 365
 Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser Tyr Gln Leu Ser Leu
 370 375 380
 Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala Tyr Arg Leu Ser Thr
 385 390 395 400
 Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr Phe Glu Asp Arg Gly
 405 410 415
 Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp Leu Gln Pro Glu Thr
 420 425 430
 Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Asn Gln Tyr Ala His
 435 440 445
 Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His Asn Phe Ile Gln Glu
 450 455 460
 Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu Tyr Asn Arg Thr Tyr
 465 470 475 480
 Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe Val Asn Glu Pro Glu
 485 490 495
 Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala Leu Asn Gly Ser Ala
 500 505 510
 Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu Lys Gly Ser Tyr Ser
 515 520 525

ES 2 362 041 T3

Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys Ser Ile Gln Pro Trp
 530 535 540
 Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu Gly Trp Ser Val Ser
 545 550 555 560
 Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala Lys Asp Ala Ile Glu
 565 570 575
 Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys Gln Trp Pro His Leu
 580 585 590
 Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly Gln Val Asn Leu Ser
 595 600 605
 Lys Asn Val Ile Leu Asn Met Gly Val Phe Asn Leu Phe Asn Arg Asp
 610 615 620
 Tyr Met Thr Trp Asp Ser Ala Tyr Asn Leu Phe Thr Arg Gly Tyr Thr
 625 630 635 640
 Ser Arg Ser Val Arg Ala Asn Ser Pro Gly Ile Asn Arg Phe Thr Ala
 645 650 655
 Pro Lys Arg Asn Phe Ala Ala Ser Val Glu Ile Arg Phe
 660 665

25

<210> 106

<211> 908

30 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

35 <223> lgtC

<220>

<221> CDS

40 <222> (1)..(906)

<400> 106

atg aat att tta ttt gtt tct gat gat gtt tat gct aaa cat ctg gtg 48
 Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val
 1 5 10 15
 gtt gcg att aaa agc att ata aat cat aat gaa aaa ggt att tca ttt 96
 Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe
 20 25 30
 tat att ttt gat ttg ggt ata aag gat gaa aat aag aga aat att aat 144
 Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn
 35 40 45
 gat att gtt tct tct tat gga agt gaa gtc aac ttt att gct gtg aat 192
 Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu Val Asn Phe Ile Ala Val Asn
 50 55 60
 gag aaa gaa ttt gag agt ttt cct gtt caa att agt tat att tct tta 240
 Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu
 65 70 75 80

65

ES 2 362 041 T3

5 gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca gag tat ttg ccg gat aat tta 288
 Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu
 85 90 95
 10 aat aaa att att tat tta gat gtt gat gtt ttg gtt ttt aac tca tta 336
 Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp Val Leu Val Phe Asn Ser Leu
 100 105 110
 15 gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat aat ttt ctt acc gca gcc tgt 384
 Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys
 115 120 125
 20 tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag tct gag cat aaa aaa tcg att 432
 Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys Ser Glu His Lys Lys Ser Ile
 130 135 140
 25 tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt aat gca gga gta atg cta ttt 480
 Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe Asn Ala Gly Val Met Leu Phe
 145 150 155 160
 30 aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat gta ttc tca aga gct tta gac 528
 Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp
 165 170 175
 35 ctg tta gct atg tat cct aat caa atg att tat cag gat caa gat ata 576
 Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile
 180 185 190
 40 ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc tgt tat tta gat tgc aga ttt 624
 Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe
 195 200 205
 45 aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga ata aaa caa tac cat aaa gga 672
 Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Lys Gln Tyr His Lys Gly
 210 215 220
 50 aaa ttg agc aac tta cat tct tta gaa aaa aca acg atg cct gtc gtt 720
 Lys Leu Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val
 225 230 235 240
 55 att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa gcg tgg cat gcg gat tgt aaa 768
 Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys
 245 250 255
 60 cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa ata tta gca gaa ata acg aga 816
 His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Glu Ile Thr Arg
 260 265 270
 65 ggc acg gat aaa gaa cgc gta tta tct ata aaa act tat ctc aag gcc 864
 Gly Thr Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala
 275 280 285
 70 ttg att aga agg att aga tat aaa ttc aaa tat caa gtc tat ta 908
 Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr
 290 295 300

<210> 107

<211> 302

55 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 107

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

<210> 108

60 <211> 2054

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

65 <220>

<223> pnp

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2052)

5

<400> 108

```

    atg gca agt atg gat gat act act gtg ttt gtc aca gtg gtt gcc aaa   48
    Met Ala Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys
      1                               5                               10                               15

    aaa gat gtg aaa gaa ggt caa gac ttc ttc cca tta act gtt aac tat   96
    Lys Asp Val Lys Glu Gly Gln Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asn Tyr
                               20                               25                               30

    caa gag cgt act tat gct gca ggc cgt att cct ggt ggc ttt ttc aaa  144
    Gln Glu Arg Thr Tyr Ala Ala Gly Arg Ile Pro Gly Gly Phe Phe Lys
                               35                               40                               45

    cgt gaa ggt cgt cct tct gaa ggc gaa act tta att gct cgt tta att  192
    Arg Glu Gly Arg Pro Ser Glu Gly Glu Thr Leu Ile Ala Arg Leu Ile
      50                               55                               60

    gac cgt cca att cgt cct ctt ttc cca gaa ggt ttt tat aac gaa atc  240
    Asp Arg Pro Ile Arg Pro Leu Phe Pro Glu Gly Phe Tyr Asn Glu Ile
      65                               70                               75                               80

    caa atc gtg gcg aca gtg gtg tct gtt aat ccg caa att tgt cca gat  288
    Gln Ile Val Ala Thr Val Val Ser Val Asn Pro Gln Ile Cys Pro Asp
                               85                               90                               95

    tta gtg gca atg atc ggt gca tct gcg gca ctt tct tta tca ggt gtg  336
    Leu Val Ala Met Ile Gly Ala Ser Ala Ala Leu Ser Leu Ser Gly Val
                               100                              105                              110

    cca ttt aat ggc cct atc ggt gcg gca cgt gtt ggt ttt att gat gat  384
    Pro Phe Asn Gly Pro Ile Gly Ala Ala Arg Val Gly Phe Ile Asp Asp
                               115                              120                              125

    caa ttt gtg tta aac cca acc atg aac gag caa aaa caa agc cgt tta  432
    Gln Phe Val Leu Asn Pro Thr Met Asn Glu Gln Lys Gln Ser Arg Leu
                               130                              135                              140

    gac ttg gtt gtc gcg gga aca gat aaa gcg gtg tta atg gtg gaa tct  480
    Asp Leu Val Val Ala Gly Thr Asp Lys Ala Val Leu Met Val Glu Ser
    145                               150                               155                               160

    gaa gcc gat gta tta acc gaa gaa caa atg tta gct gcg gtg gtg ttt  528
    Glu Ala Asp Val Leu Thr Glu Glu Gln Met Leu Ala Ala Val Val Phe
                               165                               170                               175

    ggt cat cag caa caa caa gtg gtg att gac gcg atc aaa gaa ttt acc  576
    Gly His Gln Gln Gln Gln Val Val Ile Asp Ala Ile Lys Glu Phe Thr
                               180                               185                               190

    gca gaa gcc ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg gtg gca cct gaa cca aat  624
    Ala Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp Val Ala Pro Glu Pro Asn
    195                               200                               205

    acc gcg tta att gaa aaa gtg aaa gcg att gca gaa gcg cgt tta ggc  672
    Thr Ala Leu Ile Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly
    210                               215                               220

```

60

65

ES 2 362 041 T3

5 gaa gca tac cgt atc act gaa aaa caa gca cgt tat gaa caa att gat 720
 Glu Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala Arg Tyr Glu Gln Ile Asp 240
 225 230 235

10 ggc gaa gac atc agt gaa ggg aaa att gtc gat att ttc acc gca ctt 816
 Gly Glu Asp Ile Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu 270
 260 265

15 gaa agc caa atc gta cgt agc cgt atc att gct ggt gaa cca cgt att 864
 Glu Ser Gln Ile Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile 285
 275 280

20 gat ggt cgt aca gtg gat act gtt cgt gca tta gat att tgt act ggt 912
 Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly 300
 290 295

25 gtt tta cca cgt aca cac ggt tct gcg att ttc acc cgt ggt gaa aca 960
 Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr 320
 305 310 315

30 cag gcg tta gct gtc gcg aca tta ggt aca gaa cgt gat gca caa att 1008
 Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile 335
 325 330

35 att gat gaa tta aca ggt gag cgt tca gat cac ttc tta ttc cac tac 1056
 Ile Asp Glu Leu Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr 350
 340 345

40 aac ttc ccg cca tat tct gtg ggt gaa acc ggt atg att ggt tca cca 1104
 Asn Phe Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro 365
 355 360

45 aaa cgt cgt gaa att ggt cat ggt cgt tta gcg aaa cgc ggt gta gct 1152
 Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala 380
 370 375

50 gca gtg atg cca aca ctt gcc gag ttc ccg tat gtg gta cgt gtt gtc 1200
 Ala Val Met Pro Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val 400
 385 390 395

55 tct gaa atc aca gaa tca aat ggt tct tct tct atg gca tcg gtt tgt 1248
 Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys 415
 405 410

60 ggt gcg tct tta gca tta atg gat gcg ggt gta cca att aaa gcg gcg 1296
 Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala 430
 420 425

65 gtt gca ggt att gca atg ggc tta gtc aaa gaa gac gaa aaa ttt gtg 1344
 Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val 445
 435 440

70 gtg ctt tca gac atc tta ggt gat gaa gat cac tta ggt gac atg gac 1392
 Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp 460
 450 455

75 ttc aaa gtc gcg ggt aca cgt acg ggt gtg acg gca tta caa atg gat 1440
 Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp 480
 465 470 475

ES 2 362 041 T3

atc aaa atc gaa ggt atc aca gca gaa atc atg caa att gcg tta aac 1488
 Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn
 485 490 495
 5 caa gcg aaa agc gca cgt tta cac att tta ggt gtg atg gag caa gcg 1536
 Gln Ala Lys Ser Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala
 500 505 510
 10 atc cca gcg cca cgt gcg gat att tct gat ttt gca ccg cgt att tac 1584
 Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr
 515 520 525
 15 act atg aaa att gat ccg aag aaa atc aaa gat gtg atc ggt aaa ggt 1632
 Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly
 530 535 540
 20 ggt gca acc att cgt gcc tta aca gaa gaa aca ggt acc tca att gat 1680
 Gly Ala Thr Ile Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp
 545 550 555
 25 atc gat gat gat ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca 1728
 Ile Asp Asp Asp Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser
 565 570 575
 30 gca aaa gag gtg atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa 1776
 Ala Lys Glu Val Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu
 580 585 590
 35 gcg ggt gca gtg tat aaa ggt aaa gtt act cgt tta gct gat ttt ggt 1824
 Ala Gly Ala Val Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly
 595 600 605
 40 gcc ttc gtt tct atc gta ggt aac aaa gaa ggc tta gtg cat att tct 1872
 Ala Phe Val Ser Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser
 610 615 620
 45 caa atc gcg gaa gag cgt gtt gag aaa gtg agt gat tat ctt gca gtg 1920
 Gln Ile Ala Glu Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val
 625 630 635 640
 50 ggg caa gaa gtg act gtt aaa gtg gtt gag att gat cgt caa ggt cgt 1968
 Gly Gln Glu Val Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg
 645 650 655
 55 att cgt tta acc atg aaa gaa gtt gca cca aag caa gaa cac gtt gat 2016
 Ile Arg Leu Thr Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp
 660 665 670
 60 tct gtt gtc gca gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca ta 2054
 Ser Val Val Ala Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
 675 680

50 <210> 109
 <211> 684
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*
 55
 <400> 109

60 Met Ala Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys
 1 5 10 15
 Lys Asp Val Lys Glu Gly Gln Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asn Tyr

65

ES 2 362 041 T3

	355		360		365
5	Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala	370	375	380	
	Ala Val Met Pro Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val	385	390	395	400
10	Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys	405	410	415	
	Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala	420	425	430	
15	Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val	435	440	445	
	Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp	450	455	460	
20	Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp	465	470	475	480
	Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn	485	490	495	
25	Gln Ala Lys Ser Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala	500	505	510	
	Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr	515	520	525	
30	Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly	530	535	540	
	Gly Ala Thr Ile Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp	545	550	555	560
35	Ile Asp Asp Asp Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser	565	570	575	
	Ala Lys Glu Val Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu	580	585	590	
40	Ala Gly Ala Val Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly	595	600	605	
45	Ala Phe Val Ser Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser	610	615	620	
	Gln Ile Ala Glu Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val	625	630	635	640
50	Gly Gln Glu Val Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg	645	650	655	
	Ile Arg Leu Thr Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp	660	665	670	
55	Ser Val Val Ala Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala	675	680		

60 <210> 110
 <211> 1514
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*
 65
 <220>
 <223> purF

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1512)

5

<400> 110

```

10      atg tgt ggt att gtt ggt att gtt agc caa agc ccc gtt aac caa tca 48
      Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser
           1                   5                   10                   15

15      att tat gat gcg tta acc tta ttg caa cac cgc ggg caa gac gcc gcc 96
      Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala
                   20                   25                   30

20      ggg att gta acc gta gat gat gaa aac cga ttc cgc ttg cgt aaa gcg 144
      Gly Ile Val Thr Val Asp Asp Glu Asn Arg Phe Arg Leu Arg Lys Ala
                   35                   40                   45

25      aac ggg tta gtc agc gat gta ttt gaa caa gtt cat atg tta cgt tta 192
      Asn Gly Leu Val Ser Asp Val Phe Glu Gln Val His Met Leu Arg Leu
           50                   55                   60

30      caa ggc aat gct ggc att gga cat gtt cgt tat cct acg gct ggg agc 240
      Gln Gly Asn Ala Gly Ile Gly His Val Arg Tyr Pro Thr Ala Gly Ser
           65                   70                   75                   80

35      tca agt gtc tct gaa gcg caa cct ttt tat gta aat tcg cct tat ggc 288
      Ser Ser Val Ser Glu Ala Gln Pro Phe Tyr Val Asn Ser Pro Tyr Gly
                   85                   90                   95

40      tta acc tta gtg cat aat ggt aac ttg acc aat tca agt gaa tta aaa 336
      Leu Thr Leu Val His Asn Gly Asn Leu Thr Asn Ser Ser Glu Leu Lys
                   100                   105                   110

45      gaa aag tta ttt cgt ctc gca cgt cgc cat gta aat acc aat tca gat 384
      Glu Lys Leu Phe Arg Leu Ala Arg Arg His Val Asn Thr Asn Ser Asp
                   115                   120                   125

50      tct gaa tta tta ctc aat atc tta gcc aat cac ctt gat cac ttc gaa 432
      Ser Glu Leu Leu Leu Asn Ile Leu Ala Asn His Leu Asp His Phe Glu
                   130                   135                   140

55      aaa tac caa tta gat ccg caa gat gta ttc agt gct gtc aaa caa acg 480
      Lys Tyr Gln Leu Asp Pro Gln Asp Val Phe Ser Ala Val Lys Gln Thr
           145                   150                   155                   160

60      cat cag gat att cgt ggt gct tat gct tgt atc gcc atg att att ggt 528
      His Gln Asp Ile Arg Gly Ala Tyr Ala Cys Ile Ala Met Ile Ile Gly
                   165                   170                   175

65      cat ggt atg gtc gcg ttt cgt gat ccg aac ggt atc cgt ccg tta gtg 576
      His Gly Met Val Ala Phe Arg Asp Pro Asn Gly Ile Arg Pro Leu Val
                   180                   185                   190

70      tta ggg aaa cgc gag gaa aat ggc aaa aca gag tat atg ttt gcc tcc 624
      Leu Gly Lys Arg Glu Glu Asn Gly Lys Thr Glu Tyr Met Phe Ala Ser

```

ES 2 362 041 T3

	195	200	205	
5	gaa agt atc gca tta gat Glu Ser Ile Ala Leu Asp 210	aca gtg ggt ttt gag Thr Val Gly Phe Glu 215	ttt gta cga gat gta Phe Val Arg Asp Val 220	672
10	caa ccc ggc gaa gcg att Gln Pro Gly Glu Ala Ile 225	tat gtc acg ttt gaa Tyr Val Thr Phe Glu 230	ggg gaa atg tat gct Gly Glu Met Tyr Ala 235 240	720
15	cag caa tgc gca gac aaa Gln Gln Cys Ala Asp 245	cca aca tta aca cct Pro Thr Leu Thr Pro 250	tgt att ttt gaa tac Cys Ile Phe Glu Tyr 255	768
20	gct gcc cgt gtt cat atg Ala Ala Arg Val His 275	gga cca cgt tta ggt Gly Gln Arg Leu Gly 280	gaa aaa att gca cgg Glu Lys Ile Ala Arg 285	864
25	gaa tgg gcg gat gtg gat Glu Trp Ala Asp Val 290	gat gat att gat gtg Asp Asp Ile Asp Val 295	gtc att cct gtg cct gaa Val Ile Pro Val Pro 300	912
30	acc tct aac gat att gct Thr Ser Asn Asp Ile 305	tta cgt att gcg cgc Leu Arg Ile Ala Arg 310 315	gtg tta aat aaa ccg Val Leu Asn Lys Pro 320	960
35	tat cgt caa ggt ttt gtg Tyr Arg Gln Gly Phe 325	aaa aat cgc tat gta Lys Asn Arg Tyr Val 330	gga cgt acg ttt att Gly Arg Thr Phe Ile 335	1008
40	atg ccg ggg cag gca ttg Met Pro Gly Gln Ala 340	cga gtc agt tct gtt Arg Val Ser Ser Val 345	aga cgt aaa ctc aat Arg Arg Lys Leu Asn 350	1056
45	acc att gct tca gaa ttt Thr Ile Ala Ser Glu 355	aaa gat aag aat gtg Lys Asp Lys Asn Val 360	tta tta gtt gac gac Leu Leu Val Asp Asp 365	1104
50	tcg att gta cgt ggt acc Ser Ile Val Arg Gly 370	acc acg tct gaa caa Thr Thr Ser Glu Gln 375	att gtc gaa atg gcg Ile Val Glu Met Ala 380	1152
55	gcg gca ggt gcg aag aaa Ala Ala Gly Ala Lys 385	aaa att tat ttt gcc Lys Lys Ile Tyr Phe 390	tct gct gca cca gaa Ser Ala Ala Pro Glu 395 400	1200
60	cgt tat cca aat gtg tat Arg Tyr Pro Asn Val 405	ggt att gat atg cca Gly Ile Asp Met Pro 410	acc aaa aat gaa ttg Thr Lys Asn Glu Leu 415	1248
65	atc gct tat ggt cgt gat Ile Ala Tyr Gly Arg 420	gta gat gaa att gct Val Asp Glu Ile Ala 425	aac tta att ggt gtg Asn Leu Ile Gly Val 430	1296
	gat aaa ttg att ttc caa Asp Lys Leu Ile Phe 435	gat ttg gat gcg tta Asp Leu Asp Ala Leu 440	act ggt tct gtg caa Thr Gly Ser Val Gln 445	1344
	caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat tgt 450	tcg gtg ttt aca ggg 455		1392

ES 2 362 041 T3

Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp Cys Ser Val Phe Thr Gly
 450 455 460
 5 gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa tat ctg gat aat att gca 1440
 Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu Tyr Leu Asp Asn Ile Ala
 465 470 475 480
 gaa cag cgt aat gat atc gcc aag aaa aag cgt gaa aaa gat gct acc 1488
 Glu Gln Arg Asn Asp Ile Ala Lys Lys Lys Arg Glu Lys Asp Ala Thr
 10 485 490 495
 aat ctt gaa atg cac aat gaa aaa ta 1514
 Asn Leu Glu Met His Asn Glu Lys
 500

