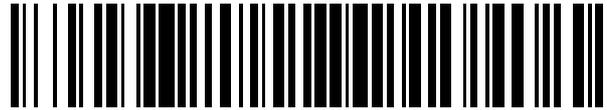


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 616 533**

51 Int. Cl.:

A61K 39/02 (2006.01)
A61P 31/04 (2006.01)
A61P 37/04 (2006.01)
A61K 39/102 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **24.12.2009 E 14197266 (1)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **08.02.2017 EP 2853270**

54 Título: **Vacuna recombinante para la rinitis infecciosa aviar y proceso para producir la misma**

30 Prioridad:

25.12.2008 JP 2008330448

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

13.06.2017

73 Titular/es:

**THE CHEMO-SERO-THERAPEUTIC RESEARCH
INSTITUTE (100.0%)
1-6-1 Okubo Kita-ku
Kumamoto-shi Kumamoto 860-8568, JP**

72 Inventor/es:

**SAKAMOTO, RYUICHI;
BABA, SUSUMU;
SAKAGUCHI, MASASHI y
MIZOKAMI, HIROSHI**

74 Agente/Representante:

UNGRÍA LÓPEZ, Javier

ES 2 616 533 T3

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

DESCRIPCIÓN

Vacuna recombinante para la rinitis infecciosa aviar y proceso para producir la misma

5 **Campo técnico**

La presente invención se refiere a una vacuna recombinante para la rinitis infecciosa aviar, y a un proceso para preparar la misma. Más en concreto, la presente invención se refiere a una vacuna recombinante para la rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido de fusión que consiste por una parte en una proteína de la membrana externa de *Avibacterium paragallinarum* (denominada también a partir de ahora en el presente documento como "A.pg") serotipo A y por otra de una proteína de la membrana externa de A.pg serotipo C y un proceso para preparar la misma.

15 **Antecedente de la técnica**

La rinitis infecciosa aviar es una de las enfermedades respiratorias más importantes producidas por infección con A.pg. Las gallinas que padecen rinitis infecciosa aviar muestran síntomas principales de nariz congestionada, hinchazón de la cara y lagrimeo. La rinitis infecciosa aviar provoca un gran daño económico ya que ocasiona una disminución en la tasa de reproducción de las gallinas, retrasando la puesta de huevos, una disminución en la producción de huevos o fracaso en la puesta de huevos.

Page et al. clasificaron A.pg en tres serotipos A, B y C (véase por ejemplo la referencia no de patente 1) y Sawata et al. clasificaron A.pg en dos serotipos 1 and 2 (véase por ejemplo la referencia no de patente 2). A continuación, Kume et al. notificaron que el serotipo A de Page et al. corresponde al serotipo 1 de Sawata et al. y el serotipo C de Page et al. corresponde al serotipo 2 de Sawata et al. (véanse, por ejemplo, las referencias no de patente 3 y 4). En la actualidad se ha establecido que los agentes causantes principales de la rinitis infecciosa aviar son A.pg serotipo A (denominada también a partir de ahora en el presente documento "A.pg-A") y A.pg serotipo C (denominado también a partir de ahora en el presente documento "A.pg-C").

En la prevención de la rinitis infecciosa aviar se ha usado ampliamente hasta la fecha una vacuna inactivada que se obtiene inactivando las células de A.pg-A o A.pg-C con formalina, timerosal y similares. Sin embargo, los efectos secundarios adversos producidos por dicha vacuna inactivada suponen un problema ya que se ha notificado la formación de lesiones necróticas en la gallina inoculada cuando se administra la vacuna (véase, por ejemplo, la referencia no de patente 5). En las circunstancias que intentan desarrollar una vacuna segura, se ha investigado una vacuna recombinante que comprende un antígeno protector contra la infección preparada mediante una técnica de recombinación genética.

Por ejemplo, Tokunaga et al. aislaron e identificaron un gen que codificaba una proteína de la membrana externa de A.pg-A (gen de proteína de la membrana externa) y encontraron que el péptido obtenido expresando una parte de dicho gen (HPG3.5kbp, HPG4.1kbp) en *E. coli* era útil como antígeno protector contra la infección por rinitis infecciosa aviar. Además, utilizando dicho fragmento de ADN como sonda, obtuvieron un gen de una proteína de la membrana externa de A.pg-C y compararon las secuencias de nucleótidos del marco de lectura abierto del gen de la proteína de la membrana externa de A.pg y A.pg-C. Como resultado, desvelaron que ambas secuencias de nucleótidos tenían una homología de aproximadamente el 80 % en su conjunto, que una región de 34 kpb en el extremo 5' (denominada también a partir de ahora en el presente documento "Región 1") y una región de aproximadamente 1,2 kpb en el extremo 3' (denominada también a partir de ahora en el presente documento "Región 3") tenía una homología extremadamente elevada y una región de aproximadamente 1,5 kpb flanqueada por la Región 1 y la Región 3 (denominada también a partir de ahora en el presente documento "Región 2") tenía una homología baja (véase la referencia de patente 1).

Noro et al., han notificado también que la proteína de membrana externa descubierta por Tokunaga et al., es importante como antígeno protector de la rinitis infecciosa aviar. Noro et al., inmunizaron gallinas con péptidos codificados por fragmentos de ADN de 4.801 pb y 5.157 pb, que son partes del gen de una proteína de la membrana externa de A.pg-A, para demostrar que dichos péptidos pueden inducir anticuerpos HI dirigidos contra A.pg-A y pueden tener un efecto vacuna (véase por ejemplo la referencia 2 de patente) y notificaron además que los péptidos codificados por fragmentos de ADN de aproximadamente 5,1 kpb y 5,5 kpb, que son partes del gen de la proteína de la membrana externa de A.pg-C, tenían una función y efecto similares (véase por ejemplo la referencia de patente 3).

Por otra parte, Yamamoto et al., emplearon un polipéptido codificado por un fragmento de ADN de 2.016 pb, que comprende la mayoría de los genes de la proteína de la membrana externa de A.pg-A que muestran la utilidad de dicho polipéptido (véase por ejemplo la referencia de patente 4) pero la secuencia de nucleótidos de aproximadamente 300 pb en el extremo 3' del fragmento de ADN notificado por los mismos fue completamente diferente de la mostrada por Tokunaga et al. y Noro et al.

65

Anteriormente se ha descrito el uso de un polipéptido de *Haemophilus paragallinarum* serotipo A de 130 kDa para encontrar un fragmento de *H. paragallinarum* serotipo C para su expresión en *E. coli* y su uso como vacuna (véase la referencia de patente 5).

5 Referencia de Patente 1: WO98/12331

Referencia de Patente 2: Patente japonesa N° 4001117

Referencia de Patente 3: JP 2008-156317

10

Referencia de Patente 4: JP 2004-57078

Referencia de patente 5: US 2003/027987 A1

15

Referencia no de patente 1: Am. J. Vet. Res., 23:85-95, 1962

Referencia no de patente 2: Jpn. J. Vet. Sci., 40:645-652, 1978

Referencia no de patente 3: m. J. Vet. Res., 41:757-760, 1980

Referencia no de patente 4: Am. J. Vet. Res., 41:1901-1904, 1980

Referencia no de patente 5: Avian Dis., 15:109-117, 1971

20

Descripción de la invención

(Problema técnico que va a resolver la invención)

25 Tal como se ha descrito anteriormente, se ha desvelado que la proteína de la membrana externa o sus péptidos parciales procedentes de A.pg-A y A.pg-C, el agente causante principal de la rinitis infecciosa aviar, es útil como antígeno protector contra la rinitis infecciosa aviar. De esta manera, mezclando estos antígenos protectores contra la infección, puede realizarse eficazmente la inmunización de la rinitis infecciosa aviar. Sin embargo, una solución mediante mezcla simple necesita separar la producción de los dos antígenos infecciosos protectores y es costosa.

30 En general, una vacuna para uso en un animal, a diferencia de una vacuna para uso en un ser humano, no sería aceptable para un ganadero a no ser que la vacuna no sea solamente de alta calidad, sino que esté disponible a bajo coste. Por tanto, para una vacuna para uso en un animal, se desea un proceso para la producción con menor coste.

35 (Medios para resolver los problemas)

Los presentes inventores han investigado asiduamente para conseguir el objeto que se describe anteriormente, y como resultado, han desvelado que fragmentos peptídicos codificados por la secuencia de aproximadamente 1,6 kpb comprenden la Región 2 (la secuencia de nucleótidos de 3.639 pb a 5.162 pb de A.pg-A y la secuencia de nucleótidos de 4.247 pb a 5.758 pb de A.pg-C: véanse las Figs. 1 y 2) del gen de la proteína de la membrana externa de A.pg-A y A.pg-C (péptidos codificados por una secuencia de ADN de entre 3.558 pb a 5.192 pb de A.pg-A y por una secuencia de ADN de entre 4.166 pb a 5.788 pb de A.pg-C: denominado también a partir de ahora en el presente documento "AΔ5-1" y "CΔ5-1", respectivamente: véanse las Figs. 1 y 2) son útiles como antígenos protectores contra la rinitis infecciosa aviar. los presentes inventores han encontrado que un péptido de fusión (denominado también a partir de ahora en el presente documento "ACΔ5-1"), que se obtiene mediante unión conjunta a un fragmento de ADN que codifica AΔ5-1 y un fragmento de ADN que codifica CΔ5-1 y que expresa el fragmento de ADN resultante, mantuvo la inmunogenicidad de los respectivos antígenos incluso tras la fusión y el péptido de fusión presentó un efecto protector contra la infección de la rinitis infecciosa aviar equivalente a o superior al de AΔ5-1 o CΔ5-1, expresado cada uno de forma individual. Además, los presentes inventores han encontrado que CΔ5-1 se expresa en una fracción soluble cuando se expresa solo mientras que AΔ5-1 se expresa en una fracción insoluble formando un cuerpo de inclusión para completar de este modo la presente invención.

De acuerdo con ello, un objeto de la presente invención es proporcionar una vacuna para la rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido de fusión, obtenido mediante unión entre sí de un fragmento peptídico que comprende una región específica de la proteína de la membrana externa de A.pg-A y un fragmento peptídico que comprende una región específica de la proteína de la membrana externa de A.pg-C, y un proceso para preparar la misma.

Tal como se usa en el presente documento, las proteínas de membrana externa de A.pg-A y A.pg-C tal como fueron aisladas e identificadas por Tokunaga et al. (Referencia de patente 1) se denominan también en su conjunto "proteína HMTp210" y los fragmentos peptídicos derivados de las proteínas HMTp210 de A.pg-A y A.pg-C se denominan también "Péptido A" y "Péptido C", respectivamente.

La presente invención se refiere a las realizaciones tal como se caracterizan en las reivindicaciones. De esta manera, se refiere a los siguientes puntos:

65

1. Una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido que consiste en una secuencia que comprende la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 35, estando dicha secuencia comprendida en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 1 con la adición de 1 a 200 restos aminoácidos en su extremo N y/o su extremo C.

2. La vacuna del punto 1 donde dicha vacuna comprende como principio activo un péptido que consiste en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 1.

3. Una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido que consiste en una secuencia que comprende la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 56, estando dicha secuencia comprendida en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 3 con la adición de 1 a 200 restos aminoácidos en su extremo N y/o su extremo C.

4. La vacuna del punto 3 donde dicha vacuna comprende como principio activo un péptido que consiste en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 3 o 52.

5. La vacuna del punto 2 o 4 donde dicho péptido comprende una secuencia de aminoácidos donde se eliminan, añaden o sustituyen 1, 2, 3, 4 o 5 aminoácidos.

Efectos de la invención

De acuerdo con la presente invención, se proporciona una vacuna de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido de fusión que consiste en un fragmento peptídico derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-A y un fragmento peptídico derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-C unidos entre sí y un proceso para preparar los mismos. La vacuna de la rinitis infecciosa aviar de la presente invención puede proporcionar simultáneamente inmunización para protección de la rinitis infecciosa aviar producida por A.pg-A y A.pg-C.

De acuerdo con el proceso de la presente invención, resulta posible conseguir que CΔ5-1, que se expresa en una fracción soluble cuando se expresa solo, forme un cuerpo de inclusión de forma que se exprese en una fracción insoluble mediante la expresión de su péptido de fusión con AΔ5-1. Como resultado, no solo se facilita la purificación de dicho péptido de fusión, sino que también se reducen los costes de producción ya que se pueden preparar los antígenos protectores contra la infección producida por A.pg-A y A.pg-C en único cultivo.

Breve descripción de los dibujos

La Fig. 1 muestra una posición del fragmento AΔ5-1 en el gen HMTp210 de A.pg-A (gen HMTp210A) donde los números de nucleótidos indicados corresponden a los descritos en la referencia 1 de Patente (Tokunaga et al.).

La Fig. 2 muestra la posición de los fragmentos CΔ4c-1, CΔ5-1 y CΔ6b-1b del gen HMTp210 de A.pg-C (gen HMTp210C) donde los números de nucleótidos indicados corresponden a los descritos en la referencia de patente 1 (Tokunaga et al.).

La Fig. 3 es una fotografía que muestra los resultados de SDS-PAGE realizados sobre el sobrenadante y las fracciones precipitadas de los desechos celulares de las *E. coli* productoras de péptidos de fusión. M: marcador, Banda 1: AΔ5-1/CΔ4c-1 (fracción precipitada), Banda 2: AΔ5-1/CΔ4c-1 (fracción sobrenadante), Banda 3: ACΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 4: ACΔ5-1 (fracción sobrenadante), Banda 5: AΔ5-1/CΔ6b-1b (fracción precipitada), Banda 6: AΔ5-1/CΔ6b-1b (fracción sobrenadante). Las flechas muestran los péptidos de fusión como se han expresado.

La Fig. 4 muestran una posición de AΔ5-1, AΔ5-2, AΔ5-3, AΔ5-4, AΔ9-2, AΔ9-3, AΔ9-4, AΔ6-2, Los fragmentos AΔ6-3 y AΔ6-4 del gen HMTp210 de A.pg-A (gen HMTp210A) donde los numerosos nucleótidos indicados corresponden a los descritos en la referencia de patente 1 (Tokunaga et al.).

La Fig. 5 muestra la posición de AΔ5-1, CΔ5-2, CΔ5-4, CΔ9-0, CΔ9-2, CΔ9-4, Los fragmentos CΔ6-2 y CΔ6-4 del gen HMTp210 de A.pg-C (gen HMTp210C) donde los numerosos nucleótidos indicados corresponden a los descritos en la referencia de patente 1 (Tokunaga et al.).

La Fig. 6 es una fotografía que muestra los resultados de SDS-PAGE realizados en el sobrenadante y las fracciones precipitadas tras la centrifugación de los desechos celulares de las *E. coli* productoras de péptidos de fusión. M: marcador, Banda 1: ACΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 2: AΔ5-2/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 3: AΔ5-3/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 4: AΔ5-4/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 5: AΔ9-2/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 6: AΔ9-3/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 7: AΔ9-4/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 8: AΔ6-2/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 9: AΔ6-3/CΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 10: AΔ6-4/CΔ5-1 (fracción precipitada), Las flechas muestran los péptidos de fusión como se han expresado.

La Fig. 7 es una fotografía que muestra los resultados de SDS-PAGE realizados tras la centrifugación de los desechos celulares de las *E. coli* productoras de péptidos de fusión. M: marcador, Banda 1: ACΔ5-1 (fracción precipitada), Banda 2: AΔ5-1/CΔ5-2 (fracción precipitada), Banda 3: AΔ5-1/CΔ5-4 (fracción precipitada), Banda 4: AΔ5-1/CΔ9-0 (fracción precipitada), Banda 5: AΔ5-1/CΔ9-2 (fracción precipitada), Banda 6: AΔ5-1/CΔ9-4 (fracción precipitada), Banda 7: AΔ5-1/CΔ6-2 (fracción precipitada), Banda 8: AΔ5-1/CΔ6-4 (fracción precipitada), Las flechas muestran los péptidos de fusión como se han expresado.

La Fig. 8 es una fotografía que muestra los resultados de SDS-PAGE realizados sobre el sobrenadante y las

fracciones precipitadas tras la centrifugación de los desechos celulares de las *E. coli* productoras de péptido de fusión. M: marcador, Banda 1: CΔ5-1-pQE (fracción sobrenadante), Banda 2: CΔ5-2-pQE (fracción sobrenadante), Banda 3: CΔ5-4-pQE (fracción sobrenadante), Banda 4: CΔ9-O-pQE (fracción sobrenadante), Banda 5: CΔ9-2-pQE (fracción sobrenadante), Banda 6: CΔ9-4-pQE (fracción sobrenadante), Banda 7: CΔ6-2-pQE (fracción precipitada), Banda 8: CΔ6-4-pQE (fracción sobrenadante). Las flechas muestran los péptidos como se han expresado.

Mejor modo de llevar a cabo la invención

Se divulga un proceso para preparar una vacuna de rinitis infecciosa aviar que comprende la etapa de preparar un péptido de fusión formador de cuerpos de inclusión que consiste en el Péptido A derivado de la proteína derivado de la proteína HMTp210 *Avibacterium paragallinarum* (a partir de ahora en el presente documento, denominada "A.pg") serotipo A y Péptido C derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-C. Más específicamente, se divulga un proceso para preparar una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende una etapa de construir un hospedador que puede producir como cuerpo de inclusión un péptido de fusión que consiste en un fragmento peptídico derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-A y un fragmento peptídico derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-C, la etapa de cultivar dicho hospedador y de recoger y purificar una fracción de un cuerpo de inclusión del cultivo, y la etapa de preparar una preparación que comprende dicha fracción purificada del cuerpo de inclusión, y una vacuna de rinitis infecciosa aviar que comprende como ingrediente activo dicho péptido de fusión.

Se puede obtener un fragmento de ADN como se describe a continuación que consiste en parte de un gen (denominado también a partir de ahora en el presente documento "gen HMTp210A") que codifica una secuencia de aminoácidos de la proteína HMTp210 (SEQ ID NO: 25) de A.pg-A y un gen (denominado también a partir de ahora en el presente documento "gen HMTp210C") que codifica una secuencia de aminoácidos de la proteína HMTp210 (SEQ ID NO: 26) de A.pg-C

Existen varias cepas aisladas de A.pg-A y A.pg-C y se puede usar cualquiera de estas cepas en la presente invención sin limitación. Hasta este momento, se han aislado, por ejemplo, cepas 221, 083 y W etc. de A.pg-A y cepas 53-47, cepas Modesto y HK-1 etc. de A.pg-C donde han notificado mutaciones de sustitución, delección o adición de uno o más aminoácidos. Para la presente invención, se puede usar cualquiera de estas cepas o mutantes.

Para el crecimiento de A.pg-A y A.pg-C, se puede usar un medio de cultivo que contiene adecuadamente polipeptona, glucosa, ácido casamínico, glutamato de sodio, extracto de levadura, cloruro de sodio, infusión de carne de pollo, nicotinamida adenina dinucleótido (Δ -NAD), suero de pollo, y similares. Se ha usado en el presente documento un caldo de pollo suplementado con suero de pollo, que contiene polipeptona S 5g, ácido casamínico 1g, cloruro de sodio 5g, L-glutamato de sodio 5g, glucosa 1g, extracto de levadura 10g, infusión de carne pollo 175ml, suero de pollo 25 ml, Δ -NAD 0,025 % en 1.000 ml de medio de cultivo, para el crecimiento a escala pequeña/media. El estado del cultivo puede configurarse normalmente a la temperatura de 37 °C durante 16 a 24 horas, donde el estado puede variar de forma adecuada dependiendo del fin del uso, el modo de cultivo, la cantidad de bacterias inoculada, la escala del cultivo, y similares.

Las células en el cultivo pueden recogerse mediante centrifugación (5.80 g, 20 min.) en una fracción precipitada. El gen HMTp210A y el gen HMTp210C (denominados a partir de ahora en el presente documento en conjunto "gen HMTp210" en el caso donde dos genes no se citen por separado) se pueden preparar a partir de ADN genómicos procedentes de células por técnicas de recombinación genética de acuerdo con Sambrook et al. (Molecular Cloning, A Laboratory Manual Segunda Edición. Cold Spring Harbor Laboratory Press, N.Y., 1989). Se puede usar también un kit comercialmente disponible. Por ejemplo, para la extracción de ADN cromosómicos, también se pueden usar los kit PureGene (Gentra Systems), kit SepaGene (Sanko Junyaku Co., Ltd.), ISOPLANT (Wako Pure Chemical Industries, Ltd.), y similares.

Más específicamente, se pueden extraer los ADN cromosómicos a partir de las células recogidas mediante centrifugación usando el kit Pure-Gene (Gentra Systems) y similares, y se puede preparar una biblioteca de ADN genómico de acuerdo con Tokunaga et al. (Referencia de patente 1). Utilizando los fragmentos de ADN obtenidos como molde, se puede realizar la PCR para amplificar los fragmentos de ADN en tamaños deseados utilizando la ADN Polimerasa Prime STAR HS (TAKARA BIO Inc.), de acuerdo con el protocolo vinculado a la anterior. Se pueden diseñar cebadores para uso en la PCR basándose en la secuencia de nucleótidos de los genes HMT p210 derivados de A.pg-A- y A.pg-C que Tokunaga et al. han descrito (Referencia de patente 1). Los cebadores de la PCR pueden estar fácilmente disponibles si se solicitan a los servicios de síntesis de ADN por contrato (por ejemplo, Sigma Genosys Japan K.K.). Cuando se diseñan, se pueden añadir secuencias de nucleótidos de sitios de escisión de enzimas de restricción adecuados al extremo 5' del cebador en la dirección 5' y en el extremo 3' del cebador en la dirección 3'.

Se puede obtener un fragmento de ADN que codifica el péptido de fusión de la presente invención uniendo entre sí el fragmento de ADN que codifica el gen HMTp210A y el fragmento de ADN que codifica el gen HMTp210C, que se ha obtenido anteriormente, utilizando una ADN sintasa directamente o tras escisión con una enzima de restricción.

Puede añadirse opcionalmente un fragmento de ADN que codifica un enlazador que consiste en una secuencia de aminoácidos de un tamaño adecuado entre el fragmento de ADN que codifica el gen HMTp210A y el fragmento de ADN que codifica el gen HMTp210C. Como enlazador se puede usar preferentemente un aminoácido con mucha flexibilidad tal como un aminoácido neutro, por ejemplo, glicina, serina, y similares. Se puede utilizar un enlazador que consiste en una única serie de aminoácidos o dos o más series de aminoácidos. Un enlazador puede tener generalmente un tamaño de 5 a 20 aminoácidos, preferentemente, un tamaño de 10 a 15 aminoácidos.

De acuerdo con la presente invención, se puede usar un fragmento de ADN del gen HMTp210A y del gen HMTp210C que codifica un péptido de fusión que puede proteger de la infección por A.pg-A y A.pg-C y formar un cuerpo de inclusión. Dicho fragmento de ADN incluye, por ejemplo, un fragmento de ADN que codifica un péptido de la Región 2 de una proteína de la membrana externa, un fragmento de ADN que codifica un péptido de la Región 2 con adición de una secuencia de aminoácidos en su extremo N y/o su extremo C, un fragmento de ADN que codifica un péptido de la Región 2 con adición de una secuencia de aminoácidos en su extremo N o su extremo C y con la delección de una secuencia de aminoácidos en su extremo N y/o su extremo C restantes, y un fragmento de ADN que codifica un péptido de la Región 2 con la delección de una secuencia de aminoácidos en el extremo N y/o el extremo C. La secuencia de aminoácidos que se va a añadir o eliminar puede ser de 1 a 200, preferentemente de 30 a 150 aminoácidos de longitud.

Se divulga un fragmento de ADN que codifica un péptido derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-A que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO: 1, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34 y 35 y un péptido derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-C que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 50, 51, 52, 53, 54, 55 y 56. Se puede usar también un fragmento de ADN de un mutante del anterior péptido donde se eliminan, añaden o se sustituyen uno o varios aminoácidos. Un "mutante del anterior péptido donde se eliminan, añaden o sustituyen uno o varios aminoácidos" tal como se usa en el presente documento se refiere al anterior péptido donde se eliminan, añaden o sustituyen 1, 2, 3, 4 o 5 aminoácidos. Se puede obtener un fragmento de ADN que codifica dicho péptido mutante mediante hibridación con un fragmento de ADN que tiene una secuencia de nucleótidos complementaria a la secuencia de nucleótidos del anterior péptido en condiciones restrictivas o un método para introducir una mutación tal como una mutagénesis dirigida al emplazamiento. Esto puede llevarse a cabo utilizando kits comercialmente disponibles.

