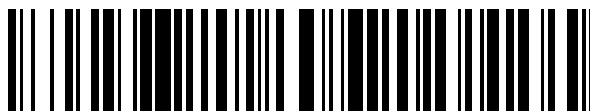


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 663 872**

51 Int. Cl.:

C07K 14/22

(2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **11.03.2011 PCT/EP2011/053665**

87 Fecha y número de publicación internacional: **15.09.2011 WO11110655**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **11.03.2011 E 11708450 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **24.01.2018 EP 2545068**

54 Título: **Composición inmunogénica o vacuna contra infección o enfermedad bacteriana gramnegativa, por ejemplo, por Neisseria**

30 Prioridad:

11.03.2010 US 312959 P

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

17.04.2018

73 Titular/es:

**GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A. (100.0%)
Rue de l'Institut, 89
1330 Rixensart, BE**

72 Inventor/es:

**DEVOS, NATHALIE ISABELLE;
POOLMAN, JAN;
STORK, MICHEL;
TOMMASSEN, JOHANNES PETRUS MARIA y
WEYNANTS, VINCENT**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 663 872 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

Composición inmunogénica o vacuna contra infección o enfermedad bacteriana gramnegativa, por ejemplo, por *Neisseria*

Campo técnico

- 5 La presente invención se refiere al campo de composiciones y vacunas inmunogénicas de bacterias gramnegativas y el uso de tales composiciones en la medicina. Más en particular, se refiere a composiciones inmunogénicas que comprenden proteínas de membrana externas de bacterias gramnegativas que están involucradas en la absorción de zinc extracelular. Tales proteínas son antígenos prometedores ya que muestran una elevada conservación entre cepas que pertenecen a muchas especies de bacterias gramnegativas distintas.

10 **Antecedentes**

Las bacterias gramnegativas son los agentes causantes de una cantidad de patologías humanas y existe la necesidad del desarrollo de vacunas eficaces contra muchas de estas bacterias. Del mismo modo, existe la necesidad de identificar más antígenos, tales como proteínas de membrana externa, que se conservan bien dentro, y posiblemente dentro, de especies gramnegativas de modo que tales antígenos pueden resultar útiles como componentes de vacunas.

- 15 En el caso del serogrupo B de *N. meningitidis*, el desarrollo de una vacuna se ha visto obstaculizado debido al hecho de que la cápsula de polisacáridos es pobremente inmunogénica debido a su similitud inmunológica a las glicoproteínas polisialiladas humanas tal como la molécula de adhesión de la célula neural. Por lo tanto, las estrategias para la producción de vacunas se han concentrado sobre las estructuras expuestas sobre la superficie de la membrana externa meningocócica tal como PorA, pero se han visto obstaculizadas por la alta variabilidad antigénica de las proteínas de membrana externa principales entre cepas.

- 20 Sin embargo, la *N. meningitidis* ha demostrado recientemente expresar una proteína de membrana externa, "TdfI" o "ZnuD" (BASB082 del documento WO 00/55327; marcador de locus NMB0964 en el genoma secuenciado de *N. meningitidis* del serogrupo B; en el presente documento SEQ ID NO. 1) involucrado en la absorción de zinc extracelular. Esto resulta sorprendente ya que anteriormente se pensaba que el zinc cruza la membrana externa mediante difusión pasiva a través de las porinas y este descubrimiento es el primero de una proteína involucrada en la absorción de zinc a través de la membrana de una bacteria gramnegativa.

El documento WO00/71725 desvela la combinación de composiciones de *Neisseria* que comprenden dos moléculas biológicas a partir de bacterias de *Neisseria*.

- 30 El documento WO01/85772 desvela una serie de genes de virulencia a partir de *Neisseria meningitidis*. Estos genes o sus productos codificados, pueden usarse en la fabricación de vacunas.

El documento WO00/55327 desvela polipéptidos de *Neisseria meningitidis*, que son útiles para la prevención y el tratamiento de enfermedades microbianas.