15

<210> 111

<211> 504

20 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 111

25

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

65

ES 2 362 041 T3

5 Gln Pro Gly Glu Ala Ile Tyr Val Thr Phe Glu Gly Glu Met Tyr Ala
 225 230 235 240
 Gln Gln Cys Ala Asp Lys Pro Thr Leu Thr Pro Cys Ile Phe Glu Tyr
 245 250 255
 Val Tyr Phe Ala Arg Pro Asp Ser Cys Ile Asp Gly Val Ser Val Tyr
 260 265 270
 10 Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu Gly Glu Lys Ile Ala Arg
 275 280 285
 Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val Val Ile Pro Val Pro Glu
 290 295 300
 15 Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala Arg Val Leu Asn Lys Pro
 305 310 315
 Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr Val Gly Arg Thr Phe Ile
 325 330 335
 20 Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser Val Arg Arg Lys Leu Asn
 340 345 350
 Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn Val Leu Leu Val Asp Asp
 355 360 365
 25 Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln Ile Val Glu Met Ala Arg
 370 375 380
 Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala Ser Ala Ala Pro Glu Ile
 385 390 395 400
 30 Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met Pro Thr Lys Asn Glu Leu
 405 410 415
 35 Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile Ala Asn Leu Ile Gly Val
 420 425 430
 Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala Leu Thr Gly Ser Val Gln
 435 440 445
 40 Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp Cys Ser Val Phe Thr Gly
 450 455 460
 Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu Tyr Leu Asp Asn Ile Ala
 465 470 475 480
 45 Glu Gln Arg Asn Asp Ile Ala Lys Lys Lys Arg Glu Lys Asp Ala Thr
 485 490 495
 50 Asn Leu Glu Met His Asn Glu Lys
 500

<210> 112

<211> 989

55 <212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

60 <223> rci

<220>

<221> CDS

65 <222> (1)..(987)

ES 2 362 041 T3

<400> 112

5 atg gca aca ata aga aaa cgt ggt aac tca tat cgt gct gag ata agc 48
 Met Ala Thr Ile Arg Lys Arg Gly Asn Ser Tyr Arg Ala Glu Ile Ser
 1 5 10 15

10 aaa aac gga gta agg aaa tca gca aca ttt aag act aaa tca gaa gct 96
 Lys Asn Gly Val Arg Lys Ser Ala Thr Phe Lys Thr Lys Ser Glu Ala
 20 25 30

15 aat gcg tgg gct gtt gac gag gag aga aaa tta gct gat ttg gca aaa 144
 Asn Ala Trp Ala Val Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys
 35 40 45

20 ggt atc gct cca gat att att ttt aga gat gta ata gaa cgc tat caa 192
 Gly Ile Ala Pro Asp Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln
 50 55 60

25 aat gaa gtg tct ata act aaa aaa ggc gcg cga aat gaa att ata aga 240
 Asn Glu Val Ser Ile Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg
 65 70 75 80

30 tta aac cgc ttt tta aga tat gat att tct aat ctg tat att cgt gat 288
 Leu Asn Arg Phe Leu Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp
 85 90 95

35 tta aga aaa gaa gat ttt gag gag tgg atc aga att cgc cta acc gaa 336
 Leu Arg Lys Glu Asp Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu
 100 105 110

40 gta tcg gat gct agc gtt aga cgt gag ctt gtt act ata tcg tca gtg 384
 Val Ser Asp Ala Ser Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val
 115 120 125

45 ctg aca aca gca ata aat aag tgg gga tat att tca egg cat cca atg 432
 Leu Thr Thr Ala Ile Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met
 130 135 140

50 act ggt att gaa aaa cca aaa aac tcg gca gaa aga aaa gaa cga tat 480
 Thr Gly Ile Glu Lys Pro Lys Asn Ser Ala Glu Arg Lys Glu Arg Tyr
 145 150 155 160

55 tca gaa cag gac att aaa aca ata tta gaa aca gct aga tat tgt gaa 528
 Ser Glu Gln Asp Ile Lys Thr Ile Leu Glu Thr Ala Arg Tyr Cys Glu
 165 170 175

60 gat aaa cta ccc ata aca ctc aaa caa aga gta gca att gca atg tta 576
 Asp Lys Leu Pro Ile Thr Leu Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Met Leu
 180 185 190

65 ttt gct att gaa acc gct atg cgt gct ggt gag att gct agt ata aaa 624
 Phe Ala Ile Glu Thr Ala Met Arg Ala Gly Glu Ile Ala Ser Ile Lys
 195 200 205

70 tgg gat aat gtt ttt ctt gaa aag aga ata gta cat tta ccg aca act 672
 Trp Asp Asn Val Phe Leu Glu Lys Arg Ile Val His Leu Pro Thr Thr
 210 215 220

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25

```

aaa aac ggg cac tct aga gat gtg ccg ctt tcg caa aga gct gtt gcg 720
Lys Asn Gly His Ser Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala
225                230                235                240

cta att tta aaa atg aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag 768
Leu Ile Leu Lys Met Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln
                245                250                255

acc acg cct gaa tca tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag 816
Thr Thr Pro Glu Ser Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu
                260                265                270

tgt gga ctt gaa cat ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg 864
Cys Gly Leu Glu His Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu
                275                280                285

acg aga tta tct aag aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc 912
Thr Arg Leu Ser Lys Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser
                290                295                300

gga cat aga gat tta aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat 960
Gly His Arg Asp Leu Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn
305                310                315                320

atg agt gaa gtg gca aac ttg ttg gat ta 989
Met Ser Glu Val Ala Asn Leu Leu Asp
                325
  
```

<210> 113

30 <211> 329

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

35 <400> 113

40
 45
 50
 55
 60
 65

```

Met Ala Thr Ile Arg Lys Arg Gly Asn Ser Tyr Arg Ala Glu Ile Ser
  1                5                10                15

Lys Asn Gly Val Arg Lys Ser Ala Thr Phe Lys Thr Lys Ser Glu Ala
                20                25                30

Asn Ala Trp Ala Val Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys
  35                40                45

Gly Ile Ala Pro Asp Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln
  50                55                60

Asn Glu Val Ser Ile Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg
  65                70                75                80

Leu Asn Arg Phe Leu Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp
                85                90                95

Leu Arg Lys Glu Asp Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu
  100               105               110

Val Ser Asp Ala Ser Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val
  115               120               125

Leu Thr Thr Ala Ile Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met
  130               135               140

Thr Gly Ile Glu Lys Pro Lys Asn Ser Ala Glu Arg Lys Glu Arg Tyr
  
```


ES 2 362 041 T3

	50		55		60		
5	ggc acg ctt tca cgt gcg ctt gac ggg att tct gat gta gtc aat tgc						240
	Gly Thr Leu Ser Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Asp Val Val Asn Cys						
	65		70		75		80
10	aaa gtg att gtt gtg cga gtg caa gaa agt gcg caa gaa gac gaa gaa						288
	Lys Val Ile Val Val Arg Val Gln Glu Ser Ala Gln Glu Asp Glu Glu						
		85		90			95
15	aca aaa gca agt gaa atg aac acg gca att att ggc aca atc aca gaa						336
	Thr Lys Ala Ser Glu Met Asn Thr Ala Ile Ile Gly Thr Ile Thr Glu						
		100		105			110
20	gaa ggg cag tac aca ggc ttg aag gcg tta ttg att gcg aaa aac aaa						384
	Glu Gly Gln Tyr Thr Gly Leu Lys Ala Leu Leu Ile Ala Lys Asn Lys						
		115		120			125
25	ttc ggt atc aaa cca cgt att tta tgt gtg cca aaa ttc gac aca aaa						432
	Phe Gly Ile Lys Pro Arg Ile Leu Cys Val Pro Lys Phe Asp Thr Lys						
		130		135			140
30	gaa gtc gcc aca gag ctt gca agt atc gcc gcc aaa ctc aac gca ttt						480
	Glu Val Ala Thr Glu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Lys Leu Asn Ala Phe						
		145		150			155
35	gct tac att tca tgt caa ggg tgt aaa acg aaa gaa caa gcg gtg caa						528
	Ala Tyr Ile Ser Cys Gln Gly Cys Lys Thr Lys Glu Gln Ala Val Gln						
		165		170			175
40	tat aaa cgc aac ttc tca caa cgt gaa gtc atg ctg atc atg ggc gat						576
	Tyr Lys Arg Asn Phe Ser Gln Arg Glu Val Met Leu Ile Met Gly Asp						
		180		185			190
45	ttt ctg tca ttt aat gtc aac aca tca aaa gtt gag att gac tat gcc						624
	Phe Leu Ser Phe Asn Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala						
		195		200			205
50	gtc act cgt gcg gcg gca atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc						672
	Val Thr Arg Ala Ala Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly						
		210		215			220
55	tgg cat acg tct att tca aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc						720
	Trp His Thr Ser Ile Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val						
		225		230			235
60	aca caa cca ctc tat ttt gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac						768
	Thr Gln Pro Leu Tyr Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn						
		245		250			255
65	tat ctc aat gaa caa ggc atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt						816
	Tyr Leu Asn Glu Gln Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe						
		260		265			270
70	cgt ttt tgg ggc tta cgc acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt						864
	Arg Phe Trp Gly Leu Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe						
		275		280			285
75	gaa gtg tac acc cgc act gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg						912
	Glu Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly						
		290		295			300
80	gcg ttt gat tgg gca gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa						960

ES 2 362 041 T3

Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys
 305 310 315 320
 5 gat att att gaa gca atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa 1008
 Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys
 325 330 335
 10 ggc tac tta att ggc ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt 1056
 Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser
 340 345 350
 15 gca acg aat tta aaa gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac 1104
 Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His
 355 360 365
 20 cca gta cca ccg ctc gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat 1152
 Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp
 370 375 380
 25 gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tcg ta 1190
 Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 385 390 395

25 <210> 115
 <211> 396
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*
 30
 <400> 115

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

ES 2 362 041 T3

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

40 <210> 116
 <211> 2204
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*

45 <220>
 <223> unkK

50 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(2202)

55 <400> 116

60 atg aat aaa aat cgc tat aaa ctc att ttt agt aaa act aaa ggc tgt 48
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Lys Thr Lys Gly Cys
 1 5 10 15
 ctt gta cct gtt gct gaa acg att aat tct gca gta gga aat gcc tca 96
 Leu Val Pro Val Ala Glu Thr Ile Asn Ser Ala Val Gly Asn Ala Ser
 20 25 30

65

ES 2 362 041 T3

	tca aaa gac gtt tct gac acc gag ata agt gct tct caa cca gcg ctc	144
	Ser Lys Asp Val Ser Asp Thr Glu Ile Ser Ala Ser Gln Pro Ala Leu	
	35 40 45	
5	aac tcg ccg ctt tcg acc ctt tct gta tta gtc aaa acc gca ttt aat	192
	Asn Ser Pro Leu Ser Thr Leu Ser Val Leu Val Lys Thr Ala Phe Asn	
	50 55 60	
10	ccg gtt tca aca ttg atg tcg ttg act tgg aaa gaa tac gcc gtt tta	240
	Pro Val Ser Thr Leu Met Ser Leu Thr Trp Lys Glu Tyr Ala Val Leu	
	65 70 75 80	
15	tta tta agt gtg gtg tct ttt cct ctt atg gca caa gcc tct gat aca	288
	Leu Leu Ser Val Val Ser Phe Pro Leu Met Ala Gln Ala Ser Asp Thr	
	85 90 95	
20	gat tca gtg gta caa aga aaa cct gaa tta act gat gtg acg aat agc	336
	Asp Ser Val Val Gln Arg Lys Pro Glu Leu Thr Asp Val Thr Asn Ser	
	100 105 110	
25	aac agc tat cat gtg gaa tta gat aga gag cat cat aaa ggg gag cat	384
	Asn Ser Tyr His Val Glu Leu Asp Arg Glu His His Lys Gly Glu His	
	115 120 125	
30	caa aca aaa atc aaa cat act gag aat aat gtc atc att gtt gat att	432
	Gln Thr Lys Ile Lys His Thr Glu Asn Asn Val Ile Ile Val Asp Ile	
	130 135 140	
35	gca aaa cca aac caa aag ggc att tca gat aac cgt ttt aaa cac ttc	480
	Ala Lys Pro Asn Gln Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Lys His Phe	
	145 150 155 160	
40	aac atc cca aat ggg gcg gta ttt aac aat agc gcc aag gaa aaa cgc	528
	Asn Ile Pro Asn Gly Ala Val Phe Asn Asn Ser Ala Lys Glu Lys Arg	
	165 170 175	
45	tca cag tta gtg ggg tat ttg cca ggt aac cag aat tta acg gaa ggt	576
	Ser Gln Leu Val Gly Tyr Leu Pro Gly Asn Gln Asn Leu Thr Glu Gly	
	180 185 190	
50	agt gaa gca aaa gcg atc tta aat cag gtg act gga ccg gat gcc agt	624
	Ser Glu Ala Lys Ala Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Asp Ala Ser	
	195 200 205	
55	aaa att gaa ggc gcc ctt gaa att tta ggg caa aaa gcc gat ttg gtg	672
	Lys Ile Glu Gly Ala Leu Glu Ile Leu Gly Gln Lys Ala Asp Leu Val	
	210 215 220	
60	att gcg aac caa aat ggc att gtg ctt aat ggg gta aaa acc att aat	720
	Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Val Leu Asn Gly Val Lys Thr Ile Asn	
	225 230 235 240	
65	gcc aat cgt ttt gtg gca aca acc agt agt acc att gat cct gag caa	768
	Ala Asn Arg Phe Val Ala Thr Thr Ser Ser Thr Ile Asp Pro Glu Gln	
	245 250 255	
70	atg cag tta aat gtc acg caa ggt aca gtg aca att ggg gtg gat gga	816
	Met Gln Leu Asn Val Thr Gln Gly Thr Val Thr Ile Gly Val Asp Gly	
	260 265 270	
75	ttt gcc aca gat ggc tta cct tat ttg gat atc att gcc aaa aag att	864
	Phe Ala Thr Asp Gly Leu Pro Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile	
	275 280 285	

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

gaa caa aaa caa gcg att aca aaa gaa aga aca gga aat tcc gaa acc 912
 Glu Gln Lys Gln Ala Ile Thr Lys Glu Arg Thr Gly Asn Ser Glu Thr
 290 295 300

gat atc act ttt gtc gca ggt aac agt aaa tat gat tta aag aca cat 960
 Asp Ile Thr Phe Val Ala Gly Asn Ser Lys Tyr Asp Leu Lys Thr His
 305 310 315 320

caa gtg aca gaa aag cat acc gct gag gca caa ggt gaa att gcg att 1008
 Gln Val Thr Glu Lys His Thr Ala Glu Ala Gln Gly Glu Ile Ala Ile
 325 330 335

agc ggt gcg agt acc ggt gca atg tac ggt aaa aat atc aaa tta atc 1056
 Ser Gly Ala Ser Thr Gly Ala Met Tyr Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile
 340 345 350

gta acg gat aaa ggc gct ggg gta aaa cat gat ggc att att tta tct 1104
 Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser
 355 360 365

gag gcg gat att caa att gaa acc cat gag ggc gat gtt gaa tta ggc 1152
 Glu Ala Asp Ile Gln Ile Glu Thr His Glu Gly Asp Val Glu Leu Gly
 370 375 380

aat aca aaa aat aat cag aat gag aat tat gcc aaa gct cat gcg gaa 1200
 Asn Thr Lys Asn Asn Gln Asn Glu Asn Tyr Ala Lys Ala His Ala Glu
 385 390 395 400

ggg aat ttt acg gtt aaa ggc ggt aag cac gtt att att ggt aag gaa 1248
 Gly Asn Phe Thr Val Lys Gly Gly Lys His Val Ile Ile Gly Lys Glu
 405 410 415

gtt aaa gcc aac aaa gcg gtc gat att caa gca caa gaa aca aca gta 1296
 Val Lys Ala Asn Lys Ala Val Asp Ile Gln Ala Gln Glu Thr Thr Val
 420 425 430

aga caa aat gcg aaa tta act gcc aaa acg agt gcc aaa att aca gca 1344
 Arg Gln Asn Ala Lys Leu Thr Ala Lys Thr Ser Ala Lys Ile Thr Ala
 435 440 445

agt aag agt gtg aat ctt gaa gat aac gcg aaa ctt att gct aat gag 1392
 Ser Lys Ser Val Asn Leu Glu Asp Asn Ala Lys Leu Ile Ala Asn Glu
 450 455 460

ctg agc aca aca acc aat aaa tta acc aat aaa ggt agc att tac ggc 1440
 Leu Ser Thr Thr Thr Asn Lys Leu Thr Asn Lys Gly Ser Ile Tyr Gly
 465 470 475 480

aag aaa gtg acg cta gat gct gat aat tta gtc aat agt aaa gaa atc 1488
 Lys Lys Val Thr Leu Asp Ala Asp Asn Leu Val Asn Ser Lys Glu Ile
 485 490 495

tat gcg tct agc gaa ctt gat att caa acc aaa ggt cgt gat ctt tta 1536
 Tyr Ala Ser Ser Glu Leu Asp Ile Gln Thr Lys Gly Arg Asp Leu Leu
 500 505 510

ctt gag gat ggg gtt aat caa cca ctg agt ttc tta aaa ggc gct tca 1584
 Leu Glu Asp Gly Val Asn Gln Pro Leu Ser Phe Leu Lys Gly Ala Ser
 515 520 525

ttg tta gcg ccg ggg ttt gtc aac act ggg cta att cac agt aac ggt 1632
 Leu Leu Ala Pro Gly Phe Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly
 530 535 540

ES 2 362 041 T3

aat gcc aag ctc act ttt aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga 1680
 Asn Ala Lys Leu Thr Phe Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly
 545 550 555 560
 5 aat aac ttt atc aca gca aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat 1728
 Asn Asn Phe Ile Thr Ala Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn
 565 570 575
 10 gtt caa att gat caa gcg aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg 1776
 Val Gln Ile Asp Gln Ala Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr
 580 585 590
 15 atc aat acc aag tct ggt ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct 1824
 Ile Asn Thr Lys Ser Gly Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala
 595 600 605
 20 caa aat tta acg att aat acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc 1872
 Gln Asn Leu Thr Ile Asn Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly
 610 615 620
 25 ggt atc ttg ggg gcg ggt aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga 1920
 Gly Ile Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly
 625 630 635 640
 gaa aac caa gga gga tat ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat 1968
 Glu Asn Gln Gly Gly Tyr Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His
 645 650 655
 30 tct gaa ggc gcc atg aac ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta 2016
 Ser Glu Gly Ala Met Asn Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu
 660 665 670
 35 ggg aat att ttt gct aaa ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta 2064
 Gly Asn Ile Phe Ala Lys Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu
 675 680 685
 40 att aat gat gtt act ctc aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa 2112
 Ile Asn Asp Val Thr Leu Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys
 690 695 700
 aaa gat tat acg cgt tat tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt 2160
 Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly
 705 710 715 720
 45 tgg cat aat aac ttc tat gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tg 2204
 Trp His Asn Asn Phe Tyr Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser
 725 730

<210> 117

<211> 734

50 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 117

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

65

ES 2 362 041 T3

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

60

65

ES 2 362 041 T3

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

60 <210> 118
 <211> 251
 <212> DNA
 65 <213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<220>

<223> unkO

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(249)

10 <400> 118

```

    atg aaa att act att aca cga aat cat cca gaa gta ttt caa gaa tcc   40
    Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
      1           5           10           15
15    gct cgt tta gta gcc gaa aag ttc att aaa gcc caa tgt gta gaa gca   96
    Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala
           20           25           30
20    tta aca ttg gct ttg att gag ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt   144
    Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly
           35           40           45
25    gag gag gaa agc aaa agg gga cat agt att aag gtt gta tta aaa gga   192
    Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser Ile Lys Val Val Leu Lys Gly
           50           55           60
30    agt cac gaa gtt att aag tca gag gtg aat aca aat gaa aaa aat cat   240
    Ser His Glu Val Ile Lys Ser Glu Val Asn Thr Asn Glu Lys Asn His
           65           70           75           80
35    tgt aat cat ta                                     251
    Cys Asn His