Se puede utilizar cualquier combinación de un fragmento de ADN derivado del gen HMTp210A y un fragmento de ADN derivado del gen HMTp210C siempre que un péptido resultante pueda formar un cuerpo de inclusión. Por ejemplo, un fragmento de ADN que codifica un péptido de fusión puede ser un fragmento de ADN derivado del gen HMTp210A en la dirección 3' al cual se une un fragmento de ADN derivado del gen HMTp210C o viceversa. Pueden combinarse también fragmentos de ADN de un péptido de fusión entre sí en tándem. Asimismo, se pueden unir entre sí dos o más fragmentos de ADN derivados del gen HMTp210A y se pueden unir en la dirección 3' de dos o más fragmentos de ADN derivados del gen HMTp210C. Un ADN que codifica un péptido de fusión puede consistir en un fragmento de ADN derivado del gen HMTp210A y un fragmento de ADN derivado del gen HMTp210C en una relación de 1 del anterior a de 1 a 3 del posterior. Preferentemente, dicha relación es 1:1. Se puede determinar una secuencia de nucleótidos del fragmento de ADN obtenido, tras clonar en pBluescript II SK+ (Stratagene) o pCR2.1-TOPO (Invitrogen), con un secuenciador de ADN (ABI Prism 377 Applied Biosystems).

Se pueden incorporar los fragmentos de ADN obtenidos de esta manera de A.pg-A y A.pg-C o el fragmento de ADN que codifica un péptido de fusión en un vector de expresión adecuado, que se puede introducir a continuación en un hospedador para la expresión de cada uno de los fragmentos de ADN. Se pueden usar de forma usual para la expresión de una proteína o péptido heterólogo, bacterias, levaduras, células animales, células vegetales, células de insectos, y similares, entre los cuales, se puede utilizar cualquier hospedador siempre que se pueda producir un cuerpo de inclusión. Para la transformación de una célula hospedadora, se pueden usar métodos conocidos en la materia. Por ejemplo, fosfato de calcio, DEAE-dextrano, se puede usar una solución que utiliza liposomas tales como lipofectina, polietilenglicol para fusión de protoplastos, electroporación, choque térmico, y similares, según se selecciona de manera adecuada dependiendo de qué célula hospedadora se use. Preferentemente, Se puede usar E. coli lo que permite la expresión en grandes cantidades.

Para la expresión en E. coli se han desarrollado varios vectores de expresión que tienen el promotor trp, promotor T7, promotor cspA, y están comercialmente disponibles y se pueden usar según sea adecuado. Dicho vector de expresión incluye, por ejemplo, pET-11d (Merck) y pQE30(Quiagen). Dependiendo del vector de expresión, se pueden seleccionar E. coli adecuados, tales como BL21, HMS174, DH5Δ, HB101, JM109, y similares, como un hospedador. Se puede llevar a cabo la transformación de E. coli utilizando células competentes comercialmente disponibles de acuerdo con el protocolo vinculado a la anterior. De esta manera, se puede obtener un E. coli recombinante que produce el polipéptido deseado. Para el medio de cultivo (por ejemplo, LB, SOC, SOB, y similares) utilizados para el cultivo de E. coli, los reactivos utilizados para la selección del transformante (por ejemplo, ampicilina) y los reactivos utilizados para la inducción de la expresión (por ejemplo, ácido indol acético (IAA), isopropiltio-Δ-D-galactosida (IPTG), y similares), son reactivos comercialmente disponibles que se pueden usar. Un pH de un medio de cultivo puede estar comprendido en un intervalo adecuado para el crecimiento de E. coli (pH 6 a 8).

Se puede llevar a cabo la selección de E. coli recombinante que expresa un péptido deseado (el objeto) como se describe a continuación. Se recogieron células cultivadas y que crecían en presencia de un inductor de la expresión (se usó IPTG en un sistema de expresión en la presente invención) mediante centrifugación (9.100 g, 5 minutos), se suspendieron en un volumen fijo de agua destilada o PBS, se rompieron mediante sonicación o mediante un
 5 homogeneizador tal como una prensa French o un Monton Golin y se sometieron a centrifugación (por ejemplo, 17.800 g, 15 minutos) para la separación y la recuperación en el precipitado y el sobrenadante. Se puede añadir al agua adecuadamente destilada un tensioactivo (por ejemplo, Triton X-100), un agente quelante (por ejemplo, EDTA), una lisozima, y similares. Se puede someter una cantidad fija de sobrenadante y precipitado recuperados a
 10 electroforesis en gel de SDS-poliacrilamida, y tras la tinción con azul brillante de Coomasie, se puede confirmar la expresión del objeto mediante formación de imágenes teñidas y el tamaño molecular. Para la confirmación (o detección) del objeto, se pueden usar soluciones basadas en una reacción de antígeno-anticuerpo tales como ELISA, transferencia Western, inmunotransferencia, y similares, además de la solución basada en el tamaño molecular como se ha descrito anteriormente. Se usan comúnmente todas estas soluciones para detectar una proteína o polipéptido heterólogo expresado en E. coli y se pueden seleccionar según sea adecuado. De esta
 15 manera, se pueden seleccionar los clones recuperados en el precipitado, es decir, los clones que producen un péptido de fusión que puede formar un cuerpo de inclusión.

Se puede realizar la recuperación de un cuerpo de inclusión a partir de los clones que producen un péptido de fusión como se ha descrito anteriormente. En primer lugar, se pueden recoger las células usando centrifugación o una
 20 membrana de MF de un tamaño adecuado (Asahi Kasei Corporation). Las células recogidas se pueden romper de una manera adecuada con el fin de liberar los cuerpos de inclusión que consisten en un péptido de fusión fuera de las células. La ruptura de las células se puede llevar a cabo mediante métodos adecuados que incluyen, por ejemplo, la disolución con una sustancia química, un tensioactivo, una enzima, o un tratamiento físico tal como una prensa French o la sonicación. Combinando algunas de estas, las células se pueden romper más eficazmente.

Por ejemplo, después de recoger las células con una membrana de MF, se diluyeron y concentraron con agua desionizada para eliminar los componentes de cultivo y los metabolitos celulares restantes, se pueden añadir un tampón y una lisozima adecuados y se puede dejar la mezcla resultante a una temperatura baja (4 a 15 °C) durante
 25 la noche para disolver de esta manera la membrana celular de las células. La solución tratada de las células se puede someter a una prensa French (o Manton Golin) a 500 a 600 Kg/cm² para romper las células. El tampón puede ser de cualquier tipo siempre que tenga una capacidad tamponante a un pH que varía de 7,5 a 9 al cual la lisozima es activa, tal como el tampón Tris. Se puede usar el tampón a una concentración como a la que se usa comúnmente un tampón (10 a 50 mM). Se puede usar la lisozima a una concentración de 0,3 a 1,0 g/l. Por ejemplo, se puede
 30 añadir tampón Tris 20 mM a pH 8,5, se puede añadir lisozima (0,6 g/l) y se puede dejar la mezcla en reposo a 4°C durante la noche para disolver la pared celular de las células. Tras romper las células con una prensa French, se puede repetir la dilución y la concentración con un tampón o agua desionizada y una membrana de MF para eliminar la mayor parte de los componentes celulares. De manera opcional, se puede añadir un tensioactivo tal como Triton-
 35 X100. Se pueden recuperar los cuerpos de inclusión mediante centrifugación de una solución concentrada que contiene cuerpos de inclusión como un precipitado.

Los cuerpos de inclusión recuperados se pueden disolver en una solución que contiene un agente desnaturizante. El agente desnaturizante que se va a usar incluye urea, clorhidrato de guanidina, y similares, siendo preferible la urea. Se puede usar dicha urea y el clorhidrato de guanidina en un intervalo de concentración de 4 a 8 M y de 2 a
 40 6 M, respectivamente. Para la presente invención, se puede usar preferentemente urea 8M. Para disolver un agente desnaturizante y un agente reductor, se puede usar un tampón a un pH de 6 a 9, preferentemente a un pH de 7 a 8. Se puede usar cualquier tampón que tenga una capacidad tamponante en el intervalo de pH superior tal como un tampón fosfato, un tampón Tris, un tampón de glicina, un tampón de carbonato, y similares. Se puede realizar la disolución a una temperatura de 40 °C o inferior. El tiempo de disolución puede ajustarse mientras se observa la disolución de los cuerpos de inclusión, y normalmente es de 30 minutos a 1 hora.

A continuación, se puede realizar el replegado, es decir, la reconstrucción de una estructura estérica normal, de un péptido de fusión añadiendo un volumen de 10 a 20 veces de un tampón a la solución de los cuerpos de inclusión o dializando la solución frente a un tampón. Para el replegado, se puede emplear el mismo tipo, temperatura y pH de
 45 un tampón como el de los usados para la disolución de los cuerpos de inclusión. El replegado puede realizarse a temperatura ambiente o a una temperatura menor y se mantiene en reposo durante 1 a 7 días, preferentemente, durante de 3 a 4 días.

La solución que contiene el péptido de fusión puede someterse adicionalmente a un procedimiento de purificación según demande la ocasión. Para dicho procedimiento de purificación se puede usar una combinación de métodos
 50 habitualmente usados en el campo de la química de proteínas tales como, por ejemplo, centrifugación, desalado, ultrafiltración, focalización isoelectrica, electroforesis, cromatografía de intercambio iónico, cromatografía de filtración en gel, cromatografía de afinidad, cromatografía hidrófoba, cromatografía con hidroxiapatito, y similares. se puede medir una cantidad de la proteína o del polipéptido obtenido con un para la medida de la proteína tal como un kit
 55 BCA de reactivos para el ensayo de la proteína (Pierce Biotechnology, Inc), kit de ensayo de proteínas, (BIO-RAD, Inc), y similares.

- La utilidad del péptido de fusión de la presente invención como vacuna para la rinitis infecciosa aviar puede demostrarse inmunizando gallinas con una solución que contiene dicho péptido de fusión y determinando los títulos de anticuerpo de A.pg-A y A.pg-C en suero obtenidos a partir de pollo o estimulando dicha gallina inmunizada con bacterias virulentas y observando la supervivencia de la gallina y los síntomas clínicos tales como nariz congestionada, hinchazón de la cara y lagrimeo. Para la inmunización de la gallina, se puede añadir opcionalmente un agente inmunopotenciador (adyuvante), que se usa en una preparación farmacéutica ordinaria. El modo de administración no está particularmente restringido y se puede realizar la administración, por ejemplo, por vía subcutánea, intradérmica, intraperitoneal, o intranasal, normalmente una a tres veces al día cada 2 a 4 semanas.
- Para preparar una preparación farmacéutica que contiene el péptido de fusión de la presente invención como vacuna, se puede filtrar a esterilidad una solución que contenga dicho péptido de fusión a través de un filtro de membrana y se puede añadir al filtrado, según demande la ocasión, un agente inmunopotenciador (adyuvante) tal como hidróxido de aluminio, fosfato de aluminio, aceite o aceite no mineral, un agente estabilizante tal como polisorbato 80, aminoácidos, y azúcares, por ejemplo, lactosa y sacarosa, y un agente conservante tal como formalina, timerosal, 2-fenoxietanol, alcohol bencílico, cloruro de benzetonio y cloruro de benzalconio. Asimismo, añadiendo azúcares eficaces como un excipiente tal como lactosa o sacarosa, se puede preparar una preparación liofilizada. De esta manera, se puede preparar una vacuna que comprende como principio activo el péptido de fusión de la presente invención.
- La vacuna obtenida se puede usar sola como una vacuna para la rinitis infecciosa aviar o usarse de forma alternativa en combinación con al menos una vacuna seleccionada entre el grupo que consiste en vacunas contra otros virus tales como el virus de la bronquitis infecciosa aviar, el virus de la enfermedad de la bursitis infecciosa aviar, el virus de la encefalomiелitis aviar, el virus del síndrome de caída del huevo, vacunas contra bacterias tales como *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis*, y *Salmonella pollorum* y vacunas contra protozoos tales como *Leucocytozoon cauleryi*, *Eimeria tenera*, y *Eimeria maxima*.

La presente invención se explica con más detalle por medio de los siguientes ejemplos, pero no se construyen para limitarla.

Ejemplo 1: Construcción de plásmidos para la expresión de péptidos de fusión

- Se prepararon bibliotecas de ADN genómico de la cepa A.pg-A 221 y de la cepa A.pg-C 53-47 de acuerdo con Tokunafa et al. (Referencia de patente 1). En resumen, se extrajeron los ADN genómicos utilizando el kit PureGene (Gentra Systems) a partir de células recogidas mediante centrifugación (Tomy, RD-20PIV, 4.400 g, 20 min). Utilizando los ADN obtenidos como molde, se realizó la PCR con ADN polimerasa Prime STAR HS (TAKARA BIO Inc.) para amplificar los fragmentos de ADN de los genes de la proteína HMTp210 de A.pg-A y A.pg-C. Las condiciones de la PCR fueron como sigue: tras la reacción a 98°C durante 1 minuto, desnaturalización (98°C durante 10 segundos), hibridación (55 °C durante 15 segundos), y reacción de alargamiento (72 °C durante 120 segundos) durante 15 ciclos, seguido por la reacción de terminación (72 °C durante 7 minutos).
- La Tabla 1 muestra los nombres y los números de identidad de las secuencias de los respectivos fragmentos de ADN y de los cebadores de la PCR usados en la reacción de amplificación. Se añadió la secuencia de reconocimiento de NcoI al cebador 5' y se añadió la secuencia de reconocimiento de BamHI al cebador 3' usado para la amplificación de los fragmentos de ADN de A.pg-A y se añadió la secuencia de reconocimiento de BamHI al cebador 5' y al cebador 3' usados en la amplificación de los fragmentos de ADN de A.pg-C. Las Figs. 1 y 2 muestran la posición relativa de los fragmentos de ADN respectivos. En la Tabla, las SEQ ID NO indicados en la columna de fragmentos de ADN denotan secuencias de aminoácidos codificadas por los respectivos fragmentos de ADN.

Tabla 1

Fragmento de ADN	cebador 5'	cebador 3'
AΔ5-1 (SEQ ID NO: 1)	AΔ5-1-P1 (SEQ ID NO: 14)	AΔ5-1-P3 (SEQ ID NO: 15)
CΔ4c-1 (SEQ ID NO: 2)	CΔ4C-1-P1 (SEQ ID NO: 16)	CΔ4-5-P3 (SEQ ID NO: 17)
CΔ5-1 (SEQ ID NO: 3)	CΔ5-1-P1 (SEQ ID NO: 18)	CΔ4-5-P3 (SEQ ID NO: 17)
CΔB6-1b (SEQ ID NO: 4)	CΔB6-1b-P1 (SEQ ID NO: 19)	CΔB6-1b-P3 (SEQ ID NO: 20)

- Se prepararon plásmidos de expresión como se describe a continuación. En primer lugar, se digirió AΔ5-1 con NcoI y BamHI y, tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). Los fragmentos obtenidos se unieron a un vector de expresión pET-11d (Merck) digerido previamente con NcoI y BamHI y se usó el plásmido resultante para transformar la cepa *E. coli* BL21(DE3) (Merck). A partir de este transformante, se extrajo el plásmido de expresión (pET-11d-AΔ5-1) usando el sistema de purificación del ADN Wizard Plus SV Minipreps DNA (Promega).

A continuación, CΔc-1, CΔ5-1 y CΔ6b-1b se digirieron con BamHI y, tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). Los fragmentos obtenidos se unieron en orientación directa a pET-11d-AΔ5-1 digerido previamente con BamHI y el plásmido resultante se usó para transformar la cepa *E. coli* BL21(DE3) (Merck) para dar los plásmidos de expresión pET-11d-AΔ5-1-CΔ4c-1, pET-11d-AΔ5-1-CΔ5-1 y pET-11d-AΔ5-1-CΔ6b-1b. En cada uno de los plásmidos de expresión construidos, se insertaron CΔ4c-1, CΔ5-1 y CΔ6b-1b directamente en la dirección 3' de AΔ5-1 en una orientación directa que produce los péptidos de fusión que se muestran en la Tabla 2.

Tabla 2

Plásmido	Péptido de fusión
pET-11d-AΔ5-1-CΔ4c-1	AΔ5-1/CΔ4c-1 (SEQ ID NO: 8)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ5-1	ACΔ5-1 (SEQ ID NO: 9)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ6b-1b	AΔ5-1/CΔ6b-1b (SEQ ID NO: 10)

Ejemplo 2: Construcción de plásmidos para la expresión de péptidos de fusión con la adición de un enlazador

Para la adición de una secuencia enlazadora, se amplificaron fragmentos de ADN del gen de la proteína HMTp210 de *A.pg* como se describe en el Ejemplo 1. La Tabla 3 muestra los nombres y los números de identidad de las secuencias de los respectivos fragmentos de ADN y de los cebadores de la PCR usados en la reacción de amplificación. Se añadió el cebador 5' con la secuencia de reconocimiento XbaI y se añadió el cebador 3' con la secuencia de reconocimiento BamHI. En la Tabla, las SEQ ID NO indicados en la columna de fragmentos de ADN denotan secuencias de aminoácidos codificadas por los respectivos fragmentos de ADN.

Tabla 3

Fragmento de ADN	cebador 5'	cebador 3'
AΔ5-1 (SEQ ID NO: 1)	AΔ5-1-P5 (SEQ ID NO: 14)	AΔ5-1-P3 (SEQ ID NO: 15)
L-CΔ4c-1 (SEQ ID NO: 5)	CΔ4c-1-L-P5 (SEQ ID NO: 21)	CΔ4-5-P3 (SEQ ID NO: 17)
L-CΔ5-1 (SEQ ID NO: 6)	CΔ5-1-L-P5 (SEQ ID NO: 22)	CΔ4-5-P3 (SEQ ID NO: 17)
L-CΔ6b-1b (SEQ ID NO: 7)	CΔ6b-1b-L-P5 (SEQ ID NO: 23)	CΔ6b-1b-P3 (SEQ ID NO: 20)

Se prepararon plásmidos de expresión donde un enlazador se une directamente en la dirección 3' de AΔ5-1 como se describe a continuación. En primer lugar, AΔ5-1 obtenido en el Ejemplo 1 se digirió con NcoI y BamHI y, tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). A continuación, se añadió al extremo C de los fragmentos obtenidos con una ADN ligasa una secuencia enlazadora que consistía en una secuencia de nucleótidos que codificaba diez restos de glicina (Enlazador Gly: SEQ ID NO: 24) para dar un fragmento de ADN (AΔ5-1-L). Como consecuencia de la adición de la secuencia enlazadora, se pierde la secuencia de reconocimiento Bam HI en el extremo C de AΔ5-1 y se genera a su vez la secuencia de reconocimiento de XbaI.

A continuación, CΔ4c-1, CΔ5-1 y CΔ6b-1b se digirieron con XbaI y BamHI y, tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). Los fragmentos obtenidos se ligaron con AΔ5-1 y a continuación se digirieron con BamHI. Tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). Además, los fragmentos obtenidos se insertaron en un vector de expresión pET-11d (Merck) previamente digerido con NcoI y BamHI. Se usó el plásmido de expresión resultante para transformar la cepa *E. coli* BL21(DE3) (Merck) para dar los plásmidos de expresión pET-11d-AΔ5-1-L-CΔ4c-1, pET-11d-AΔ5-1-L-CΔ5-1 y pET-11d-AΔ5-1-L-CΔ6b-1b. En cada uno de los plásmidos de expresión construidos, CΔ4c-1, CΔ5-1 y CΔ6b-1b se insertaron directamente en la dirección 3' de la secuencia enlazadora en una orientación directa que produce los péptidos de fusión vía glicina derivados de la secuencia enlazadora que se muestra en la Tabla 4.

Tabla 4

Plásmido	Péptido de fusión
pET-11d-AΔ5-1-L-CΔ4c-1	AΔ5-1/L-CΔ4c-1 (SEQ ID NO: 11)
pET-11d-AΔ5-1-L-CΔ5-1	ACΔ5-1-L (SEQ ID NO: 12)
pET-11d-AΔ5-1-L-CΔ6b-1b	AΔ5-1/L-CΔ6b-1b (SEQ ID NO: 13)

Ejemplo 3: Construcción de plásmidos para la expresión de péptidos de fusión acortados (1)

Se prepararon bibliotecas de ADN genómico de la cepa A.pg-A 221 como se describe en el Ejemplo 1. Se realizó la PCR para amplificar los fragmentos de ADN que se muestran en la Tabla 5. Las condiciones de la PCR fueron como sigue: tras la reacción a 98 °C durante 1 minuto, reacciones de desnaturalización (98°C durante 10 segundos), hibridación y alargamiento (70 °C durante 120 segundos) durante 15 ciclos, seguido por la reacción de terminación (72 °C durante 7 minutos). Se extrajeron los plásmidos de expresión que contenían estos fragmentos, pET-11d-AA5-1, pET-11d-AA5-2, pET-11d-AA5-3, pET-11d-AA5-4, pET-11d-AA9-2, pET-11d-AA9-3, pET-11d-AA9-4, pET-11d-AA6-2, pET-11d-AA6-3 and pET-11d-AA6-4. La Tabla 5 muestra los nombres y los números de identidad de las secuencias de los respectivos fragmentos de ADN y de los cebadores de la PCR usados en la reacción de amplificación. Se añadió el cebador 5' con la secuencia de reconocimiento Nco1 y se añadió el cebador 3' con la secuencia de reconocimiento BamH1. La Fig. 4 muestra la posición relativa de los fragmentos de ADN respectivos. En la Tabla, las SEQ ID NO indicados en la columna de fragmentos de ADN denotan secuencias de aminoácidos codificadas por los respectivos fragmentos de ADN.

Tabla 5

Fragmento de ADN	cebador 5'	cebador 3'
AA5-1 (SEQ ID NO: 1)	AA5-1-P5 (SEQ ID NO: 14)	AA5-1-P3 (SEQ ID NO: 15)
AA5-2 (SEQ ID NO: 27)	AA5-1-P5 (SEQ ID NO: 14)	AA2-1-P3 (SEQ ID NO: 38)
AA5-3 (SEQ ID NO: 28)	AA5-1-P5 (SEQ ID NO: 14)	AA3-1-P3 (SEQ ID NO: 39)
AA5-4 (SEQ ID NO: 29)	AA5-1-P5 (SEQ ID NO: 14)	AA4-1-P3 (SEQ ID NO: 40)
AA9-2 (SEQ ID NO: 30)	AA9-1-P5 (SEQ ID NO: 36)	AA2-1-P3 (SEQ ID NO: 38)
AA9-3 (SEQ ID NO: 31)	AA9-1-P5 (SEQ ID NO: 36)	AA3-1-P3 (SEQ ID NO: 39)
AA9-4 (SEQ ID NO: 32)	AA9-1-P5 (SEQ ID NO: 36)	AA4-1-P3 (SEQ ID NO: 40)
AA6-2 (SEQ ID NO: 33)	AA6-1-P5 (SEQ ID NO: 37)	AA2-1-P3 (SEQ ID NO: 38)
AA6-3 (SEQ ID NO: 34)	AA6-1-P5 (SEQ ID NO: 37)	AA3-1-P3 (SEQ ID NO: 39)
AA6-4 (SEQ ID NO: 35)	AA6-1-P5 (SEQ ID NO: 37)	AA4-1-P3 (SEQ ID NO: 40)

A continuación, CA5-1 obtenido en el Ejemplo 1 se digirió con BamH1 y, tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). Además, los fragmentos obtenidos se unieron en una orientación directa a pET-11d-AA5-1, pET-11d-AA5-2, pET-11d-AA5-3, pET-11d-AA5-4, pET-11d-AA9-2, pET-11d-AA9-3, pET-11d-AA9-4, pET-11d-AA6-2, pET-11d-AA6-3 y pET-11d-AA6-4 digeridos previamente con BamH1. Se usaron los plásmidos de expresión resultantes para transformar la cepa *E. coli* BL21(DE3) (Merck) para dar los plásmidos de expresión pET-11d-AA5-1-CA5-1, pET-11d-AA5-2-CA5-1, pET-11d-AA5-3-CA5-1, pET-11d-AA5-4-CA5-1, pET-11d-AA9-2-CA5-1, pET-11d-AA9-3-CA5-1, pET-11d-AA9-4-CA5-1, pET-11d-AA6-2-CA5-1, pET-11d-AA6-3-CA5-1 y pET-11d-AA6-4-CA5-1. En cada uno de los plásmidos de expresión construidos, se insertó CA5-1 directamente en la dirección 3' del gen de expresión del Péptido A en una orientación directa que produce los péptidos de fusión que se muestran en la Tabla 6.