Sumario de la invención

- 35 Los presente inventores han identificado homólogos de TdfI en muchas cepas a partir de numerosas especies bacterianas gramnegativas. La conservación de la secuencia de aminoácidos entre estas especies puede reflejar la importancia de la TdfI en la absorción activa de zinc en entornos que tienen bajos niveles de zinc libre. La TdfI y sus homólogos identificados, así como sus homólogos aún por identificar, representan una fuente prometedora de antígenos para el desarrollo de vacunas contra infecciones gramnegativas. Debido a la conservación de la secuencia de aminoácidos de la estructura secundaria entre la TdfI y sus homólogos identificados, tales vacunas pueden conferir una protección no solo a serotipos, subespecies y cepas individuales, sino que por todos los miembros de especies bacterianas u otro nivel taxonómico. De hecho, como se muestra en los ejemplos, la TdfI puede inducir anticuerpos trans-bactericidas contra casi todas las cepas de *Neisseria* analizadas independientemente del serogrupo, respaldando el potencial de esta proteína de membrana externa para usarse como antígeno de *N. meningitidis* universal.

- 45 Otro descubrimiento sorprendente sobre el cual se basa la presente invención es la identificación de otra proteína de membrana externa de *N. meningitidis* involucrada en la absorción de zinc extracelular, "TdfH" (BASB024 del documento WO 00/11182; en el presente documento SEQ ID NO. 50). Mientras que se piensa que la TdfI está involucrada en la adquisición de zinc libre a partir del entorno extracelular, parece que la TdfH se une a zinc complejo no libre, tal como zinc unido a calprotectina como se muestra en los ejemplos. Los homólogos de TdfH se han identificado en varias cepas a partir de especies de bacterias gramnegativas distintas y se ha observado un alto grado de conservación de secuencias de aminoácidos. De este modo, de forma análoga al TdfI, se espera que la TdfH y homólogos de los mismos sean útiles como fuente de antígenos para la vacunación contra infecciones y enfermedades gramnegativas.

Siguiendo el trabajo sobre el que se apoya la presente invención, ahora se cree que la *N. meningitidis*, y muchas otras especies gramnegativas, tienen mecanismos activos para la absorción de zinc a través de la membrana externa. Tales mecanismos, que involucran al menos Tdfl y TdfH, pueden ser necesarios debido a los bajos niveles de zinc libre en el hospedador (por ejemplo, en el cuerpo humano), especialmente en determinados compartimentos tales como las vías respiratorias. Como se muestra en los ejemplos, la viabilidad de las células que carecen de Tdfl o H se ve afectada en condiciones de bajo zinc libre o cuando el zinc está complejado a, por ejemplo, calprotectina, respectivamente. La vacunación con el fin de abordar el sistema inmune del hospedador a bacterias gramnegativas que expresan Tdfl o TdfH promete proporcionar una prevención o tratamiento eficaz contra la infección por tales bacterias y tales vacunas pueden tener una trans-protección dentro, y posiblemente entre, especies gramnegativas como resultado de la naturaleza conservada de las proteínas. La protección conferida mediante una vacuna que comprende antígenos basados en cada una de estas proteínas podría resultar a partir de una respuesta inmune bactericida hacia la bacteria en cuestión o simplemente a partir de una prevención de la actividad de absorción de zinc de la proteína. Se prevé que una vacuna que comprende ambos antígenos derivados de Tdfl y TdfH, que se dirige de este modo a ambos mecanismos de absorción de zinc identificados, puede ser en particular eficaz.

La presente invención proporciona de igual modo una vacuna para su uso en el tratamiento o prevención de una infección o enfermedad de bacterias gramnegativas que comprende:

(I) un primer antígeno que es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce una proteína de membrana externa de al menos una primera cepa bacteriana gramnegativa, en la que dicha proteína de membrana externa está involucrada en la absorción de zinc extracelular, en el que dicho primer antígeno comprende: a) un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40 %, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 1 o b) un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 1, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de SEQ ID No. 1, y

(II) un segundo antígeno, en el que dicho segundo antígeno comprende: a) un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40 %, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 50; opcionalmente en el que dicho segundo antígeno es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50, o b) un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 50, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de la secuencia de SEQ ID No. 50, y en el que dicho fragmento inmunogénico es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50, en la que dicha vacuna comprende una preparación de vesícula de membrana externa que comprende dicho primer antígeno, opcionalmente en la que la expresión de dicho primer antígeno se regula positivamente en dicha preparación de vesícula de membrana externa.