```

<210> 119

35 <211> 83

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

40

<400> 119

```

    Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
      1           5           10           15
45    Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala
           20           25           30
50    Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly
           35           40           45
55    Glu .Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser Ile Lys Val Val Leu Lys Gly
           50           55           60
60    Ser His Glu Val Ile Lys Ser Glu Val Asn Thr Asn Glu Lys Asn His
           65           70           75           80
65    Cys Asn His

```

60 <210> 120

<211> 548

<212> DNA

65 <213> *Pasteurella multocida*

ES 2 362 041 T3

<220>

<223> unkP

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(546)

10 <400> 120

```

    atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc tgg cat acg tct att tca 48
    Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser
      1                    5                    10                    15
15    aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc aca caa cca ctc tat ttt 96
    Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
      20                    25                    30
20    gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa ggc 144
    Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly
      35                    40                    45
25    atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta cgc 192
    Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
      50                    55                    60
30    acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc act 240
    Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
      65                    70                    75                    80
35    gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg gcg ttt gat tgg gca gtg 288
    Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val
      85                    90                    95
40    gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa gat att att gaa gca atc 336
    Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile
      100                    105                    110
45    aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa ggc tac tta att ggc ggt 384
    Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly
      115                    120                    125
50    aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt gca acg aat tta aaa gat 432
    Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp
      130                    135                    140
55    gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac cca gta cca ccg ctc gaa 480
    Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu
      145                    150                    155                    160
60    cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat gaa tac ctt gtt gat ttt 528
    Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe
      165                    170                    175
65    tca aat cgt tta gca tcg ta 548
    Ser Asn Arg Leu Ala Ser
      180

```

<210> 121

<211> 182

60 <212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

65

ES 2 362 041 T3

<400> 121

```

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

```

<210> 122

<211> 69

40 <212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

45 <220>

<223> apvA-or1

<220>

50 <221> CDS

<222> (1)..(69)

<400> 122

```

55     atg ttt tat gtc atg ctt gcc aat agg acg tct ata att tca tca atc   48
      Met Phe Tyr Val Met Leu Ala Asn Arg Thr Ser Ile Ile Ser Ser Ile
        1           5           10           15
60     gat aag ttt aag ata ctt agc
      Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
        20
        69

```

<210> 123

65 <211> 23

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

ES 2 362 041 T3

<400> 123

5 **Met Phe Tyr Val Met Leu Ala Asn Arg Thr Ser Ile Ile Ser Ser Ile**
 1 5 10 15
 Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
 20

10 <210> 124

<211> 64

<212> DNA

15 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> apvA-or2

20 <220>

<221> CDS

<222> (3)..(62)

25 <400> 124

30 **ag cta agt atc tta aac tta tcg att gat gaa att ata gac gtc cta** 47
 Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu
 1 5 10 15
 ttg gca agc atg aca ta 64
 Leu Ala Ser Met Thr
 20

35

<210> 125

<211> 20

40 <212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<400> 125

45

Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu Leu
 1 5 10 15
 Ala Ser Met Thr
 20

50

<210> 126

<211> 653

55

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

60 <220>

<223> apvB

<220>

65 <221> CDS

<222> (1)..(651)

ES 2 362 041 T3

<400> 126

```

5      tta att agc ttt cct ttt att act ttt gca agt aat gtt aat gga gcc 48
      Leu Ile Ser Phe Pro Phe Ile Thr Phe Ala Ser Asn Val Asn Gly Ala
      1           5           10           15

10     gaa att gga ttg gga gga gcc cgt gag agt agt att tac tat tct aaa 96
      Glu Ile Gly Leu Gly Gly Ala Arg Glu Ser Ser Ile Tyr Tyr Ser Lys
      20           25           30

15     cat aaa gta gca aca aat ccc ttt tta gca ctt gat ctt tct tta ggt 144
      His Lys Val Ala Thr Asn Pro Phe Leu Ala Leu Asp Leu Ser Leu Gly
      35           40           45

20     aat ttt tat atg aga ggg act gca gga att agc gaa ata gga tat gaa 192
      Asn Phe Tyr Met Arg Gly Thr Ala Gly Ile Ser Glu Ile Gly Tyr Glu
      50           55           60

25     caa tct ttc act gac aat ttc agc gta tca ctg ttt gtt aac cca ttt 240
      Gln Ser Phe Thr Asp Asn Phe Ser Val Ser Leu Phe Val Asn Pro Phe
      65           70           75           80

30     gat ggt ttt tca att aaa gga aaa gac ttg tta cct gga tat caa agt 288
      Asp Gly Phe Ser Ile Lys Gly Lys Asp Leu Leu Pro Gly Tyr Gln Ser
      85           90           95

35     att caa act cgc aaa act caa ttt gcc ttt ggt tgg gga tta aat tat 336
      Ile Gln Thr Arg Lys Thr Gln Phe Ala Phe Gly Trp Gly Leu Asn Tyr
      100          105          110

40     aat ttg gga ggt tta ttc ggc tta aat gat act ttt ata tcc ttg gaa 384
      Asn Leu Gly Gly Leu Phe Gly Leu Asn Asp Thr Phe Ile Ser Leu Glu
      115          120          125

45     gga aaa agc gga aaa cgt ggt gcg agt agt aat gtc agc tta ctt aaa 432
      Gly Lys Ser Gly Lys Arg Gly Ala Ser Ser Asn Val Ser Leu Leu Lys
      130          135          140

50     tcg ttt aat atg acg aaa aat tgg aaa gtt tca cca tat att ggc tca 480
      Ser Phe Asn Met Thr Lys Asn Trp Lys Val Ser Pro Tyr Ile Gly Ser
      145          150          155          160

55     agt tat tat tca tct aaa tat aca gat tat tac ttt ggt att aaa caa 528
      Ser Tyr Tyr Ser Ser Lys Tyr Thr Asp Tyr Tyr Phe Gly Ile Lys Gln
      165          170          175

60     tcc gaa tta ggt aat aaa att aca tcc gta tat aaa cct aaa gca gct 576
      Ser Glu Leu Gly Asn Lys Ile Thr Ser Val Tyr Lys Pro Lys Ala Ala
      180          185          190

65     tat gca aca cac ata ggt att aat act gat tat gct ttc acg aac aat 624
      Tyr Ala Thr His Ile Gly Ile Asn Thr Asp Tyr Ala Phe Thr Asn Asn
      195          200          205

70     ctt ggc atg ggt tta tct gtc ggt tgg at 653
      Leu Gly Met Gly Leu Ser Val Gly Trp
      210          215

```

<210> 127

<211> 217

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 127

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

<210> 128

40 <211> 242

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

45 <220>

<223> apvC

<220>

50 <221> CDS

<222> (1)..(240)

55

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 128

```

5      atg tgg cgg atg gga gat ttt atg tct aaa aaa gag agg ctg aat gat   48
      Met Trp Arg Met Gly Asp Phe Met Ser Lys Lys Glu Arg Leu Asn Asp
          1             5             10             15

      atg gct cgc cag att tta tca gcg gcg gag ttg ctc att gca aag gaa   96
      Met Ala Arg Gln Ile Leu Ser Ala Ala Glu Leu Leu Ile Ala Lys Glu
          20             25             30

      ggt ttg caa aat tta tcg atg agg aaa atc gca agt gaa gcc ggt atc   144
      Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile
          35             40             45

      gca aca ggc acg ctt tat ctc tat ttc aaa acg aaa gac gag tta ctg   192
      Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu
          50             55             60

      gat tgt ttg gcg gaa caa tta cat gaa cga tat tat cgt tat ctg aat   240
      Asp Cys Leu Ala Glu Gln Leu His Glu Arg Tyr Tyr Arg Tyr Leu Asn
          65             70             75             80

      at                                                                 242
  
```

<210> 129

<211> 80

<212> PRT

25 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<400> 129

```

30      Met Trp Arg Met Gly Asp Phe Met Ser Lys Lys Glu Arg Leu Asn Asp
          1             5             10             15

      Met Ala Arg Gln Ile Leu Ser Ala Ala Glu Leu Leu Ile Ala Lys Glu
          20             25             30

      Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile
          35             40             45

      Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu
          50             55             60

      Asp Cys Leu Ala Glu Gln Leu His Glu Arg Tyr Tyr Arg Tyr Leu Asn
          65             70             75             80
  
```

<210> 130

<211> 527

45 <212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

50 <223> apvD

<220>

<221> CDS

55 <222> (1)..(525)

<400> 130

```

60      aat att caa aaa aca gtt att gct agc ggc aca ttg caa gcg act gaa   48
      Asn Ile Gln Lys Thr Val Ile Ala Ser Gly Thr Leu Gln Ala Thr Glu
          1             5             10             15

      caa gta gat att ggt gca caa gta tct ggg cag att aag cat att tta   96
      Gln Val Asp Ile Gly Ala Gln Val Ser Gly Gln Ile Lys His Ile Leu
          20             25             30

      gta caa gaa gga cag aag gtt aaa aaa ggt gag cta tta gct gta att   144
  
```

ES 2 362 041 T3

Val Gln Glu Gly Gln Lys Val Lys Lys Gly Glu Leu Leu Ala Val Ile
 35 40 45
 5 gat cca cgt ctg gct gaa acg gaa tta aaa cta gca aaa gct gag cta 192
 Asp Pro Arg Leu Ala Glu Thr Glu Leu Lys Leu Ala Lys Ala Glu Leu
 50 55 60
 10 gca aat gct tct gct aat ttg gat aca aaa aaa att aat ctt aag caa 240
 Ala Asn Ala Ser Ala Asn Leu Asp Thr Lys Lys Ile Asn Leu Lys Gln
 65 70 75 80
 15 ctg caa tca gat tgg gaa cgt cat caa cgt ttg ata cga acc aat gcg 288
 Leu Gln Ser Asp Trp Glu Arg His Gln Arg Leu Ile Arg Thr Asn Ala
 85 90 95
 20 aca agc caa aag gaa aca gaa gaa gca aaa agt aga tta aat acg gcc 336
 Thr Ser Gln Lys Glu Thr Glu Glu Ala Lys Ser Arg Leu Asn Thr Ala
 100 105 110
 25 aaa gca gaa ctt caa att gcg caa aat aat cta gat atc gct aaa atc 384
 Lys Ala Glu Leu Gln Ile Ala Gln Asn Asn Leu Asp Ile Ala Lys Ile
 115 120 125
 30 aga gtg gaa aaa gct gaa acc gaa cta gga tat aca gaa att cgt tct 432
 Arg Val Glu Lys Ala Glu Thr Glu Leu Gly Tyr Thr Glu Ile Arg Ser
 130 135 140
 35 cca ctt gat gca aca gta att tca gta ttt gcg caa aat ggt caa act 480
 Pro Leu Asp Ala Thr Val Ile Ser Val Phe Ala Gln Asn Gly Gln Thr
 145 150 155 160
 40 tta gtc acc acc caa caa gta cca gtg ctg atg aaa tta gct aat at 527
 Leu Val Thr Thr Gln Gln Val Pro Val Leu Met Lys Leu Ala Asn
 165 170 175

35 <210> 131

<211> 175

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

40 <400> 131

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

ES 2 362 041 T3

Lys Ala Glu Leu Gln Ile Ala Gln Asn Asn Leu Asp Ile Ala Lys Ile
 115 120 125

Arg Val Glu Lys Ala Glu Thr Glu Leu Gly Tyr Thr Glu Ile Arg Ser
 130 135 140

Pro Leu Asp Ala Thr Val Ile Ser Val Phe Ala Gln Asn Gly Gln Thr
 145 150 155 160

Leu Val Thr Thr Gln Gln Val Pro Val Leu Met Lys Leu Ala Asn
 165 170 175

<210> 132

<211> 867

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> atpG

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(864)

<400> 132

atg gca ggt gcg aaa gag ata aga acc aaa att gca agt gtg aaa aat 48
 Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn
 1 5 10 15

act caa aaa atc acc aaa gca atg gaa atg gtt gct acc tct aaa atg 96
 Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met
 20 25 30

cgt aaa acg caa gag cgt atg gct gcc agt cgt cct tat tcg gaa aca 144
 Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
 35 40 45

atc cgt aag gtg att agc cat att gcg aaa gga agc att ggt tat aag 192
 Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys
 50 55 60

cac ccg ttt tta act gaa cgt gat att aaa aaa gta ggc tat ctt gtc 240
 His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val
 65 70 75 80

gtt tcg acc gat cgc ggt tta tgc ggt ggc ctt aat atc aat tta ttc 288
 Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe
 85 90 95

aaa gcg act ttg aat gaa ttt aaa acg tgg aaa gat aaa gac gtt agt 336
 Lys Ala Thr Leu Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser
 100 105 110

gtt gag ctt ggt tta gta ggg tcg aaa ggc gta agc ttt tac caa aat 384
 Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn
 115 120 125

cta ggc tta aac gtg aga tct caa gta acg gga tta ggc gat aat ccg 432
 Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro
 130 135 140

gaa atg gaa cgt atc gtg ggc gca gtt aat gaa atg att aat gcg ttc 480

ES 2 362 041 T3

Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe
 145 150 155 160
 5 cga aac gga gaa gtg gat gcg gtt tac gtc gct tac aac cgt ttt gaa 528
 Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu
 165 170 175
 aat acg atg tca caa aaa cct gtt atc gca cag tta ctt ccg tta cct 576
 Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro
 180 185 190
 10 aaa cta gat gac gat gaa tta gat acg aaa ggt tca tgg gat tat att 624
 Lys Leu Asp Asp Asp Glu Leu Thr Lys Gly Ser Trp Asp Tyr Ile
 195 200 205
 15 tat gaa ccg aat cca caa gtt tta ttg gat agt tta ctt gtt cgt tat 672
 Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Val Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr
 210 215 220
 20 tta gaa act cag gta tac caa gca gtt gta gat aac cta gct tct gaa 720
 Leu Glu Thr Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu
 225 230 235
 caa gcc gct cga atg gta gcg atg aaa gcc gca aca gat aat gcg ggt 768
 Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly
 245 250 255
 25 aca tta atc gat gaa tta caa tta gtg tat aac aaa gct cgc caa gca 816
 Thr Leu Ile Asp Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala
 260 265 270
 30 agc att aca aat gaa tta aac gaa att gtt gcg ggt gcc gca gca att 864
 Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ile
 275 280 285
 taa 867

35 <210> 133
 <211> 288
 <212> PRT
 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*
 40 <400> 133

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

65

ES 2 362 041 T3

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

<210> 134

<211> 534

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(531)

<400> 134

atg tca gaa tta agt aca gta gct cgc ccc tac gct aaa gca gct ttt 48
 Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe
 50 1 5 10 15
 gat ttt gct tta gaa caa ggt cag ttg gac aaa tgg caa gaa atg tta 96
 Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Leu Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu
 20 25 30
 cag ttt tcg gca ttc gtt gct gaa aac gaa caa gtg gcg gaa tat att 144
 Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Glu Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile
 35 40 45
 aat tct tcc ctt gca agc ggt cag att tct gaa act ttt atc aaa atc 192

ES 2 362 041 T3

Asn Ser Ser Leu Ala Ser Gly Gln Ile Ser Glu Thr Phe Ile Lys Ile
 50 55 60
 tgc ggc gac caa ctt gat caa tat ggg caa aat ttt att cgt gta atg 240
 Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met
 65 70 75 80
 gct gaa aat aaa cgt ctg gct gtg ttg cct atg gtt ttt gat act ttc 288
 Ala Glu Asn Lys Arg Leu Ala Val Leu Pro Met Val Phe Asp Thr Phe
 85 90 95
 gta tca tta cga gcg gaa cat gaa gcg gta aaa gat gta aca att gtt 336
 Val Ser Leu Arg Ala Glu His Glu Ala Val Lys Asp Val Thr Ile Val
 100 105 110
 tcg gca aac gaa tta agt caa gca caa gaa gat aaa atc gca aaa gcg 384
 Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala
 115 120 125
 atg gaa aaa cgc tta ggt caa aaa gtt cgt tta acc aac caa atc gat 432
 Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp
 130 135 140
 aac agc ctg att gca ggc gta att att aaa tac gat gat gtt gtt att 480
 Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
 145 150 155 160
 gat ggt agt agc cgc ggt cag tta aat cgc tta gcg tca gcg ttg agc 528
 Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
 165 170 175
 ttg taa 534
 Leu

<210> 135

<211> 177

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<400> 135

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

ES 2 362 041 T3

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

15 <210> 136
 <211> 321
 <212> DNA
 20 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*
 <220>
 <223> dksA
 25 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(318)
 30 <400> 136

gca tgg cat gtg caa att atg gac gaa gct gag cgt aca aaa aac caa 48
 Ala Trp His Val Gln Ile Met Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Asn Gln
 1 5 10 15
 atg cag gaa gaa gtc gct aat ttc gcc gat cct gcg gac cgc gcc act 96
 Met Gln Glu Glu Val Ala Asn Phe Ala Asp Pro Ala Asp Arg Ala Thr
 20 25 30
 cag gaa gaa gaa ttc agt ctt gaa tta aga aac cgt gac cgt gag cgt 144
 Gln Glu Glu Glu Phe Ser Leu Glu Leu Arg Asn Arg Asp Arg Glu Arg
 35 40 45
 aaa ttg ctt aag aag att gag caa acg tta aat agc att gcc gaa gac 192
 Lys Leu Leu Lys Lys Ile Glu Gln Thr Leu Asn Ser Ile Ala Glu Asp
 50 55 60
 gaa tac ggc tat tgc gaa act tgc ggt gtt gaa atc ggt tta cgt cgt 240
 Glu Tyr Gly Tyr Cys Glu Thr Cys Gly Val Glu Ile Gly Leu Arg Arg
 65 70 75 80
 tta gaa gcg cgc ccg acc gcg gat atg tgt atc gat tgc aaa aca ctt 288
 Leu Glu Ala Arg Pro Thr Ala Asp Met Cys Ile Asp Cys Lys Thr Leu
 85 90 95
 gcg gaa atc cgt gaa aag caa atg ggc tta taa 321
 Ala Glu Ile Arg Glu Lys Gln Met Gly Leu
 100 105

<210> 137
 60 <211> 106
 <212> PRT
 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

65

ES 2 362 041 T3

<400> 137

5 Ala Trp His Val Gln Ile Met Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Asn Gln
 1 5 10 15

 Met Gln Glu Glu Val Ala Asn Phe Ala Asp Pro Ala Asp Arg Ala Thr
 20 25 30

10 Gln Glu Glu Glu Phe Ser Leu Glu Leu Arg Asn Arg Asp Arg Glu Arg
 35 40 45

 Lys Leu Leu Lys Lys Ile Glu Gln Thr Leu Asn Ser Ile Ala Glu Asp
 50 55 60

15 Glu Tyr Gly Tyr Cys Glu Thr Cys Gly Val Glu Ile Gly Leu Arg Arg
 65 70 75 80

 Leu Glu Ala Arg Pro Thr Ala Asp Met Cys Ile Asp Cys Lys Thr Leu
 85 90 95

20 Ala Glu Ile Arg Glu Lys Gln Met Gly Leu
 100 105

<210> 138

25 <211> 33

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

30 <220>

<223> dnaK

<220>

35 <221> CDS

<222> (1)..(30)

40 <400> 138

gct gag ttt gaa gaa gtg aaa gat aat aaa taa 33
Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
 1 5 10

45 <210> 139
<211> 10

<212> PRT

50 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<400> 139

55 Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
 1 5 10

60 <210> 140

<211> 453

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

65 <220>

<223> exbB

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(450)