Tabla 6

Plásmido	Péptido de fusión
pET-11d-AA5-1-CA5-1	ACA5-1 (SEQ ID NO: 9)
pET-11d-AA5-2-CA5-1	AA5-2/CA5-1 (SEQ ID NO: 41)
pET-11d-AA5-3-CA5-1	AA5-3/CA5-1 (SEQ ID NO: 42)
pET-11d-AA5-4-CA5-1	AA5-4/CA5-1 (SEQ ID NO: 43)
pET-11d-AA9-2-CA5-1	AA9-2/CA5-1 (SEQ ID NO: 44)
pET-11d-AA9-3-CA5-1	AA9-3/CA5-1 (SEQ ID NO: 45)
pET-11d-AA9-4-CA5-1	AA9-4/CA5-1 (SEQ ID NO: 46)
pET-11d-AA6-2-CA5-1	AA6-2/CA5-1 (SEQ ID NO: 47)
pET-11d-AA6-3-CA5-1	AA6-3/CA5-1 (SEQ ID NO: 48)
pET-11d-AA6-4-CA5-1	AA6-4/CA5-1 (SEQ ID NO: 49)

Ejemplo 4: Construcción de plásmidos para la expresión de péptidos de fusión acortados (2)

Se prepararon bibliotecas de ADN genómico de la cepa A.pg-C 53-47 como se describe en el Ejemplo 1 para dar los fragmentos de ADN que se muestran en la Tabla 7. Las condiciones de la PCR fueron las descritas en el Ejemplo 3. La Tabla 7 muestra los nombres y los números de identidad de las secuencias de los respectivos fragmentos de ADN y de los cebadores de la PCR usados en la reacción de amplificación. Se añadieron el cebador 5' y el cebador 3' con la secuencia de reconocimiento de BamH1. La Fig. 5 muestra la posición relativa de los fragmentos de ADN respectivos. En la Tabla, las SEQ ID NO indicados en la columna de fragmentos de ADN denotan secuencias de aminoácidos codificadas por los respectivos fragmentos de ADN.

Tabla 7

Fragmento de ADN	cebador 5'	cebador 3'
CΔ5-1 (SEQ ID NO: 3)	CΔ5-1-P5 (SEQ ID NO: 18)	CΔ4-5-P3 (SEQ ID N°: 17)
CΔ5-2 (SEQ ID NO: 50)	CΔ5-1-P5 (SEQ ID NO: 18)	CΔ2-P3 (SEC ID NO: 58)
CΔ5-4 (SEQ ID NO: 51)	CΔ5-1-P5 (SEQ ID NO: 18)	CΔ4-P3 (SEC ID NO: 59)
CΔ9-0 (SEQ ID NO: 52)	CΔ9-P5 (SEQ ID NO: 57)	CΔ0-P3 (SEC ID NO: 60)
CΔ9-2 (SEQ ID NO: 53)	CΔ9-P5 (SEQ ID NO: 57)	CΔ2-P3 (SEC ID NO: 58)
CΔ9-4 (SEQ ID NO: 54)	CΔ9-P5 (SEQ ID NO: 57)	CΔ4-P3 (SEC ID NO: 59)
CΔ6-2 (SEQ ID NO: 55)	CΔ6b-1b-P5 (SEQ ID NO: 19)	CΔ2-P3 (SEC ID NO: 58)
CΔ6-4 (SEQ ID NO: 56)	CΔ6b-1b-P5 (SEQ ID NO: 19)	CΔ4-P3 (SEC ID NO: 59)

A continuación, tal como se describe en el Ejemplo 1, CΔ5-1, CΔ5-2, CΔ5-4, CΔ9-0, CΔ9-2, CΔ9-4, CΔ6-2 y CΔ6-4 se digirieron con BamH1 y, tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). Los fragmentos obtenidos se unieron en una orientación directa a pET-11d-AΔ5-1 previamente digerido con BamH1 para dar los plásmidos de expresión pET-11d-AΔ5-1-CΔ5-1, pET-11d-AΔ5-1-CΔ5-2, pET-11d-AΔ5-1-CΔ5-4, pET-11d-AΔ5-1-CΔ9-0, pET-11d-AΔ5-1-CΔ9-2, pET-11d-AΔ5-1-CΔ9-4, pET-11d-AΔ5-1-CΔ6-2 y pET-11d-AΔ5-1-CΔ6-4. En cada uno de los plásmidos de expresión construidos, CΔ5-1, CΔ5-2, CΔ5-4, CΔ9-0, CΔ9-2, CΔ9-4, CΔ6-2 y CΔ6-4 se insertaron directamente en la dirección 3' de AΔ5-1 en una orientación directa que produce los péptidos de fusión que se muestran en la Tabla 8.

Tabla 8

Plásmido	Péptido de fusión
pET-11d-AΔ5-1-CΔ5-1	ACΔ5-1 (SEQ ID NO: 12)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ5-2	AΔ5-1/CΔ5-2 (SEQ ID NO: 61)
pET-11d-AΔ5-1-C05-4	AΔ5-1/CΔ5-4 (SEQ ID NO: 62)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ9-0	AΔ5-1/CΔ9-0 (SEQ ID NO: 63)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ9-2	AΔ5-1/CΔ9-2 (SEQ ID NO: 64)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ9-4	AΔ5-1/CΔ9-4 (SEQ ID NO: 65)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ6-2	AΔ5-1/CΔ6-2 (SEQ ID NO: 66)
pET-11d-AΔ5-1-CΔ6-4	AΔ5-1/CΔ6-4 (SEQ ID NO: 67)

Ejemplo 5: Construcción de plásmidos para la expresión del péptido C

Se prepararon bibliotecas de ADN genómico de la cepa A.pg-C 53-47 como se describe en el Ejemplo 1 para dar los fragmentos de ADN similares a los que se muestran en la Tabla 7. Las condiciones de la PCR fueron las descritas en el Ejemplo 3. Los nombres y los números de identidad de la secuencia de los respectivos fragmentos de ADN y los cebadores de la PCR utilizados en la reacción de amplificación fueron los mismos que en la Tabla 7 con la excepción de que se cambió la secuencia de reconocimiento de la enzima de restricción en el cebador 3' a partir de la secuencia de reconocimiento de BamHI a la secuencia de reconocimiento de HindIII a fin de que los fragmentos amplificados se puedan insertar en el vector de expresión pQE30 (QIAGEN) más eficazmente.

A continuación, CΔ5-1, CΔ5-2, CΔ5-4, CΔ9-0, CΔ9-2, CΔ9-4, CΔ6-2 y CΔ6-4 se digirieron con BamHI e HindIII y, tras la separación mediante electroforesis en gel de agarosa al 0,8 %, los fragmentos de ADN se eluyeron y

recuperaron usando el Gel Wizard SV y el Sistema PCR Clean-Up (Promega). Los fragmentos obtenidos se unieron el vector de expresión pQE30 digerido con BamHI y HindIII. Los plásmidos de expresión resultantes se usaron para transformar la cepa *E. coli* JM109 (QIAGEN) para dar plásmidos que expresan CΔ5-1, CΔ5-2, CΔ5-4, CΔ9-0, CΔ9-2, CΔ9-4, CΔ6-2 y CΔ6-4. Las secuencias de aminoácidos de los péptidos obtenidos a partir de estos plásmidos de expresión son las codificadas por los fragmentos de ADN respectivos que se muestran en la Tabla 7 con la adición en su extremo N de la secuencia de la etiqueta de histidina (MRGSHHHHHGS) derivada de los vectores.

Ejemplo 6: Expresión del péptido de fusión (1)

Se inoculó la cepa *E. coli* BL21 (DE3) (Merck) que tenía los plásmidos de expresión respectivos obtenidos en los Ejemplos 1 y 2 a 1 a 5 ml de medio LB que contenía 50 µg/ml de ampicilina y se cultivó con agitación a 30 a 37°C hasta que la DO600 del cultivo fluido alcanzó 0,5. A continuación se añadió IPTG a una concentración final de 1 mM y se continuó el cultivo durante 3 horas. Tras la centrifugación (Tomy, MX-300, 9.100 g, 5 minutos), se descartó el sobrenadante, se añadió un tampón de lavado (PBS) en una cantidad equivalente a la cantidad de cultivo fluido inicial y se suspendieron las células hasta la uniformidad. La suspensión se sometió a ultrasonido usando enfriamiento con hielo usando un ultrasonido conveniente (Tomy, UR-20P) a una potencia de 10 durante 10 segundos durante diez veces y se centrifugó a 17.800 g durante 15 minutos. Se aisló el sobrenadante y se añadió al precipitado, un tampón de lavado hasta una cantidad equivalente a la cantidad de la solución sometida a ultrasonido antes de la centrifugación y el precipitado se suspendió hasta la uniformidad. A cada uno del sobrenadante y el precipitado aislados se añadió una cantidad equivalente de un tampón de muestra (2 x SDS) y, tras calentar en agua en ebullición durante 5 minutos, se realizaron el análisis SDS-PAGE y la tinción con azul brillante de Coomassie de la manera habitual. Cuando se observaron los péptidos de fusión en la suspensión precipitada, se consideró que dichos péptidos de fusión formaban un cuerpo de inclusión. La Fig. 3 muestra los respectivos modelos de expresión.

Cuando se expresaron de forma individual, CΔ4c-1 se expresó en una fracción soluble y la fracción de expresión de CΔ5-1 no fue constante mientras que todos los péptidos de expresión se expresaron de forma estable como un cuerpo de inclusión. Con respecto al nivel de expresión, este fue algo bajo para AΔ5-1/CΔ4c-1 y fue casi igual entre sí para cada uno de los otros dos péptidos de fusión restantes ACΔ5-1 y AΔ5-1/CΔ6b-1b con buena expresión. Los péptidos de fusión con adición del enlazador mostraron un nivel de expresión equivalente al de los péptidos de fusión sin adición del enlazador.

Ejemplo 7: Inmunogenicidad del péptido de fusión (1)

Para confirmar la eficacia de los péptidos de fusión de la vacuna, se realizó un ensayo de estímulo utilizando una cepa virulenta homóloga. Los cuerpos de inclusión en la suspensión precipitada de ACΔ5-1 y ACΔ5-1-L obtenidos en el Ejemplo 6 se solubilizaron con urea 8 M y se sustituyó el tampón con PBS (pH 7,4) utilizando una membrana de diálisis. Se administró una vez por vía intramuscular una vacuna preparada emulsionando ACΔ5-1 a la cantidad de antígeno que se muestra en la Tabla 9 en 0,5 ml por dosis con un aceite adyuvante a la pata de gallinas SPF de 8 semanas de edad para la inmunización. Como control, se configuró el grupo al que se administró vacuna con aceite adyuvante comercialmente disponible con células inactivadas (OILVAX NB2AC, Juridical Foundation The Chemo-Sero-Therapeutic Research Institute) y se configuró un grupo sin administración. Cuatro semanas después de la inmunización, se administraron 0,2 ml de una solución que contenía la cepa A.pg-A 221 (1,0 x 10¹⁰ UFC/ml) o una cepa A.pg-C 53-47 (3,0 x 10⁹ UFC/ml) por vía intranasal y se observaron síntomas clínicos de nariz congestionada, hinchazón de la cara y lagrimeo durante una semana.

Como resultado, como se muestra en la Tabla 9, los pollos a los que se administraron péptidos de fusión presentaron excelente eficacia protectora contra el estímulo de la cepa A.pg-A 221 y la cepa A.pg-C 53-47 e incluso a 0,06 µg/dosis, la eficacia de la vacuna fue de más de una cantidad de 1/1.000 de la vacuna de aceite adyuvante comercialmente disponible. Los péptidos con adición del enlazador presentaron también la misma eficacia protectora. De esta manera, los péptidos de fusión demostraron ser útiles como vacuna.

Tabla 9

Vacuna	Cantidad de antígeno	Índice de protección al estímulo de la cepa	
		A.pg-A 221	A.pg-C 53-47
ACΔ5-1	6 µg/dosis	100 %	100 %
	0,6 µg/dosis	100 %	100 %
	0,06 µg/dosis	100 %	100 %
ACΔ5-1-L (con adición de enlazador)	6 µg/dosis	100 %	100 %
	0,6 µg/dosis	100 %	100 %
	0,06 µg/dosis	100 %	100 %
OILVAX NB2 AC	1/10 veces	100 %	100 %
	1/100 veces	100 %	100 %
	1/1.000 veces	40 %	20 %
Control no inmunizado	-	0 %	0 %

Ejemplo 8: Eficacia del péptido de fusión para la cepa heteróloga

- 5 Para confirmar la eficacia de los péptidos de fusión de la vacuna para las otras cepas (cepas heterólogas), se usaron la cepa A.pg-A 221 y la cepa A.pg-C 53-47 para preparar el péptido de fusión, el ensayo del estímulo se realizó como en el Ejemplo 7. Se repitieron los procedimientos del Ejemplo 7 excepto que se empleó una cantidad diferente de antígeno para la inmunización y diferentes cepas virulentas, es decir, se utilizaron la cepa A.pg-A 083 (1,0 x 10⁹ UFC/ml), la cepa A.pg-A W (4,1 x 10⁹ UFC/ml) y la cepa A.pg-C Modesto (2.8 x 10⁹ UFC/ml), para el estímulo.

- 10 Como resultado, como se muestra en la Tabla 10, el pollo al que se administraron péptidos de fusión presentó excelente eficacia protectora frente al estímulo de todas las cepas de A.pg-A 083, A.pg-A W y A.pg-C Modesto. De esta manera, los péptidos de fusión demostraron ser útiles como vacuna para otras cepas virulentas a partir de las cuales no se derivaron los péptidos de fusión.

15

Tabla 10

Vacuna	Cepa estímulo	Cantidad de antígeno	Tasa de protección
Péptido A (AΔ5-1)	A.pg-A 083	3 µg/dosis	100 %
		0,3 µg/dosis	100 %
		0,03 µg/dosis	40 %
	A.pg-A W	3 µg/dosis	100 %
		0,3 µg/dosis	100 %
		0,03 µg/dosis	40 %
Péptido de fusión (ACΔ5-1)	A. µg-C Modesto	6 µg/dosis	100 %
		0,6 µg/dosis	100 %
		0,06 µg/dosis	100 %
OILVAX NB2AC	A.pg-A 083	1/10 veces	100 %
		1/100 veces	100 %
		1/1.000 veces	20 %
	A.pg-A W	1/10 veces	100 %
		1/100 veces	80 %
		1/1.000 veces	0 %
	A.pg-C Modesto	1/10 veces	100 %
		1/100 veces	80 %

Vacuna	Cepa estímulo	Cantidad de antígeno	Tasa de protección
		1/1.000 veces	20 %
Control no inmunizado	A.pg-A 083	-	0 %
	A.pg-A W	-	0 %
	A.pg-C Modesto	-	0 %

Se analizaron las respectivas cepas utilizadas en el ensayo del estímulo para su secuencia de nucleótidos de la región 2. Como resultado, para A.pg-A, se observaron identidades completas entre la cepa 083 y la cepa W y la mutación del nucleótido 1 (A/G; ácido glutámico en el N° 1227 de la SEQ ID NO: 25 se sustituyó) entre la cepa 221 y la cepa 0,83 y entre la cepa 221 y la cepa W. Para A.pg-C, se observó la delección de 3 nucleótidos AAG (ácido glutámico en el N° 1144 de la SEQ ID NO: 26) en la cepa Modesto en comparación con la cepa 53-47.

Ejemplo 9: Comparación de la eficacia entre el péptido de fusión ACΔ5-1 y los respectivos péptidos

Para comparar la eficacia de la vacuna entre el péptido de fusión ACΔ5-1 y el Péptido A o el Péptido C antes de la fusión, se realizó un ensayo de inmunización. Los análogos sintéticos se prepararon como se describe en el Ejemplo 7. Una vacuna preparada emulsionando ACΔ5-1, Se administraron una vez por vía intramuscular el Péptido A o el Péptido C a la cantidad de antígeno que se muestra en la Tabla 11 en 0,5 ml por dosis con un aceite adyuvante a la pata de pollos SPF de 4 semanas de edad para la inmunización. Como control, se configuró el grupo sin administración. Cuatro semanas después de la inmunización, se determinó el título de anticuerpos como describe Ushijima et al. (Solicitud de patente japonesa N° 2008-29589). Específicamente, se realizó la medida de los anticuerpos mediante ELISA.

Los diferentes péptidos en la Región 2 de A.pg-A y A.pg-C se diluyeron con tampón bicarbonato 50 mM a 1 µg/ml y cada 50 µl de la solución se añadió a una placa de 96 pocillos para la inmovilización. Tras la adsorción a 4 °C durante la noche, se descartó la solución, y se lavó la placa con 300 µl de PBS-T (hidrogenofosfato disódico 8,1 mM, dihidrogenofosfato de potasio 1,5 mM, cloruro de sodio 137 mM, cloruro de potasio 2,7 mM, Tween 20 al 0,1 %) y se añadieron a 300 µl de PBS-T suplementado con leche desnatada al 5 % para el bloqueo. Se descartó la solución de bloqueo. Se diluyó suero con PBS-T suplementado con leche desnatada al 10 % a 100 veces y cada 50 µl de la solución se añadieron para la reacción a temperatura ambiente durante 1 hora. Tras eliminar la solución de reacción, se lavó la placa con PBS-T tres veces. Un anticuerpo dirigido contra IgG de pollo marcada con HRP se diluyó con PBS-T suplementado con leche en polvo al 5 % a 20.000 veces y cada 50 µl de la solución se añadieron a cada pocillo para la reacción a temperatura ambiente durante 30 minutos en la oscuridad. Tras eliminar la solución de reacción, se lavó la placa con PBS-T tres veces. Cada 100 µl de la solución sustrato (TMB + sustrato-cromógeno: DAKO) se añadieron para la reacción a temperatura ambiente durante 15 minutos. Cada 100 µl de ácido sulfúrico 3M se añadieron a la detención de la reacción. Se midió la absorbancia a la longitud de onda de 450 nm con un lector de placas de 96 pocillos (Molecular device Japón).

Como resultado, como se muestra en la Tabla 11, el pollo inmunizado con el péptido de fusión ACΔ5-1 presentó un título de anticuerpos alto a 0,6 µg/dosis y un 100 % de una tasa de conversión positiva para A.pg-A y A.pg-C. A 0,06 µg/dosis del péptido de fusión, se observaron un 80 % y un 40 % de tasas de conversión positivas para A.pg-A y A.pg-C, respectivamente. Sin embargo, a 0,03 µg/dosis de Péptido A o Péptido C, una tasa de conversión positiva fue un 60 % y un 0 % para A.pg-A and A.pg-C, respectivamente. De esta manera, se demostró que el péptido de fusión ACΔ5-1 tenía una eficacia mayor que el Péptido A o el Péptido C antes de la fusión.

Tabla 11

Vacuna	Cantidad de antígeno	Título promedio de anticuerpos (tasa de conversión positiva)	
		A.pg-A	A.pg-C
Péptido de fusión (ACΔ5-1)	6 µg/dosis	2,152 (100 %)	1,649 (100 %)
	0,6 µg/dosis	1,924 (100 %)	1,177 (100 %)
	0,06 µg/dosis	1,175 (80 %)	0,565 (40 %)
	0,006 µg/dosis	0,514 (60 %)	0,112 (0 %)
Péptido A (AΔ5-1)	3 µg/dosis	2,051 (100 %)	0,163 (0 %)
	0,3 µg/dosis	2,197 (100 %)	0,146 (0 %)
	0,03 µg/dosis	1,209 (60 %)	0,086 (0 %)
	0,003 µg/dosis	0,080 (0 %)	0,127 (0 %)

Vacuna	Cantidad de antígeno	Título promedio de anticuerpos (tasa de conversión positiva)	
		A.pg-A	A.pg-C
Péptido C (CΔ5-1)	3 µg/dosis	0,153 (0 %)	1,749 (100 %)
	0,3 µg/dosis	0,176 (0 %)	1,865 (100 %)
	0,03 µg/dosis	0,072 (0 %)	0,089 (0 %)
	0,003 µg/dosis	0,072 (0 %)	0,084 (0 %)
Control no inmunizado	-	0,092 (0 %)	0,099 (0 %)

Ejemplo 10: Expresión del péptido de fusión (2)

5 Se sometió la cepa E. coli BL21 (DE3) (Merck) que poseía los plásmidos de expresión respectivos obtenidos en los Ejemplos 3 y 4 a la expresión como se ha descrito en el Ejemplo 6 y se determinó el nivel de expresión. Las Figs. 6 y 7 muestran los respectivos modelos de expresión. Para el péptido A, AΔ5-4, AΔ9-2, AΔ9-4, AΔ6-2 y AΔ6-4, cuando se expresaron solos, se expresaron en una fracción soluble, pero, tras la fusión con CΔ5-1, los péptidos de fusión resultantes formaron de manera estable un cuerpo de inclusión excepto para AΔ6-4. AΔ6-4/CΔ5-1, que se considera que forman principalmente un cuerpo de inclusión, pueden algunas veces expresarse en una fracción soluble y, por tanto, su expresión fue inestable. Todos los péptidos de fusión tenían el mismo y excelente nivel de expresión. Por otra parte, el péptido C, cuando se expresa solo, se expresó en una fracción soluble excepto para CΔ6-2 pero, tras la fusión con AΔ5-1, los péptidos de fusión resultantes formaron de manera estable un cuerpo de inclusión. Todos los péptidos de fusión tenían el mismo y excelente nivel de expresión.

15 Ejemplo 11: Inmunogenicidad del péptido de fusión (2)

Para confirmar la eficacia de los péptidos de fusión de la vacuna obtenidos en el Ejemplo 10, se realizó un ensayo de estímulo utilizando una cepa virulenta homóloga (cepa A.pg-A 221) como se describe en el Ejemplo 7. Se repitieron los procedimientos del Ejemplo 7 excepto que se usó una cantidad diferente de antígeno para la inmunización y numerosas células diferentes de la cepa virulenta, es decir, la cepa A.pg-A 221, 1,2 x 10⁹ UFC/ml, para el estímulo. Como resultado, como se muestra en la Tabla 12, las gallinas inmunizadas con los respectivos péptidos de fusión presentaron excelentes efectos protectores frente al estímulo de la cepa A.pg-A 221 donde se confirmó un 80 % de protección para AΔ6-4/CΔ5-1 y un 100 % de protección de los péptidos de fusión más largos.

25

Tabla 12

Vacuna	Cantidad de antígeno	Tasa de protección
A CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ5-2/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ5-3/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ5-4/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ9-2/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ9-3/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ9-4/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ6-2/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ6-3/CΔ5-1	6 µg/dosis	100 %
AΔ6-4/CΔ5-1	6 µg/dosis	80 %
Control no inmunizado	-	0 %

Ejemplo 12: Expresión del Péptido C

30 E. coli JM109 (QIAGEN) que tenía los plásmidos de expresión respectivos obtenidos en el Ejemplo 5 se sometieron a la expresión como se describe en el Ejemplo 6 y se determinó el nivel de expresión de las células respectivas mediante SDS-PAGE (Fig. 8). Los péptidos obtenidos de esta manera se denominaron CΔ5-1-pQE, CΔ5-2-pQE, CΔ5-4-pQE, CΔ9-0-pQE, CΔ9-2-pQE, CΔ9-4-pQE, CΔ6-2-pQ y CΔ6-4-pQE. Todos los péptidos excepto CΔ6-2-pQE se expresaron en una fracción soluble con un excelente nivel de expresión.

Ejemplo 13: Confirmación del efecto protector del Péptido C

- Para confirmar el efecto vacuna de los Péptidos C obtenidos en el Ejemplo 12, se realizó un ensayo de estímulo como se describe en el Ejemplo 7. Se administró una vez por vía intramuscular una vacuna preparada emulsionando Péptido C a la cantidad de antígeno que se muestra en la Tabla 13 con un aceite adyuvante a la pata de gallinas SPF de 4 semanas de edad para la inmunización. Cuatro semanas después de la inmunización, se administraron 0,2 ml de una solución que contenía la cepa A.pg-C 53-47 (5,2 x 10⁹ UFC/ml) por vía intranasal y se observaron síntomas clínicos de nariz congestionada, hinchazón de la cara y lagrimeo durante una semana.
- Como resultado, como se muestra en la Tabla 13, las gallinas a las que se administró CΔ5-1-pQE y CΔ9-0-pQE presentaron excelentes efectos protectores a 3 µg/dosis. Se observó un efecto protector del 60 % para el CΔ6-4-pQE más corto. A partir de estos resultados, se espera que, para los efectos protectores de A.pg-C, una secuencia en el extremo C de la región no homóloga (Región 2) relacionada con A.pg-A sea importante y se ha demostrado que efectos se han presentado efectos comparativamente altos si el péptido incluye al menos la región de CΔ6-4. Además, como se muestra en el Ejemplo 9, se espera que pueda mejorarse la inmunogenicidad tras la expresión en la fusión comparada con la expresada independientemente.

Tabla 13

Vacuna	Cantidad de antígeno	Tasa de protección
CΔ5-1-pQE	3 µg/dosis	100 %
CΔ9-0-pQE	3 µg/dosis	100 %
CΔ9-2-pQE	3 µg/dosis	60 %
CΔ6-4-pQE	3 µg/dosis	60 %
Control no inmunizado	-	0 %

20 **Aplicabilidad industrial**

Utilizando la presente invención puede proporcionarse una vacuna de rinitis infecciosa aviar producida por Avibacterium paragallinarum serotipos A y C.