Breve descripción de los dibujos

Figura 1. Detección de Tdfl en transferencia de Western. (A) HB-1 cultivado en TSB (vía 1), RPMI (vía 2) y la cepa desactivada de *tdfl* cultivada en RPMI (vía 3). (B) HB-1 cultivado en RPMI con cantidades que aumentan de TSB agregado. (C) HB-1 cultivado en RPMI (vía 1), complementado con 0,5 μ M de zinc (vía 2) o 1 μ M de zinc (vía 4). (D) HB-1 cultivado en RPMI (vía 1), con concentraciones crecientes de TPEN (0,1, 0,5 y 1 μ M en vías 2-4, respectivamente)

Figura 2. Expresión de Tdfl en tipo silvestre y cepas mutantes de *zur*. La presencia de Tdfl en lisados celulares de HB-1 y el mutante de *zur* cultivado en RPMI, el RPMI con 600 nM de zinc o TSB se evaluó mediante análisis de transferencia de Western.

Figura 3. Modelo de topología de Tdfl. El dominio de tapón está coloreado en gris oscuro, las cadenas beta en gris claro y los lazos extracelulares en blanco. Se encierran en cuadros los tramos de histidina/ácido aspártico.

Figura 4. Unión de zinc y transporte mediante Tdfl. (A) La unión de zinc a vesículas de membrana externa que bien contenían o no contenían Tdfl. se midió mediante ensayo de competición PAR (B) las concentraciones de zinc intracelulares como se midió mediante ICP-MS de la cepa de tipo salvaje, el mutante de *tdfl* y el mutante de *tonB*.

Figura 5. La regulación de zinc de Tdfl está altamente conservada en meningococos. Transferencia de Western de lisados celulares de las cepas indicadas desarrolladas en RPMI con o sin zinc agregado. ^aDesignaciones del grupo clonal tomadas de (36); - indica que la cepa fue tipificada mediante Electroforesis de Enzima de Multi-Locus, pero no puede ser asignada a un clon específico.

Figura 6. Perfil de proteína de la vacuna Tdfl. Vesículas de membrana externa usadas para inmunizar ratones

para producción de anti-suero se separaron mediante SDS-PAGE y se tiñeron con azul brillante de Coomassie.

Figura 7. Impacto de IPTG en expresión de Tdfl en células usadas en SBA. Véase Ejemplo 1.

Figura 8. Alineación de secuencias de aminoácidos de Tdfl de cepas *N. meningitidis* MC58 con las de 053422, FAM18 y Z2491, las cepas transportadoras $\alpha 14$, a 153 y $\alpha 275$ The TonB box (Tb), el dominio de tapón, los lazos y los dominios de transmembrana (Tm) están marcados encima de la secuencia y están subrayadas los tramos con alto contenido de His- y Asp.

Figura 9. Alineación de secuencias de aminoácidos de los homólogos de Tdfl. Los tramos con alto contenido de ácido aspártico de Histidina se señalan con color gris.

Figura 10. Conjunto de péptidos de ZnuD: Respuesta individual de suero humano obtenido para pacientes convalecientes o portadores sanos. Véase Ejemplo 3. Esta figura se corresponde con la Figura 8 en el documento US 61/312959. Los ejemplos enumerados de arriba a abajo en las leyendas con respecto a la Figura 10 se corresponden con las muestras enumeradas de arriba a la izquierda a abajo a la derecha (leyéndose en líneas) en las leyendas con respecto a la Figura 8 en el documento US 61/312959.