5

<400> 140

```

    acg gaa caa atg ctt gaa ctt tta caa ggt cat gtt gat tat att att   48
    Met Glu Gln Met Leu Glu Leu Leu Gln Gly His Val Asp Tyr Ile Ile
      1                5                10                15

    tta ggc tta tta cta tta atg agt gtt gtg ttg gta tgg aaa att att   96
    Leu Gly Leu Leu Leu Leu Met Ser Val Val Leu Val Trp Lys Ile Ile
                20                25                30

    gaa cgc gta ctt ttc tac aaa caa ttg gat gtg acc aaa tat gac acg   144
    Glu Arg Val Leu Phe Tyr Lys Gln Leu Asp Val Thr Lys Tyr Asp Thr
                35                40                45

    cta caa gat ttg gaa att gat acc act cgc aat tta acc acc att tcc   192
    Leu Gln Asp Leu Glu Ile Asp Thr Thr Arg Asn Leu Thr Thr Ile Ser
                50                55                60

    act atc ggt gcc aac gcc cct tat atc ggt tta tta gga acc gta tta   240
    Thr Ile Gly Ala Asn Ala Pro Tyr Ile Gly Leu Leu Gly Thr Val Leu
    65                70                75                80

    ggg atc tta ctt acc ttc tat cat tta ggg cat tcc ggc ggt gat att   288
    Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr His Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile
                85                90                95

    gac gcc gca tcc att atg gtt cac ctt tcg ctt gca tta aaa gca acc   336
    Asp Ala Ala Ser Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr
                100                105                110

    gca gcc ggt atc tta gtc gct att ccg gca atg atg ttc tac agc ggt   384
    Ala Ala Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Met Phe Tyr Ser Gly
                115                120                125

    ttt aac cgt aaa gtg gat gaa agc aaa ctt aaa tgg caa gcg att caa   432
    Phe Asn Arg Lys Val Asp Glu Ser Lys Leu Lys Trp Gln Ala Ile Gln
                130                135                140

    gct cgt aaa gcc aat caa taa
    Ala Arg Lys Ala Asn Gln
    145                150
  
```

45 <210> 141

<211> 150

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

50

<400> 141

```

    Met Glu Gln Met Leu Glu Leu Leu Gln Gly His Val Asp Tyr Ile Ile   55
      1                5                10                15

    Leu Gly Leu Leu Leu Leu Met Ser Val Val Leu Val Trp Lys Ile Ile
                20                25                30

    Glu Arg Val Leu Phe Tyr Lys Gln Leu Asp Val Thr Lys Tyr Asp Thr   60
                35                40                45

    Leu Gln Asp Leu Glu Ile Asp Thr Thr Arg Asn Leu Thr Thr Ile Ser
                50                55                60

    Thr Ile Gly Ala Asn Ala Pro Tyr Ile Gly Leu Leu Gly Thr Val Leu   65
    65                70                75                80
  
```


ES 2 362 041 T3

Ala Ser Gly Leu Leu Tyr Lys Ile Glu Lys Ala Gly Thr Gly Glu Ser
 130 135 140

5 cct aaa gcg gaa gat acc gtt aaa gtt cac tat aaa ggg aca tta acc 480
 Pro Lys Ala Glu Asp Thr Val Lys Val His Tyr Lys Gly Thr Leu Thr
 145 150 155 160

gat ggt acg gta ttc gat agc tca tac gat cgc ggt gag ccg att gaa 528
 Asp Gly Thr Val Phe Asp Ser Ser Tyr Asp Arg Gly Glu Pro Ile Glu
 165 170 175

10 ttc caa tta aac caa tta att ccg ggt tgg att gaa gcg att cca atg 576
 Phe Gln Leu Asn Gln Leu Ile Pro Gly Trp Ile Glu Ala Ile Pro Met
 180 185 190

15 ttg aaa aaa ggc gga aaa atg gaa atc gtc gtt ccg cct gaa ctt ggt 624
 Leu Lys Lys Gly Gly Lys Met Glu Ile Val Val Pro Pro Glu Leu Gly
 195 200 205

20 tac ggc gaa cgc caa gca ggt aag att ccg gca agt tca acc tta aaa 672
 Tyr Gly Glu Arg Gln Ala Gly Lys Ile Pro Ala Ser Ser Thr Leu Lys
 210 215 220

ttc gag att gaa ttg tta gat ttc aaa gcg gcc gaa gcg aaa aaa taa 720
 Phe Glu Ile Glu Leu Leu Asp Phe Lys Ala Ala Glu Ala Lys Lys
 225 230 235

25 <210> 143
 <211> 239
 <212> PRT
 30 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*
 <400> 143

35 Met Leu Lys Asn Lys Leu Ser Val Leu Ala Ile Val Ala Gly Thr Phe
 1 5 10 15

Val Ser Ala Gln Thr Ala Phe Ala Ala Asp Gln Lys Phe Ile Asp Asp
 20 25 30

40 Ser Ser Tyr Ala Val Gly Val Leu Met Gly Lys Asn Ile Glu Gly Val
 35 40 45

Val Glu Ser Gln Lys Glu Ile Phe Ser Tyr Asn Gln Asp Lys Ile Leu
 50 55 60

45 Ala Gly Val Gln Asp Thr Ile Lys Lys Thr Gly Lys Leu Thr Asp Glu
 65 70 75 80

Asp Leu Gln Lys Gln Leu Lys Ser Leu Asp Thr Tyr Leu Ala Ser Gln
 85 90 95

50 Glu Ser Lys Ile Ala Ala Glu Lys Ser Lys Ala Thr Val Glu Ala Gly
 100 105 110

Asn Lys Phe Arg Thr Asp Tyr Glu Lys Gln Ser Gly Val Lys Lys Thr
 115 120 125

55 Ala Ser Gly Leu Leu Tyr Lys Ile Glu Lys Ala Gly Thr Gly Glu Ser
 130 135 140

60 Pro Lys Ala Glu Asp Thr Val Lys Val His Tyr Lys Gly Thr Leu Thr
 145 150 155 160

65

ES 2 362 041 T3

Asp Gly Thr Val Phe Asp Ser Ser Tyr Asp Arg Gly Glu Pro Ile Glu
 165 170 175
 Phe Gln Leu Asn Gln Leu Ile Pro Gly Trp Ile Glu Ala Ile Pro Met
 180 185 190
 Leu Lys Lys Gly Gly Lys Met Glu Ile Val Val Pro Pro Glu Leu Gly
 195 200 205
 Tyr Gly Glu Arg Gln Ala Gly Lys Ile Pro Ala Ser Ser Thr Leu Lys
 210 215 220
 Phe Glu Ile Glu Leu Leu Asp Phe Lys Ala Ala Glu Ala Lys Lys
 225 230 235

15 <210> 144
 <211> 290
 <212> DNA
 20 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*
 <220>
 <223> HI0379
 25 <220>
 <221> CDS
 30 <222> (3)..(287)
 <400> 144

tg cat agc gtg aga ggt ccg ggc ggc ggt tat caa ctc ggt aag caa 47
 His Ser Val Arg Gly Pro Gly Gly Tyr Gln Leu Gly Lys Gln
 1 5 10 15
 cct gaa gag att agt gtg ggg atg att att gcg gcg gtg aat gaa aat 95
 Pro Glu Glu Ile Ser Val Gly Met Ile Ile Ala Ala Val Asn Glu Asn
 20 25 30
 ctc gac gta acc aaa tgt aaa ggt agc ggc aac tgt agc aaa aac tct 143
 Leu Asp Val Thr Lys Cys Lys Gly Ser Gly Asn Cys Ser Lys Asn Ser
 35 40 45
 cag tgc tta acc cat cat tta tgg gaa cgt tta gaa gaa caa atc ggt 191
 Gln Cys Leu Thr His His Leu Trp Glu Arg Leu Glu Glu Gln Ile Gly
 50 55 60
 gtg ttt tta aat acg att act tta gcg gaa ctt gtt gaa gaa cat tcg 239
 Val Phe Leu Asn Thr Ile Thr Leu Ala Glu Leu Val Glu Glu His Ser
 65 70 75
 gat cac gat tgt gaa aaa gaa cat tgc cac gat cat tca cac aaa cat 287
 Asp His Asp Cys Glu Lys Glu His Cys His Asp His Ser His Lys His
 80 85 90 95
 55 taa 290

<210> 145
 60 <211> 95
 <212> PRT
 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

65

ES 2 362 041 T3

<400> 145

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

20 <210> 146

<211> 273

<212> DNA

25 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> hupA

30

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(270)

35

<400> 146

40 atg aac aaa act gag tta atc gat gca atc gca gct ggt gca gag tta 48
 Met Asn Lys Thr Glu Leu Ile Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Glu Leu
 1 5 10 15
 agc aag aaa gac gcg aaa gcg gca tta gaa gcg act tta aat gcg atc 96
 Ser Lys Lys Asp Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ala Thr Leu Asn Ala Ile
 20 25 30
 45 tct gaa agc cta aaa aat ggc gac acc gtt cag tta atc ggc ttc ggt 144
 Ser Glu Ser Leu Lys Asn Gly Asp Thr Val Gln Leu Ile Gly Phe Gly
 35 40 45
 act ttt aaa gta aac gag cgt aat gca cgt acg ggt cgt aac ccg cgt 192
 Thr Phe Lys Val Asn Glu Arg Asn Ala Arg Thr Gly Arg Asn Pro Arg
 50 55 60
 acc ggc gaa gaa atc aaa atc gca gca tct aaa gtg ccg gcg ttt gtt 240
 Thr Gly Glu Glu Ile Lys Ile Ala Ala Ser Lys Val Pro Ala Phe Val
 65 70 75 80
 55 gca ggt aaa gca tta aaa gat tta gta aaa taa 273
 Ala Gly Lys Ala Leu Lys Asp Leu Val Lys
 85 90

60 <210> 345

<211> 90

<212> PRT

65 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

ES 2 362 041 T3

<400> 147

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

20 <210> 148

<211> 551

<212> DNA

25 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> lpdA

30 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(549)

35 <400> 148

40 atg agc aaa gaa atc aaa acg caa gtc gtg gta ctt ggt gcg ggt cct 48
 Met Ser Lys Glu Ile Lys Thr Gln Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro
 1 5 10 15
 gcc ggt tat tca gcg gca ttc cgt tgt gcc gac tta ggc tta gaa aca 96
 Ala Gly Tyr Ser Ala Ala Phe Arg Cys Ala Asp Leu Gly Leu Glu Thr
 20 25 30
 45 gta att gtc gaa cgt tat tca act ttg ggc ggt gta tgc tta aac gta 144
 Val Ile Val Glu Arg Tyr Ser Thr Leu Gly Gly Val Cys Leu Asn Val
 35 40 45
 ggt tgt att ccg tct aaa gca tta tta cac gtt gca aaa gtt atc gaa 192
 Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Leu His Val Ala Lys Val Ile Glu
 50 55 60
 gaa gca aaa cac gca gag aaa sac ggt att act ttc ggt gag ccc aac 240
 Glu Ala Lys His Ala Glu Lys Asn Gly Ile Thr Phe Gly Glu Pro Asn
 65 70 75 80
 55 att gat tta gat aaa gtg cgt gcg ggt aaa gaa gcg gtt gtt tct aaa 288
 Ile Asp Leu Asp Lys Val Arg Ala Gly Lys Glu Ala Val Val Ser Lys
 85 90 95
 60 tta acc ggc ggt tta gcg ggt atg gct aaa gca cgt aaa gta aca gta 336
 Leu Thr Gly Gly Leu Ala Gly Met Ala Lys Ala Arg Lys Val Thr Val
 100 105 110
 65 gtg gaa ggt tta gcg gcg ttt acc gat ccg aat act tta gta gct cgt 384
 Val Glu Gly Leu Ala Ala Phe Thr Asp Pro Asn Thr Leu Val Ala Arg
 115 120 125

ES 2 362 041 T3

```

gac cgt gac ggt aat ccg aca acg att aaa ttt gat tat gca att att 432
Asp Arg Asp Gly Asn Pro Thr Thr Ile Lys Phe Asp Tyr Ala Ile Ile
    130                135                140

gca gcc ggt tct cgt ccg att cag ctt cgg ttc att cca cac gaa gat 480
Ala Ala Gly Ser Arg Pro Ile Gln Leu Pro Phe Ile Pro His Glu Asp
    145                150                155                160

ccg cgt gtg tgg gat tct acg gat gca ctt aaa tta aaa gaa gta ccc 528
Pro Arg Val Trp Asp Ser Thr Asp Ala Leu Lys Leu Lys Glu Val Pro
                165                170                175

gaa aaa att act cat tat ggg cc 551
Glu Lys Ile Thr His Tyr Gly
                180

```

<210> 149

<211> 183

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<400> 149

```

Met Ser Lys Glu Ile Lys Thr Gln Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro
 1                5                10                15

Ala Gly Tyr Ser Ala Ala Phe Arg Cys Ala Asp Leu Gly Leu Glu Thr
                20                25                30

Val Ile Val Glu Arg Tyr Ser Thr Leu Gly Gly Val Cys Leu Asn Val
                35                40                45

Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Leu His Val Ala Lys Val Ile Glu
 50                55                60

Glu Ala Lys His Ala Glu Lys Asn Gly Ile Thr Phe Gly Glu Pro Asn
 65                70                75                80

Ile Asp Leu Asp Lys Val Arg Ala Gly Lys Glu Ala Val Val Ser Lys
                85                90                95

Leu Thr Gly Gly Leu Ala Gly Met Ala Lys Ala Arg Lys Val Thr Val
                100                105                110

Val Glu Gly Leu Ala Ala Phe Thr Asp Pro Asn Thr Leu Val Ala Arg
 115                120                125

Asp Arg Asp Gly Asn Pro Thr Thr Ile Lys Phe Asp Tyr Ala Ile Ile
 130                135                140

Ala Ala Gly Ser Arg Pro Ile Gln Leu Pro Phe Ile Pro His Glu Asp
 145                150                155                160

Pro Arg Val Trp Asp Ser Thr Asp Ala Leu Lys Leu Lys Glu Val Pro
                165                170                175

Glu Lys Ile Thr His Tyr Gly
                180

```

<210> 150

<211> 1095

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> Omp5-2

ES 2 362 041 T3

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1092)

5

<400> 150

10	atg aaa aaa tca tta gtt gct tta aca gta tta tcg gct gca gcg gta	48
	Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val	
	1 5 10 15	
15	gct caa gca gcg cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gca	96
	Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala	
	20 25 30	
20	ggt tgg gcg tca ttc cat gat ggt atc gaa caa tta gat tca gct aaa	144
	Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys	
	35 40 45	
25	aac aca gat cgc ggt aca aaa tac ggt atc aac cgt aat tca gta act	192
	Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr	
	50 55 60	
30	tac ggc gta ttc ggc ggt tac caa att tta aac caa gac aaa tta ggt	240
	Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly	
	65 70 75 80	
35	tta gcg gct gaa tta ggt tat gac tat ttc ggt cgt gtg cgc ggt tct	288
	Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser	
	85 90 95	
40	gaa aaa cca aac ggt aaa gcg gac aag aaa act ttc cgt cac gct gca	336
	Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala	
	100 105 110	
45	cac ggt gcg aca atc gca tta aaa cct agc tac gaa gta tta cct gac	384
	His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp	
	115 120 125	
50	tta gac gtt tac ggt aaa gta ggt atc gca tta gta aac aat aca tat	432
	Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr	
	130 135 140	
55	aaa aca ttc aat gca gca caa gag aaa gtg aaa act cgt cgt ttc caa	480
	Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln	
	145 150 155 160	
60	agt tct tta att tta ggt gcg ggt gtt gag tac gca att ctt cct gaa	528
	Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu	
	165 170 175	
65	tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tgg tta aac aac gca ggt aaa gca	576
	Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala	
	180 185 190	
70	agc tac tct act tta aat cgt atg ggt gca act gac tac cgt tcg gat	624
	Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp	
	195 200 205	

ES 2 362 041 T3

atc agt tcc gta tct gca ggt tta agc tac cgt ttc ggt caa ggt gcg 672
 Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala
 210 215 220
 5 gca ccg gtt gca gct ccg gca gtt gaa act aaa aac ttc gca ttc agc 720
 Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser
 225 230 235 240
 10 tct gac gta tta ttc gca ttc ggt aaa tca aac tta aaa ccg gct gcg 768
 Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala
 245 250 255
 15 gca aca gca tta gat gca atg caa acc gaa atc aat aac gca ggt tta 816
 Ala Thr Ala Ala Phe Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu
 260 265 270
 20 tca aat gct gcg atc caa gta aac ggt tac acg gac cgt atc ggt aaa 864
 Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr Asp Arg Ile Gly Lys
 275 280 285
 25 gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgt cgt gcg gaa aca gta gct 912
 Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg Ala Glu Thr Val Ala
 290 295 300
 30 aac tac atc gtt tct aaa ggt gct ccg gca gct aac gta act gca gta 960
 Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly Ala Pro Ala Ala Asn Val Thr Ala Val
 305 310 315 320
 35 ggt tac ggt gaa gca aac cct gta acc ggc gca aca tgt gac aaa gtt 1008
 Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala Thr Cys Asp Lys Val
 325 330 335
 40 aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca ccg gat cgt cgt gtt 1056
 Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala Pro Asp Arg Arg Val
 340 345 350
 45 gaa gtt caa gtt caa ggt act aaa gaa gta act atg taa 1095
 Glu Val Gln Val Gln Gly Thr Lys Glu Val Thr Met
 355 360

<210> 151

40 <211> 364

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

45 <400> 151

Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
 1 5 10 15
 50 Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
 20 25 30
 Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
 35 40 45
 55 Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
 50 55 60
 60 Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
 65 70 75 80
 Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser

65

ES 2 362 041 T3

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

50 <210> 152
 <211> 1110
 <212> DNA
 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

55 <220>
 <223> Omp5

60 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1107)

65

ES 2 362 041 T3

<400> 152

5	atg aaa aaa tca tta gtt gct tta gca gta tta tca gct gca gca gta 40 Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Ala Val Leu Ser Ala Ala Ala Val 1 5 10 15
10	gct caa gca gct cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gtt 96 Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Val 20 25 30
15	ggt caa tca tca ttt cac cac ggt gtt aac caa tta aaa tct ggt cac 144 Gly Gln Ser Ser Phe His His Gly Val Asn Gln Leu Lys Ser Gly His 35 40 45
20	gat gat cgt tat aat gat aaa aca cgt aag tat ggt atc aac cgt aac 192 Asp Asp Arg Tyr Asn Asp Lys Thr Arg Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn 50 55 60
25	tct gta act tac ggt gta ttc ggc ggt tac caa atc tta aac caa aat 240 Ser Val Thr Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asn 65 70 75 80
30	aac ttc ggt tta gca gct gaa tta ggc tat gac tac tac ggt gcg gta 288 Asn Phe Gly Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Tyr Gly Arg Val 85 90 95
35	cgt ggt aac gta gat gaa ttc cgt aca gtt aaa cac tct gct cac ggt 336 Arg Gly Asn Val Asp Glu Phe Arg Thr Val Lys His Ser Ala His Gly 100 105 110
40	tta aac tta gcg tta aaa cca agc tac gaa gta tta cct gac tta gac 384 Leu Asn Leu Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp Leu Asp 115 120 125
45	gtt tac ggt aaa gta ggt att gcg gtt gtt cgt aat gac tat aaa aaa 432 Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Val Val Arg Asn Asp Tyr Lys Lys 130 135 140
50	tat ggt gcg gaa aac act aac gaa tca aca aca aaa ttc cac aaa tta 480 Tyr Gly Ala Glu Asn Thr Asn Glu Ser Thr Thr Lys Phe His Lys Leu 145 150 155 160
55	aaa gca tca act att tta ggt gca ggt gtt gag tac gca att ctt cct 528 Lys Ala Ser Thr Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro 165 170 175
60	gaa tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tac tta aac aca gcg ggt aac 576 Glu Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Tyr Leu Asn Lys Ala Gly Asn 180 185 190
65	tta aat aaa gca tta gtt cgt tca ggc aca caa gat gtg gac ttc caa 624 Leu Asn Lys Ala Leu Val Arg Ser Gly Thr Gln Asp Val Asp Phe Gln 195 200 205
70	tat gct cct gat atc cac tct gta aca gca ggt tta tca tac cgt ttc 672 Tyr Ala Pro Asp Ile His Ser Val Thr Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe 210 215 220
75	ggt caa ggc gct gta gca cca gtt gtt gag cca gaa gtt gta act aaa 720 Gly Gln Gly Ala Val Ala Pro Val Val Glu Pro Glu Val Val Thr Lys 225 230 235 240