- 25 Adicionalmente, en el contexto de la presente invención, se divulgan los siguientes puntos del 1 al 24:

1. Un proceso para preparar una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende una etapa de construir un hospedador que puede producir como cuerpo de inclusión un péptido de fusión que consiste en un fragmento peptídico (Péptido A) derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-A y un fragmento peptídico (Péptido C) derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-C, una etapa de cultivar dicho hospedador y de recoger y purificar una fracción del cuerpo de inclusión del cultivo, y una etapa de preparar una preparación que comprende dicha fracción purificada del cuerpo de inclusión.
2. El proceso del punto 1, donde el Péptido A y el Péptido C consisten en 600 restos de aminoácidos o menos.
3. El proceso del punto 1 donde el péptido A tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre los grupos que consiste en las SEQ ID NO: 35: 1, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34 y 35 mientras que el Péptido C tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre los grupos que consiste en las SEQ ID NO: 35: 2, 3, 4, 50, 51, 52, 53, 54, 55 y 56.
4. El proceso del punto 3 donde el Péptido A comprende una secuencia de aminoácidos mostrada mediante la SEQ ID NO: 35 mientras que el Péptido C comprende una secuencia de aminoácidos mostrada mediante la SEQ ID NO: 56.
5. El proceso del punto 3 o 4 donde el Péptido A o el Péptido C comprende una secuencia de aminoácidos donde se eliminan, añaden o sustituyen uno o varios aminoácidos.
6. El proceso de uno cualquiera de los puntos 1 a 5 donde la relación de Péptido A y Péptido C en el péptido de fusión es 1 a 3 del Péptido C a 1 del Péptido A
7. El proceso de uno cualquiera de los puntos 1 a 6 donde el Péptido de fusión comprende al menos una estructura donde el Péptido C se une al extremo C del Péptido A.
8. El proceso de uno cualquiera de los puntos 1 a 7 donde el péptido de fusión tiene un enlazador entre el Péptido A y el Péptido A, Péptido C y Péptido C, o Péptido A y Péptido C.
9. El proceso del punto 3 donde el Péptido de fusión tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 10, 11, 12, 13, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 61, 62, 63, 64, 65, 66 y 67.
10. Una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido de fusión que consiste en un fragmento peptídico (Péptido A) derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-A y un fragmento peptídico (Péptido C) derivado de la proteína HMTp210 de A.pg-C.
11. La vacuna del punto 10 donde el Péptido de fusión tiene la propiedad de formar un cuerpo de inclusión cuando se produce por el hospedador.

12. La vacuna del punto 10 donde el Péptido A y el Péptido C consisten en 600 p menos restos de aminoácidos.

13. La vacuna del punto 10 donde el Péptido A tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre los grupos que consisten en las SEQ ID NO: 35: 1, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34 y 35 mientras que el Péptido C tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre los grupos que consiste en las SEQ ID NO: 35: 2, 3, 4, 50, 51, 52, 53, 54, 55 y 56.

14. La vacuna del punto 13 donde el Péptido A comprende una secuencia de aminoácidos mostrada mediante la SEQ ID NO: 35 mientras que el Péptido C comprende una secuencia de aminoácidos mostrada mediante la SEQ ID NO: 56.

15. La vacuna del punto 13 o 14 donde el Péptido A o el Péptido C comprende una secuencia de aminoácidos donde se eliminan, añaden o sustituyen uno o varios aminoácidos.

16. La vacuna de uno cualquiera de los puntos 10 a 15 donde la relación de Péptido A y Péptido C en el péptido de fusión es 1 a 3 del Péptido C a 1 del Péptido A.

17. La vacuna de uno cualquiera de los puntos 10 a 16 donde el péptido de fusión comprende al menos una estructura donde el Péptido C se une al extremo C del Péptido A.

18. La vacuna de uno cualquiera de los puntos 10 a 17 donde el Péptido de fusión tiene un enlazador entre el Péptido A y el Péptido A, el Péptido C y Péptido C, o el péptido A y el péptido C.

19. La vacuna del punto 13 donde el Péptido de fusión A tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada entre los grupos que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 10, 11, 12, 13, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 61, 62, 63, 64, 65, 66 y 67.

20. Una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido que consiste en una secuencia que comprende la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 35, estando dicha secuencia comprendida en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 1 con la adición de 1 a 200 restos de aminoácido en su extremo N y/o su extremo C.

21. La vacuna del punto 20 donde dicha vacuna comprende como principio activo un péptido que consiste en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 1.

22. Una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido que consiste en una secuencia que comprende la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 56, estando dicha secuencia comprendida en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 3 con la adición de 1 a 200 restos de aminoácido en su extremo N y/o su extremo C.

23. La vacuna del punto 22 donde dicha vacuna comprende como principio activo un péptido que consiste en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 3 o 52.

24. La vacuna La vacuna de uno cualquiera de los puntos 21 o 23 donde dicho péptido comprende una secuencia de aminoácidos donde se eliminan, añaden o sustituyen varios aminoácidos

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> JURIDICAL FOUNDATION THE CHEMO SERO THERAPEUTIC RESERCH INSTITUTE

<120> Una vacuna recombinante para rinitis infecciosa aviar y método para producirla

<130> T2132 EP/1 S3

<140>

<141> 24-12-2009

<150> PCT/JP2009/071398

<151> 24-12-2009

<150> JP 2008-330448

<151> 25-12-2008

<160> 67

<170> PatentIn versión 3.3

<210> 1

<211> 549

<212> PRT

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 1

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
 405 410 415
 Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
 420 425 430
 Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
 435 440 445
 Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
 450 455 460
 Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
 485 490 495
 Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
 500 505 510
 Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
 515 520 525
 Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
 530 535 540
 Gln Gly Gly Ser Ala
 545

<210> 2

<211> 574

5 <212> PRT

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 2

ES 2 616 533 T3

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

	210					215						220				
Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	
225					230					235					240	
Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	
					245					250					255	
Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	
					260					265					270	
Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	
					275					280					285	
Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	
					290					295					300	
Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	
305					310					315					320	
Asp	Ala	Thr	Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	
					325					330					335	
Lys	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	
					340					345					350	
Ser	Val	Glu	Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	
					355					360					365	
Thr	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	
					370					375					380	
Ile	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	
385					390					395					400	
Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	
					405					410					415	
Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val	Lys	
					420					425					430	
Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	
					435					440					445	
Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala	Val	
					450					455					460	
Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	
465					470					475					480	
Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	
					485					490					495	
Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile	Asp	
					500					505					510	
Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	
					515					520					525	
Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	
					530					535					540	
Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	
545					550					555					560	
Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly			
					565					570						

<210> 3

<211> 545

<212> PRT

5 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 3

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe
 85 90 95
 Thr Val Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe
 100 105 110
 Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser Ser
 115 120 125
 Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr
 130 135 140
 Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala
 145 150 155 160
 Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn
 165 170 175
 Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala
 180 185 190
 Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu Lys
 195 200 205
 Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp Ala
 210 215 220
 Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gly
 225 230 235 240
 Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn Gly
 245 250 255
 Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile Gly
 260 265 270
 Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val Lys Gln
 275 280 285
 Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys Asn Gly
 290 295 300
 Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr Thr Asn
 305 310 315 320
 Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu Lys
 325 330 335
 Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn Ala
 340 345 350
 Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu Thr
 355 360 365
 Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr Leu
 370 375 380
 Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val Ser
 385 390 395 400
 Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly Gln
 405 410 415
 Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr Asp
 420 425 430
 Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro Ile
 435 440 445
 Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu Thr
 450 455 460
 Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu Ala Thr
 465 470 475 480
 Gly Ile Asp Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys Lys Ile Ser Asn Val Ala
 485 490 495
 Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp Val Val Thr Gly Arg Gln
 500 505 510
 Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg Val Tyr Gly Asp Glu Val
 515 520 525
 Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr Gln
 530 535 540
 Gly
 545

ES 2 616 533 T3

<210> 4
 <211> 387
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

5

<400> 4

```

Arg Gly Ser Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr
1      5      10      15
Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser
      20      25      30
Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr
      35      40      45
Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser
      50      55      60
Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys
65      70      75      80
Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly
      85      90      95
Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu
      100      105      110
Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp
      115      120      125
Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr
      130      135      140
Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn
145      150      155      160
Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile
      165      170      175
Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val Lys
      180      185      190
Gln Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys Asn
      195      200      205
Gly Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr Thr
      210      215      220
Asn Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu
225      230      235      240
Lys Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn
      245      250      255
Ala Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu
      260      265      270
Thr Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr
      275      280      285
Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val
      290      295      300
Ser Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly
305      310      315      320
Gln Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr
      325      330      335
Asp Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro
      340      345      350
Ile Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu
      355      360      365
Thr Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu Ala
      370      375      380
Thr Gly Ile
385
    
```

10

<210> 5
 <211> 573
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 5

ES 2 616 533 T3

Ser Arg Gly Ser Gln Leu Tyr Ala Thr Asn Phe Met Leu Asn Lys Leu
1 5 10 15
Ala Gln Ser Val Lys Thr Asn Phe Gly Gly Asn Ala Asn Leu Ala Thr
20 25 30
Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr
35 40 45
Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser
50 55 60
Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala
65 70 75 80
Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile
85 90 95
Thr Gly Leu Val Asp Val Val Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val
100 105 110
Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu
115 120 125
Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly
130 135 140
Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr
145 150 155 160
Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu
165 170 175
Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu
180 185 190
Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu
195 200 205
Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu
210 215 220
His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr
225 230 235 240
Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp Ala Ile Thr Leu Ala
245 250 255
Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gly Val Ala Asp Gly
260 265 270
Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn Gly Gly Gln Leu Arg
275 280 285
Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile Gly Gly Thr Glu Lys
290 295 300
Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val Lys Gln Ala Leu Thr Asp
305 310 315 320
Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys Asn Gly Lys Thr Val Lys
325 330 335
Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr Thr Asn Ile Asp Ala Ser
340 345 350
Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu Lys Asp Lys Leu Thr
355 360 365
Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn Ala Ser Gln Asn Ile
370 375 380
Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu Thr Glu Gly Ile Val
385 390 395 400
Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr Leu Ser Leu Ser Gly
405 410 415
Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val Ser Gly Val Lys Ala
420 425 430
Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly Gln Leu Asp Lys Leu
435 440 445
Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr Asp Leu Ala Val Thr
450 455 460
Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro Ile Asn Gly Thr Ala
465 470 475 480
Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu Thr Thr Ala Val Asn
485 490 495
Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu Ala Thr Gly Ile Asp Gly

ES 2 616 533 T3

				500					505					510			
Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile		
		515					520					525					
Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu		
	530					535					540						
Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys		
545					550					555					560		
Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly					
				565					570								

- <210> 6
- <211> 543
- <212> PRT
- <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C
- <400> 6

5

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

ES 2 616 533 T3

Ile	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu
	370					375					380				
Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val
385					390					395					400
Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp
				405					410					415	
Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala
			420					425					430		
Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly
		435					440					445			
Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala
	450					455					460				
Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile
465					470					475					480
Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly
				485					490					495	
Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr
			500					505					510		
Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro
		515					520					525			
Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly	
	530					535						540			

<210> 7

<211> 386

5 <212> PRT

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 7

Ser Arg Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe
 1 5 10 15
 Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser Ser
 20 25 30
 Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr
 35 40 45
 Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala
 50 55 60
 Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn
 65 70 75 80
 Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala
 85 90 95
 Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu Lys
 100 105 110
 Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp Ala
 115 120 125
 Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gly
 130 135 140
 Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn Gly
 145 150 155 160
 Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile Gly
 165 170 175
 Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val Lys Gln
 180 185 190
 Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys Asn Gly
 195 200 205
 Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr Thr Asn
 210 215 220
 Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu Lys
 225 230 235 240
 Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn Ala
 245 250 255
 Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu Thr
 260 265 270
 Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr Leu
 275 280 285
 Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val Ser
 290 295 300
 Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly Gln
 305 310 315 320
 Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr Asp
 325 330 335
 Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro Ile
 340 345 350
 Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu Thr
 355 360 365
 Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu Ala Thr
 370 375 380
 Gly Ile
 385

5 <210> 8
 <211> 1119
 <212> PRT
 <213> Artificial

10 <220>
 <223> Un péptido de fusión que consiste en secciones de proteína de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 8

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

		275						280				285			
Ser	Thr	Asp	Ser	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Val	Asp	Phe
	290						295				300				
Thr	Asp	Thr	Ile	Thr	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp	Asp	Lys	Lys	Leu	Thr
305					310					315					320
Thr	Ser	Lys	Ser	Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Thr	Asn	Lys	Leu	Ala	Asn	Phe
				325					330					335	
Ser	Thr	Asp	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Arg	Ser	Gly	Asn	Ala	Thr	Thr
			340					345					350		
Ala	Asn	Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp	Gly	Phe	Thr	Ile
		355					360					365			
Lys	Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln	Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp
	370					375					380				
Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly	Val	Phe	Lys	Leu	Ser
385					390					395					400
Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Ala	Asn	Thr	Phe	Ala	Lys
				405					410					415	
Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn	Lys	Glu	Lys	Trp	Arg
			420					425					430		
Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Gln
	435						440					445			
Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly	Leu	Ile	Phe	Ala	Thr
	450					455					460				
Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys
465					470					475					480
Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp
			485						490					495	
Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg
			500					505					510		
Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro
	515						520					525			
Thr	Asn	Ala	Asn	Pro	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr
	530					535					540				
Gln	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Gln	Leu	Tyr	Ala	Thr	Asn	Phe	Met	Leu	Asn
545					550					555					560
Lys	Leu	Ala	Gln	Ser	Val	Lys	Thr	Asn	Phe	Gly	Gly	Asn	Ala	Asn	Leu
				565					570					575	
Ala	Thr	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Phe	Thr	Asn	Ile	Gly	Gly	Thr	Gly	Gln
			580				585						590		
Asp	Thr	Ile	His	Asp	Ala	Ile	Asn	Asn	Val	Leu	Thr	Lys	Leu	Ile	Ser
	595						600					605			
Leu	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Glu	Glu	Val	Val	Ser	Gly	Glu	Ala	Val	Tyr
	610					615					620				
Asp	Ala	Leu	Lys	Gly	Ala	Lys	Pro	Thr	Val	Ser	Ala	Glu	Ala	Asn	Lys
625					630					635					640
Gly	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Ala	Asn	Ser	Pro	Ile
				645					650					655	
Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val
			660						665					670	
Gly	Leu	Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Phe	Asp	Lys
		675					680					685			
Ser	Gly	Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Gly
	690					695				700					
Leu	Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	Phe
705					710					715					720
Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln	Thr
				725					730					735	
Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Asn	Gly	Ser
			740					745					750		
Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly	Ala	Glu	Asn
	755						760					765			
Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp
	770					775						780			

```

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

```

<210> 9
 <211> 1089
 <212> PRT
 <213> Artificial

5

<220>
 <223> Un péptido de fusión que consiste en secciones de proteína de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

10

<400> 9

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Gly Val Asn Tyr Lys Thr Asn Asn Leu Thr Thr Tyr Asn Ser Gln Asn
 65 70 75 80
 Gly Thr Ile Leu Phe Gly Met Arg Glu Asp Pro Ser Val Lys Gln Ile
 85 90 95
 Thr Ala Gly Thr Tyr Asn Thr Thr Gly Asp Ala Asn Asn Lys Asn Gln
 100 105 110
 Leu Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr
 115 120 125
 Ser Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp
 130 135 140
 Ser Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly
 145 150 155 160
 Val Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val
 165 170 175
 Lys Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala
 180 185 190
 Asp Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu
 195 200 205
 Asn Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys
 210 215 220
 Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
 225 230 235 240
 Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
 245 250 255
 Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
 260 265 270
 Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 275 280 285
 Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
 290 295 300
 Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Lys Lys Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
 325 330 335
 Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
 405 410 415
 Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
 420 425 430
 Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
 435 440 445
 Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
 450 455 460
 Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
 485 490 495
 Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
 500 505 510
 Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
 515 520 525
 Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
 530 535 540
 Gln Gly Gly Ser Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr
 545 550 555 560
 Gly Gln Asp Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu

ES 2 616 533 T3

Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro Thr
1070 1075 1080
Ala Ser Ser Thr Gln Gly
1085

- 5 <210> 10
<211> 932
<212> PRT
<213> Artificial
- 10 <220>
<223> Un péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*
- <400> 10

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
385 390 395
Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
405 410 415
Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
420 425 430
Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
435 440 445
Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
450 455 460
Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
465 470 475 480
Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
485 490 495
Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
500 505 510
Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
515 520 525
Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
530 535 540
Gln Gly Gly Ser Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile
545 550 555 560
Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met
565 570 575
Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser
580 585 590
Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn
595 600 605
Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val
610 615 620
Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile
625 630 635 640
Gly Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala
645 650 655
Leu Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln
660 665 670
Asp Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu
675 680 685
Thr Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val
690 695 700
Asn Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys
705 710 715 720
Ile Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val
725 730 735
Lys Gln Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys
740 745 750
Asn Gly Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr
755 760 765
Thr Asn Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr
770 775 780
Leu Lys Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu
785 790 795 800
Asn Ala Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly
805 810 815
Glu Thr Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg
820 825 830
Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys
835 840 845
Val Ser Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys
850 855 860
Gly Gln Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr
865 870 875 880
Thr Asp Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn

ES 2 616 533 T3

				885					890				895		
Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys
			900					905					910		
Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu
		915					920					925			
Ala	Thr	Gly	Ile												
	930														

<210> 11

<211> 1131

5 <212> PRT

<213> Artificial

<220>

10 <223> Un péptido de fusión que consiste en secciones de proteína de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum* con un enlazador entre las dos secciones

<400> 11

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
355 360 365
Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
370 375 380
Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
385 390 395 400
Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
405 410 415
Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
420 425 430
Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
435 440 445
Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
450 455 460
Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
465 470 475 480
Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
485 490 495
Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
500 505 510
Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
515 520 525
Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
530 535 540
Gln Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Arg
545 550 555 560
Gly Ser Gln Leu Tyr Ala Thr Asn Phe Met Leu Asn Lys Leu Ala Gln
565 570 575
Ser Val Lys Thr Asn Phe Gly Gly Asn Ala Asn Leu Ala Thr Asp Gly
580 585 590
Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr Ile His
595 600 605
Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser Ala Thr
610 615 620
Glu Glu Glu Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala Leu Lys
625 630 635 640
Gly Ala Lys Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile Thr Gly
645 650 655
Leu Val Asp Val Val Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
660 665 670
Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu Met Lys
675 680 685
Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp
690 695 700
Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys
705 710 715 720
Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly
725 730 735
Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys
740 745 750
Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys
755 760 765
Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu His Val
770 775 780
Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp
785 790 795 800
Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn
805 810 815
Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile
820 825 830
Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu
835 840 845
Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr

ES 2 616 533 T3

850						855						860							
Ile	Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr				
865						870						875							880
Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr				
				885					890					895					
Asp	Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu				
			900					905					910						
Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu				
		915					920					925							
Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala				
	930					935					940								
Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Val	Leu	Thr				
945					950					955									960
Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Ala	Gly				
				965					970					975					
Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val	Lys	Ala	Gly	Thr				
			980					985					990						
Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys				
		995					1000					1005							
Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys					
1010						1015					1020								
Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala					
1025						1030					1035								
Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val					
1040						1045					1050								
Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile					
1055						1060					1065								
Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp					
1070						1075					1080								
Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln					
1085						1090					1095								
Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu					
1100						1105					1110								
Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser					
1115						1120					1125								
Thr	Gln	Gly																	
1130																			

<210> 12
 <211> 1101
 5 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Un péptido de fusión que consiste en secciones de proteína de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum* con un enlazador entre las dos secciones

<400> 12

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Leu Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr
 115 120 125
 Ser Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp
 130 135 140
 Ser Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly
 145 150 155 160
 Val Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val
 165 170 175
 Lys Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala
 180 185 190
 Asp Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu
 195 200 205
 Asn Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys
 210 215 220
 Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
 225 230 235 240
 Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
 245 250 255
 Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
 260 265 270
 Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 275 280 285
 Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
 290 295 300
 Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
 325 330 335
 Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
 405 410 415
 Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
 420 425 430
 Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
 435 440 445
 Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
 450 455 460
 Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
 485 490 495
 Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
 500 505 510
 Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
 515 520 525
 Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
 530 535 540
 Gln Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Arg
 545 550 555 560
 Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr
 565 570 575
 Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser
 580 585 590
 Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala
 595 600 605
 Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile

ES 2 616 533 T3

610					615					620					
Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Ala	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val
625					630					635					640
Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Leu
				645					650						655
Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Phe	Asp	Lys	Ser	Gly
			660					665					670		
Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Gly	Leu	Thr
				675			680					685			
Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	Phe	Ala	Glu
				690			695					700			
Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln	Thr	Asn	Leu
705					710					715					720
Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Asp	Glu
				725					730					735	
Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Glu
			740					745					750		
His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr
			755				760						765		
Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala
						775					780				
Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly
785					790						795				800
Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg
				805					810					815	
Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys
				820					825					830	
Thr	Thr	Ile	Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp
				835				840					845		
Ala	Thr	Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys
				850		855					860				
Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser
865					870						875				880
Val	Glu	Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr
				885					890					895	
Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile
				900				905					910		
Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Val
				915			920						925		
Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly
				930			935					940			
Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val	Lys	Ala
945					950					955					960
Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Leu
				965					970					975	
Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala	Val	Thr
				980				985					990		
Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala
		995					1000						1005		
Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	
							1010						1020		
Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile	
							1025						1035		
Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	
							1040						1050		
Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	
							1055						1065		
Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	
							1070						1080		
Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	
							1085						1095		
Thr	Gln	Gly													
							1100								

ES 2 616 533 T3

<210> 13
 <211> 944
 <212> PRT
 <213> Artificial

5 <220>
 <223> Un péptido de fusión que consiste en secciones de proteína de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum* con un enlazador entre las dos secciones

10 <400> 13

```

Met Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Ala
1      5      10
Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Gly Ile Tyr Leu
20
Lys Ala Asp Gln Asn Asp Pro Thr Gly Asn Gln Gly Gln Lys Val Glu
35      40      45
Leu Gly Asn Ala Ile Thr Leu Ser Ala Thr Asn Gln Trp Ala Asn Asn
50      55      60
Gly Val Asn Tyr Lys Thr Asn Asn Leu Thr Thr Tyr Asn Ser Gln Asn
65      70      75      80
Gly Thr Ile Leu Phe Gly Met Arg Glu Asp Pro Ser Val Lys Gln Ile
85      90      95
Thr Ala Gly Thr Tyr Asn Thr Thr Gly Asp Ala Asn Asn Lys Asn Gln
100      105      110
Leu Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr
115      120      125
Ser Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp
130      135      140
Ser Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly
145      150      155      160
Val Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val
165      170      175
Lys Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala
180      185      190
Asp Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu
195      200      205
Asn Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys
210      215      220
Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
225      230      235      240
Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
245      250      255
Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
260      265      270
Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
275      280      285
Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
290      295      300
Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
305      310      315      320
Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
325      330      335
Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
340      345      350
Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
355      360      365
Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
370      375      380
Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
385      390      395      400
Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
    
```

ES 2 616 533 T3

				405					410				415		
Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn	Lys	Glu	Lys	Trp	Arg
				420				425					430		
Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Gln
				435				440					445		
Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly	Leu	Ile	Phe	Ala	Thr
				450				455					460		
Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys
465					470						475				480
Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp
				485							490				495
Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg
				500				505							510
Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro
				515				520							525
Thr	Asn	Ala	Asn	Pro	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr
				530				535							540
Gln	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Arg									
545					550										560
Gly	Leu	Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Phe	Asp	Lys
				565							570				575
Ser	Gly	Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Gly
				580							585				590
Leu	Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	Phe
				595				600							605
Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln	Thr
				610											620
Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Asn	Gly	Ser
625					630										640
Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly	Ala	Glu	Asn
				645							650				655
Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp
				660											670
Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr
				675											685
Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala
				690											700
Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln
705					710										720
Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr
				725											735
Glu	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu
				740											750
Thr	Asp	Ala	Thr	Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr
				755											765
Val	Lys	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp
				770											780
Ala	Ser	Val	Glu	Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys
785					790						795				800
Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln
				805											815
Asn	Ile	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly
				820											830
Ile	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu
				835											845
Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val
				850											860
Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp
865					870										880
Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala
				885											895
Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly
				900											910

ES 2 616 533 T3

Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala
		915					920					925			
Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile
	930					935					940				

5 <210> 14
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 14
 catgccatgg atggcacaat tacatttaca 30

15 <210> 15
 <211> 36
 <212> ADN
 <213> Artificial

20 <220>
 <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 15
 25 cgcgatcca ccttgagtgc tagatgctgt aggtgc 36

<210> 16
 <211> 39
 <212> ADN
 <213> Artificial

30 <220>
 <223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 16
 35 cgcgatccg gctcacagct ttatgcaacg aactttatg 39

<210> 17
 <211> 39
 <212> ADN
 <213> Artificial

40 <220>
 <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 17
 45 cgcgatccc taacctgag tgctagatgc tgtaggtgc 39

<210> 18
 <211> 33
 <212> ADN
 <213> Artificial

50 <220>
 <223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 18
 55 agacgcgat ccgatggcac aattacattt aca 33