Figura 11. Nivel de expresión de ZnuD en función de medio de cultivo. Véase Ejemplo 3.

Figura 12: VME usadas para la inmunización. Véase Ejemplo 3.

Figura 13: alineación múltiple de homólogos de Tdfl.

Figura 14: alineación múltiple de homólogos de TdfH.

Figura 15: unión de calprotectina a TdfH

Figura 16: unión de calprotectina a TdfH en presencia de Zn o Mn.

Descripción Detallada de la Invención

La presente invención se basa en el descubrimiento de que *N. meningitidis* expresa proteínas de membrana externa involucradas en la absorción de zinc, al menos una de las cuales (Tdfl) se encuentra en la mayoría de cepas de *N. meningitidis* evaluadas así como en numerosas otras especies de bacterias gramnegativas. La Tdfl a partir de *N. meningitidis* del serogrupo B se ha encontrado que induce anticuerpo trans-bactericidas a cepas de *N. meningitidis* de todos los serogrupos y, por lo tanto, estas proteínas y sus homólogos en otras especies gramnegativas representan antígenos prometedores para la protección frente a infecciones gramnegativas.

Como se usa en el presente documento, los términos "proteína Tdfl" y "proteína TdfH" se usan para referirse a las respectivas proteínas como se identifican en *N. meningitidis* así como homólogos de las mismas.

De este modo, en un aspecto de la invención proporciona una vacuna para su uso en el tratamiento o prevención de una infección o enfermedad de bacterias gramnegativas que comprende:

(I) un primer antígeno que es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce una proteína de membrana externa de al menos una primera cepa bacteriana gramnegativa, en la que dicha proteína de membrana externa está involucrada en la absorción de zinc extracelular, en el que dicho primer antígeno comprende: a) un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40 %, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 1 o b) un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 1, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de SEQ ID No. 1, y

(II) un segundo antígeno, en el que dicho segundo antígeno comprende: a) un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40%, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 50; opcionalmente en el que dicho segundo antígeno es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50, o b) un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 50, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de la secuencia de SEQ ID No. 50, y en el que dicho fragmento inmunogénico es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50, en la que dicha vacuna comprende una preparación de vesícula de membrana externa que comprende dicho primer antígeno, opcionalmente en la que la expresión de dicho primer antígeno se regula positivamente en dicha preparación de vesícula de membrana externa.

Como se usa en el presente documento, por "composición inmunogénica" o "vacuna" se refiere a una composición que comprende al menos un antígeno que es capaz de generar una respuesta inmune cuando se administra a un hospedador. "Respuesta inmune" tal como se usa en el presente documento, se refiere a una respuesta de anticuerpos de linfocitos B.

- 5 Un "antígeno", según el contexto de la presente invención, es una sustancia que estimula una respuesta inmune en el organismo. De manera más específica, el antígeno es un polipéptido derivado a partir de la proteína de membrana externa de la primera cepa gramnegativa que se reconoce mediante la respuesta inmune provocada por dicho antígeno. Por "derivado" en este sentido se refiere a que el antígeno se genera usando dicha proteína de membrana externa como punto de partida físicamente (por ejemplo, mediante mutación seleccionada, truncamiento, etc.) o intelectualmente (por ejemplo, usando la secuencia conocida de dicha proteína para designar un polipéptido sintetizado). Como se usa en el presente documento, "polipéptido" significa cualquier cadena de dos o más restos de aminoácidos unidos mediante enlaces de péptidos. La vacuna de la invención comprende al menos dos antígenos, pero puede comprender, además de dichos dos antígenos, uno o más antígenos adicionales.

- 10 Por "proteína transportadora" se refiere a cualquier proteína a la cual el antígeno está acoplado o unido o conjugado, típicamente con el fin de mejorar o facilitar la detección del antígeno por el sistema inmune. El término está destinado para cubrir tanto péptidos pequeños como polipéptidos grandes (>10 kDa). El transportador puede ser cualquier péptido o proteína. Puede comprender uno o más epítomos auxiliares de T. La proteína transportadora puede ser, por ejemplo, toxoide tetánico (TT), fragmento C de toxoide tetánico, mutantes no tóxicos de toxina tetánica, toxoide diftérico (TD), CRM197, Neumolisina (Ply), proteína D, PhtD o PhtDE.