ES 2 362 041 T3

aac ttc gca ttc agc tca gac gtt tta ttt gat ttc ggt aaa tca agc 768
 Asn Phe Ala Phe Ser Ser Asp Val Leu Phe Asp Phe Gly Lys Ser Ser
 245 250 255
 5 tta aaa cca gca gca gca sca gct tta gac gca gct aac act gas atc 816
 Leu Lys Pro Ala Ala Ala Thr Ala Leu Asp Ala Ala Asn Thr Glu Ile
 260 265 270
 10 gct aac tta ggt tta gca act cca gct atc caa gtt aac ggt tat aca 864
 Ala Asn Leu Gly Leu Ala Thr Pro Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr
 275 280 285
 15 gac cgt atc ggt aaa gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgc cgt 912
 Asp Arg Ile Gly Lys Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg
 290 295 300
 20 gca gaa act gta gct aac tac tta gtt tct aaa ggt caa aac cct gca 960
 Ala Glu Thr Val Ala Val Asn Tyr Leu Val Ser Lys Gly Gln Asn Pro Ala
 305 310 315 320
 25 aac gta act gca gta ggt tac ggt gaa gca aac cca gta acc ggc gca 1008
 Asn Val Thr Ala Val Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala
 325 330 335
 30 aca tgt gat gca gtt aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca 1056
 Thr Cys Asp Ala Val Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala
 340 345 350
 35 ccg gat cgt cgt gtt gaa gtt caa gta caa ggt gct aaa aac gta gct 1104
 Pro Asp Arg Arg Val Glu Val Gln Val Gln Gly Ala Lys Asn Val Ala
 355 360 365
 40 atg taa 1110
 Met

35 <210> 153

<211> 369

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

40 <400> 153

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

ES 2 362 041 T3

<400> 154

5	aat att aaa gaa ttc gta aaa gaa gcg ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg	48
	Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp	
	1 5 10 15	
10	gtt gcg ccg gaa ccg aat acc gca tta atc aac caa gtt aaa gcg tta	96
	Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu	
	20 25 30	
15	gcg gaa gcg cgt atc ggc gat ccg tat cgt att aca gaa aaa caa gcg	144
	Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala	
	35 40 45	
20	cgt tac gaa caa atc gat gca att aaa gcg gat gtt atc gca caa tta	192
	Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu	
	50 55 60	
25	acc gca caa gac gaa acc gtt tct gaa ggt gcg att att gat att att	240
	Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile	
	65 70 75 80	
30	acc gca tta gaa agt tct att gtt cgc ggt cgt att att gcc ggc gaa	288
	Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu	
	85 90 95	
35	ccg cgt att gac ggt cgt acg gta gat acg gtt cgt gca tta gac att	336
	Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile	
	100 105 110	
40	tgc acc ggc gta tta cct cgt acg cac ggt tct gca atc ttt act cgc	384
	Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg	
	115 120 125	
45	ggt gaa aca caa gca tta gcg gtt gca acc tta ggt act gag cgc gat	432
	Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp	
	130 135 140	
50	gca caa att gtt gac gaa tta acc ggc gag aaa tca gac cgt ttc tta	480
	Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu	
	145 150 155 160	
55	ttc cac tat aac ttc cct ccg tac tct gtc ggt gaa acc ggt cgt atc	528
	Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile	
	165 170 175	
60	ggt tcg ccg aaa cgt cgt gaa atc ggc cac ggt cgt tta gcg aaa cgc	576
	Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg	
	180 185 190	
65	ggt gta tta gcg gta atg ccg act gct gaa gaa ttc ccg tat gta gtg	624
	Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val	
	195 200 205	
70	cgc gta gta tct gaa att acc gaa tca aac ggt tct tct tca atg gct	672
	Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala	
	210 215 220	
75	tcc gta tgc ggc gca tct tta gcg tta atg gac gca ggc gta ccg att	720
	Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile	
	225 230 235 240	
80	aaa gcg gcg gtt gcg ggt atc gca atg ggc tta gtg aaa gaa gaa gaa	768
	Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Glu Glu	

ES 2 362 041 T3

5
 10
 15
 20
 25

```

          245              250              255
aaa ttt gtg gtg ctt tca gac atc tta ggt gac gaa gac cat tta ggc 816
Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly
          260              265              270

gat atg gac ttc aaa gta gcc ggt acg cgt gaa ggt gta acc gca ctt 864
Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu
          275              280              285

caa atg gat att aaa atc gaa ggt atc acg cct gaa att atg caa atc 912
Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile
          290              295              300

gca tta aat caa gcg aaa ggt gcg cgt atg cac atc tta agc gtg atg 960
Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met
          305              310              315

gaa caa gcg att cct gca cct cgt gcc gat att tcc gat ttt gcg cct 1008
Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro
          325              330              335

cgt att cat acg atg aag atc gat ccg aag aaa atc aaa gac gtg atc 1056
Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile
          340              345              350

ggt aaa ggc ggt gcg gtt at 1076
Gly Lys Gly Gly Ala Val
          355
  
```

<210> 155

30 <211> 358

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

35 <400> 155

40
 45
 50
 55
 60
 65

```

Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp
  1          5          10          15

Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu
          20          25          30

Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala
          35          40          45

Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu
          50          55          60

Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile
          65          70          75          80

Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu
          85          90          95

Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile
          100         105         110

Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg
          115         120         125

Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp
  
```

ES 2 362 041 T3

```

      130              135              140
Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu
145      150      155
5
Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile
      165      170      175
10
Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg
      180      185      190
Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val
      195      200      205
15
Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala
      210      215      220
Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile
      225      230      235      240
20
Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Glu Glu
      245      250      255
Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly
      260      265      270
25
Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu
      275      280      285
Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile
      290      295      300
30
Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met
      305      310      315      320
Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro
      325      330      335
35
Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile
      340      345      350
Gly Lys Gly Gly Ala Val
      355

```

```

40
<210> 156
<211> 1055
<212> DNA
45
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<220>
50
<223> potD
<220>
<221> CDS
55
<222> (1)..(1053)
<400> 156

```

```

60
atg aaa aaa tta gcg ggt tta ttt gca gca ggt tta gcg aca gtt gca 48
Met Lys Lys Leu Ala Gly Leu Phe Ala Ala Gly Leu Ala Thr Val Ala
  1          5          10          15
65
tta aca gcg tgt aat gaa gaa aag cca aaa gcg gct gaa gca gcg gct 96

```

ES 2 362 041 T3

	Leu Thr Ala Cys Asn Glu Glu Lys Pro Lys Ala Ala Glu Ala Ala Ala	
		20 25 30
5	caa ccg gca gca gcg gga aca gtt cac ctt tat act tgg act gaa tat Gln Pro Ala Ala Ala Gly Thr Val His Leu Tyr Thr Trp Thr Glu Tyr	144
		35 40 45
10	gtg cct gaa ggc ttg tta gat gaa ttt aca aag caa acc ggt atc aaa Val Pro Glu Gly Leu Leu Asp Glu Phe Thr Lys Gln Thr Gly Ile Lys	192
		50 55 60
15	gta gag gtt tca agc ctt gaa tct aac gaa acc atg tat gcg aaa tta Val Glu Val Ser Ser Leu Glu Ser Asn Glu Thr Met Tyr Ala Lys Leu	240
		65 70 75 80
20	aaa tta caa ggt aaa gac ggc ggt tac gat gtt atc gca cct tct aac Lys Leu Gln Gly Lys Asp Gly Gly Tyr Asp Val Ile Ala Pro Ser Asn	288
		85 90 95
25	tac ttc gtt tca aaa atg gcg aaa gaa ggt atg tta gcg gaa tta gat Tyr Phe Val Ser Lys Met Ala Lys Glu Gly Met Leu Ala Glu Leu Asp	336
		100 105 110
30	cac gca aaa ctt cct gta atc aaa gag tta aac caa gat tgg tta aac His Ala Lys Leu Pro Val Ile Lys Glu Leu Asn Gln Asp Trp Leu Asn	384
		115 120 125
35	aaa cct tat gac caa ggt aac aaa tac tct tta ccg caa tta tta ggt Lys Pro Tyr Asp Gln Gly Asn Lys Tyr Ser Leu Pro Gln Leu Leu Gly	432
		130 135 140
40	gca ccg ggt atc gca ttt aac tca aat gac tat aag ggc gat gcg ttc Ala Pro Gly Ile Ala Phe Asn Ser Asn Asp Tyr Lys Gly Asp Ala Phe	480
		145 150 155 160
45	act tct tgg ggt gat tta tgg aaa cct gag ttt gcg aat aaa gta caa Thr Ser Trp Gly Asp Leu Trp Lys Pro Glu Phe Ala Asn Lys Val Gln	528
		165 170 175
50	tta tta gat gac gca cgt gaa gta ttt aac att gcg tta tta aaa tta Leu Leu Asp Asp Ala Arg Glu Val Phe Asn Ile Ala Leu Leu Lys Leu	576
		180 185 190
55	ggt aaa aac cct aat aca acc aat ccg gaa gag att aaa gcg gct tac Gly Lys Asn Pro Asn Thr Thr Asn Pro Glu Glu Ile Lys Ala Ala Tyr	624
		195 200 205
60	gaa gag tta aga aaa tta cgt cca aac gta ctt tct ttc act tca gac Glu Glu Leu Arg Lys Leu Arg Pro Asn Val Leu Ser Phe Thr Ser Asp	672
		210 215 220
65	aac cca gcg aac tca ttt atc gca ggt gaa gta tct gta ggt caa tta Asn Pro Ala Asn Ser Phe Ile Ala Gly Glu Val Ser Val Gly Gln Leu	720
		225 230 235 240
70	tgg aac ggt tct gta cgt att gcg aaa aaa gaa caa gcg ccg gta aac Trp Asn Gly Ser Val Arg Ile Ala Lys Lys Glu Gln Ala Pro Val Asn	768
		245 250 255
75	atg gtg ttc cca aaa gaa ggt cct gta ctt tgg gtt gat acg tta gcc Met Val Phe Pro Lys Glu Gly Pro Val Leu Trp Val Asp Thr Leu Ala	816

ES 2 362 041 T3

```

                260                265                270
att ccg gcg aat gcg aaa aac aaa gaa aat gcg cat aag tta atc aac      864
Ile Pro Ala Asn Ala Lys Asn Lys Glu Asn Ala His Lys Leu Ile Asn
                275                280                285

tac tta tta agc gca ccg gtt gcg gaa aaa tta acg tta gaa atc ggt      912
Tyr Leu Leu Ser Ala Pro Val Ala Glu Lys Leu Thr Leu Glu Ile Gly
                290                295                300

tat ccg act tca aac gta gaa gcg tta aaa aca tta cca aaa gag att      960
Tyr Pro Thr Ser Asn Val Glu Ala Leu Lys Thr Leu Pro Lys Glu Ile
                305                310                315                320

acc gaa gat ccg gca atc tat ccg aca gct gat gtg tta aaa gcg gca      1008
Thr Glu Asp Pro Ala Ile Tyr Pro Thr Ala Asp Val Leu Lys Ala Ala
                325                330                335

caa tgg caa gac gat gta ggt aat gca atc gaa ctt tac gaa aaa ta      1055
Gln Trp Gln Asp Asp Val Gly Asn Ala Ile Glu Leu Tyr Glu Lys
                340                345                350

```

<210> 157

<211> 351

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<400> 157

```

Met Lys Lys Leu Ala Gly Leu Phe Ala Ala Gly Leu Ala Thr Val Ala
  1                    5                    10                    15
35  Leu Thr Ala Cys Asn Glu Glu Lys Pro Lys Ala Ala Glu Ala Ala Ala
                20                    25                    30

Gln Pro Ala Ala Ala Gly Thr Val His Leu Tyr Thr Trp Thr Glu Tyr
                35                    40                    45

Val Pro Glu Gly Leu Leu Asp Glu Phe Thr Lys Gln Thr Gly Ile Lys
                50                    55                    60

Val Glu Val Ser Ser Leu Glu Ser Asn Glu Thr Met Tyr Ala Lys Leu
                65                    70                    75                    80

Lys Leu Gln Gly Lys Asp Gly Gly Tyr Asp Val Ile Ala Pro Ser Asn
                85                    90                    95

Tyr Phe Val Ser Lys Met Ala Lys Glu Gly Met Leu Ala Glu Leu Asp
                100                   105                   110

His Ala Lys Leu Pro Val Ile Lys Glu Leu Asn Gln Asp Trp Leu Asn
                115                   120                   125

Lys Pro Tyr Asp Gln Gly Asn Lys Tyr Ser Leu Pro Gln Leu Leu Gly
                130                   135                   140

Ala Pro Gly Ile Ala Phe Asn Ser Asn Asp Tyr Lys Gly Asp Ala Phe
                145                   150                   155                   160

Thr Ser Trp Gly Asp Leu Trp Lys Pro Glu Phe Ala Asn Lys Val Gln
                165                   170                   175

Leu Leu Asp Asp Ala Arg Glu Val Phe Asn Ile Ala Leu Leu Lys Leu

```

ES 2 362 041 T3

				180						185					190			
	Gly	Lys	Asn	Pro	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Glu	Glu	Ile	Lys	Ala	Ala	Tyr		
			195					200					205					
5	Glu	Glu	Leu	Arg	Lys	Leu	Arg	Pro	Asn	Val	Leu	Ser	Phe	Thr	Ser	Asp		
		210					215					220						
	Asn	Pro	Ala	Asn	Ser	Phe	Ile	Ala	Gly	Glu	Val	Ser	Val	Gly	Gln	Leu		
10		225				230					235					240		
	Trp	Asn	Gly	Ser	Val	Arg	Ile	Ala	Lys	Lys	Glu	Gln	Ala	Pro	Val	Asn		
				245						250					255			
	Met	Val	Phe	Pro	Lys	Glu	Gly	Pro	Val	Leu	Trp	Val	Asp	Thr	Leu	Ala		
15				260					265					270				
	Ile	Pro	Ala	Asn	Ala	Lys	Asn	Lys	Glu	Asn	Ala	His	Lys	Leu	Ile	Asn		
		275						280					285					
	Tyr	Leu	Leu	Ser	Ala	Pro	Val	Ala	Glu	Lys	Leu	Thr	Leu	Glu	Ile	Gly		
20		290					295					300						
	Tyr	Pro	Thr	Ser	Asn	Val	Glu	Ala	Leu	Lys	Thr	Leu	Pro	Lys	Glu	Ile		
		305				310					315				320			
	Thr	Glu	Asp	Pro	Ala	Ile	Tyr	Pro	Thr	Ala	Asp	Val	Leu	Lys	Ala	Ala		
25				325						330					335			
	Gln	Trp	Gln	Asp	Asp	Val	Gly	Asn	Ala	Ile	Glu	Leu	Tyr	Glu	Lys			
				340					345					350				
30																		

<210> 158

<211> 525

35 <212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

40 <223> rpmF

<220>

<221> CDS

45 <222> (1)..(522)

<400> 158

50	atg	caa	aag	gta	aaa	cta	ccc	ctc	acc	att	gac	cca	tat	aaa	gac	gct	48
	Met	Gln	Lys	Val	Lys	Leu	Pro	Leu	Thr	Ile	Asp	Pro	Tyr	Lys	Asp	Ala	
	1				5					10					15		
	cag	cgt	cga	atg	gat	tac	gaa	ggc	tac	atc	tca	cgt	agt	ctg	ctt	aat	96
55	Gln	Arg	Arg	Met	Asp	Tyr	Glu	Gly	Tyr	Ile	Ser	Arg	Ser	Leu	Leu	Asn	
			20						25					30			
	cgt	ttg	ggg	gaa	tct	gtg	agc	aat	gtg	cta	agc	gat	gca	caa	gtt	act	144
	Arg	Leu	Gly	Glu	Ser	Val	Ser	Asn	Val	Leu	Ser	Asp	Ala	Gln	Val	Thr	
60			35					40					45				
	ctc	tcg	tta	tat	atc	gat	ccg	caa	cgc	tta	acc	gtt	att	aaa	ggg	acg	192
	Leu	Ser	Leu	Tyr	Ile	Asp	Pro	Gln	Arg	Leu	Thr	Val	Ile	Lys	Gly	Thr	
		50					55					60					
65	gcg	aca	gtg	gaa	gtg	gaa	ttc	gat	tgc	caa	cga	tgc	ggg	aac	ccg	ttt	240

ES 2 362 041 T3

Ala Thr Val Glu Val Glu Phe Asp Cys Gln Arg Cys Gly Asn Pro Phe
 65 70 75 80

5 aca caa acg ctt gac tgt tgc ttt tgt ttc agt ccg gtg tcc aat atg 288
 Thr Gln Thr Leu Asp Cys Ser Phe Cys Phe Ser Pro Val Ser Asn Met
 85 90 95

10 gat cag gcg gac aat ttg ccc gaa att tat gaa cca atc gaa gta aac 336
 Asp Gln Ala Asp Asn Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Pro Ile Glu Val Asn
 100 105 110

15 gag ttc ggt gaa gta aat tta cta gat atg atc gaa gat gga ttt atc 384
 Glu Phe Gly Glu Val Asn Leu Leu Asp Met Ile Glu Asp Gly Phe Ile
 115 120 125

20 atc gaa ttg cct cta gtc ccg atg cat agt gaa gaa cac tgt gaa gtg 432
 Ile Glu Leu Pro Leu Val Phe Met His Ser Glu Glu His Cys Glu Val
 130 135 140

25 tcc gtg agt gaa cag gtg ttt ggc gaa ttg cct gaa gaa ttg gcg aaa 480
 Ser Val Ser Glu Gln Val Phe Gly Glu Leu Pro Glu Glu Leu Ala Lys
 145 150 155 160

30 aaa cct aac ccg ttc gct gta tta gct aat tta aag aaa aac tag 525
 Lys Pro Asn Pro Phe Ala Val Leu Ala Asn Leu Lys Lys Asn
 165 170

25 <210> 159
 <211> 174
 <212> PRT
 30 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*
 <400> 159

35 Met Gln Lys Val Lys Leu Pro Leu Thr Ile Asp Pro Tyr Lys Asp Ala
 1 5 10 15

Gln Arg Arg Met Asp Tyr Glu Gly Tyr Ile Ser Arg Ser Leu Leu Asn
 20 25 30

40 Arg Leu Gly Glu Ser Val Ser Asn Val Leu Ser Asp Ala Gln Val Thr
 35 40 45

Leu Ser Leu Tyr Ile Asp Pro Gln Arg Leu Thr Val Ile Lys Gly Thr
 50 55 60

45 Ala Thr Val Glu Val Glu Phe Asp Cys Gln Arg Cys Gly Asn Pro Phe
 65 70 75 80

Thr Gln Thr Leu Asp Cys Ser Phe Cys Phe Ser Pro Val Ser Asn Met
 85 90 95

50 Asp Gln Ala Asp Asn Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Pro Ile Glu Val Asn
 100 105 110

Glu Phe Gly Glu Val Asn Leu Leu Asp Met Ile Glu Asp Gly Phe Ile
 115 120 125

55 Ile Glu Leu Pro Leu Val Pro Met His Ser Glu Glu His Cys Glu Val
 130 135 140

Ser Val Ser Glu Gln Val Phe Gly Glu Leu Pro Glu Glu Leu Ala Lys
 145 150 155 160

60 Lys Pro Asn Pro Phe Ala Val Leu Ala Asn Leu Lys Lys Asn
 165 170

<210> 160
 <211> 1302
 <212> DNA
 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