<210> 19
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Artificial

60

ES 2 616 533 T3

<220>
<223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

5 <400> 19
cgcggtatccg gcttaatgaa agacattgaa 30

<210> 20
<211> 42
10 <212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

15 <400> 20
cgcggtatccc taaatacctg ttgccaaaat acctaccttt ga 42

<210> 21
<211> 38
20 <212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

25 <400> 21
gctctagagg ctacacagctt tatgcaacga actttatg 38

<210> 22
<211> 35
30 <212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

35 <400> 22
gctctagaga tggcacaatt acatttaca atatt 35

<210> 23
<211> 38
40 <212> ADN
<213> Artificial

45 <220>
<223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

50 <400> 23
gctctagagg cttaatgaaa gacattgaag gggtaaac 38

<210> 24
<211> 30
55 <212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> La secuencia de ADN que codifica el enlazador consta de glicina

60 <400> 24
ggcggagggtg gcgagggtgg cggagggtggc 30

<210> 25
<211> 2042
65 <212> PRT
<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 25

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

ES 2 616 533 T3

Gly Gly Thr Ala Ile Gly Glu Glu Ser Arg Thr Phe Ala Lys Asp Ser
 370 375 380
 Val Ala Ile Gly Asn Lys Thr Glu Ala Ser Asn Ala Gly Ser Met Ala
 385 390 395 400
 Tyr Gly Tyr Lys Ala Lys Ala Val Gly Ala Gly Ala Ile Ala Ile Gly
 405 410 415
 Thr Glu Val Ala Ala Gly Ala Lys Phe Asn Ser His Gln Thr Gly Asn
 420 425 430
 Leu Leu Gln Asp Asn Asn Ala Tyr Ala Thr Leu Lys Asn Ala Asp Lys
 435 440 445
 Ser Asp Asp Thr Lys Thr Gly Asn Ala Ile Thr Val Phe Thr Gln Ser
 450 455 460
 Phe Asp Asn Met Leu Thr Asn Gly Leu Pro Leu Val Ser Glu Asn Glu
 465 470 475 480
 Thr Tyr Leu Thr Thr Ser Ala Gly Ala Ile Lys Lys Thr Ala Thr Thr
 485 490 495
 Asp Ser Ser Ala Gly Gly Gly Lys Asn Ala Ile Ala Ile Gly Ser Lys
 500 505 510
 Thr Phe Ala Ser Lys Ala Asn Ser Val Ala Leu Gly Ser Tyr Ala Leu
 515 520 525
 Ala Asp Ala Gln Asn Ala Phe Ala Leu Gly Ser Tyr Ser Phe Val Glu
 530 535 540
 Ser Ser Ala Thr Asn Thr Ile Thr Ile Gly Val Gly Ser Tyr Ala Lys
 545 550 555 560
 Gly Lys Asn Ser Phe Leu Gly Gly Thr Trp Ala Ser Thr Leu Ser Asp
 565 570 575
 Arg Thr Val Val Leu Gly Asn Ser Thr Ser Ile Ser Ser Gly Ser Gln
 580 585 590
 Asn Ala Leu Ala Ile Gly Val Asn Val Phe Ile Gly Asn Asp Ser Ala
 595 600 605
 Ser Ser Leu Ala Leu Gly Met Gly Ser Thr Ile Ala Lys Ser Ala Lys
 610 615 620
 Ser Pro Asp Ser Leu Ala Ile Gly Lys Glu Ala Arg Ile Asp Ala Lys
 625 630 635 640
 Asp Thr Asp Asn Gly Thr Leu Tyr Gln Pro Gln Val Tyr Asp Glu Thr
 645 650 655
 Thr Arg Ala Phe Arg Asn Phe Asn Glu Ser Ser Asp Tyr Met Arg Gln
 660 665 670
 Ala Met Ala Leu Gly Phe Asn Ala Lys Val Ser Arg Gly Val Gly Lys
 675 680 685
 Met Glu Thr Gly Ile Asn Ser Met Ala Ile Gly Ala Tyr Ala Gln Ala
 690 695 700
 Thr Leu Gln Asn Ser Thr Ala Leu Gly Val Gly Ser Lys Thr Asp Tyr
 705 710 715 720
 Thr Trp Glu Gln Leu Glu Thr Asp Pro Trp Val Ser Glu Gly Ala Ile
 725 730 735
 Ser Ile Pro Thr Ser Gly Lys Thr Gly Val Ile Ser Val Gly Ser Lys
 740 745 750
 Gly Ser Glu Arg Arg Ile Val Asn Leu Ala Ser Gly Ser Ser Asp Thr
 755 760 765
 Asp Ala Val Asn Val Ala Gln Leu Lys Thr Val Glu Glu Arg Phe Leu
 770 775 780
 Ser Glu Ile Asn Leu Leu Gln Asn Gly Gly Gly Val Lys Tyr Leu Ser
 785 790 795 800
 Val Glu Lys Thr Asn Ile Asn Gly Gln Ser Gly Arg Val Ala Ser Gln
 805 810 815
 Ile Arg Lys Gly Glu Asn Tyr Glu Arg Tyr Val Lys Leu Lys Thr Gln
 820 825 830
 Leu Leu Tyr Leu Asp Ala Arg Gly Lys Leu Asn Gly Glu Lys Phe Asp
 835 840 845
 Gln Asn Ser Leu Asn Lys Ile Arg Ala Val Val Gln Glu Leu Glu Ala
 850 855 860
 Glu Tyr Ser Gly Glu Leu Lys Thr Thr Ala Ser Ala Leu Asn Gln Val

ES 2 616 533 T3

865					870					875				880	
Ala	Thr	Gln	Leu	Glu	Gln	Glu	Val	Thr	Thr	Asn	Asn	Phe	Asp	Lys	Phe
				885						890				895	
Asn	Gln	Tyr	Lys	Thr	Gln	Ile	Glu	Asn	Ala	Ser	Asn	Ala	Asp	Ser	Ala
			900					905					910		
Arg	Asn	Val	Gly	Gly	Leu	Thr	Pro	Gln	Ala	Ile	Ala	Gln	Leu	Lys	Ala
		915					920					925			
Asn	Asn	Asn	Tyr	Leu	Asn	Asp	Gly	Ala	Lys	Gly	Gln	Asp	Ser	Ile	Ala
	930					935					940				
Phe	Gly	Trp	Gln	Ala	Lys	Thr	Ser	Gly	Ala	Asn	Asn	Gly	Leu	Ala	Gly
945					950					955					960
Lys	Gln	Ala	Ile	Ala	Ile	Gly	Phe	Gln	Ala	Asn	Ser	Ser	Ala	Glu	Asn
			965						970					975	
Ala	Ile	Ser	Ile	Gly	Thr	Asn	Ser	Asp	Thr	Ser	Met	Thr	Gly	Ala	Val
			980					985					990		
Ala	Ile	Gly	Lys	Gly	Ala	Thr	Val	Thr	Ala	Gly	Gly	Lys	Pro	Ser	Ile
		995					1000					1005			
Ala	Leu	Gly	Gln	Asp	Ser	Thr	Val	Ala	Asn	Ser	Ala	Ile	Ser	Arg	
1010						1015					1020				
Thr	Ser	Ser	Pro	Met	Ile	Asn	Gly	Leu	Ile	Phe	Asn	Asn	Phe	Ala	
1025						1030					1035				
Gly	Ser	Pro	Glu	Thr	Leu	Gly	Val	Leu	Ser	Ile	Gly	Thr	Ala	Gly	
1040						1045					1050				
Arg	Glu	Arg	Lys	Ile	Val	Asn	Val	Ala	Ala	Gly	Asp	Val	Ser	Gln	
1055						1060					1065				
Ala	Ser	Thr	Glu	Ala	Ile	Asn	Gly	Ser	Gln	Leu	Tyr	Ala	Thr	Asn	
1070						1075					1080				
Phe	Met	Leu	Ser	Lys	Val	Ala	Gln	Ser	Val	Lys	Ser	Asn	Phe	Gly	
1085						1090					1095				
Gly	Asn	Val	Asn	Leu	Gly	Thr	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Phe	Thr	Asn	
1100						1105					1110				
Ile	Gly	Gly	Thr	Gly	Gln	Ala	Thr	Ile	His	Asp	Ala	Ile	Asn	Asn	
1115						1120					1125				
Val	Leu	Thr	Lys	Gly	Ile	Tyr	Leu	Lys	Ala	Asp	Gln	Asn	Asp	Pro	
1130						1135					1140				
Thr	Gly	Asn	Gln	Gly	Gln	Lys	Val	Glu	Leu	Gly	Asn	Ala	Ile	Thr	
1145						1150					1155				
Leu	Ser	Ala	Thr	Asn	Gln	Trp	Ala	Asn	Asn	Gly	Val	Asn	Tyr	Lys	
1160						1165					1170				
Thr	Asn	Asn	Leu	Thr	Thr	Tyr	Asn	Ser	Gln	Asn	Gly	Thr	Ile	Leu	
1175						1180					1185				
Phe	Gly	Met	Arg	Glu	Asp	Pro	Ser	Val	Lys	Gln	Ile	Thr	Ala	Gly	
1190						1195					1200				
Thr	Tyr	Asn	Thr	Thr	Gly	Asp	Ala	Asn	Asn	Lys	Asn	Gln	Leu	Asn	
1205						1210					1215				
Asn	Thr	Leu	Gln	Gln	Thr	Thr	Leu	Glu	Ala	Thr	Gly	Ile	Thr	Ser	
1220						1225					1230				
Ser	Val	Gly	Ser	Thr	Asn	Tyr	Ala	Gly	Phe	Ser	Leu	Gly	Ala	Asp	
1235						1240					1245				
Ser	Val	Thr	Phe	Ser	Lys	Gly	Gly	Ala	Gly	Thr	Val	Lys	Leu	Ser	
1250						1255					1260				
Gly	Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Ala	Thr	Leu	Lys	
1265						1270					1275				
Gln	Val	Lys	Glu	Tyr	Arg	Thr	Thr	Leu	Val	Gly	Asp	Asn	Asp	Ile	
1280						1285					1290				
Thr	Ala	Ala	Asp	Arg	Ser	Gly	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr	Tyr	
1295						1300					1305				
Asn	Leu	Ser	Leu	Asn	Lys	Gly	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Lys	
1310						1315					1320				
Val	Val	Ser	Gly	Lys	Thr	Val	Tyr	Glu	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala	Ile	
1325						1330					1335				
Thr	Gly	Asn	Ile	Phe	Thr	Ile	Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	
1340						1345					1350				

ES 2 616 533 T3

Lys	Ile	Asn	Asn	Pro	Ala	Asp	Gln	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu
	1355					1360					1365			
Ser	Gly	Lys	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys
	1370					1375					1380			
Thr	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Ser	Asn	Lys
	1385					1390					1395			
Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Val	Asp	Phe	Thr	Asp	Thr	Ile	Thr
	1400					1405					1410			
Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp	Asp	Lys	Lys	Leu	Thr	Thr	Ser	Lys	Ser
	1415					1420					1425			
Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Thr	Asn	Lys	Leu	Ala	Asn	Phe	Ser	Thr	Asp
	1430					1435					1440			
Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Arg	Ser	Gly	Asn	Ala	Thr	Thr	Ala	Asn
	1445					1450					1455			
Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp	Gly	Phe	Thr	Ile	Lys
	1460					1465					1470			
Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln	Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp
	1475					1480					1485			
Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly	Val	Phe	Lys	Leu
	1490					1495					1500			
Ser	Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Ala	Asn	Thr	Phe
	1505					1510					1515			
Ala	Lys	Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn	Lys	Glu
	1520					1525					1530			
Lys	Trp	Arg	Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp
	1535					1540					1545			
Ala	Glu	Ile	Gln	Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly
	1550					1555					1560			
Leu	Ile	Phe	Ala	Thr	Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly
	1565					1570					1575			
Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp
	1580					1585					1590			
Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr
	1595					1600					1605			
Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser
	1610					1615					1620			
Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Asn	Ala	Asn	Pro	Thr
	1625					1630					1635			
Ala	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly	Trp	Ala	Thr
	1640					1645					1650			
Thr	Ala	Asn	Thr	Ala	Gly	Gly	Val	Ala	Pro	Ala	Gly	Asn	Val	Ala
	1655					1660					1665			
Thr	Gly	Asp	Ile	Ala	Pro	Thr	Gln	Pro	Thr	Leu	Pro	Glu	Met	Asn
	1670					1675					1680			
Thr	Ala	Leu	Val	Asp	Asp	His	Leu	Ala	Val	Pro	Leu	Gly	Gly	Ser
	1685					1690					1695			
Leu	Lys	Ile	His	Gly	Asp	His	Asn	Val	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Ala
	1700					1705					1710			
Asp	Asn	Gln	Val	Gly	Ile	Ser	Leu	Gln	Pro	Asn	Ile	Ser	Ile	Glu
	1715					1720					1725			
Asn	Asn	Leu	Val	Ile	Gly	Ser	Asn	Asp	Pro	Glu	Lys	Ala	Lys	Leu
	1730					1735					1740			
Ala	Ala	Gln	Glu	Gly	Asn	Ala	Leu	Val	Ile	Thr	Asn	Lys	Asp	Asp
	1745					1750					1755			
Gly	Asn	Ala	Ala	Met	Val	Phe	Asn	Asn	Glu	Lys	Asn	Met	Leu	Val
	1760					1765					1770			
Leu	Ser	Asp	Lys	Glu	Ala	Lys	Pro	Arg	Val	Leu	Leu	Asp	Gly	Gln
	1775					1780					1785			
Asn	Gly	Ala	Leu	Thr	Leu	Val	Gly	Asn	Asp	Asp	Ser	Gln	Val	Thr
	1790					1795					1800			
Leu	Ser	Ser	Lys	Lys	Gly	Lys	Asp	Ile	Asp	Gly	Asn	Asp	Leu	Ser
	1805					1810					1815			
Arg	Leu	Ser	Val	Thr	Thr	Glu	Arg	Thr	Asn	Ala	Asp	Gly	Gln	Leu

ES 2 616 533 T3

1820	1825	1830
Glu Lys Val Glu Thr Ser	Phe Ala Thr Met Asp	Asp Gly Leu Lys
1835	1840	1845
Phe Lys Ala Asp Gly Asp	Lys Val Ile Asn Lys	Lys Leu Asn Glu
1850	1855	1860
Thr Val Glu Ile Val Gly	Asp Glu Asn Val Thr	Thr Ser Ile Thr
1865	1870	1875
Asp Asp Asn Lys Val Lys	Val Ser Leu Asn Lys	Lys Ile Ala Ile
1880	1885	1890
Asp Glu Val Lys Ile Pro	Asn Thr Asp Pro Asp	Ala Gln Lys Gly
1895	1900	1905
Asp Ser Ile Val Ile Asn	Asn Gly Gly Ile His	Ala Gly Asn Lys
1910	1915	1920
Val Ile Thr Gly Val Lys	Ala Ser Asp Asp Pro	Thr Ser Ala Val
1925	1930	1935
Asn Arg Gly Gln Leu Asn	Thr Val Ile Asp Asn	Val Gln Asn Asn
1940	1945	1950
Phe Asn Gln Val Asn Gln	Arg Ile Gly Asp Leu	Thr Arg Glu Ser
1955	1960	1965
Arg Ala Gly Ile Ala Gly	Ala Met Ala Thr Ala	Ser Leu Gln Asn
1970	1975	1980
Val Ala Leu Pro Gly Lys	Thr Thr Ile Ser Val	Gly Thr Ala Thr
1985	1990	1995
Phe Lys Gly Glu Asn Ala	Val Ala Ile Gly Met	Ser Arg Leu Ser
2000	2005	2010
Asp Asn Gly Lys Val Gly	Ile Arg Leu Ser Gly	Met Ser Thr Ser
2015	2020	2025
Asn Gly Asp Lys Gly Ala	Ala Met Ser Val Gly	Phe Ser Phe
2030	2035	2040

<210> 26
 <211> 2039
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

5

<400> 26

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Ser Val Ser Leu Gly Gln Asn Ala Trp Ser Lys Thr Asn Ser Ile Ser
 210 215 220
 Ile Gly Ala Gly Thr Phe Ala Glu Gly Lys Ser Thr Ile Ala Ile Gly
 225 230 235 240
 Thr Asp Lys Ile Leu Gly Thr Asn Tyr Asn Asp Lys Leu Pro Ala Pro
 245 250 255
 Ser Trp Asp Gly Arg Thr Gly Lys Ala Pro Thr Asn Ser Ile Trp Asp
 260 265 270
 Ile Phe Ser Glu Leu Tyr Met Gly Lys Lys Thr Asn Gly Thr Asp Tyr
 275 280 285
 Asp Ala Lys Lys Asn Asp Arg Asp Pro Asn Lys Pro Glu Ala Phe Tyr
 290 295 300
 Thr Tyr Ser Asp Phe Lys Ser Arg Tyr Val Asn Asn Pro Ser Thr Ser
 305 310 315 320
 Pro Thr Tyr Ala Ala Lys Leu Gly Ala Ile Ala Leu Gly Ser Arg Thr
 325 330 335
 Ile Ala Ala Gly Glu Met Ser Thr Ala Val Gly Ser Leu Ala Phe Ala
 340 345 350
 Leu Ala Asp Lys Ser Thr Ala Met Gly Leu Arg Ser Phe Val Ala Lys
 355 360 365
 Asp Ala Val Gly Gly Thr Ala Ile Gly Glu Glu Ser Arg Thr Phe Ala
 370 375 380
 Lys Asp Ser Val Ala Ile Gly Asn Lys Thr Glu Ala Ser Asn Ala Gly
 385 390 395 400
 Ser Met Ala Tyr Gly Tyr Lys Ala Lys Ala Val Gly Ala Gly Ala Ile
 405 410 415
 Ala Ile Gly Ala Glu Val Ala Ala Gly Ala Glu Phe Asp Ser Ser Gln
 420 425 430
 Ala Gly Asn Leu Leu Leu Asn Arg Gly Ala Tyr Ala Thr Leu Lys Ser
 435 440 445
 Ala Asp Lys Ser Asp Asp Ile Lys Ala Gly Asp Ala Ile Asn Val Phe
 450 455 460
 Thr Gln Phe Phe Asp Asn Met Leu Thr Gln Gly Ser His Leu Thr Tyr
 465 470 475 480
 Glu Asn Thr Thr Tyr Leu Thr Thr Ser Ala Gly Asp Ile Lys Lys Thr
 485 490 495
 Leu Ala Ala Val Gly Asp Gly Gly Lys Asn Ala Ile Ala Ile Gly Asn
 500 505 510
 Lys Thr Phe Ala Ser Lys Ala Asn Ser Val Ala Leu Gly Ser Tyr Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ser Ala Gln Asn Ala Phe Ala Leu Gly Ser Tyr Ser Leu Val
 530 535 540
 Ser Pro Leu Ala Ala Asn Thr Ile Val Ile Gly Val Gly Gly Tyr Ala
 545 550 555 560
 Thr Gly Ser Asn Ser Phe Val Gly Gly Ser Trp Val Ser Thr Leu Ser
 565 570 575
 Ala Arg Thr Val Val Leu Gly Tyr Ser Ala Ser Ile Ser Ser Asp Ser
 580 585 590
 His Asp Ser Leu Ala Met Gly Val Asn Ala Phe Ile Gly Asn Gly Ser
 595 600 605
 Asn Ser Ser Leu Ala Leu Gly Thr Gly Ser Thr Ile Ala Lys Asn Ala
 610 615 620
 Lys Ser Pro Asp Ser Leu Ala Ile Gly Lys Asp Ser Arg Ile Asp Ala
 625 630 635 640
 Lys Asp Thr Asp Asn Gly Val Leu Tyr Thr Pro Gln Val Tyr Asp Glu
 645 650 655
 Thr Thr Arg Ala Phe Arg Thr Phe Asp Glu Asn Lys Asp Tyr Met Arg
 660 665 670
 Gln Ala Met Ala Leu Gly Phe Asn Ala Lys Val Ser Arg Gly Lys Gly
 675 680 685
 Lys Met Glu Thr Gly Ile Asn Ser Met Ala Ile Gly Ala Arg Ser Gln
 690 695 700
 Ala Thr Leu Gln Asn Ser Thr Ala Leu Gly Val Asn Ala Lys Thr Asp

ES 2 616 533 T3

705 710 715 720
 Tyr Thr Trp Glu Gln Leu Glu Ala Asp Pro Trp Val Ser Lys Gly Ala
 725 730 735
 Ile Ser Ile Pro Thr Ser Gly Lys Ile Gly Val Ile Ser Val Gly Ser
 740 745 750
 Lys Gly Ser Glu Arg Arg Ile Val Asn Val Ala Ser Gly Ser Leu Asp
 755 760 765
 Thr Asp Ala Val Asn Val Ala Gln Leu Lys Thr Ile Glu Glu Arg Phe
 770 775 780
 Gln Ser Glu Ile Asp Leu Leu Gln Asn Gly Gly Gly Val Gln Tyr Leu
 785 790 795 800
 Ser Val Glu Lys Thr Asn Ile Asn Gly Glu Ala Gly Arg Val Ala Ser
 805 810 815
 Gln Ile Arg Lys Gly Glu Ser Tyr Lys Arg Tyr Val Lys Leu Lys Thr
 820 825 830
 Gln Leu Leu Tyr Leu Asp Ala Arg Lys Lys Leu Asn Gly Glu Lys Phe
 835 840 845
 Asp Gln Thr Ser Leu Asp Lys Ile Ser Lys Ala Val Gln Glu Leu Glu
 850 855 860
 Ala Glu Tyr Ser Gly Glu Leu Lys Thr Thr Ala Ser Glu Leu Asn Arg
 865 870 875 880
 Val Ala Met Gln Leu Asn Ala Glu Thr Thr Val Asn Asp Phe Gly Lys
 885 890 895
 Phe Asn Gln Tyr Lys Thr Gln Ile Glu Asn Ala Thr Asn Ala Asp Ser
 900 905 910
 Glu Lys Asn Val Gly Gly Leu Ser Pro Gln Val Ile Ala Gln Leu Lys
 915 920 925
 Ala Asn Asn Asn Tyr Leu Asn Asp Gly Ala Lys Gly Gln Asp Ser Ile
 930 935 940
 Ala Phe Gly Trp Gln Ala Lys Thr Ser Glu Ala Asn Asn Gly Leu Ala
 945 950 955 960
 Gly Lys Gln Ala Ile Ala Ile Gly Phe Gln Ala Asn Ser Ser Ala Glu
 965 970 975
 Asn Ala Ile Ser Ile Gly Thr Asn Ser Asp Thr Ser Met Thr Gly Ala
 980 985 990
 Val Ala Ile Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Ala Gly Gly Lys Pro Ser
 995 1000 1005
 Ile Ala Leu Gly Gln Asp Ser Thr Val Ala Asn Ser Ala Ile Ser
 1010 1015 1020
 Arg Thr Ser Ser Val Met Ile Asn Gly Leu Thr Phe Asn Asn Phe
 1025 1030 1035
 Ala Gly Ser Pro Glu Thr Leu Gly Val Leu Ser Ile Gly Thr Ala
 1040 1045 1050
 Gly Lys Glu Arg Lys Ile Val Asn Val Ala Ala Gly Asp Ile Ser
 1055 1060 1065
 Gln Thr Ser Thr Glu Ala Ile Asn Gly Ser Gln Leu Tyr Ala Thr
 1070 1075 1080
 Asn Phe Met Leu Asn Lys Leu Ala Gln Ser Val Lys Thr Asn Phe
 1085 1090 1095
 Gly Gly Asn Ala Asn Leu Ala Thr Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr
 1100 1105 1110
 Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr Ile His Asp Ala Ile Asn
 1115 1120 1125
 Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser Ala Thr Glu Glu Glu
 1130 1135 1140
 Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala Leu Lys Gly Ala
 1145 1150 1155
 Lys Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile Thr Gly Leu
 1160 1165 1170
 Val Asp Val Val Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 1175 1180 1185
 Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu Met
 1190 1195 1200

ES 2 616 533 T3

Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Phe	Asp	Lys	Ser	Gly
	1205					1210					1215			
Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Gly	Leu
	1220					1225					1230			
Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	Phe
	1235					1240					1245			
Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln
	1250					1255					1260			
Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Asn
	1265					1270					1275			
Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly
	1280					1285					1290			
Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala
	1295					1300					1305			
Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala
	1310					1315					1320			
Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile
	1325					1330					1335			
Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys
	1340					1345					1350			
Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp
	1355					1360					1365			
Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Glu
	1370					1375					1380			
Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu	Ala
	1385					1390					1395			
Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp
	1400					1405					1410			
Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu
	1415					1420					1425			
Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly
	1430					1435					1440			
Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile
	1445					1450					1455			
Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile
	1460					1465					1470			
Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu
	1475					1480					1485			
Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly
	1490					1495					1500			
Val	Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln
	1505					1510					1515			
Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr
	1520					1525					1530			
Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn
	1535					1540					1545			
Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp
	1550					1555					1560			
Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly
	1565					1570					1575			
Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile	Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys
	1580					1585					1590			
Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp
	1595					1600					1605			
Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile
	1610					1615					1620			
Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr
	1625					1630					1635			
Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly	Gly	Ala	Thr	Thr	Ala	Asn
	1640					1645					1650			
Thr	Ala	Gly	Gly	Val	Ala	Pro	Ala	Gly	Asn	Val	Ala	Thr	Gly	Asp
	1655					1660					1665			
Ile	Ala	Pro	Thr	Gln	Pro	Ala	Leu	Pro	Glu	Met	Lys	Thr	Ala	Leu