- 15 La respuesta inmune provocada por el antígeno puede reconocer una proteína de membrana externa de una primera (es decir, de una única) cepa bacteriana o puede reconocer una proteína de membrana externa presente en dos o más cepas, en cuyo caso dichas proteínas no necesitan ser idénticas entre las cepas pero deben compartir epítomos similares de modo que cada una de las respectivas proteínas es reconocida por la respuesta inmune provocada por el antígeno. Resulta de particular interés la estimulación de una respuesta inmune que reconoce múltiples, o todas, las cepas de una especie gramnegativa dada, en las que dichas cepas difieren por el menos un serogrupo, serotipo, serosubtipo o la secuencia de aminoácidos precisa de la proteína de membrana externa a partir de la cual el antígeno es derivado. La trans-protección también puede extenderse más allá de especies individuales.

- 20 El término "proteína de membrana externa" tal como se usa en el presente documento significa un polipéptido o proteína integral a o unida a o expresada sobre la membrana externa de bacterias gramnegativas. La proteína puede ser una proteína de membrana integral, es decir, "insertada" dentro de la membrana, teniendo de forma opcional partes expuestas de forma periplasmática y/o extracelular. Como alternativa, la proteína puede unirse a la superficie extracelular de la membrana externa, bien directamente a la bicapa lipídica o a una proteína integral. De manera adecuada, la proteína de membrana externa tiene entre 600-1000 aminoácidos de longitud.

- 25 La implicación de la proteína en la absorción de zinc significa que la proteína une zinc extracelular libre o complejo y, opcionalmente, transporta el zinc unido a través de la membrana externa. Si la proteína de membrana externa gramnegativa está implicada o no en la unión de zinc y, opcionalmente, el transporte, será fácilmente determinable para un experto en la técnica, y los ejemplos proporcionan varios modos en los que esto puede lograrse, entre los que se incluye el moldeado de la estructura de la proteína, un ensayo de competición de secuestro de zinc y un ensayo de la regulación de la expresión de la proteína en respuesta a concentración de zinc externa. Más en particular, la implicación de dicha proteína de membrana externa en la absorción de zinc es tal que la unión de zinc se reduce para las vesículas de membrana externa que carecen de dicha proteína y la acumulación de zinc se reduce en las células que carecen de dicha proteína, y/o es tal que las células que carecen de dicha proteína tienen una capacidad reducida para crecer en presencia de calprotectina como única fuente de zinc.

- 30 Cabe señalar que la proteína de membrana externa reconocida por dicha respuesta inmune puede, opcionalmente, no consistir en la secuencia de aminoácidos de un polipéptido NMB0964 según el documento PCT/EP2009/052689 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, SEQ ID NO. 2 del documento WO 00/55327 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, SEQ ID NO. 606 del documento WO 99/57280 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, o SEQ ID Nos. 2, 4 y 6 del documento WO 00/11182 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento. Además, o como alternativa, dicha primera cepa de bacterias gramnegativas que expresa dicha proteína de membrana externa no es, opcionalmente, una cepa de Neisseria.

- 35 La expresión de dicha proteína de membrana externa puede regularse positivamente en respuesta a la baja disponibilidad de zinc. Dicha regulación positiva de la expresión relativo al nivel de expresión de la proteína durante el crecimiento sobre un medio que contiene zinc complejo tal como caldo de soja trípico (TSB) puede ser 1,5, 2, 2,5, 3, 3,5, 4, 4,5, 5, 5,5, 6, 6,5, 7, 7,5, 8, 8,5, 9, 9,5, 10 veces o superior. Tal regulación positiva de la expresión puede lograrse usando un quelante de zinc, de forma adecuada TPEN (N,N,N',N'-Tetrakis(2-piridilmetil)-etilendiamina) a, por ejemplo, 1-25 μ m, o un medio químicamente definido bajo en zinc tal como medio de Catlin.