ES 2 362 041 T3

<220>

<223> tig

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(1299)

10 <400> 160

```

    atg tca att tct att gaa act tta gaa ggc tta caa cgc cgc gta act   48
    Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
      1             5             10             15
15    att acc gta gct gct gat aaa atc gaa gcg gct tac aaa gag caa tta   96
    Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
              20             25             30
20    aaa ggc tat gcg aaa aac gct cgt gta gac ggt ttc cgt aaa ggt aaa   144
    Lys Gly Tyr Ala Lys Asn Ala Arg Val Asp Gly Phe Arg Lys Gly Lys
              35             40             45
25    gta ccg cac gca att atc gaa caa cgt ttc ggt tta gcg gct cgc caa   192
    Val Pro His Ala Ile Ile Glu Gln Arg Phe Gly Leu Ala Ala Arg Gln
              50             55             60
30    gac gta tta tcc gat gaa atg caa cgt gcg ttc ttt gat gcg gta atc   240
    Asp Val Leu Ser Asp Glu Met Gln Arg Ala Phe Phe Asp Ala Val Ile
      65             70             75             80
35    gct gag aaa att aac ctt gcc ggt cgt cct acc ttc aca ccg aac aac   288
    Ala Glu Lys Ile Asn Leu Ala Gly Arg Pro Thr Phe Thr Pro Asn Asn
              85             90             95
40    tac caa ccg agt caa gaa ttc agc ttc act gca act ttt gaa gta ttc   336
    Tyr Gln Pro Ser Gln Glu Phe Ser Phe Thr Ala Thr Phe Glu Val Phe
              100            105            110
45    ccg gaa gtt gaa tta aaa ggc tta gaa aat atc gaa gtt gaa aaa ccg   384
    Pro Glu Val Glu Leu Lys Gly Leu Glu Asn Ile Glu Val Glu Lys Pro
              115            120            125
50    gtt gta gaa atc aca gaa gct gat tta gac aaa atg atc gat gtg tta   432
    Val Val Glu Ile Thr Glu Ala Asp Leu Asp Lys Met Ile Asp Val Leu
      130             135             140
55    cgt aaa caa caa gcg act tgg gct gaa tct caa gca gcg gca caa gcg   480
    Arg Lys Gln Gln Ala Thr Trp Ala Glu Ser Gln Ala Ala Ala Gln Ala
      145             150             155             160
60    gaa gac cgt gtt gta atc gac ttc gta ggt tct gta gac ggt gaa gag   528
    Glu Asp Arg Val Val Ile Asp Phe Val Gly Ser Val Asp Gly Glu Glu
              165             170             175
65    ttt gaa ggc ggt aaa gcg aca gac ttc act tta gca atg ggt caa agt   576
    Phe Glu Gly Gly Lys Ala Thr Asp Phe Thr Leu Ala Met Gly Gln Ser

```

ES 2 362 041 T3

	180	185	190	
5	cgt atg atc cct ggt ttt gaa gaa ggt atc gtt ggt cac aaa gcc ggc Arg Met Ile Pro Gly Phe Glu Glu Gly Ile Val Gly His Lys Ala Gly	200	205	624
	195			
	gaa caa ttc gat atc gat gtt act ttc cct gaa gaa tac cac gct gaa Glu Gln Phe Asp Ile Asp Val Thr Phe Pro Glu Glu Tyr His Ala Glu	215	220	672
	210			
10	aac tta aaa ggt aaa gcg gcg aaa ttc gca att aca ctt aag aaa gta Asn Leu Lys Gly Lys Ala Ala Lys Phe Ala Ile Thr Leu Lys Lys Val	230	235	720
	225		240	
15	gaa aat atc gta tta cct gaa tta acc gaa gaa ttc gtg aaa aaa ttc Glu Asn Ile Val Leu Pro Glu Leu Thr Glu Glu Phe Val Lys Lys Phe	245	250	768
			255	
20	ggt tca gca aaa act gta gaa gat tta cgt gcg gaa att aag aaa aat Gly Ser Ala Lys Thr Val Glu Asp Leu Arg Ala Glu Ile Lys Lys Asn	260	265	816
			270	
25	atg caa cgt gaa ctt aaa aac gca gta acc gca cgc gtt aaa aac caa Met Gln Arg Glu Leu Lys Asn Ala Val Thr Ala Arg Val Lys Asn Gln	275	280	864
			285	
30	gta atc aac ggt tta atc gca caa aat gaa att gaa gtg ccg gct gca Val Ile Asn Gly Leu Ile Ala Gln Asn Glu Ile Glu Val Pro Ala Ala	290	295	912
			300	
35	gcg gta gcg gaa gaa gtg gac gta tta cgt cgt caa gcg gtt caa cgt Ala Val Ala Glu Glu Val Asp Val Leu Arg Arg Gln Ala Val Gln Arg	305	310	960
			315	320
40	ttc ggt ggt aaa ccg gaa atg gct gca caa tta ccg gcg gaa tta ttc Phe Gly Gly Lys Pro Glu Met Ala Ala Gln Leu Pro Ala Glu Leu Phe	325	330	1008
			335	
45	gaa gcg gat gca aaa cgt cgt gtt caa gta ggt tta tta ctt tca acc Glu Ala Asp Ala Lys Arg Arg Val Gln Val Gly Leu Leu Leu Ser Thr	340	345	1056
			350	
50	gta atc ggt act aac gaa tta aaa gtt gat gaa aaa cgt gtt gaa gaa Val Ile Gly Thr Asn Glu Leu Lys Val Asp Glu Lys Arg Val Glu Glu	355	360	1104
			365	
55	acg att gca gaa atc gct tca gct tac gaa caa ccg gcg gaa gtt gtt Thr Ile Ala Glu Ile Ala Ser Ala Tyr Glu Gln Pro Ala Glu Val Val	370	375	1152
			380	
60	gct cat tat gcg aaa aac cgt caa tta acc gaa aat atc cgt aac gta Ala His Tyr Ala Lys Asn Arg Gln Leu Thr Glu Asn Ile Arg Asn Val	385	390	1200
			395	400
65	gtg tta gaa gag caa gcg gtt gaa gtt gta ctt gcg aaa gca aaa gta Val Leu Glu Glu Gln Ala Val Glu Val Val Leu Ala Lys Ala Lys Val	405	410	1248
			415	
70	act gaa aaa gcg act tct ttt gat gaa gta atg gct caa caa gct caa Thr Glu Lys Ala Thr Ser Phe Asp Glu Val Met Ala Gln Gln Ala Gln	420	425	1296
			430	
75	ggc taa Gly			1302

<210> 161

60 <211> 433

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

65

ES 2 362 041 T3

<400> 161

5 Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
1 5 10

Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
20 25 30

10 Lys Gly Tyr Ala Lys Asn Ala Arg Val Asp Gly Phe Arg Lys Gly Lys
35 40 45

Val Pro His Ala Ile Ile Glu Gln Arg Phe Gly Leu Ala Ala Arg Gln
50 55 60

15 Asp Val Leu Ser Asp Glu Met Gln Arg Ala Phe Phe Asp Ala Val Ile
65 70 75 80

Ala Glu Lys Ile Asn Leu Ala Gly Arg Pro Thr Phe Thr Pro Asn Asn
85 90 95

20 Tyr Gln Pro Ser Gln Glu Phe Ser Phe Thr Ala Thr Phe Glu Val Phe
100 105 110

Pro Glu Val Glu Leu Lys Gly Leu Glu Asn Ile Glu Val Glu Lys Pro
115 120 125

25 Val Val Glu Ile Thr Glu Ala Asp Leu Asp Lys Met Ile Asp Val Leu
130 135 140

Arg Lys Gln Gln Ala Thr Trp Ala Glu Ser Gln Ala Ala Ala Gln Ala
145 150 155 160

30 Glu Asp Arg Val Val Ile Asp Phe Val Gly Ser Val Asp Gly Glu Glu
165 170 175

Phe Glu Gly Gly Lys Ala Thr Asp Phe Thr Leu Ala Met Gly Gln Ser
180 185 190

35 Arg Met Ile Pro Gly Phe Glu Glu Gly Ile Val Gly His Lys Ala Gly
195 200 205

Glu Gln Phe Asp Ile Asp Val Thr Phe Pro Glu Glu Tyr His Ala Glu
210 215 220

40 Asn Leu Lys Gly Lys Ala Ala Lys Phe Ala Ile Thr Leu Lys Lys Val
225 230 235 240

Glu Asn Ile Val Leu Pro Glu Leu Thr Glu Glu Phe Val Lys Lys Phe
245 250 255

45 Gly Ser Ala Lys Thr Val Glu Asp Leu Arg Ala Glu Ile Lys Lys Asn
260 265 270

Met Gln Arg Glu Leu Lys Asn Ala Val Thr Ala Arg Val Lys Asn Gln
275 280 285

50

55

60

65

ES 2 362 041 T3

Val Ile Asn Gly Leu Ile Ala Gln Asn Glu Ile Glu Val Pro Ala Ala
 290 295 300
 Ala Val Ala Glu Glu Val Asp Val Leu Arg Arg Gln Ala Val Gln Arg
 5 305 310 315 320
 Phe Gly Gly Lys Pro Glu Met Ala Ala Gln Leu Pro Ala Glu Leu Phe
 10 325 330 335
 Glu Ala Asp Ala Lys Arg Arg Val Gln Val Gly Leu Leu Leu Ser Thr
 15 340 345 350
 Val Ile Gly Thr Asn Glu Leu Lys Val Asp Glu Lys Arg Val Glu Glu
 355 360 365
 Thr Ile Ala Glu Ile Ala Ser Ala Tyr Glu Gln Pro Ala Glu Val Val
 15 370 375 380
 Ala His Tyr Ala Lys Asn Arg Gln Leu Thr Glu Asn Ile Arg Asn Val
 385 390 395 400
 Val Leu Glu Glu Gln Ala Val Glu Val Val Leu Ala Lys Ala Lys Val
 20 405 410 415
 Thr Glu Lys Ala Thr Ser Phe Asp Glu Val Met Ala Gln Gln Ala Gln
 25 420 425 430
 Gly

<210> 162

<211> 316

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> tRNA-glu

<400> 162

aatattgogc tcaaatggca aagcggagag catctttaaa tgttgcccc atcgtctaga 60
 ggcttaggac atcgcccttt cacggcggtc accgggggtc gaatccccgt ggggacgcca 120
 45 ttaaagatg acttttgctg tctgaattgt tctttaaaaa attggaaca agctgaaac 180
 tgagagatgt tcgaaagaaa gtctgagtag taaaagataa gtaattatct tgaaatctt 240
 agctgaaca aagcagctaa gtgtttagtt gaataagta tcgcgttgaa tgcgttcaaa 300
 50 taaaatttga aaatat 316

<210> 163

<211> 85

<212> DNA

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> tRNA-leu

<400> 163

gctctggtgg tggaattggt agacacgcta tcttgagggg gtagtgcca taggatgtgc 60
 gagttcgagt ctgcccaga gcacc 85

ES 2 362 041 T3

<210> 164

<211> 623

<212> DNA

5 <213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

<220>

<223> yaeE

10

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(621)

15

<400> 164

```

20      atg  caa  gaa  ctc  aca  cct  caa  atg  tgg  ggc  tta  gtc  ggc  act  tca  acg      48
      Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr
           1                               10                    15

      ctt  gaa  acg  ctc  tat  atg  ggc  ttt  gcg  gcg  act  tta  ctt  gct  gtg  gta      96
      Leu Glu Thr Leu Tyr Met Gly Phe Ala Ala Thr Leu Leu Ala Val Val
                   20                    25                    30

25      gtc  ggt  ttg  ccg  atc  ggt  ttt  ctg  gca  ttt  tta  acc  ggt  aaa  gga  gag      144
      Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu
                   35                    40                    45

30      att  tta  gag  aat  ccg  cgt  tta  cat  caa  gta  tta  gat  gtg  att  att  aat      192
      Ile Leu Glu Asn Pro Arg Leu His Gln Val Leu Asp Val Ile Ile Asn
                   50                    55                    60

      atc  ggt  cgt  tcc  gta  ccg  ttt  att  att  ttg  tta  gtc  gtg  ttg  tta  cct      240
      Ile Gly Arg Ser Val Pro Phe Ile Ile Leu Leu Val Val Leu Leu Pro
                   65                    70                    75                    80

35      ttt  acg  cgt  tta  ttg  gtc  ggg  aca  acg  ctc  ggt  act  acg  gcg  gcg  att      288
      Phe Thr Arg Leu Leu Val Gly Thr Thr Thr Leu Gly Thr Thr Ala Ala Ile
                   85                    90                    95

40      gtg  ccg  tta  agc  gtt  tcg  gca  att  ccg  ttt  ttt  gcg  cgt  tta  act  tca      336
      Val Pro Leu Ser Val Ser Ala Ile Pro Phe Phe Ala Arg Leu Thr Ser
                   100                   105                   110

      aat  gcg  tta  tta  gaa  atc  cca  gca  ggt  tta  acc  gaa  gcg  gcg  aaa  tcg      384
      Asn Ala Leu Leu Glu Ile Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ala Ala Lys Ser
                   115                   120                   125

45      atg  ggc  gca  acg  aat  tgg  caa  gtg  gtc  agt  aaa  ttt  tat  tta  ccg  gaa      432
      Met Gly Ala Thr Asn Trp Gln Val Val Ser Lys Phe Tyr Leu Pro Glu
                   130                   135                   140

50      tca  ctg  ccg  att  tta  atc  aat  ggt  atc  aca  tta  act  tta  gtc  gct  tta      480
      Ser Leu Pro Ile Leu Ile Asn Gly Ile Thr Leu Thr Leu Val Ala Leu
                   145                   150                   155                   160

      atc  ggt  tat  tcg  gca  atg  gcg  ggt  gcg  gtc  ggc  ggc  ggc  ggt  ttg  ggt      528
      Ile Gly Tyr Ser Ala Met Ala Gly Ala Val Gly Gly Gly Gly Leu Gly
                   165                   170                   175

55      aac  ctt  gcc  atc  agt  tac  ggt  gaa  cac  cga  aat  atg  gtc  tat  gta  aaa      576
      Asn Leu Ala Ile Ser Tyr Gly Glu His Arg Asn Met Val Tyr Val Lys
                   180                   185                   190

60      tgg  atc  tca  aca  att  att  atc  gta  gcg  att  gtg  atg  atc  agt  caa  aa      623
      Trp Ile Ser Thr Ile Ile Ile gta Val Ala Ile Val Met Ile Ser Gln
                   195                   200                   205

```

<210> 165

<211> 207

65

<212> PRT

<213> *Actinobacillus pleuropneumoniae*

ES 2 362 041 T3

<400> 165

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

40 <210> 166
<211> 866
<212> DNA
45 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*
<220>
<221> CDS
50 <222> (1)..(864)
<220>
<223> atpG

55

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 166

5 atg gca ggt gct aaa gag ata aga acc aaa att gca agt gtt cgt aat 48
 Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Arg Asn
 1 5 10 15

10 aca caa aaa att acc aaa gcg atg gaa atg gtt gcc gca tca aaa atg 96
 Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Ala Ser Lys Met
 20 25 30

15 cgt aaa acc caa gag cgt atg gcg gct tct cgc cct tat gct gaa agt 144
 Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ala Glu Ser
 35 40 45

20 att cgc aag gca att agc cat att gcc aaa ggt aac att gag tat aaa 192
 Ile Arg Lys Ala Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Asn Ile Glu Tyr Lys
 50 55 60

25 cac cca ttt ttg acc cca cgt cgg gta aaa aaa gtt ggc tat tta gta 240
 His Pro Phe Leu Thr Pro Arg Pro Val Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val
 65 70 75 80

30 gtt tca acc gat cgc ggt tta tgt ggt ggc tta aat atc aat tta ttt 288
 Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe
 85 90 95

35 aaa acc gtt tta cat gaa ttg aaa gaa aaa gat gac caa ggt gtt aag 336
 Lys Thr Val Leu His Glu Leu Lys Glu Lys Asp Asp Gln Gly Val Lys
 100 105 110

40 tct cga ctt gct gtg gtg gga aat aaa ggg atc tcc ttt ttt aac cca 384
 Ser Arg Leu Ala Val Val Gly Asn Lys Gly Ile Ser Phe Phe Asn Pro
 115 120 125

45 atg ggg cta gag att aaa ggt cat atc aat gga ttg ggt gat aca ccg 432
 Met Gly Leu Glu Ile Lys Gly His Ile Asn Gly Leu Gly Asp Thr Pro
 130 135 140

50 gca atg gaa gat tta gtc ggt att gtt aat ggt atg gta aat gcc tac 480
 Ala Met Glu Asp Leu Val Gly Ile Val Asn Gly Met Val Asn Ala Tyr
 145 150 155 160

55 cgt gaa ggc gaa att gat gaa gtg tat gtg gta tat aac cgt ttt ata 528
 Arg Glu Gly Glu Ile Asp Glu Val Tyr Val Val Tyr Asn Arg Phe Ile
 165 170 175

60 aac acg atg tca caa aaa ccg aca gta caa cag ttg ctt cct ttg cct 576
 Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Thr Val Gln Gln Leu Leu Pro Leu Pro
 180 185 190

65 gca ctg gaa aat gac tca tta gag caa act ggt tct tgg gat tat ctc 624
 Ala Leu Glu Asn Asp Ser Leu Glu Gln Thr Gly Ser Trp Asp Tyr Leu
 195 200 205

70 tat gaa cca aat cca caa gcg tta tta gac agc tta ctg gtt cgt tat 672
 Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Ala Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr
 210 215 220

75 tta gaa tct caa gtt tat cag gca gtg gta gat aat ctt gcg tct gaa 720
 Leu Glu Ser Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu
 225 230 235 240

80 cag gct gct cga atg gtg gca atg aaa gca gca acc gat aac gca ggt 768
 Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly

ES 2 362 041 T3

```

                245                250                255
aat ctg att aat gag tta cag tta gtg tat aac aaa gct cgt caa gca 816
Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala
                    260                265                270

agt att acg aat gaa tta aat gaa att gtc gcg ggt gcc gca gca att 864
Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile
                    275                280                285

10 ta 866

```

5 <210> 167
 15 <211> 288
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*
 20 <400> 167

```

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

```

ES 2 362 041 T3

Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly
 245 250 255
 Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala
 260 265 270
 Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile
 275 280 285

5

10

<210> 168
 <211> 1463
 <212> DNA

15

<213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*

<220>

<221> CDS

20

<222> (1)..(1461)

<220>

<223> guaB

25

<400> 168

30

atg cta cga att aaa caa gaa gcc ctc act ttt gat gat gtt ctt ctc 48
 Met Leu Arg Ile Lys Gln Glu Ala Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu
 1 5 10 15

35

gtc ccg gca cat tct act gtg ctt cct aat act gct gat ctt tct act 96
 Val Pro Ala His Ser Thr Val Leu Pro Asn Thr Ala Asp Leu Ser Thr
 20 25 30

40

caa tta act aaa acc att cgt tta aac att ccg atg ctt tct gct gca 144
 Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro Met Leu Ser Ala Ala
 35 40 45