ES 2 616 533 T3

1670	1675	1680
Val Gly Asp His Leu Ala	Val Pro Leu Gly Gly	Ser Leu Lys Ile
1685	1690	1695
His Gly Asp His Asn Val	Lys Thr Thr Ile Ser	Ala Gly Asn Gln
1700	1705	1710
Val Gly Ile Ser Leu Gln	Pro Asn Ile Ser Ile	Glu Asn Asn Leu
1715	1720	1725
Val Ile Gly Ser Asn Lys	Pro Glu Lys Ala Lys	Leu Ala Ala Gln
1730	1735	1740
Glu Gly Asn Ala Leu Val	Ile Thr Asn Lys Asp	Asp Gly Asn Ala
1745	1750	1755
Ala Met Val Phe Asn Asn	Glu Lys Asn Met Leu	Val Leu Ser Asp
1760	1765	1770
Lys Lys Ala Lys Pro Arg	Ala Val Leu Asp Gly	Gln Asn Gly Ala
1775	1780	1785
Leu Thr Leu Val Gly Asn	Asp Asp Ser Gln Val	Thr Leu Ser Ser
1790	1795	1800
Lys Lys Gly Lys Asp Ile	Asp Gly Asn Asp Leu	Ser Arg Leu Ser
1805	1810	1815
Val Thr Thr Glu Arg Thr	Asn Ala Asp Gly Gln	Leu Glu Lys Val
1820	1825	1830
Glu Thr Ser Phe Ala Thr	Met Asp Asp Gly Leu	Lys Phe Lys Ala
1835	1840	1845
Asp Gly Asp Lys Val Ile	Asn Lys Lys Leu Asn	Glu Thr Val Glu
1850	1855	1860
Ile Val Gly Asp Glu Asn	Val Thr Thr Ser Ile	Thr Asp Asp Asn
1865	1870	1875
Lys Val Lys Val Ser Leu	Asn Lys Lys Ile Ala	Ile Asp Glu Val
1880	1885	1890
Lys Ile Pro Asn Thr Asp	Pro Asp Ala Gln Lys	Gly Asp Ser Ile
1895	1900	1905
Val Ile Asn Asn Gly Gly	Ile His Ala Gly Asn	Lys Val Ile Thr
1910	1915	1920
Gly Val Lys Ala Ser Asp	Asp Pro Thr Ser Ala	Val Asn Arg Gly
1925	1930	1935
Gln Leu Asn Thr Val Ile	Asp Asn Val Gln Asn	Asn Phe Asn Gln
1940	1945	1950
Val Asn Gln Arg Ile Gly	Asp Leu Thr Arg Glu	Ser Arg Ala Gly
1955	1960	1965
Ile Ala Gly Ala Met Ala	Thr Ala Ser Leu Gln	Asn Val Ala Leu
1970	1975	1980
Pro Gly Lys Thr Thr Ile	Ser Val Gly Thr Ala	Thr Phe Lys Gly
1985	1990	1995
Glu Asn Ala Val Ala Ile	Gly Met Ser Arg Leu	Ser Asp Asn Gly
2000	2005	2010
Lys Val Gly Ile Arg Leu	Ser Gly Met Ser Thr	Ser Asn Gly Asp
2015	2020	2025
Lys Gly Ala Ala Met Ser	Val Gly Phe Thr Phe	
2030	2035	

<210> 27
 <211> 484
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

5

<400> 27

ES 2 616 533 T3

Met Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Ala
 1 5 10 15
 Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Gly Ile Tyr Leu
 20 25 30
 Lys Ala Asp Gln Asn Asp Pro Thr Gly Asn Gln Gly Gln Lys Val Glu
 35 40 45
 Leu Gly Asn Ala Ile Thr Leu Ser Ala Thr Asn Gln Trp Ala Asn Asn
 50 55 60
 Gly Val Asn Tyr Lys Thr Asn Asn Leu Thr Thr Tyr Asn Ser Gln Asn
 65 70 75 80
 Gly Thr Ile Leu Phe Gly Met Arg Glu Asp Pro Ser Val Lys Gln Ile
 85 90 95
 Thr Ala Gly Thr Tyr Asn Thr Thr Gly Asp Ala Asn Asn Lys Asn Gln
 100 105 110
 Leu Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr
 115 120 125
 Ser Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp
 130 135 140
 Ser Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly
 145 150 155 160
 Val Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val
 165 170 175
 Lys Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala
 180 185 190
 Asp Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu
 195 200 205
 Asn Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys
 210 215 220
 Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
 225 230 235 240
 Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
 245 250 255
 Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
 260 265 270
 Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 275 280 285
 Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
 290 295 300
 Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
 325 330 335
 Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
 405 410 415
 Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
 420 425 430
 Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
 435 440 445
 Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
 450 455 460
 Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Ser Asn

ES 2 616 533 T3

<210> 28
 <211> 406
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

5

<400> 28

```

Met Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Ala
1      5      10
Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Gly Ile Tyr Leu
      20      25      30
Lys Ala Asp Gln Asn Asp Pro Thr Gly Asn Gln Gly Gln Lys Val Glu
      35      40      45
Leu Gly Asn Ala Ile Thr Leu Ser Ala Thr Asn Gln Trp Ala Asn Asn
      50      55      60
Gly Val Asn Tyr Lys Thr Asn Asn Leu Thr Thr Tyr Asn Ser Gln Asn
65      70      75
Gly Thr Ile Leu Phe Gly Met Arg Glu Asp Pro Ser Val Lys Gln Ile
      85      90      95
Thr Ala Gly Thr Tyr Asn Thr Thr Gly Asp Ala Asn Asn Lys Asn Gln
      100     105     110
Leu Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr
      115     120     125
Ser Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp
130     135     140
Ser Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly
145     150     155     160
Val Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val
      165     170     175
Lys Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala
180     185     190
Asp Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu
195     200     205
Asn Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys
210     215     220
Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
225     230     235     240
Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
      245     250     255
Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
260     265     270
Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
275     280     285
Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
290     295     300
Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
305     310     315     320
Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
      325     330     335
Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
340     345     350
Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
355     360     365
Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
370     375     380
Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
385     390     395     400
Leu Asn Met Thr Ala Leu
      405
    
```

10 <210> 29
 <211> 267

ES 2 616 533 T3

<212> PRT

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 29

5

```

Met Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Ala
1      5      10
Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Gly Ile Tyr Leu

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

```

<210> 30

<211> 457

10

<212> PRT

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 30

ES 2 616 533 T3

Met	Gly	Ile	Tyr	Leu	Lys	Ala	Asp	Gln	Asn	Asp	Pro	Thr	Gly	Asn	Gln
1				5					10					15	
Gly	Gln	Lys	Val	Glu	Leu	Gly	Asn	Ala	Ile	Thr	Leu	Ser	Ala	Thr	Asn
			20					25					30		
Gln	Trp	Ala	Asn	Asn	Gly	Val	Asn	Tyr	Lys	Thr	Asn	Asn	Leu	Thr	Thr
		35					40					45			
Tyr	Asn	Ser	Gln	Asn	Gly	Thr	Ile	Leu	Phe	Gly	Met	Arg	Glu	Asp	Pro
	50					55					60				
Ser	Val	Lys	Gln	Ile	Thr	Ala	Gly	Thr	Tyr	Asn	Thr	Thr	Gly	Asp	Ala
65					70					75					80
Asn	Asn	Lys	Asn	Gln	Leu	Asn	Asn	Thr	Leu	Gln	Gln	Thr	Thr	Leu	Glu
				85					90					95	
Ala	Thr	Gly	Ile	Thr	Ser	Ser	Val	Gly	Ser	Thr	Asn	Tyr	Ala	Gly	Phe
			100					105					110		
Ser	Leu	Gly	Ala	Asp	Ser	Val	Thr	Phe	Ser	Lys	Gly	Gly	Ala	Gly	Thr
		115					120					125			
Val	Lys	Leu	Ser	Gly	Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Ala
	130					135					140				
Thr	Leu	Lys	Gln	Val	Lys	Glu	Tyr	Arg	Thr	Thr	Leu	Val	Gly	Asp	Asn
145					150						155				160
Asp	Ile	Thr	Ala	Ala	Asp	Arg	Ser	Gly	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr
				165					170					175	
Tyr	Asn	Leu	Ser	Leu	Asn	Lys	Gly	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Lys
			180						185					190	
Val	Val	Ser	Gly	Lys	Thr	Val	Tyr	Glu	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala	Ile	Thr
		195					200					205			
Gly	Asn	Ile	Phe	Thr	Ile	Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	Lys	Ile
	210					215					220				
Asn	Asn	Pro	Ala	Asp	Gln	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Lys
225					230						235				240
Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Thr	Asn	Ser	Pro
				245					250					255	
Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Ser	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr
			260					265					270		
Val	Gly	Val	Asp	Phe	Thr	Asp	Thr	Ile	Thr	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp
		275					280					285			
Asp	Lys	Lys	Leu	Thr	Thr	Ser	Lys	Ser	Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Thr	Asn
	290					295					300				
Lys	Leu	Ala	Asn	Phe	Ser	Thr	Asp	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Arg	Ser
305					310					315					320
Gly	Asn	Ala	Thr	Thr	Ala	Asn	Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser
				325					330					335	
Asp	Gly	Phe	Thr	Ile	Lys	Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln
			340					345					350		
Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp	Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly
		355					360					365			
Val	Phe	Lys	Leu	Ser	Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Ala
	370					375					380				
Asn	Thr	Phe	Ala	Lys	Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn
385					390					395					400
Lys	Glu	Lys	Trp	Arg	Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val
				405					410					415	
Asp	Ala	Glu	Ile	Gln	Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly
			420					425					430		
Leu	Ile	Phe	Ala	Thr	Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile
		435					440					445			
Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn							
	450					455									

ES 2 616 533 T3

<211> 379
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

5 <400> 31

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

<210> 32
 <211> 240
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

10

ES 2 616 533 T3

<400> 32

```

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

Asn Asn Pro Ala Asp Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys
225     230     235     240

```

- 5 <210> 33
- <211> 387
- <212> PRT
- <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

10 <400> 33

ES 2 616 533 T3

Met Gly Thr Tyr Asn Thr Thr Gly Asp Ala Asn Asn Lys Asn Gln Leu
1 5 10 15
Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr Ser
20 25 30
Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp Ser
35 40 45
Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly Val
50 55 60
Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val Lys
65 70 75 80
Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala Asp
85 90 95
Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asn
100 105 110
Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys Thr
115 120 125
Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr Ile
130 135 140
Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp Gln
145 150 155 160
Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly Leu
165 170 175
Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser
180 185 190
Thr Asp Ser Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe Thr
195 200 205
Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr Thr
210 215 220
Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe Ser
225 230 235 240
Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr Ala
245 250 255
Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile Lys
260 265 270
Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp Ser
275 280 285
Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser Leu
290 295 300
Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys Leu
305 310 315 320
Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg Thr
325 330 335
Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln Lys
340 345 350
Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr Lys
355 360 365
Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys Lys
370 375 380
Ile Ser Asn
385

<210> 34

<211> 309

5 <212> PRT

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 34

ES 2 616 533 T3

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

<210> 35
<211> 170
5 <212> PRT
<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

<400> 35

Met Gly Thr Tyr Asn Thr Thr Gly Asp Ala Asn Asn Lys Asn Gln Leu
1 5 10 15
Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr Ser
20 25 30
Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp Ser
35 40 45
Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly Val
50 55 60
Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val Lys
65 70 75 80

10

ES 2 616 533 T3

Glu	Tyr	Arg	Thr	Thr	Leu	Val	Gly	Asp	Asn	Asp	Ile	Thr	Ala	Ala	Asp
				85					90					95	
Arg	Ser	Gly	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Leu	Asn
			100					105						110	
Lys	Gly	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Lys	Val	Val	Ser	Gly	Lys	Thr
		115					120						125		
Val	Tyr	Glu	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Asn	Ile	Phe	Thr	Ile
	130					135					140				
Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	Lys	Ile	Asn	Asn	Pro	Ala	Asp	Gln
145					150					155					160
Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Lys						
				165					170						

- 5 <210> 36
- <211> 25
- <212> ADN
- <213> Artificial

- 10 <220>
- <223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

- <400> 36
- catgccatgg ggatctacct taaag 25

- 15 <210> 37
- <211> 33
- <212> ADN
- <213> Artificial

- 20 <220>
- <223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

- <400> 37
- catgccatgg gaacctataa tacaacgggt gat 33

- 25 <210> 38
- <211> 33
- <212> ADN
- <213> Artificial

- 30 <220>
- <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

- <400> 38
- cgcgatcca ttactaattt tcttattccc agc 33

- 35 <210> 39
- <211> 30
- <212> ADN
- <213> Artificial

- 40 <220>
- <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

- <400> 39
- cgcgatcca agtgcgggtca tatttaggct 30

- 45 <210> 40
- <211> 30
- <212> ADN
- <213> Artificial

- 50 <220>
- <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo A

ES 2 616 533 T3

<400> 40
cgcggatcct ttgccacttt cactgaggtt 30

5 <210> 41
<211> 1027
<212> PRT
<213> Artificial

10 <220>
<223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 41

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

ES 2 616 533 T3

			340					345				350			
Ala	Asn	Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp	Gly	Phe	Thr	Ile
		355					360					365			
Lys	Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln	Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp
		370				375					380				
Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly	Val	Phe	Lys	Leu	Ser
385					390					395				400	
Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Ala	Asn	Thr	Phe	Ala	Lys
				405					410					415	
Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn	Lys	Glu	Lys	Trp	Arg
			420				425						430		
Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Gln
		435				440					445				
Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly	Leu	Ile	Phe	Ala	Thr
		450				455					460				
Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys
465					470					475				480	
Lys	Ile	Ser	Asn	Gly	Ser	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Phe	Thr	Asn	Ile	Gly
			485						490					495	
Gly	Thr	Gly	Gln	Asp	Thr	Ile	His	Asp	Ala	Ile	Asn	Asn	Val	Leu	Thr
			500					505					510		
Lys	Leu	Ile	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Glu	Glu	Val	Val	Ser	Gly
		515				520						525			
Glu	Ala	Val	Tyr	Asp	Ala	Leu	Lys	Gly	Ala	Lys	Pro	Thr	Val	Ser	Ala
		530			535						540				
Glu	Ala	Asn	Lys	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Ala
545					550					555				560	
Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Lys	Lys
			565						570					575	
Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Leu	Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile
			580					585					590		
Thr	Phe	Asp	Lys	Ser	Gly	Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met
		595				600						605			
Ser	Ser	Ala	Gly	Leu	Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser
		610				615					620				
Thr	Thr	Thr	Phe	Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn
625					630					635				640	
Ser	Ala	Gln	Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val
			645						650					655	
Lys	Asn	Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile
			660					665					670		
Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala
		675				680						685			
Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln
		690				695					700				
Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu
705					710					715				720	
Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val
			725						730					735	
Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys
			740					745					750		
Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val
		755				760						765			
Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys
		770				775					780				
Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr
785					790					795				800	
Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu	Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr
			805						810					815	
Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu
			820					825					830		
Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly
		835						840					845		

ES 2 616 533 T3

Glu Thr Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg
 850 855 860
 Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys
 865 870 875 880
 Val Ser Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys
 885 890 895
 Gly Gln Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr
 900 905 910
 Thr Asp Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn
 915 920 925
 Pro Ile Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys
 930 935 940
 Leu Thr Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu
 945 950 955 960
 Ala Thr Gly Ile Asp Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys Lys Ile Ser Asn
 965 970 975
 Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp Val Val Thr Gly
 980 985 990
 Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg Val Tyr Gly Asp
 995 1000 1005
 Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser
 1010 1015 1020
 Ser Thr Gln Gly
 1025

<210> 42
 <211> 949
 5 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 42

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
 225 230 235 240
 Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
 245 250 255
 Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
 260 265 270
 Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 275 280 285
 Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
 290 295 300
 Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
 325 330 335
 Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Gly Ser Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn
 405 410 415
 Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val
 420 425 430
 Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val
 435 440 445
 Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr Val
 450 455 460
 Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile Thr Gly Leu Val Asp Val Val Lys
 465 470 475 480
 Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn Lys
 485 490 495
 Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn
 500 505 510
 Ser Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly
 515 520 525
 Arg Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn
 530 535 540
 Gly Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr
 545 550 555 560
 Thr Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe
 565 570 575
 Ser Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu
 580 585 590
 Ser Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly
 595 600 605
 Ile Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu
 610 615 620
 Ala Gln Asp Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile
 625 630 635 640
 Lys Leu Thr Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp
 645 650 655
 Ala Val Asn Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly
 660 665 670
 Ala Lys Ile Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser
 675 680 685
 Asp Val Lys Gln Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp
 690 695 700
 Asn Lys Asn Gly Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr
 705 710 715 720
 Ser Thr Thr Asn Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys

ES 2 616 533 T3

				725					730					735	
Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu
			740					745					750		
Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val
		755					760					765			
Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn
		770				775					780				
Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly
785					790					795					800
Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val	Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val
				805					810					815	
Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu
			820					825					830		
Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile
		835					840					845			
Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val
	850					855					860				
Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly
865					870					875					880
Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile	Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile
				885					890					895	
Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val
			900					905					910		
Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr
		915					920					925			
Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala
	930					935						940			
Ser	Ser	Thr	Gln	Gly											
945															

<210> 43
 <211> 810
 5 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 43

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

				180					185					190			
Asp	Arg	Ser	Gly	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Leu		
		195					200					205					
Asn	Lys	Gly	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Lys	Val	Val	Ser	Gly	Lys		
	210					215					220						
Thr	Val	Tyr	Glu	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Asn	Ile	Phe	Thr		
225					230					235					240		
Ile	Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	Lys	Ile	Asn	Asn	Pro	Ala	Asp		
				245					250					255			
Gln	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Lys	Gly	Ser	Asp	Gly	Thr		
		260					265						270				
Ile	Thr	Phe	Thr	Asn	Ile	Gly	Gly	Thr	Gly	Gln	Asp	Thr	Ile	His	Asp		
		275				280						285					
Ala	Ile	Asn	Asn	Val	Leu	Thr	Lys	Leu	Ile	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu		
	290					295					300						
Glu	Glu	Glu	Val	Val	Ser	Gly	Glu	Ala	Val	Tyr	Asp	Ala	Leu	Lys	Gly		
305					310					315					320		
Ala	Lys	Pro	Thr	Val	Ser	Ala	Glu	Ala	Asn	Lys	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu		
				325					330					335			
Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Ala	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser		
		340					345						350				
Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Leu	Met	Lys	Asp		
	355						360						365				
Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Phe	Asp	Lys	Ser	Gly	Gln	Asp	Leu		
	370					375						380					
Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Gly	Leu	Thr	Phe	Lys	Lys		
385					390					395					400		
Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	Phe	Ala	Glu	Asp	Gly	Leu		
				405					410					415			
Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln	Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val		
		420						425					430				
Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu		
		435					440					445					
Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu		
	450					455					460						
Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys		
465					470					475					480		
Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala		
				485					490					495			
Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr		
			500					505					510				
Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu		
	515						520					525					
Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile		
	530					535					540						
Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu		
545					550					555					560		
Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp		
				565					570					575			
Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu	Asp		
		580						585					590				
Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys		
		595					600						605				
Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala	Gly		
	610					615						620					
Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Val	Leu	Thr	Lys			
625					630					635				640			
Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Ala	Gly	Asn		
				645					650					655			
Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val	Lys	Ala	Gly	Thr	Ala		
		660						665					670				
Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Ala		
		675					680						685				

ES 2 616 533 T3

Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys	Asn	Pro
	690					695					700				
Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Thr
705					710					715					720
Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Asn	Thr	Gly	Trp
				725					730					735	
Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile	Asp	Gly	Ile	Asp	Ala
			740					745						750	
Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr
		755					760					765			
Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys
	770					775					780				
Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr
785					790					795					800
Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly						
				805					810						

<210> 44
 <211> 1000
 <212> PRT
 <213> Artificial

5

<220>
 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

10

<400> 44

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Asp Lys Lys Leu Thr Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn
 290 295 300
 Lys Leu Ala Asn Phe Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser
 305 310 315 320
 Gly Asn Ala Thr Thr Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser
 325 330 335
 Asp Gly Phe Thr Ile Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln
 340 345 350
 Tyr Asn Gly Ser Asp Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly
 355 360 365
 Val Phe Lys Leu Ser Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala
 370 375 380
 Asn Thr Phe Ala Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn
 385 390 395 400
 Lys Glu Lys Trp Arg Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val
 405 410 415
 Asp Ala Glu Ile Gln Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly
 420 425 430
 Leu Ile Phe Ala Thr Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile
 435 440 445
 Asp Ala Gly Asn Lys Lys Ile Ser Asn Gly Ser Asp Gly Thr Ile Thr
 450 455 460
 Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr Ile His Asp Ala Ile
 465 470 475 480
 Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser Ala Thr Glu Glu Glu
 485 490 495
 Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala Leu Lys Gly Ala Lys
 500 505 510
 Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile Thr Gly Leu Val Asp
 515 520 525
 Val Val Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp
 530 535 540
 Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu
 545 550 555 560
 Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln
 565 570 575
 Val Thr Gly Arg Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp
 580 585 590
 Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile
 595 600 605
 Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg
 610 615 620
 Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser
 625 630 635 640
 Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr
 645 650 655
 Lys Ser Gly Ile Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser
 660 665 670
 Ile Thr Leu Ala Gln Asp Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly
 675 680 685
 Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn
 690 695 700
 Ser Lys Asp Ala Val Asn Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val
 705 710 715 720
 Asp Ser Gly Ala Lys Ile Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu
 725 730 735
 Ala Ile Ser Asp Val Lys Gln Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr
 740 745 750
 Lys Ala Asp Asn Lys Asn Gly Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu
 755 760 765
 Asn Phe Thr Ser Thr Thr Asn Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly
 770 775 780
 Val Val Lys Phe Thr Leu Lys Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

		195					200					205			
Gly	Asn	Ile	Phe	Thr	Ile	Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	Lys	Ile
	210					215					220				
Asn	Asn	Pro	Ala	Asp	Gln	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Lys
225					230					235					240
Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Thr	Asn	Ser	Pro
				245					250						255
Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Ser	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr
			260					265							270
Val	Gly	Val	Asp	Phe	Thr	Asp	Thr	Ile	Thr	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp
			275					280							285
Asp	Lys	Lys	Leu	Thr	Thr	Ser	Lys	Ser	Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Thr	Asn
	290					295						300			
Lys	Leu	Ala	Asn	Phe	Ser	Thr	Asp	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Arg	Ser
305					310					315					320
Gly	Asn	Ala	Thr	Thr	Ala	Asn	Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser
				325					330						335
Asp	Gly	Phe	Thr	Ile	Lys	Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln
			340					345							350
Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp	Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly
		355					360					365			
Val	Phe	Lys	Leu	Ser	Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Gly	Ser	Asp	Gly	Thr
	370					375					380				
Ile	Thr	Phe	Thr	Asn	Ile	Gly	Gly	Thr	Gly	Gln	Asp	Thr	Ile	His	Asp
385					390					395					400
Ala	Ile	Asn	Asn	Val	Leu	Thr	Lys	Leu	Ile	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu
				405						410					415
Glu	Glu	Glu	Val	Val	Ser	Gly	Glu	Ala	Val	Tyr	Asp	Ala	Leu	Lys	Gly
			420					425							430
Ala	Lys	Pro	Thr	Val	Ser	Ala	Glu	Ala	Asn	Lys	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu
			435				440								445
Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Ala	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser
	450					455					460				
Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Leu	Met	Lys	Asp
465					470					475					480
Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Phe	Asp	Lys	Ser	Gly	Gln	Asp	Leu
				485					490						495
Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Gly	Leu	Thr	Phe	Lys	Lys
			500						505						510
Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	Phe	Ala	Glu	Asp	Gly	Leu
		515					520								525
Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln	Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val
	530					535						540			
Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu
545					550					555					560
Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu
				565					570						575
Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys
			580					585							590
Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala
		595					600								605
Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr
	610					615						620			
Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu
625					630					635					640
Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile
				645						650					655
Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu
			660					665							670
Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp
		675					680								685
Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu	Asp
	690						695								700

ES 2 616 533 T3

Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu Lys Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys
 705 710 715 720
 Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn Ala Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly
 725 730 735
 Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu Thr Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys
 740 745 750
 Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn
 755 760 765
 Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val Ser Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala
 770 775 780
 Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly Gln Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala
 785 790 795 800
 Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr Asp Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro
 805 810 815
 Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro Ile Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr
 820 825 830
 Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu Thr Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp
 835 840 845
 Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu Ala Thr Gly Ile Asp Gly Ile Asp Ala
 850 855 860
 Gly Asn Lys Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr
 865 870 875 880
 Ser Gly Asp Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys
 885 890 895
 Gly Ile Arg Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr
 900 905 910
 Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr Gln Gly
 915 920