- 40 Dicha primera cepa de bacterias gramnegativas que expresa la proteína de membrana externa reconocida por dicha respuesta inmune puede ser una cepa que infecta compartimentos orgánicos de humanos y/o animales que tienen

bajos niveles de zinc libre. Tales compartimentos incluyen, por ejemplo, las vías respiratorias y la sangre así como el tracto urinario e intestino. De manera adecuada, dicha primera cepa de bacterias gramnegativas pertenece a una especie que infecta las vías respiratorias tales como *Brucella* sp., *Coxiella* sp., *Pseudomonas* sp., *Acinetobacter* sp., *Moraxella* sp., *Chlamydia psittaci*, *Chlamydia trachomatis*, *Haemophilus influenzae*, *Haemophilus parasuis*, *Haemophilus somnus*, *Legionella pneumophila*, *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Bordetella pertussis*, *Bordetella parapertussis*, *Bordetella bronchiseptica*, *Mannheimia haemolytica*, *Pasteurella dagmatis* y *Pasteurella multocida*. Dicho nivel bajo de zinc libre es un resultado de la unión de zinc a moléculas tales como calprotectina.

Por un nivel bajo de zinc libre se refiere a por debajo de 5, 4, 3, 2, 1,0,9, 0,8, 0,7, 0,6, 0,5, 0,4, 0,3, 0,2, 0,1, 0,05 o 0,01 μM de zinc libre, tal como está presente en el medio Roswell Park Memorial Institute 1640 (RPMI) que tiene aproximadamente 1,69 μM de Zinc por espectrometría con plasma de acoplamiento inductivo. Tal como se usa en el presente documento, "zinc" se refiere a Zn^{2+} .

En una realización, dicha primera cepa gramnegativa pertenece a una especie o género seleccionado a partir del grupo que consiste en *Acidovorax*; *Acinetobacter*; *Acinetobacter baumannii*; *Acinetobacter baumannii*; *Acinetobacter calcoaceticus*; *Acinetobacter johnsonii*; *Acinetobacter junii*; *Acinetobacter lwoffii*; *Acinetobacter radioresistens*; *Actinobacillus*; *Actinobacillus minor*; *Actinobacillus pleuropneumoniae*; *Aggregatibacter*; *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*; *Aggregatibacter aphrophilus*; *Alcanivorax*; *Alcanivorax borkumensis*; *Azoarcus*; *Azotobacter*; *Azotobacter vinelandii*; *Bordetella*; *Bordetella bronchiseptica*; *Bordetella parapertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella petrii*; *Campylobacter*; *Campylobacter coli*; *Campylobacter upsaliensis*; *Comamonas*; *Comamonas testosteroni*; *Delftia*; *Delftia acidovorans*; *Diaphorobacter*; *Haemophilus*; *Haemophilus influenzae*; *Haemophilus parasuis*; *Haemophilus somnus*; *Mannheimia*; *Mannheimia haemolytica*; *Moraxella*; *Moraxella catarrhalis*; *Neisseria*; *Neisseria gonorrhoeae*; *Neisseria meningitidis*; *Pasteurella*; *Pasteurella dagmatis*; *Pasteurella multocida*; *Proteus*; *Proteus mirabilis*; *Pseudomonas*; *Pseudomonas stutzeri*; y *Sphingomonas*.

La presente invención proporciona una vacuna que comprende:

(I) un primer antígeno que comprende: a) un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40%, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 1 o b) un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 1, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de SEQ ID No. 1, y

(II) un segundo antígeno que comprende: a) un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40%, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 50; opcionalmente en el que dicho segundo antígeno es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50, o b) un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 50, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de la secuencia de SEQ ID No. 50, y en el que dicho fragmento inmunogénico es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50. SEQ ID No. 1 es Tdfl de la cepa de *N. meningitidis* MC58 y SEQ ID Nos. 2 a 49 son homólogos de la misma y SEQ ID No. 50 es TdFH de la cepa de *N. meningitidis* MC58 y SEQ ID Nos. 51 a 71 son hmólogos de la misma.