45

atg gat acc gtt aca gaa act aag ctt gcg atc tcc ctt gct caa gaa 192
 Met Asp Thr Val Thr Glu Thr Lys Leu Ala Ile Ser Leu Ala Gln Glu
 50 55 60

50

ggc ggc att ggt ttt atc cat aaa aat atg tcg att gaa cgc cag gca 240
 Gly Gly Ile Gly Phe Ile His Lys Asn Met Ser Ile Glu Arg Gln Ala
 65 70 75 80

55

gac cgt gtg cgt aaa gtg aaa aaa ttt gaa agt ggt att gtt tct gag 288
 Asp Arg Val Arg Lys Val Lys Lys Phe Glu Ser Gly Ile Val Ser Glu
 85 90 95

60

cca gtg acg att tct cct gat atg aca tta gcg gaa ttg gct gaa ttg 336
 Pro Val Thr Ile Ser Pro Asp Met Thr Leu Ala Glu Leu Ala Glu Leu
 100 105 110

gtg aaa aag aac ggt ttt gca ggc tat ccg gtg att gat gaa aac caa 384
 Val Lys Lys Asn Gly Phe Ala Gly Tyr Pro Val Ile Asp Glu Asn Gln
 115 120 125

aat tta gtg gga att att acc gga cgt gat acc cga ttt gtc acg gat 432
 Asn Leu Val Gly Ile Ile Thr Gly Arg Asp Thr Arg Phe Val Thr Asp
 130 135 140

65

tta agc aaa aca gtg cgt gaa ttt atg aca cca aaa gac cgt tta gtg 480
 Leu Ser Lys Thr Val Arg Glu Phe Met Thr Pro Lys Asp Arg Leu Val
 145 150 155 160

ES 2 362 041 T3

acg gta aaa gaa aac gca agc cgt gaa gaa att ttc cac tta atg cac 528
 Thr Val Lys Glu Asn Ala Ser Arg Glu Ile Phe His Leu Met His
 165 170 175

5

gaa cac cga gtg gag aaa gtg ctg gta gtg aat aat gaa ttt cag tta 576
 Glu His Arg Val Glu Lys Val Leu Val Val Asn Asn Glu Phe Gln Leu
 180 185 190

10

aaa gga atg att acc cta aaa gac tac caa aaa gcg gaa agc aaa ccg 624
 Lys Gly Met Ile Thr Leu Lys Asp Tyr Gln Lys Ala Glu Ser Lys Pro
 195 200 205

15

aat gcc tgt aaa gat gag ttt ggg cgt ttg cgt gtg ggg gcg gca gtg 672
 Asn Ala Cys Lys Asp Glu Phe Gly Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Val
 210 215 220

20

gga gcc ggt ccg ggc aat gaa gaa cga att gat gct tta gta aaa gcg 720
 Gly Ala Gly Pro Gly Asn Glu Glu Arg Ile Asp Ala Leu Val Lys Ala
 225 230 235 240

25

ggt gtc gat gtg cta tta atc gac tct tcg cac ggg cat tct gaa ggt 768
 Gly Val Asp Val Leu Ile Asp Ser Ser His Gly His Ser Glu Gly
 245 250 255

30

gta tta caa cgt gtg cgt gaa acc cgt gca aaa tac cct gat tta ccg 816
 Val Leu Gln Arg Val Arg Glu Thr Arg Ala Lys Tyr Pro Asp Leu Pro
 260 265 270

35

att gtt gcc ggt aat att gcc act gca gaa gga gcg att gcg tta gct 864
 Ile Val Ala Gly Asn Ile Ala Thr Ala Glu Gly Ala Ile Ala Leu Ala
 275 280 285

40

gat gca gga gcc agt gct gtg aaa gta gga atc ggc ccg ggt tca att 912
 Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Lys Val Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile
 290 295 300

45

tgt acc acc aga att gta aca ggc gtt ggc gtg cca caa atc acg gca 960
 Cys Thr Thr Arg Ile Val Thr Gly Val Gly Val Pro Gln Ile Thr Ala
 305 310 315 320

50

atc gca gaa gcg gca gct gcg ctt aaa gaa cga ggc att cct gtg att 1008
 Ile Ala Glu Ala Ala Ala Ala Leu Lys Glu Arg Gly Ile Pro Val Ile
 325 330 335

55

gct gat ggt gga att cgt tat tca ggc gat att tca aaa gct att gcc 1056
 Ala Asp Gly Gly Ile Arg Tyr Ser Gly Asp Ile Ser Lys Ala Ile Ala
 340 345 350

60

gcc ggt gca agt tgc gta atg gtc ggt tcg atg ttt gcc ggc aca gaa 1104
 Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met Phe Ala Gly Thr Glu
 355 360 365

65

gaa gcc ccg ggt gaa att gag ctt tat caa ggc aga gca ttc aaa tcc 1152
 Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly Arg Ala Phe Lys Ser
 370 375 380

tac cgt gga atg gga tca tta ggt gca atg agt aaa ggc tcg tca gat 1200
 Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser Lys Gly Ser Ser Asp
 385 390 395 400

cgc tat ttc caa tct gat aat gcc gcc gac aag ctc gta ccg gaa ggg 1248
 Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly
 405 410 415

ES 2 362 041 T3

att gaa ggg cgt atc gct tac aaa ggc tac ttg aaa gaa att atc cac 1296
 Ile Glu Gly Arg Ile Ala Tyr Lys Gly Tyr Leu Lys Glu Ile Ile His
 420 425 430

5 caa caa atg ggc ggc tta cgc tcc tgt atg gga tta acc ggc tgt gcc 1344
 Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly Leu Thr Gly Cys Ala
 435 440 445

act att gaa gaa ctc cgc acc aaa gca gaa ttt gtc cgc att agt ggt 1392
 Thr Ile Glu Glu Leu Arg Thr Lys Ala Glu Phe Val Arg Ile Ser Gly
 450 455 460

gct ggt att aaa gaa agc cac gtc cac gat gtg aca att acc aaa gaa 1440
 Ala Gly Ile Lys Glu Ser His Val His Asp Val Thr Ile Thr Lys Glu
 465 470 475 480

15 gca ccg aac tac cga atg ggt ta 1463
 Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
 485

20
 <210> 169
 <211> 487
 <212> PRT
 25 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*
 <400> 169

30 Met Leu Arg Ile Lys Gln Glu Ala Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu
 1 5 10 15

35 Val Pro Ala His Ser Thr Val Leu Pro Asn Thr Ala Asp Leu Ser Thr
 20 25 30

Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro Met Leu Ser Ala Ala
 35 40 45

40 Met Asp Thr Val Thr Glu Thr Lys Leu Ala Ile Ser Leu Ala Gln Glu
 50 55 60

Gly Gly Ile Gly Phe Ile His Lys Asn Met Ser Ile Glu Arg Gln Ala
 65 70 75 80

45 Asp Arg Val Arg Lys Val Lys Lys Phe Glu Ser Gly Ile Val Ser Glu
 85 90 95

Pro Val Thr Ile Ser Pro Asp Met Thr Leu Ala Glu Leu Ala Glu Leu
 100 105 110

50 Val Lys Lys Asn Gly Phe Ala Gly Tyr Pro Val Ile Asp Glu Asn Gln
 115 120 125

Asn Leu Val Gly Ile Ile Thr Gly Arg Asp Thr Arg Phe Val Thr Asp
 130 135 140

55 Leu Ser Lys Thr Val Arg Glu Phe Met Thr Pro Lys Asp Arg Leu Val
 145 150 155 160

Thr Val Lys Glu Asn Ala Ser Arg Glu Glu Ile Phe His Leu Met His
 165 170 175

60 Glu His Arg Val Glu Lys Val Leu Val Val Asn Asn Glu Phe Gln Leu
 180 185 190

65

ES 2 362 041 T3

5 Lys Gly Met Ile Thr Leu Lys Asp Tyr Gln Lys Ala Glu Ser Lys Pro
 195 200 205
 Asn Ala Cys Lys Asp Glu Phe Gly Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Val
 210 215 220
 10 Gly Ala Gly Pro Gly Asn Glu Glu Arg Ile Asp Ala Leu Val Lys Ala
 225 230 235 240
 Gly Val Asp Val Leu Leu Ile Asp Ser Ser His Gly His Ser Glu Gly
 245 250 255
 15 Val Leu Gln Arg Val Arg Glu Thr Arg Ala Lys Tyr Pro Asp Leu Pro
 260 265 270
 Ile Val Ala Gly Asn Ile Ala Thr Ala Glu Gly Ala Ile Ala Leu Ala
 275 280 285
 20 Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Lys Val Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile
 290 295 300
 Cys Thr Thr Arg Ile Val Thr Gly Val Gly Val Pro Gln Ile Thr Ala
 305 310 315 320
 25 Ile Ala Glu Ala Ala Ala Ala Leu Lys Glu Arg Gly Ile Pro Val Ile
 325 330 335
 Ala Asp Gly Gly Ile Arg Tyr Ser Gly Asp Ile Ser Lys Ala Ile Ala
 340 345 350
 30 Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met Phe Ala Gly Thr Glu
 355 360 365
 Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly Arg Ala Phe Lys Ser
 370 375 380
 35 Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser Lys Gly Ser Ser Asp
 385 390 395 400
 Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly
 405 410 415
 40 Ile Glu Gly Arg Ile Ala Tyr Lys Gly Tyr Leu Lys Glu Ile Ile His
 420 425 430
 Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly Leu Thr Gly Cys Ala
 435 440 445
 45 Thr Ile Glu Glu Leu Arg Thr Lys Ala Glu Phe Val Arg Ile Ser Gly
 450 455 460
 Ala Gly Ile Lys Glu Ser His Val His Asp Val Thr Ile Thr Lys Glu
 465 470 475 480
 50 Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
 485

55 <210> 170
 <211> 2150
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*
 60 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(2148)
 65 <220>
 <223> pnp

ES 2 362 041 T3

<400> 170

5 atg act cca att gta aaa cag ttt aaa tac ggt cag cac acc gtg acc 48
Met Thr Pro Ile Val Lys Gln Phe Lys Tyr Gly Gln His Thr Val Thr
1 5 10 15

10 tta gaa acc ggt gct atc gca cgc caa gca acg gca gca gta atg gca 96
Leu Glu Thr Gly Ala Ile Ala Arg Gln Ala Thr Ala Ala Val Met Ala
20 25 30

15 agt atg gac gac aca acc gta ttt gtt acc gta gta gcg aaa aaa gac 144
Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys Lys Asp
35 40 45

20 gta aaa gaa ggg caa gat ttc ttc cca tta acc gta gat tat caa gag 192
Val Lys Glu Gly Gln Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asp Tyr Gln Glu
50 55 60

25 cgt act tac gca gcc ggt cgt att ccg ggc ggt ttc ttc aaa cgt gaa 240
Arg Thr Tyr Ala Ala Gly Arg Ile Pro Gly Gly Phe Phe Lys Arg Glu
65 70 75 80

30 gga cgt cct agc gaa ggt gaa acc tta atc gct cgc ttg atc gac cgt 288
Gly Arg Pro Ser Glu Gly Glu Thr Leu Ile Ala Arg Leu Ile Asp Arg
85 90 95

35 cct gtg cgt cca ctt ttc cca gaa ggt ttc ttt aac gaa att caa gtg 336
Pro Val Arg Pro Leu Phe Pro Glu Gly Phe Phe Asn Glu Ile Gln Val
100 105 110

40 att gcg acc gta gta tcg gta aac cca caa atc agt cct gat ctg gtt 384
Ile Ala Thr Val Val Ser Val Asn Pro Gln Ile Ser Pro Asp Leu Val
115 120 125

45 gcg atg atc ggt gca tcg gct gcc ctt tca tta tcc ggc gtg ccg ttt 432
Ala Met Ile Gly Ala Ser Ala Ala Leu Ser Leu Ser Gly Val Pro Phe
130 135 140

50 aac ggt cca atc ggt gcg gct cgt gtc ggt ttt atc aac gat caa ttc 480
Asn Gly Pro Ile Gly Ala Ala Arg Val Gly Phe Ile Asn Asp Gln Phe
145 150 155 160

55 gta tta aac cca acc acc agc gag caa aaa atc agc cgc tta gat tta 528
Val Leu Asn Pro Thr Thr Ser Glu Gln Lys Ile Ser Arg Leu Asp Leu
165 170 175

60 gtg gtt tca ggt aca gac aaa gcc gtg ttg atg gtg gaa tct gaa gcg 576
Val Val Ser Gly Thr Asp Lys Ala Val Leu Met Val Glu Ser Glu Ala
180 185 190

65 gat atc tta acc gaa gag caa atg tta gcg gcg gtg gtg ttc ggc cac 624
Asp Ile Leu Thr Glu Glu Gln Met Leu Ala Ala Val Val Phe Gly His
195 200 205

70 gag caa caa cag gtt gta atc gaa aac atc aaa gaa ttt gtt aaa gaa 672
Glu Gln Gln Gln Val Val Ile Glu Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu
210 215 220

ES 2 362 041 T3

5 gcg ggc aaa cca cgt tgg gat tgg gtt gca cca gag cca aat aca gat 720
 Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Asp
 225 230 235 240

10 tta atc aac aaa gta aaa gca tta gca gaa aca cgc ctt ggc gat gct 768
 Leu Ile Asn Lys Val Lys Ala Leu Ala Glu Thr Arg Leu Gly Asp Ala
 245 250 255

15 tat cgt atc gta gaa aaa caa gtt cgt tac gag caa atc gat gcg att 816
 Tyr Arg Ile Val Glu Lys Gln Val Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile
 260 265 270

20 aaa gca gag gtg att gca caa ctt acc gca gaa gat gaa act gtt tct 864
 Lys Ala Glu Val Ile Ala Gln Leu Thr Ala Glu Asp Glu Thr Val Ser
 275 280 285

25 gaa ggg act atc atc gac atc atc acc gca tta gag agc caa atc gtg 912
 Glu Gly Thr Ile Ile Asp Ile Ile Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile Val
 290 295 300

30 cgt agc cgt att att gca ggc gaa cca cgc att gac ggc cgt acg gtg 960
 Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val
 305 310 315 320

35 gat acc gtg cgt gca ttg gat att tgc acc agt gtg tta cca cgc acc 1008
 Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Ser Val Leu Pro Arg Thr
 325 330 335

40 cac ggt tct gct ctt ttc acc cgt ggc gaa acc caa gca tta gca gta 1056
 His Gly Ser Ala Leu Phe Thr Arg Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val
 340 345 350

45 gca aca ttg ggc aca gag cgt gat gcc caa atc att gac gaa ttg acc 1104
 Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile Ile Asp Glu Leu Thr
 355 360 365

50 ggc gaa aaa tct gac cgt ttc tta ttc cac tac aat ttc cct cca tac 1152
 Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr
 370 375 380

55 tct gtg ggc gaa acc ggt cgt atc ggc tcg cca aaa cgc cgt gaa atc 1200
 Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile
 385 390 395 400

60 ggt cac ggt cgt tta gca aaa cgt ggc gta tta gcc gtg atg cca acc 1248
 Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr
 405 410 415

65 gct gaa gag ttc ccg tat gta gtg cgt gtg gtg tct gaa atc act gaa 1296
 Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu
 420 425 430

70 tct aac ggt tct tct tca atg gca tct gtg tgt ggt gcg tct ctt gcg 1344
 Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala
 435 440 445

75 ttg atg gac gca ggt gtg cca atc aaa gca gcg gtt gcc ggt atc gca 1392
 Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala
 450 455 460

80 atg ggg ctc gtg aaa gaa gac gag aaa ttc gtg gta ctt tct gac atc 1440
 Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile
 465 470 475 480

ES 2 362 041 T3

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50

```

tta ggt gat gaa gac cac tta ggc gat atg gac ttt aaa gta gcg gga 1488
Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly
      485                                490                                495

acc cgt acc ggt gtg act gcg ctg caa atg gac atc aaa atc gaa ggg 1536
Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly
      500                                505                                510

atc acc cct gaa att atg cgt att gcc tta aac caa gct aaa ggt gca 1584
Ile Thr Pro Glu Ile Met Arg Ile Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala
      515                                520                                525

aga atg cac att tta ggt gta atg gaa caa gcc att ccg gca cct cgt 1632
Arg Met His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg
      530                                535                                540

gca gat att tct gac tat gcc cca cgc att cac aca atg aag atc gat 1680
Ala Asp Ile Ser Asp Tyr Ala Pro Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp
      545                                550                                555                                560

ccg aag aaa atc aaa gat gtg att ggt aaa ggc ggt gca aca att cgt 1728
Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ile Arg
      565                                570                                575

gct tta acc gaa gag acc aat act tct atc gac att gat gat gac ggt 1776
Ala Leu Thr Glu Glu Thr Asn Thr Ser Ile Asp Ile Asp Asp Asp Gly
      580                                585                                590

acg gtg aaa att gcg gca act gac ggc aat gca gcg aaa gca gta atg 1824
Thr Val Lys Ile Ala Ala Thr Asp Gly Asn Ala Ala Lys Ala Val Met
      595                                600                                605

gct cgt att gaa gag atc gtt gcc gaa gtg gaa gta aac caa atc tac 1872
Ala Arg Ile Glu Glu Ile Val Ala Glu Val Glu Val Asn Gln Ile Tyr
      610                                615                                620

aac ggt aaa gta acc cgt gtg gtg gac ttc ggt gca ttc gtt tcc atc 1920
Asn Gly Lys Val Thr Arg Val Val Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser Ile
      625                                630                                635                                640

tta ggt ggc aaa gaa ggt tta gtc cac att tca caa atc acc aac gaa 1968
Leu Gly Gly Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Thr Asn Glu
      645                                650                                655

cgt gtt gag cgt gta gcg gac tac tta acc gtt ggt caa gaa gta caa 2016
Arg Val Glu Arg Val Ala Asp Tyr Leu Thr Val Gly Gln Glu Val Gln
      660                                665                                670

gtg aaa gtg gta gaa att gac cgt caa gga cgc att cgt ctg acg atg 2064
Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr Met
      675                                680                                685

aaa gac atc aat aat acc aac gag gca aat gca gaa gaa act gta gct 2112
Lys Asp Ile Asn Asn Thr Asn Glu Ala Asn Ala Glu Glu Thr Val Ala
      690                                695                                700

gaa aat gtg gta gaa aca gaa caa gaa aat aat ttc ta 2150
Glu Asn Val Val Glu Thr Glu Gln Glu Asn Asn Phe
      705                                710                                715

```

55 <210> 171
 <211> 716
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 171

5 Met Thr Pro Ile Val Lys Gln Phe Lys Tyr Gly Gln His Thr Val Thr
1 5 10

Leu Glu Thr Gly Ala Ile Ala Arg Gln Ala Thr Ala Ala Val Met Ala
20 25 30

10 Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys Lys Asp
35 40 45

Val Lys Glu Gly Gln Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asp Tyr Gln Glu
50 55 60

15 Arg Thr Tyr Ala Ala Gly Arg Ile Pro Gly Gly Phe Phe Lys Arg Glu
65 70 75 80

Gly Arg Pro Ser Glu Gly Glu Thr Leu Ile Ala Arg Leu Ile Asp Arg
85 90 95

20 Pro Val Arg Pro Leu Phe Pro Glu Gly Phe Phe Asn Glu Ile Gln Val
100 105 110

Ile Ala Thr Val Val Ser Val Asn Pro Gln Ile Ser Pro Asp Leu Val
115 120 125

25 Ala Met Ile Gly Ala Ser Ala Ala Leu Ser Leu Ser Gly Val Pro Phe
130 135 140

Asn Gly Pro Ile Gly Ala Ala Arg Val Gly Phe Ile Asn Asp Gln Phe
145 150 155 160

30 Val Leu Asn Pro Thr Thr Ser Glu Gln Lys Ile Ser Arg Leu Asp Leu
165 170 175

Val Val Ser Gly Thr Asp Lys Ala Val Leu Met Val Glu Ser Glu Ala
180 185 190

35 Asp Ile Leu Thr Glu Glu Gln Met Leu Ala Ala Val Val Phe Gly His
195 200 205

Glu Gln Gln Gln Val Val Ile Glu Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu
210 215 220