<210> 46
 <211> 783
 <212> PRT
 <213> Artificial

5

<220>
 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

10

<400> 46

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Val Val Ser Gly Lys Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr
 195 200 205
 Gly Asn Ile Phe Thr Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile
 210 215 220
 Asn Asn Pro Ala Asp Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys
 225 230 235 240
 Gly Ser Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln
 245 250 255
 Asp Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser
 260 265 270
 Leu Ser Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr
 275 280 285
 Asp Ala Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys
 290 295 300
 Gly Ile Thr Gly Leu Val Asp Val Val Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile
 305 310 315 320
 Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val
 325 330 335
 Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe Asp Lys
 340 345 350
 Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser Ser Ala Gly
 355 360 365
 Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr Thr Phe
 370 375 380
 Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala Gln Thr
 385 390 395 400
 Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn Gly Ser
 405 410 415
 Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala Glu Asn
 420 425 430
 Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu Lys Ala Asp
 435 440 445
 Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp Ala Ile Thr
 450 455 460
 Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gly Val Ala
 465 470 475 480
 Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn Gly Gly Gln
 485 490 495
 Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile Gly Gly Thr
 500 505 510
 Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val Lys Gln Ala Leu
 515 520 525
 Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys Asn Gly Lys Thr
 530 535 540
 Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr Thr Asn Ile Asp
 545 550 555 560
 Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu Lys Asp Lys
 565 570 575
 Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn Ala Ser Gln
 580 585 590
 Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu Thr Glu Gly
 595 600 605
 Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr Leu Ser Leu
 610 615 620
 Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val Ser Gly Val
 625 630 635 640
 Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly Gln Leu Asp
 645 650 655
 Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr Asp Leu Ala
 660 665 670
 Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro Ile Asn Gly
 675 680 685
 Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu Thr Thr Ala

ES 2 616 533 T3

	690					695					700					
	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile
	705					710					715					720
	Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly
					725					730					735	
	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr
				740				745						750		
	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro
			755					760					765			
	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly	
	770						775						780			

<210> 47
 <211> 930
 <212> PRT
 <213> Artificial

5

<220>
 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

10

<400> 47

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

					325					330					335
Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Gln	Lys
			340					345					350		
Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly	Leu	Ile	Phe	Ala	Thr	Lys
		355					360					365			
Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys
		370					375				380				
Ile	Ser	Asn	Gly	Ser	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Phe	Thr	Asn	Ile	Gly	Gly
385					390					395					400
Thr	Gly	Gln	Asp	Thr	Ile	His	Asp	Ala	Ile	Asn	Asn	Val	Leu	Thr	Lys
				405					410					415	
Leu	Ile	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Glu	Glu	Val	Val	Ser	Gly	Glu
			420					425					430		
Ala	Val	Tyr	Asp	Ala	Leu	Lys	Gly	Ala	Lys	Pro	Thr	Val	Ser	Ala	Glu
		435					440					445			
Ala	Asn	Lys	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Ala	Asn
	450					455				460					
Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr
465					470					475					480
Phe	Thr	Val	Gly	Leu	Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr
				485					490					495	
Phe	Asp	Lys	Ser	Gly	Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser
			500					505					510		
Ser	Ala	Gly	Leu	Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr
		515					520					525			
Thr	Thr	Phe	Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser
		530				535					540				
Ala	Gln	Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys
545					550					555					560
Asn	Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly
				565					570					575	
Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu
			580					585					590		
Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp
		595					600					605			
Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr
		610				615					620				
Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn
625					630					635					640
Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile
				645					650					655	
Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys
			660					665					670		
Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn
		675					680					685			
Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr
		690				695					700				
Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu	Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu
705					710					715					720
Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn
				725					730					735	
Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Glu
			740				745						750		
Thr	Glu	Gly	Ile	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr
		755					760					765			
Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Ala	Gly	Thr	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val
		770				775					780				
Ser	Gly	Val	Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly
785					790					795					800
Gln	Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr
				805					810					815	
Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro
			820						825				830		

ES 2 616 533 T3

```

Ile Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu
      835                               840       845
Thr Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu Ala
      850                               855       860
Thr Gly Ile Asp Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys Lys Ile Ser Asn Val
865                               870       875                               880
Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp Val Val Thr Gly Arg
      885                               890       895
Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg Val Tyr Gly Asp Glu
      900                               905       910
Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
      915                               920       925
Gln Gly
      930

```

<210> 48
 <211> 852
 <212> PRT
 <213> Artificial

5

<220>
 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

10

<400> 48

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Asn Met Thr Ala Leu Gly Ser Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile
 305 310 315 320
 Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu
 325 330 335
 Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val Ser
 340 345 350
 Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr Val Ser
 355 360 365
 Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile Thr Gly Leu Val Asp Val Val Lys Lys
 370 375 380
 Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys
 385 390 395 400
 Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser
 405 410 415
 Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg
 420 425 430
 Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly
 435 440 445
 Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr
 450 455 460
 Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser
 465 470 475 480
 Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser
 485 490 495
 Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile
 500 505 510
 Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala
 515 520 525
 Gln Asp Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys
 530 535 540
 Leu Thr Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala
 545 550 555 560
 Val Asn Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala
 565 570 575
 Lys Ile Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp
 580 585 590
 Val Lys Gln Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn
 595 600 605
 Lys Asn Gly Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser
 610 615 620
 Thr Thr Asn Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe
 625 630 635 640
 Thr Leu Lys Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser
 645 650 655
 Leu Asn Ala Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly
 660 665 670
 Gly Glu Thr Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp
 675 680 685
 Arg Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile
 690 695 700
 Lys Val Ser Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn
 705 710 715 720
 Lys Gly Gln Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly
 725 730 735
 Thr Thr Asp Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe
 740 745 750
 Asn Pro Ile Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp
 755 760 765
 Lys Leu Thr Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile
 770 775 780
 Leu Ala Thr Gly Ile Asp Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys Lys Ile Ser
 785 790 795 800
 Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp Val Val Thr

ES 2 616 533 T3

				805					810				815		
Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Tyr	Gly
			820					825					830		
Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser
		835					840					845			
Ser	Thr	Gln	Gly												
	850														

<210> 49
 <211> 713
 <212> PRT
 <213> Artificial

5

<220>
 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

10

<400> 49

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

		355					360					365			
Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser
	370						375					380			
Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr
385					390							395			400
Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val
				405					410					415	
Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly
			420					425					430		
Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser
		435					440					445			
Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu	Ala
450						455					460				
Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp	Gly
465					470						475				480
Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu	Asp	Asn
				485					490					495	
Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Thr
			500					505					510		
Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala	Gly	Gly
		515					520					525			
Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Val	Leu	Thr	Lys	Ser
	530					535					540				
Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala
545					550					555					560
Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val	Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp
				565					570						575
Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile
			580					585					590		
Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn
		595					600					605			
Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe
	610				615						620				
Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly
625					630					635					640
Ser	Lys	Val	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile	Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly
				645					650					655	
Asn	Lys	Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser
			660					665					670		
Gly	Asp	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly
		675					680					685			
Ile	Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr
	690					695					700				
Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gln	Gly							
705						710									

<210> 50
 <211> 469
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

5

<400> 50

ES 2 616 533 T3

Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr
 1 5 10 15
 Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser
 20 25 30
 Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala
 35 40 45
 Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile
 50 55 60
 Thr Gly Leu Val Asp Val Val Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val
 65 70 75 80

 Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu
 85 90 95
 Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly
 100 105 110
 Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr
 115 120 125
 Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu
 130 135 140
 Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu
 145 150 155 160
 Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu
 165 170 175
 Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu
 180 185 190
 His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr
 195 200 205
 Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp Ala Ile Thr Leu Ala
 210 215 220
 Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr Gly Val Ala Asp Gly
 225 230 235 240
 Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn Gly Gly Gln Leu Arg
 245 250 255
 Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile Gly Gly Thr Glu Lys
 260 265 270
 Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val Lys Gln Ala Leu Thr Asp
 275 280 285
 Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys Asn Gly Lys Thr Val Lys
 290 295 300
 Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr Thr Asn Ile Asp Ala Ser
 305 310 315 320
 Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu Lys Asp Lys Leu Thr
 325 330 335
 Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn Ala Ser Gln Asn Ile
 340 345 350
 Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu Thr Glu Gly Ile Val
 355 360 365
 Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr Leu Ser Leu Ser Gly
 370 375 380
 Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val Ser Gly Val Lys Ala
 385 390 395 400
 Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly Gln Leu Asp Lys Leu
 405 410 415
 Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr Asp Leu Ala Val Thr
 420 425 430
 Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro Ile Asn Gly Thr Ala
 435 440 445
 Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu Thr Thr Ala Val Asn
 450 455 460
 Thr Gly Trp Gly Ser
 465

ES 2 616 533 T3

<210> 51
 <211> 268
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

5

<400> 51

```

Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Asp Thr
1      5      10      15
Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu Ile Ser Leu Ser
20      25      30
Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala

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

10 <210> 52
 <211> 504
 <212> PRT
 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

15 <400> 52

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn
 210 215 220
 Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile
 225 230 235 240
 Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile Ser Asp Val Lys
 245 250 255
 Gln Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala Asp Asn Lys Asn
 260 265 270
 Gly Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe Thr Ser Thr Thr
 275 280 285
 Asn Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Thr Leu
 290 295 300
 Lys Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr Glu Ser Leu Asn
 305 310 315 320
 Ala Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Gly Gly Glu
 325 330 335
 Thr Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly Asn Asp Arg Thr
 340 345 350
 Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp Gly Ile Lys Val
 355 360 365
 Ser Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala Val Asn Lys Gly
 370 375 380
 Gln Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala Leu Gly Thr Thr
 385 390 395 400
 Asp Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser Ile Phe Asn Pro
 405 410 415
 Ile Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala Val Asp Lys Leu
 420 425 430
 Thr Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser Lys Val Gly Ile Leu Ala
 435 440 445
 Thr Gly Ile Asp Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys Lys Ile Ser Asn Val
 450 455 460
 Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp Val Val Thr Gly Arg
 465 470 475 480
 Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg Val Tyr Gly Asp Glu
 485 490 495
 Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr
 500

<210> 53

<211> 442

5 <212> PRT

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 53

ES 2 616 533 T3

```

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

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

```

<210> 54
 <211> 241
 <212> PRT

ES 2 616 533 T3

<213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 54