40 Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Asp
225 230 235 240

45 Leu Ile Asn Lys Val Lys Ala Leu Ala Glu Thr Arg Leu Gly Asp Ala
245 250 255

Tyr Arg Ile Val Glu Lys Gln Val Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile
260 265 270

50 Lys Ala Glu Val Ile Ala Gln Leu Thr Ala Glu Asp Glu Thr Val Ser
275 280 285

Glu Gly Thr Ile Ile Asp Ile Ile Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile Val
290 295 300

55 Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val
305 310 315 320

60

65

ES 2 362 041 T3

Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Ser Val Leu Pro Arg Thr
 325 330 335
 5 His Gly Ser Ala Leu Phe Thr Arg Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val
 340 345 350
 Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile Ile Asp Glu Leu Thr
 355 360 365
 10 Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr
 370 375 380
 Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile
 385 390 395 400
 15 Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr
 405 410 415
 Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu
 420 425 430
 20 Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala
 435 440 445
 Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala
 450 455 460
 25 Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile
 465 470 475 480
 Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly
 485 490 495
 30 Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly
 500 505 510
 Ile Thr Pro Glu Ile Met Arg Ile Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala
 515 520 525
 35 Arg Met His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg
 530 535 540
 Ala Asp Ile Ser Asp Tyr Ala Pro Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp
 545 550 555 560
 Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ile Arg
 565 570 575
 45 Ala Leu Thr Glu Glu Thr Asn Thr Ser Ile Asp Ile Asp Asp Asp Gly
 580 585 590
 Thr Val Lys Ile Ala Ala Thr Asp Gly Asn Ala Ala Lys Ala Val Met
 595 600 605
 50 Ala Arg Ile Glu Glu Ile Val Ala Glu Val Glu Val Asn Gln Ile Tyr
 610 615 620
 Asn Gly Lys Val Thr Arg Val Val Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser Ile
 625 630 635 640
 55 Leu Gly Gly Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Thr Asn Glu
 645 650 655

60

65

ES 2 362 041 T3

Arg Val Glu Arg Val Ala Asp Tyr Leu Thr Val Gly Gln Glu Val Gln
 650 665 670
 Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr Met
 675 680 685
 Lys Asp Ile Asn Asn Thr Asn Glu Ala Asn Ala Glu Glu Thr Val Ala
 690 695 700
 Glu Asn Val Val Glu Thr Glu Gln Glu Asn Asn Phe
 705 710 715

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

<210> 172
 <211> 1517
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1515)
 <223> purF
 <400> 172

atg tgc ggc att gtc ggt att att ggg aat tcg ccg gtg aat cag gcg 48
 Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Ile Gly Asn Ser Pro Val Asn Gln Ala
 1 5 10 15
 att tat gat ggt tta aca tta ctt caa cac cga gga caa gat gcc gca 96
 Ile Tyr Asp Gly Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala
 20 25 30
 ggt atc gtc acc ata gac gat gaa aat cgt ttc cgc tta cgc aaa gct 144
 Gly Ile Val Thr Ile Asp Asp Glu Asn Arg Phe Arg Leu Arg Lys Ala
 35 40 45
 aac ggc tta gtc agc gat gtt ttc cag caa gag cat atg gtg aga tta 192
 Asn Gly Leu Val Ser Asp Val Phe Gln Gln Glu His Met Val Arg Leu
 50 55 60
 caa ggc aat gtt gga att ggt cac gtt cgc tac cca aca gca ggt agc 240
 Gln Gly Asn Val Gly Ile Gly His Val Arg Tyr Pro Thr Ala Gly Ser
 65 70 75 80
 tca agt gtg tct gaa gcc cag cca ttt tat gtc aat tca cct ttc ggt 288
 Ser Ser Val Ser Glu Ala Gln Pro Phe Tyr Val Asn Ser Pro Phe Gly
 85 90 95
 att acc tta gtt cac aac ggt aat tta act aat aat gcg gaa ctt aaa 336
 Ile Thr Leu Val His Asn Gly Asn Leu Thr Asn Asn Ala Glu Leu Lys
 100 105 110
 gct cgc tta tac aac gaa gcc cgc cgc cat gtg aac act aat tct gat 384
 Ala Arg Leu Tyr Asn Glu Ala Arg Arg His Val Asn Thr Asn Ser Asp
 115 120 125
 tct gaa tcc ctt ctt aat att ttt gct tac ttt tta gat ctc tat tcc 432
 Ser Glu Ser Leu Leu Asn Ile Phe Ala Tyr Phe Leu Asp Leu Tyr Ser
 130 135 140
 act cag cat tta agc cca gac aat atc ttt gaa acg gtt cgt aaa acc 480

ES 2 362 041 T3

	Thr	Gln	His	Leu	Ser	Pro	Asp	Asn	Ile	Phe	Glu	Thr	Val	Arg	Lys	Thr	
	145					150					155					160	
5	aat	gat	agc	att	cgt	ggg	gct	tat	gct	tgc	att	gcg	atg	att	atc	gga	528
	Asn	Asp	Ser	Ile	Arg	Gly	Ala	Tyr	Ala	Cys	Ile	Ala	Met	Ile	Ile	Gly	
					165					170					175		
10	cac	ggg	atg	ggt	gct	ttc	cgt	gac	cca	ttc	ggg	att	cgc	ccg	tta	gtg	576
	His	Gly	Met	Val	Ala	Phe	Arg	Asp	Pro	Phe	Gly	Ile	Arg	Pro	Leu	Val	
				180					185					190			
15	ctg	ggg	aaa	cgt	gaa	atc	gag	ggg	aaa	acc	gaa	tat	atg	ttt	gct	tcg	624
	Leu	Gly	Lys	Arg	Glu	Ile	Glu	Gly	Lys	Thr	Glu	Tyr	Met	Phe	Ala	Ser	
			195					200					205				
20	gaa	agt	gtg	gct	ctt	gat	gta	gtg	ggg	ttt	gaa	ttt	gtg	cga	gat	gtg	672
	Glu	Ser	Val	Ala	Leu	Asp	Val	Val	Gly	Phe	Glu	Phe	Val	Arg	Asp	Val	
			210				215					220					
25	ctg	ccg	ggg	gaa	gcg	att	tat	ggt	acc	ttt	gat	ggg	caa	tta	cat	tcg	720
	Leu	Pro	Gly	Glu	Ala	Ile	Tyr	Val	Thr	Phe	Asp	Gly	Gln	Leu	His	Ser	
						230					235					240	
30	caa	att	tgt	gcc	gat	aat	cca	aaa	ctg	aat	cct	tgt	att	ttt	gaa	tat	768
	Gln	Ile	Cys	Ala	Asp	Asn	Pro	Lys	Leu	Asn	Pro	Cys	Ile	Phe	Glu	Tyr	
					245				250						255		
35	ggt	tat	ttt	gcc	cgt	cct	gat	tcc	gtc	att	gat	ggc	ggt	tct	gta	tat	816
	Val	Tyr	Phe	Ala	Arg	Pro	Asp	Ser	Val	Ile	Asp	Gly	Val	Ser	Val	Tyr	
				260					265					270			
40	tct	gca	cga	gtg	cat	atg	ggc	gaa	tta	tta	ggg	gag	aaa	att	aaa	cgt	864
	Ser	Ala	Arg	Val	His	Met	Gly	Glu	Leu	Leu	Gly	Glu	Lys	Ile	Lys	Arg	
				275				280					285				
45	gaa	tgg	gga	cga	att	atc	gat	gat	att	gat	gtg	gtg	atc	ccg	att	cct	912
	Glu	Trp	Gly	Arg	Ile	Ile	Asp	Asp	Ile	Asp	Val	Val	Ile	Pro	Ile	Pro	
							295					300					
50	gaa	acc	tca	aat	gat	att	gcg	gta	cgt	att	gct	aat	atg	ttg	tat	aaa	960
	Glu	Thr	Ser	Asn	Asp	Ile	Ala	Val	Arg	Ile	Ala	Asn	Met	Leu	Tyr	Lys	
						310					315					320	
55	ccc	tat	cgt	caa	ggg	ttt	ggt	aaa	aac	cgc	tat	gta	gct	cga	act	ttt	1008
	Pro	Tyr	Arg	Gln	Gly	Phe	Val	Lys	Asn	Arg	Tyr	Val	Ala	Arg	Thr	Phe	
					325					330					335		
60	att	atg	ccg	ggg	caa	gca	cag	cgt	aaa	agc	tcg	ggt	cgc	cgt	aaa	tta	1056
	Ile	Met	Pro	Gly	Gln	Ala	Gln	Arg	Lys	Ser	Ser	Val	Arg	Arg	Lys	Leu	
				340					345					350			
65	aat	gcg	att	gcc	tct	gaa	ttt	aaa	ggc	aaa	agc	gtg	tta	ctg	ggt	gat	1104
	Asn	Ala	Ile	Ala	Ser	Glu	Phe	Lys	Gly	Lys	Ser	Val	Leu	Leu	Val	Asp	
				355				360					365				
70	gat	tct	att	gta	cga	ggg	aca	acg	tct	gaa	caa	atc	gtg	gaa	atg	gca	1152
	Asp	Ser	Ile	Val	Arg	Gly	Thr	Thr	Ser	Glu	Gln	Ile	Val	Glu	Met	Ala	
				370			375					380					
75	cga	gca	gct	ggg	gca	aaa	cgg	ggt	tat	ttt	gcc	tct	gcc	gca	ccg	gaa	1200
	Arg	Ala	Ala	Gly	Ala	Lys	Arg	Val	Tyr	Phe	Ala	Ser	Ala	Ala	Pro	Glu	
						390					395					400	

ES 2 362 041 T3

att cgc tac ccg aat gtg tat ggc att gat atg ccg act tgt gaa gaa 1248
 Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met Pro Thr Cys Glu Glu
 405 410 415
 5 tta gtg gct tat gat cgc tca gtg gaa gag gtt gca cag atg ata ggg 1296
 Leu Val Ala Tyr Asp Arg Ser Val Glu Glu Val Ala Gln Met Ile Gly
 420 425 430
 10 gtg gat aaa ttg att ttc caa gac ctt gaa gca ctt tat aag tct att 1344
 Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Glu Ala Leu Tyr Lys Ser Ile
 435 440 445
 15 caa ctg gaa aat ccg act att cat cgc ttt gat gac tct gta ttt aca 1392
 Gln Leu Glu Asn Pro Thr Ile His Arg Phe Asp Asp Ser Val Phe Thr
 450 455 460
 20 gga gaa tat att aca ggt gat gta gat aaa tgc tat tta gac agt ata 1440
 Gly Glu Tyr Ile Thr Gly Asp Val Asp Lys Cys Tyr Leu Asp Ser Ile
 465 470 475 480
 25 gca aga tct cga aac gat aaa gca aaa gca gag gcg gca aaa caa gcc 1488
 Ala Arg Ser Arg Asn Asp Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ala Lys Gln Ala
 485 490 495
 acc aat tta gaa att cat aac gaa aga ta 1517
 Thr Asn Leu Glu Ile His Asn Glu Arg
 500 505

<210> 173

<211> 505

<212> PRT

<213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*

<400> 173

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

ES 2 362 041 T3

Thr Gln His Leu Ser Pro Asp Asn Ile Phe Glu Thr Val Arg Lys Thr
 145 150 155 160
 5 Asn Asp Ser Ile Arg Gly Ala Tyr Ala Cys Ile Ala Met Ile Ile Gly
 165 170 175
 His Gly Met Val Ala Phe Arg Asp Pro Phe Gly Ile Arg Pro Leu Val
 180 185 190
 10 Leu Gly Lys Arg Glu Ile Glu Gly Lys Thr Glu Tyr Met Phe Ala Ser
 195 200 205
 Glu Ser Val Ala Leu Asp Val Val Gly Phe Glu Phe Val Arg Asp Val
 210 215 220
 15 Leu Pro Gly Glu Ala Ile Tyr Val Thr Phe Asp Gly Gln Leu His Ser
 225 230 235 240
 Gln Ile Cys Ala Asp Asn Pro Lys Leu Asn Pro Cys Ile Phe Glu Tyr
 245 250 255
 20 Val Tyr Phe Ala Arg Pro Asp Ser Val Ile Asp Gly Val Ser Val Tyr
 260 265 270
 Ser Ala Arg Val His Met Gly Glu Leu Leu Gly Glu Lys Ile Lys Arg
 275 280 285
 25 Glu Trp Gly Arg Ile Ile Asp Asp Ile Asp Val Val Ile Pro Ile Pro
 290 295 300
 Glu Thr Ser Asn Asp Ile Ala Val Arg Ile Ala Asn Met Leu Tyr Lys
 305 310 315 320
 30 Pro Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr Val Ala Arg Thr Phe
 325 330 335
 Ile Met Pro Gly Gln Ala Gln Arg Lys Ser Ser Val Arg Arg Lys Leu
 340 345 350
 35 Asn Ala Ile Ala Ser Glu Phe Lys Gly Lys Ser Val Leu Leu Val Asp
 355 360 365
 40 Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln Ile Val Glu Met Ala
 370 375 380
 Arg Ala Ala Gly Ala Lys Arg Val Tyr Phe Ala Ser Ala Ala Pro Glu
 385 390 395 400
 45 Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met Pro Thr Cys Glu Glu
 405 410 415
 Leu Val Ala Tyr Asp Arg Ser Val Glu Glu Val Ala Gln Met Ile Gly
 420 425 430
 50 Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Glu Ala Leu Tyr Lys Ser Ile
 435 440 445
 Gln Leu Glu Asn Pro Thr Ile His Arg Phe Asp Asp Ser Val Phe Thr
 450 455 460
 55 Gly Glu Tyr Ile Thr Gly Asp Val Asp Lys Cys Tyr Leu Asp Ser Ile
 465 470 475 480
 Ala Arg Ser Arg Asn Asp Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ala Lys Gln Ala
 485 490 495
 60 Thr Asn Leu Glu Ile His Asn Glu Arg
 500 505
 65

ES 2 362 041 T3

<210> 174
 <211> 386
 <212> DNA
 5 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(384)

<220>
 <223> yjgF
 15
 <400> 174

20	atg aca gtt atc cac aca gaa aat gca ccg gca gcg att ggg cct tat	48
	Met Thr Val Ile His Thr Glu Asn Ala Pro Ala Ala Ile Gly Pro Tyr	
	1 5 10 15	
25	gtg caa gca gtt gat tta ggc aat atg gtt tta act tct ggg caa att	96
	Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Val Leu Thr Ser Gly Gln Ile	
	20 25 30	
30	ccc gtg aat cct gaa acc ggc gaa atc ccg agt gat att gtg caa caa	144
	Pro Val Asn Pro Glu Thr Gly Glu Ile Pro Ser Asp Ile Val Gln Gln	
	35 40 45	
35	acc cgc caa tct ctg aac aac gtg aaa gcc att atc gaa caa gcc ggc	192
	Thr Arg Gln Ser Leu Asn Asn Val Lys Ala Ile Ile Glu Gln Ala Gly	
	50 55 60	
40	tta acc gtt gcc gat att gta aag acc acc gta ttt gtc aaa gat ctt	240
	Leu Thr Val Ala Asp Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val Lys Asp Leu	
	65 70 75 80	
45	aac gac ttc gca aag gta aat gcg gaa tac caa gcc ttc ttc caa gaa	288
	Asn Asp Phe Ala Lys Val Asn Ala Glu Tyr Gln Ala Phe Phe Gln Glu	
	85 90 95	
50	aac gaa cac cct aat ttt ccg gct cgt tct tgc gta gaa gtg gct cgt	336
	Asn Glu His Pro Asn Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu Val Ala Arg	
	100 105 110	
55	tta cca aaa gat gtt ggc att gag atc gaa gcg att gca gta cgc cga	384
	Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala Val Arg Arg	
	115 120 125	
	ta	386

50 <210> 175
 <211> 128
 <212> PRT
 55 <213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*

60

65

ES 2 362 041 T3

<400> 175

```

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

```

<210> 176

<211> 20

<212> DNA

<213> *Pasteurella (Mannheimia) haemolytica*

30

<220>

<221>

<222>

35

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 176

40

atggcnggng cnaargarat

20

<210> 177

<211> 20

45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

50

<220>

<221>

<222>

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

55

<220>

<221> misc_feature

<222> 3

60

<223> n = A or T or G or C

<220>

<221> misc_feature

65

<222> 12

<223> n = A or T or G or C

ES 2 362 041 T3

<400> 179

cctttngtra tngtnacac rtg

23

5

<210> 180

<211> 24

<212> DNA

10

<213> Artificial Sequence

<220>

15

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 180

gcaggyaaac crcgctggga ttgg

24

20

<210> 181

<211> 25

25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

30

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 181

crccctaat rtctgaaagc accac

25

35

<210> 182

40

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

45

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<220>

50

<221> misc_feature

<222> 9

<223> N = A or T or G or C

55

<220>

<221> misc_feature

<222> 15

60

<223> N = A or T or G or C

<220>

<221> misc_feature

65

<222> 18

<223> N = A or T or G or C

ES 2 362 041 T3

<400> 182

atgtgygga tygtnggat **20**

5

<210> 183
<211> 21
<212> DNA
10 <213> Artificial Sequence

<220>
15 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 183

catatcaata ccatcacat t **21**

20

<210> 184
<211> 16
25 <212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
30 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<220>
<221> misc_feature
35 <222> 3
<223> N = A or T or G or C

<220>
40 <221> misc_feature
<222> 6
<223> N = A or T or G or C

45 <220>
<221> misc_feature
<222> 12
50 <223> N = A or T or G or C

<400> 184

ggncntayg tncarg **16**

55

<210> 185
<211> 15
60 <212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
65 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

ES 2 362 041 T3

<220>
<221> misc_feature
<222> 1
5 <223> N = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
10 <222> 4
<223> N = A or T or G or C

<220>
15 <221> misc_feature
<222> 10
<223> N = A or T or G or C

20 <400> 185

ngcnacytcn acrca **15**

25 <210> 186
<211> 22
<212> DNA
30 <213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER
35 <400> 186

gaagccgccca tacgctcttg gg **22**

40 <210> 187
<211> 23
45 <212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
50 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER
<400> 187

55 **gttgettccct ttgcctgcac tgg** **23**

<210> 188
60 <211> 24
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

65 <220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

ES 2 362 041 T3

<400> 188

ggctcagaaa caataccact ttca **24**

5

<210> 189
<211> 21
<212> DNA
10 <213> Artificial Sequence

<220>
15 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 189

gcaaccaaac agaatattgtc c **21**

20

<210> 190
<211> 24
25 <212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
30 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 190

ggtgatgatg tcgatgatag tccc **24**

35

<210> 191
40 <211> 24
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
45 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 191

ggcgtattag ccgtagtgcc aacc **24**

50

<210> 192
55 <211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
60 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 192

gaccacttag gcatatgga ctt **23**

65

ES 2 362 041 T3

<210> 193
<211> 22
<212> DNA
5 <213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER
10
<400> 193

accatcataa atcgccctgat tc **22**

15
<210> 194
<211> 20
<212> DNA
20 <213> Artificial Sequence

<220>
25 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 194

30 **acctgcggca tcttgcctc** **20**

<210> 195
<211> 20
35 <212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
40 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 195

45 **acgggttat ttgcctctg** **20**

<210> 196
<211> 22
50 <212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
55 <223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 196

60 **cgccggtttc aggattcacg gg** **22**

<210> 197
65 <211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

ES 2 362 041 T3

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

5 <400> 197

ctgaacaacg tgaagccat

20

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65