```

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

```

```

Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys
130          135          140
Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly
145          150          155          160
Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser Gly Ile Ala Leu
165          170          175
Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr Leu Ala Gln Asp
180          185          190
Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala Ile Lys Leu Thr
195          200          205
Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys Asp Ala Val Asn
210          215          220
Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser Gly Ala Lys Ile
225          230          235          240
Gly

```

5

<210> 55

<211> 375

<212> PRT

10 <213> *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

<400> 55

ES 2 616 533 T3

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

- 5 <210> 57
 <211> 32
 <212> ADN
 <213> Artificial

- 10 <220>
 <223> Cebador 5' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

- <400> 57
 cgcgatcct tgatctcgct ttcggcaaca ga 32

- 15 <210> 58
 <211> 33
 <212> ADN
 <213> Artificial

- 20 <220>
 <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

- <400> 58
 cgcgatccc tatgatcccc aacctgtatt cac 33

- 25 <210> 59
 <211> 33
 <212> ADN
 <213> Artificial

- 30 <220>
 <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

- <400> 59
 cgcgatccc tagccaattt tagccccgct atc 33

- 35 <210> 60
 <211> 33
 <212> ADN
 <213> Artificial

- 40 <220>
 <223> Cebador 3' para la amplificación del fragmento de ADN de *Avibacterium paragallinarum* de tipo C

ES 2 616 533 T3

<400> 60
cgcggatccc tatgttgag tcttcgtgg act

33

5 <210> 61
<211> 1017
<212> PRT
<213> Artificial

10 <220>
<223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 61

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

15

ES 2 616 533 T3

Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
 225 230 235 240
 Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
 245 250 255
 Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
 260 265 270
 Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 275 280 285
 Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
 290 295 300
 Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
 325 330 335
 Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
 405 410 415
 Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
 420 425 430
 Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
 435 440 445
 Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
 450 455 460
 Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
 485 490 495
 Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
 500 505 510
 Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
 515 520 525
 Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
 530 535 540
 Gln Gly Gly Ser Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr
 545 550 555 560
 Gly Gln Asp Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Leu
 565 570 575
 Ile Ser Leu Ser Ala Thr Glu Glu Glu Glu Val Val Ser Gly Glu Ala
 580 585 590
 Val Tyr Asp Ala Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr Val Ser Ala Glu Ala
 595 600 605
 Asn Lys Gly Ile Thr Gly Leu Val Asp Val Val Lys Lys Ala Asn Ser
 610 615 620
 Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn Lys Lys Lys Thr Phe
 625 630 635 640
 Thr Val Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile Thr Phe
 645 650 655
 Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met Ser Ser
 660 665 670
 Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser Thr Thr
 675 680 685
 Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn Ser Ala
 690 695 700
 Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val Lys Asn
 705 710 715 720
 Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile Gly Ala

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

	115						120						125						
Ser	Ser	Val	Gly	Ser	Thr	Asn	Tyr	Ala	Gly	Phe	Ser	Leu	Gly	Ala	Asp				
	130						135						140						
Ser	Val	Thr	Phe	Ser	Lys	Gly	Gly	Ala	Gly	Thr	Val	Lys	Leu	Ser	Gly				
145					150								155						160
Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Ala	Thr	Leu	Lys	Gln	Val				
					165														175
Lys	Glu	Tyr	Arg	Thr	Thr	Leu	Val	Gly	Asp	Asn	Asp	Ile	Thr	Ala	Ala				
			180																190
Asp	Arg	Ser	Gly	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Leu				
							200												205
Asn	Lys	Gly	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Lys	Val	Val	Ser	Gly	Lys				
							215												220
Thr	Val	Tyr	Glu	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Asn	Ile	Phe	Thr				
225							230												240
Ile	Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	Lys	Ile	Asn	Asn	Pro	Ala	Asp				
							245												255
Gln	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Lys	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly				
																			270
Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Thr	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro				
																			285
Ser	Thr	Asp	Ser	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Val	Asp	Phe				
																			300
Thr	Asp	Thr	Ile	Thr	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp	Asp	Lys	Lys	Leu	Thr				
305							310												320
Thr	Ser	Lys	Ser	Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Thr	Asn	Lys	Leu	Ala	Asn	Phe				
																			335
Ser	Thr	Asp	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Arg	Ser	Gly	Asn	Ala	Thr	Thr				
																			350
Ala	Asn	Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp	Gly	Phe	Thr	Ile				
																			365
Lys	Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln	Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp				
																			380
Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly	Val	Phe	Lys	Leu	Ser				
385							390												400
Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Ala	Asn	Thr	Phe	Ala	Lys				
																			415
Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn	Lys	Glu	Lys	Trp	Arg				
																			430
Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Gln				
																			445
Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly	Leu	Ile	Phe	Ala	Thr				
																			460
Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys				
465							470												480
Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp				
																			495
Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg				
																			510
Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro				
																			525
Thr	Asn	Ala	Asn	Pro	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr				
																			540
Gln	Gly	Gly	Ser	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Phe	Thr	Asn	Ile	Gly	Gly	Thr				
545							550												560
Gly	Gln	Asp	Thr	Ile	His	Asp	Ala	Ile	Asn	Asn	Val	Leu	Thr	Lys	Leu				
																			575
Ile	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Glu	Glu	Val	Val	Ser	Gly	Glu	Ala				
																			590
Val	Tyr	Asp	Ala	Leu	Lys	Gly	Ala	Lys	Pro	Thr	Val	Ser	Ala	Glu	Ala				
																			605
Asn	Lys	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Ala	Asn	Ser				
																			620
	610						615												

ES 2 616 533 T3

Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe
625					630					635					640
Thr	Val	Gly	Leu	Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Phe
				645					650						655
Asp	Lys	Ser	Gly	Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met	Ser	Ser
			660					665					670		
Ala	Gly	Leu	Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser	Thr	Thr
		675					680					685			
Thr	Phe	Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala
	690					695					700				
Gln	Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Asn
705					710					715					720
Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile	Gly	Ala
				725					730					735	
Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu	Lys
			740					745					750		
Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln	Asp	Ala
		755					760					765			
Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu	Thr	Gly
	770					775					780				
Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Gly
785					790					795					800
Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys	Ile	Gly
				805					810					815	

<210> 63
 <211> 1052
 5 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 63

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
 225 230 235 240
 Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
 245 250 255
 Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
 260 265 270
 Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 275 280 285
 Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
 290 295 300
 Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
 325 330 335
 Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
 405 410 415
 Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
 420 425 430
 Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
 435 440 445
 Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
 450 455 460
 Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
 485 490 495
 Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
 500 505 510
 Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
 515 520 525
 Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
 530 535 540
 Gln Gly Gly Ser Leu Ile Ser Leu Ser Ala Thr Glu Glu Glu Val
 545 550 555 560
 Val Ser Gly Glu Ala Val Tyr Asp Ala Leu Lys Gly Ala Lys Pro Thr
 565 570 575
 Val Ser Ala Glu Ala Asn Lys Gly Ile Thr Gly Leu Val Asp Val Val
 580 585 590
 Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn
 595 600 605
 Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val
 610 615 620
 Asn Ser Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr
 625 630 635 640
 Gly Arg Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr
 645 650 655
 Asn Gly Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser
 660 665 670
 Thr Thr Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly
 675 680 685
 Phe Ser Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys
 690 695 700
 Leu Ser Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser
 705 710 715 720
 Gly Ile Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr

ES 2 616 533 T3

				725						730				735	
Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala
			740						745				750		
Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys
		755						760				765			
Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser
		770				775					780				
Gly	Ala	Lys	Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Glu	Ala	Ile
785					790						795				800
Ser	Asp	Val	Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala
				805					810					815	
Asp	Asn	Lys	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Asn	Phe
			820					825					830		
Thr	Ser	Thr	Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu	Asp	Asn	Gly	Val	Val
		835					840					845			
Lys	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr
	850					855					860				
Glu	Ser	Leu	Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr
865					870					875					880
Val	Gly	Gly	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly
				885					890					895	
Asn	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp
			900					905					910		
Gly	Ile	Lys	Val	Ser	Gly	Val	Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala
		915					920					925			
Val	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala
	930					935					940				
Leu	Gly	Thr	Thr	Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser
945					950					955					960
Ile	Phe	Asn	Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala
				965					970					975	
Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser	Lys	Val
			980					985					990		
Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Ile	Asp	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys	Lys
		995					1000						1005		
Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp	
	1010					1015					1020				
Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	
	1025					1030					1035				
Arg	Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr		
	1040					1045					1050				

<210> 64
 <211> 990
 <212> PRT
 <213> Artificial

5

<220>
 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

10

<400> 64

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

				85					90					95					
Thr	Ala	Gly	Thr	Tyr	Asn	Thr	Thr	Gly	Asp	Ala	Asn	Asn	Lys	Asn	Gln				
			100					105					110						
Leu	Asn	Asn	Thr	Leu	Gln	Gln	Thr	Thr	Leu	Glu	Ala	Thr	Gly	Ile	Thr				
			115					120					125						
Ser	Ser	Val	Gly	Ser	Thr	Asn	Tyr	Ala	Gly	Phe	Ser	Leu	Gly	Ala	Asp				
			130					135				140							
Ser	Val	Thr	Phe	Ser	Lys	Gly	Gly	Ala	Gly	Thr	Val	Lys	Leu	Ser	Gly				
			145					150				155							
Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Ala	Thr	Leu	Lys	Gln	Val				
				165							170								
Lys	Glu	Tyr	Arg	Thr	Thr	Leu	Val	Gly	Asp	Asn	Asp	Ile	Thr	Ala	Ala				
			180					185						190					
Asp	Arg	Ser	Gly	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Leu				
			195					200					205						
Asn	Lys	Gly	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Lys	Val	Val	Ser	Gly	Lys				
			210					215					220						
Thr	Val	Tyr	Glu	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Asn	Ile	Phe	Thr				
			225			230					235								240
Ile	Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	Lys	Ile	Asn	Asn	Pro	Ala	Asp				
				245						250				255					
Gln	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Lys	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly				
			260						265					270					
Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Thr	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro				
			275					280						285					
Ser	Thr	Asp	Ser	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Val	Asp	Phe				
			290					295				300							
Thr	Asp	Thr	Ile	Thr	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp	Asp	Lys	Lys	Leu	Thr				
			305			310					315								320
Thr	Ser	Lys	Ser	Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Thr	Asn	Lys	Leu	Ala	Asn	Phe				
				325						330					335				
Ser	Thr	Asp	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Arg	Ser	Gly	Asn	Ala	Thr	Thr				
			340					345						350					
Ala	Asn	Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp	Gly	Phe	Thr	Ile				
			355					360						365					
Lys	Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln	Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp				
			370					375					380						
Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly	Val	Phe	Lys	Leu	Ser				
			385			390					395								400
Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Ala	Asn	Thr	Phe	Ala	Lys				
				405							410				415				
Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn	Lys	Glu	Lys	Trp	Arg				
			420					425						430					
Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Gln				
			435					440						445					
Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly	Leu	Ile	Phe	Ala	Thr				
			450					455				460							
Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys				
			465			470					475								480
Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp				
				485							490				495				
Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg				
			500					505						510					
Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro				
			515					520						525					
Thr	Asn	Ala	Asn	Pro	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr				
			530					535						540					
Gln	Gly	Gly	Ser	Leu	Ile	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Glu	Glu	Val				
			545			550					555								560
Val	Ser	Gly	Glu	Ala	Val	Tyr	Asp	Ala	Leu	Lys	Gly	Ala	Lys	Pro	Thr				
				565							570				575				
Val	Ser	Ala	Glu	Ala	Asn	Lys	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val				
				580						585					590				

ES 2 616 533 T3

Lys Lys Ala Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro Ser Thr Asp Asn Asn
 595 600 605
 Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val
 610 615 620
 Asn Ser Ile Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr
 625 630 635 640
 Gly Arg Met Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr
 645 650 655
 Asn Gly Ser Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser
 660 665 670
 Thr Thr Asn Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly
 675 680 685
 Phe Ser Val Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys
 690 695 700
 Leu Ser Ile Gly Ala Glu Asn Ala Glu His Val Glu Val Thr Lys Ser
 705 710 715 720
 Gly Ile Ala Leu Lys Ala Asp Asn Thr Ser Asp Lys Ser Ser Ile Thr
 725 730 735
 Leu Ala Gln Asp Ala Ile Thr Leu Ala Gly Asn Ala Thr Gly Thr Ala
 740 745 750
 Ile Lys Leu Thr Gly Val Ala Asp Gly Asn Ile Thr Val Asn Ser Lys
 755 760 765
 Asp Ala Val Asn Gly Gly Gln Leu Arg Thr Leu Leu Gly Val Asp Ser
 770 775 780
 Gly Ala Lys Ile Gly Gly Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Glu Ala Ile
 785 790 795 800
 Ser Asp Val Lys Gln Ala Leu Thr Asp Ala Thr Leu Ala Tyr Lys Ala
 805 810 815
 Asp Asn Lys Asn Gly Lys Thr Val Lys Leu Thr Asp Gly Leu Asn Phe
 820 825 830
 Thr Ser Thr Thr Asn Ile Asp Ala Ser Val Glu Asp Asn Gly Val Val
 835 840 845
 Lys Phe Thr Leu Lys Asp Lys Leu Thr Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr
 850 855 860
 Glu Ser Leu Asn Ala Ser Gln Asn Ile Ile Ala Gly Gly Thr Val Thr
 865 870 875 880
 Val Gly Gly Glu Thr Glu Gly Ile Val Leu Thr Lys Ser Gly Ser Gly
 885 890 895
 Asn Asp Arg Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Asn Ala Ala Thr Asp
 900 905 910
 Gly Ile Lys Val Ser Gly Val Lys Ala Gly Thr Ala Asp Thr Asp Ala
 915 920 925
 Val Asn Lys Gly Gln Leu Asp Lys Leu Phe Lys Ala Ile Asn Asp Ala
 930 935 940
 Leu Gly Thr Thr Asp Leu Ala Val Thr Lys Asn Pro Asn Gln Thr Ser
 945 950 955 960
 Ile Phe Asn Pro Ile Asn Gly Thr Ala Pro Thr Thr Phe Lys Asp Ala
 965 970 975
 Val Asp Lys Leu Thr Thr Ala Val Asn Thr Gly Trp Gly Ser
 980 985 990

<210> 65
 <211> 789
 5 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 65

ES 2 616 533 T3

Met Asp Gly Thr Ile Thr Phe Thr Asn Ile Gly Gly Thr Gly Gln Ala
1 5 10 15

ES 2 616 533 T3

Thr Ile His Asp Ala Ile Asn Asn Val Leu Thr Lys Gly Ile Tyr Leu
 20 25 30
 Lys Ala Asp Gln Asn Asp Pro Thr Gly Asn Gln Gly Gln Lys Val Glu
 35 40 45
 Leu Gly Asn Ala Ile Thr Leu Ser Ala Thr Asn Gln Trp Ala Asn Asn
 50 55 60
 Gly Val Asn Tyr Lys Thr Asn Asn Leu Thr Thr Tyr Asn Ser Gln Asn
 65 70 75 80
 Gly Thr Ile Leu Phe Gly Met Arg Glu Asp Pro Ser Val Lys Gln Ile
 85 90 95
 Thr Ala Gly Thr Tyr Asn Thr Thr Gly Asp Ala Asn Asn Lys Asn Gln
 100 105 110
 Leu Asn Asn Thr Leu Gln Gln Thr Thr Leu Glu Ala Thr Gly Ile Thr
 115 120 125
 Ser Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp
 130 135 140
 Ser Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly
 145 150 155 160
 Val Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val
 165 170 175
 Lys Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala
 180 185 190
 Asp Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu
 195 200 205
 Asn Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys
 210 215 220
 Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
 225 230 235 240
 Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
 245 250 255
 Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
 260 265 270
 Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
 275 280 285
 Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
 290 295 300
 Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
 325 330 335
 Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
 340 345 350
 Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
 355 360 365
 Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
 370 375 380
 Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
 405 410 415
 Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
 420 425 430
 Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
 435 440 445
 Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
 450 455 460
 Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
 465 470 475 480
 Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
 485 490 495
 Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
 500 505 510
 Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro

ES 2 616 533 T3

		515				520				525					
Thr	Asn	Ala	Asn	Pro	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr
	530					535					540				
Gln	Gly	Gly	Ser	Leu	Ile	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Glu	Glu	Val
545					550					555					560
Val	Ser	Gly	Glu	Ala	Val	Tyr	Asp	Ala	Leu	Lys	Gly	Ala	Lys	Pro	Thr
				565					570					575	
Val	Ser	Ala	Glu	Ala	Asn	Lys	Gly	Ile	Thr	Gly	Leu	Val	Asp	Val	Val
			580					585					590		
Lys	Lys	Ala	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn
		595					600					605			
Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Leu	Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val
610						615					620				
Asn	Ser	Ile	Thr	Phe	Asp	Lys	Ser	Gly	Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr
625					630					635					640
Gly	Arg	Met	Ser	Ser	Ala	Gly	Leu	Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr
				645					650					655	
Asn	Gly	Ser	Thr	Thr	Phe	Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	
			660				665					670			
Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln	Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly
		675					680					685			
Phe	Ser	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys
690					695						700				
Leu	Ser	Ile	Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser
705					710					715					720
Gly	Ile	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr
				725					730					735	
Leu	Ala	Gln	Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala
			740				745						750		
Ile	Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys
		755					760					765			
Asp	Ala	Val	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser
	770					775					780				
Gly	Ala	Lys	Ile	Gly											
785															

<210> 66
 <211> 923
 5 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 66

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

130						135						140			
Ser	Val	Thr	Phe	Ser	Lys	Gly	Gly	Ala	Gly	Thr	Val	Lys	Leu	Ser	Gly
145					150						155				160
Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Ala	Thr	Leu	Lys	Gln	Val
				165						170					175
Lys	Glu	Tyr	Arg	Thr	Thr	Leu	Val	Gly	Asp	Asn	Asp	Ile	Thr	Ala	Ala
			180					185						190	
Asp	Arg	Ser	Gly	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Leu
		195					200					205			
Asn	Lys	Gly	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Glu	Lys	Val	Val	Ser	Gly	Lys
	210					215					220				
Thr	Val	Tyr	Glu	Ala	Ile	Arg	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly	Asn	Ile	Phe	Thr
225					230					235					240
Ile	Gly	Leu	Asp	Asp	Thr	Thr	Leu	Asn	Lys	Ile	Asn	Asn	Pro	Ala	Asp
				245					250					255	
Gln	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Lys	Asn	Ala	Ile	Thr	Gly
			260				265							270	
Leu	Val	Asp	Val	Val	Lys	Lys	Thr	Asn	Ser	Pro	Ile	Thr	Val	Glu	Pro
		275					280					285			
Ser	Thr	Asp	Ser	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Phe	Thr	Val	Gly	Val	Asp	Phe
	290				295						300				
Thr	Asp	Thr	Ile	Thr	Glu	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp	Asp	Lys	Lys	Leu	Thr
305				310						315					320
Thr	Ser	Lys	Ser	Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Thr	Asn	Lys	Leu	Ala	Asn	Phe
				325					330					335	
Ser	Thr	Asp	Ile	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Arg	Ser	Gly	Asn	Ala	Thr	Thr
			340				345						350		
Ala	Asn	Asp	Gly	Val	Gly	Lys	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp	Gly	Phe	Thr	Ile
		355					360					365			
Lys	Ser	Glu	Asn	Phe	Thr	Leu	Gly	Ser	Lys	Gln	Tyr	Asn	Gly	Ser	Asp
	370				375						380				
Ser	Leu	Gly	Val	Met	Tyr	Asp	Asp	Gln	Asn	Gly	Val	Phe	Lys	Leu	Ser
385				390						395					400
Leu	Asn	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Ala	Asn	Thr	Phe	Ala	Lys
				405					410					415	
Leu	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Thr	Asp	Asp	Ser	Asn	Lys	Glu	Lys	Trp	Arg
			420				425							430	
Thr	Ala	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Glu	Ile	Gln
		435					440					445			
Lys	Ser	Lys	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Asp	Ser	Gly	Leu	Ile	Phe	Ala	Thr
	450					455					460				
Lys	Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn	Lys
465					470					475					480
Lys	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	Gly	Asp
				485					490					495	
Val	Val	Thr	Gly	Arg	Gln	Leu	Tyr	Ala	Leu	Met	Gln	Lys	Gly	Ile	Arg
			500					505						510	
Val	Tyr	Gly	Asp	Glu	Val	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Thr	Ala	Pro
		515					520					525			
Thr	Asn	Ala	Asn	Pro	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	Pro	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr
	530					535						540			
Gln	Gly	Gly	Ser	Gly	Leu	Met	Lys	Asp	Ile	Glu	Gly	Val	Asn	Ser	Ile
545					550					555					560
Thr	Phe	Asp	Lys	Ser	Gly	Gln	Asp	Leu	Asn	Gln	Val	Thr	Gly	Arg	Met
				565					570					575	
Ser	Ser	Ala	Gly	Leu	Thr	Phe	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	Thr	Asn	Gly	Ser
			580				585							590	
Thr	Thr	Thr	Phe	Ala	Glu	Asp	Gly	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn
		595					600					605			
Ser	Ala	Gln	Thr	Asn	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Asp	Gly	Phe	Ser	Val
	610					615					620				
Lys	Asn	Gly	Ser	Asp	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Leu	Ser	Ile
625					630					635					640

ES 2 616 533 T3

Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala
				645					650					655	
Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln
			660					665					670		
Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu
		675					680					685			
Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val
	690					695					700				
Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys
705					710					715					720
Ile	Gly	Gly	Thr	Glu	Lys	Thr	Thr	Ile	Ser	Glu	Ala	Ile	Ser	Asp	Val
			725						730					735	
Lys	Gln	Ala	Leu	Thr	Asp	Ala	Thr	Leu	Ala	Tyr	Lys	Ala	Asp	Asn	Lys
			740					745					750		
Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Lys	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Thr
		755					760					765			
Thr	Asn	Ile	Asp	Ala	Ser	Val	Glu	Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Thr
	770					775					780				
Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Ala	Thr	Glu	Ser	Leu
785					790					795					800
Asn	Ala	Ser	Gln	Asn	Ile	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly
			805						810					815	
Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Asn	Asp	Arg
			820					825					830		
Thr	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Ile	Lys
		835					840					845			
Val	Ser	Gly	Val	Lys	Ala	Gly	Thr	Ala	Asp	Thr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys
	850					855					860				
Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Leu	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Leu	Gly	Thr
865					870					875					880
Thr	Asp	Leu	Ala	Val	Thr	Lys	Asn	Pro	Asn	Gln	Thr	Ser	Ile	Phe	Asn
			885						890					895	
Pro	Ile	Asn	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Thr	Phe	Lys	Asp	Ala	Val	Asp	Lys
		900						905					910		
Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Gly	Ser					
		915					920								

<210> 67
 <211> 722
 5 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 10 <223> Péptido de fusión que consta de una sección de las proteínas de membrana de cada uno de los tipos A y C de *Avibacterium paragallinarum*

<400> 67

ES 2 616 533 T3

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

ES 2 616 533 T3

Ser Ser Val Gly Ser Thr Asn Tyr Ala Gly Phe Ser Leu Gly Ala Asp
130 135 140
Ser Val Thr Phe Ser Lys Gly Gly Ala Gly Thr Val Lys Leu Ser Gly
145 150 155 160
Val Ser Asp Ala Thr Ala Asp Thr Asp Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val
165 170 175
Lys Glu Tyr Arg Thr Thr Leu Val Gly Asp Asn Asp Ile Thr Ala Ala
180 185 190
Asp Arg Ser Gly Gly Thr Ser Asn Gly Ile Thr Tyr Asn Leu Ser Leu
195 200 205
Asn Lys Gly Thr Val Ser Ala Thr Glu Glu Lys Val Val Ser Gly Lys
210 215 220
Thr Val Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Ile Thr Gly Asn Ile Phe Thr
225 230 235 240
Ile Gly Leu Asp Asp Thr Thr Leu Asn Lys Ile Asn Asn Pro Ala Asp
245 250 255
Gln Asp Leu Ser Asn Leu Ser Glu Ser Gly Lys Asn Ala Ile Thr Gly
260 265 270
Leu Val Asp Val Val Lys Lys Thr Asn Ser Pro Ile Thr Val Glu Pro
275 280 285
Ser Thr Asp Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe Thr Val Gly Val Asp Phe
290 295 300
Thr Asp Thr Ile Thr Glu Gly Asp Ala Thr Asp Asp Lys Lys Leu Thr
305 310 315 320
Thr Ser Lys Ser Val Glu Ser Tyr Val Thr Asn Lys Leu Ala Asn Phe
325 330 335
Ser Thr Asp Ile Leu Leu Ser Asp Gly Arg Ser Gly Asn Ala Thr Thr
340 345 350
Ala Asn Asp Gly Val Gly Lys Arg Arg Leu Ser Asp Gly Phe Thr Ile
355 360 365
Lys Ser Glu Asn Phe Thr Leu Gly Ser Lys Gln Tyr Asn Gly Ser Asp
370 375 380
Ser Leu Gly Val Met Tyr Asp Asp Gln Asn Gly Val Phe Lys Leu Ser
385 390 395 400
Leu Asn Met Thr Ala Leu Thr Thr Ser Leu Ala Asn Thr Phe Ala Lys
405 410 415
Leu Asp Ala Ser Asn Leu Thr Asp Asp Ser Asn Lys Glu Lys Trp Arg
420 425 430
Thr Ala Leu Asn Val Tyr Ser Lys Thr Glu Val Asp Ala Glu Ile Gln
435 440 445
Lys Ser Lys Val Thr Leu Thr Pro Asp Ser Gly Leu Ile Phe Ala Thr
450 455 460
Lys Gln Ala Gly Ser Gly Asn Asn Ala Gly Ile Asp Ala Gly Asn Lys
465 470 475 480
Lys Ile Ser Asn Val Ala Asp Gly Asp Ile Ser Pro Thr Ser Gly Asp
485 490 495
Val Val Thr Gly Arg Gln Leu Tyr Ala Leu Met Gln Lys Gly Ile Arg
500 505 510
Val Tyr Gly Asp Glu Val Ser Pro Thr Lys Thr Gln Thr Thr Ala Pro
515 520 525
Thr Asn Ala Asn Pro Thr Ala Thr Thr Ala Pro Thr Ala Ser Ser Thr
530 535 540
Gln Gly Gly Ser Gly Leu Met Lys Asp Ile Glu Gly Val Asn Ser Ile
545 550 555 560
Thr Phe Asp Lys Ser Gly Gln Asp Leu Asn Gln Val Thr Gly Arg Met
565 570 575
Ser Ser Ala Gly Leu Thr Phe Lys Lys Gly Asp Thr Thr Asn Gly Ser
580 585 590
Thr Thr Thr Phe Ala Glu Asp Gly Leu Thr Ile Asp Ser Thr Thr Asn
595 600 605
Ser Ala Gln Thr Asn Leu Val Lys Val Ser Arg Asp Gly Phe Ser Val
610 615 620
Lys Asn Gly Ser Asp Glu Ser Lys Leu Ala Ser Thr Lys Leu Ser Ile

ES 2 616 533 T3

625					630					635				640	
Gly	Ala	Glu	Asn	Ala	Glu	His	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Ser	Gly	Ile	Ala
				645						650				655	
Leu	Lys	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Ser	Ser	Ile	Thr	Leu	Ala	Gln
			660					665					670		
Asp	Ala	Ile	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Gly	Thr	Ala	Ile	Lys	Leu
		675					680					685			
Thr	Gly	Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Ile	Thr	Val	Asn	Ser	Lys	Asp	Ala	Val
	690					695					700				
Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Ser	Gly	Ala	Lys
705					710					715					720
Ile	Gly														

REIVINDICACIONES

- 5 1. Una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido que consiste en una secuencia que comprende la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 35, estando comprendida dicha secuencia en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 1 con la adición de 1 a 200 restos de aminoácidos en su extremo N y/o extremo C.
- 10 2. La vacuna de la reivindicación 1 donde dicha vacuna comprende como principio activo un péptido que consiste en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 1.
- 15 3. Una vacuna recombinante de rinitis infecciosa aviar que comprende como principio activo un péptido que consiste en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 56, estando comprendida dicha secuencia en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 3 con la adición de 1 a 200 restos de aminoácidos en su extremo N y/o extremo C.
4. La vacuna de la reivindicación 3 donde dicha vacuna comprende como principio activo un péptido que consiste en la secuencia de aminoácidos que se muestra en la SEQ ID NO: 3 o 52.
- 20 5. La vacuna de la reivindicación 2 o 4 donde dicho péptido comprende una secuencia de aminoácidos donde se han eliminado, añadido o sustituido 1, 2, 3, 4 o 5 aminoácidos.

Fig. 1

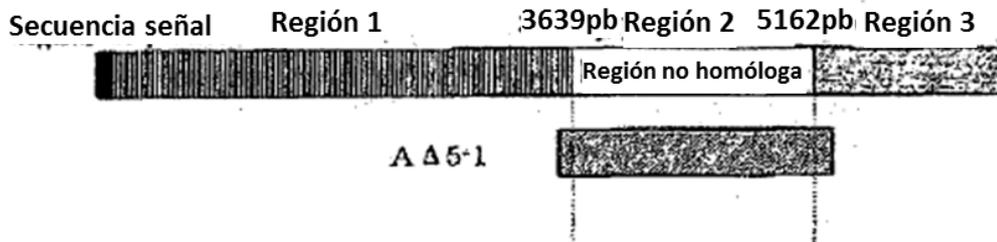


Fig. 2

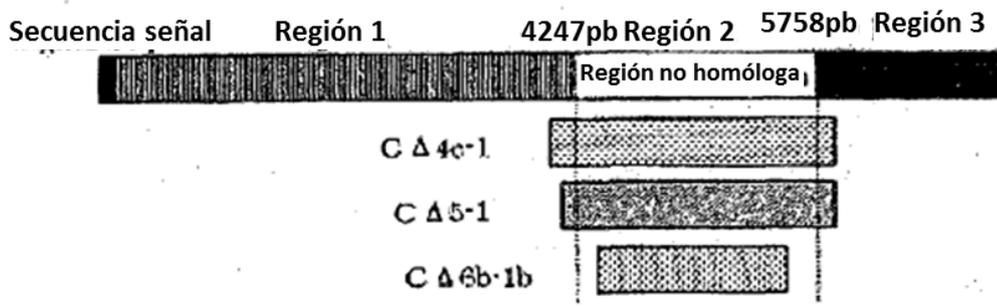


Fig. 3

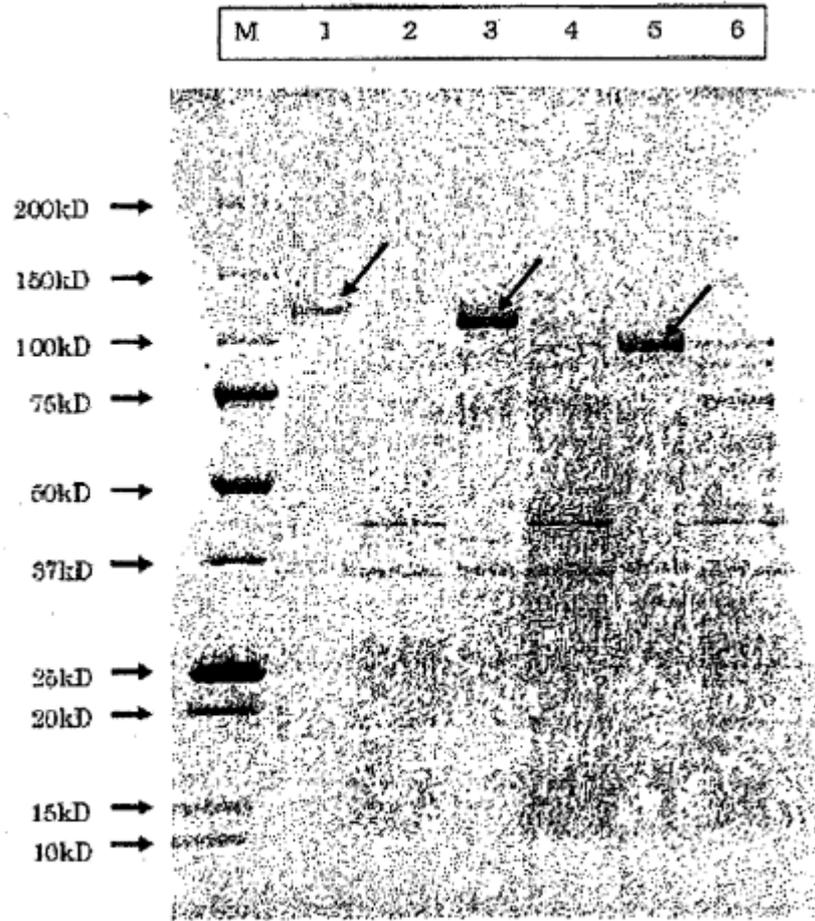


Fig. 4

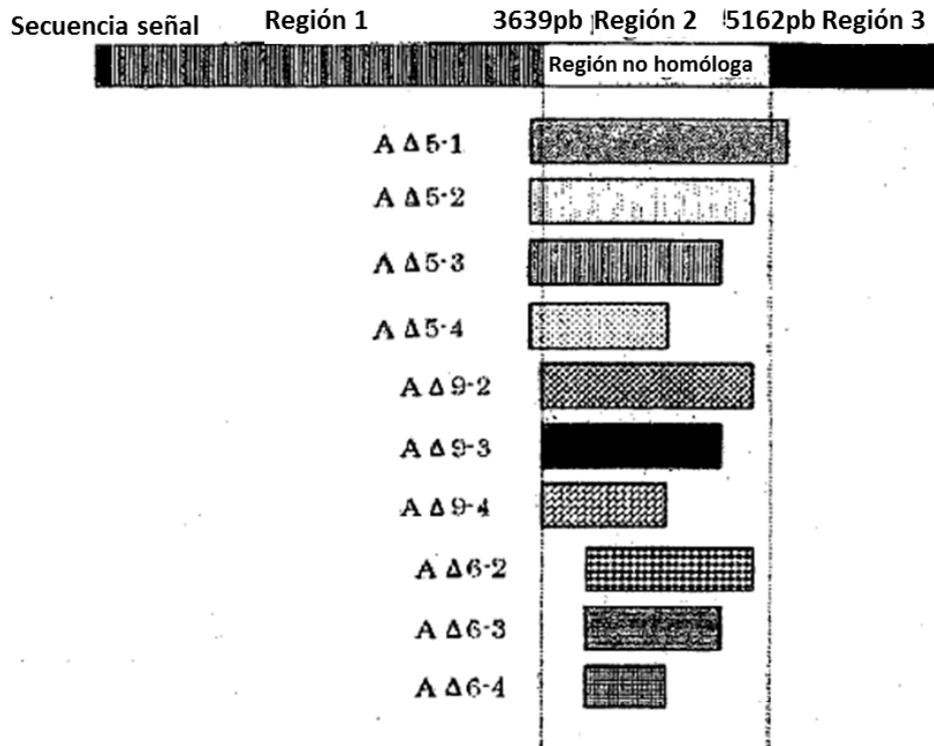


Fig. 5

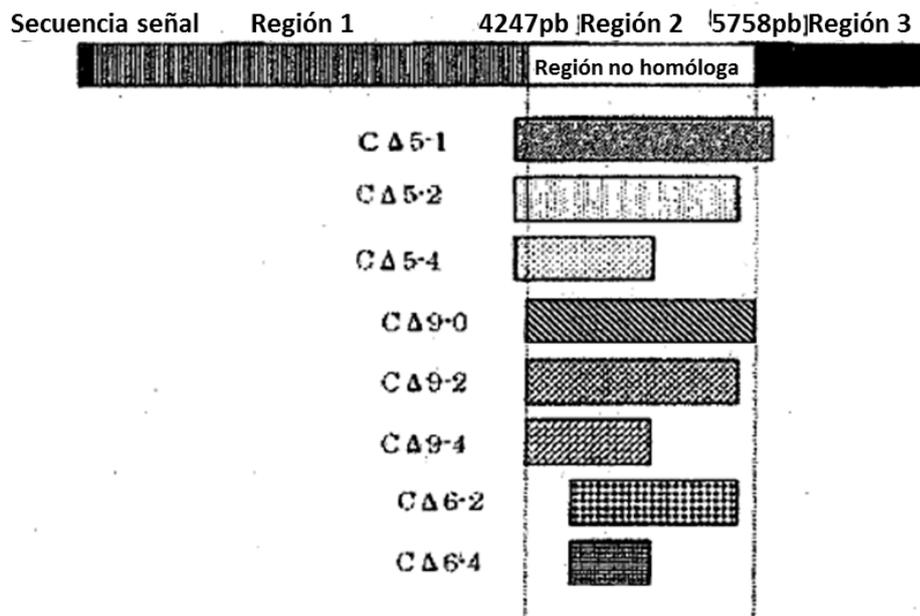


Fig. 6

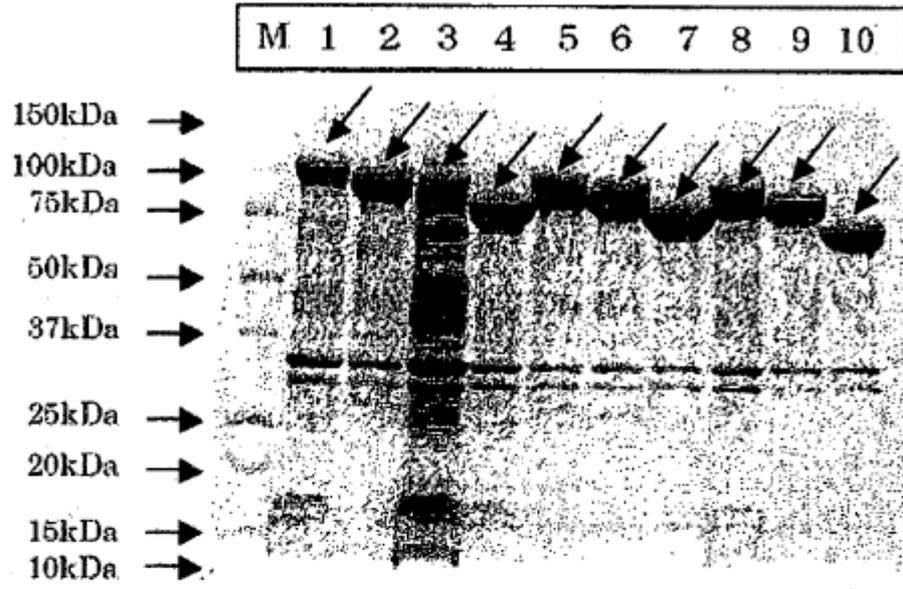


Fig. 7

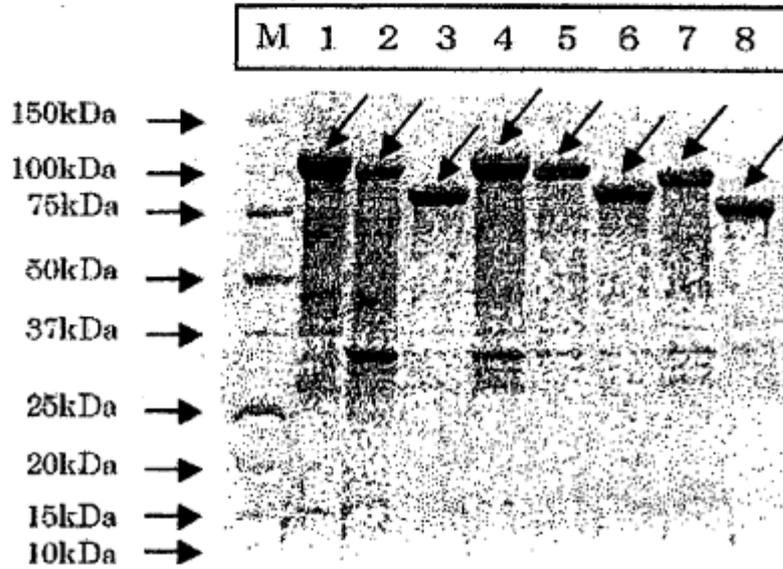


Fig. 8