En este aspecto, el polipéptido del cual el antígeno está (al menos en parte) comprendido es capaz de provocar una respuesta inmune que reconoce al menos la secuencia de aminoácidos con la cual dicho polipéptido comparte un grado de identidad de secuencia de aminoácidos. El grado de identidad puede ser el 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41,42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81,82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91,92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 o 100 %. El polipéptido puede tener la misma o sustancialmente la misma actividad inmunogénica que la secuencia de aminoácidos con la que dicho polipéptido comparte tal identidad de secuencia de aminoácidos.

"Identidad", tal como se conoce en la técnica, es una relación entre dos o más secuencias polipeptídicas o dos o más secuencias polinucleotídicas, según sea el caso, como se determina mediante la comparación de las secuencias. En la técnica, "identidad" también significa el grado de relación de secuencia entre las secuencias polipeptídicas o polinucleotídicas, según sea el caso, como se determina mediante el emparejamiento entre cadenas de dichas secuencias. La "identidad" se puede calcular fácilmente por procedimientos conocidos, que incluyen, pero sin limitación, los descritos en (Computational Molecular Biology, Lesk, AM, ed., Oxford University Press, Nueva York, 1988; Biocomputing: Informática y Genoma Projects, Smith, DW, ed., Academic Press, Nueva York, 1993; Computer Analysis of Sequence Data, Parte I, Griffin, AM, y Griffin, HG, eds., Humana Press, Nueva Jersey, 1994; Sequence Analysis in Molecular Biology, von Heine, G., Academic Press, 1987; y Sequence Analysis Primer, Gribskov, M. y Devereux, J., eds., M Stockton Press, Nueva York, 1991; y Carillo, H., y Lipman, D., SIAM J Applied Math., 48: 1073 (1988). Los procedimientos para determinar la identidad están diseñados para proporcionar la mayor coincidencia entre las secuencias ensayadas. Además, los procedimientos para determinar la identidad están

codificados en programas informáticos disponibles al público. Los procedimientos de programas informáticos para determinar la identidad entre dos secuencias incluyen, aunque sin limitación, el programa GAP en el paquete del programa GCG (Devereux, J., y col., Nucleic Acids Research 12(1): 387 (1984)), BLASTP, BLASTN (Altschul, SF y col., J Mol. Biol. 215: 403-410 (1990) y FASTA (Pearson and Lipman Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85: 2444-2448 (1988)). La familia de programas BLAST está disponible al público por NCBI y otras fuentes (Manual BLAST, Altschul, S., y col., NCBI NLM NIH Bethesda, MD 20894; Altschul, S., y col., J Mol. Biol. 215 403-410 (1990)). El conocido algoritmo de Smith Waterman también puede usarse para determinar la identidad.

Los parámetros para la comparación de la secuencia polipeptídicas pueden incluir los siguientes:

Algoritmo: Needleman y Wunsch, J. Mol Biol. 48: 443-453 (1970)
Matriz de comparación: BLOSSUM62 de Henikoff y Henikoff,
Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 89:10915-10919 (1992)
Penalización por hueco: 8
Penalización por longitud de hueco: 2

Un programa útil con estos parámetros está disponible al público como el programa "hueco" de Genetics Computer Group, Madison WI. Los parámetros anteriormente mencionados son los parámetros predeterminados para las comparaciones de péptidos (junto con la ausencia de penalizaciones para los huecos finales).

Los parámetros para la alineación por pares usando el programa ClustalW puede incluir:

Penalización por abertura de hueco	:10,00
Penalización por extensión de hueco	:0,10
Matriz de pesos de proteínas	: serie Gonnet
Matriz de pesos de ADN	:IUB

Los parámetros para la alineación múltiple usando el programa ClustalW puede incluir:

Penalización por abertura de hueco	10,00
Penalización por extensión de hueco	0,20
Secuencias divergentes de retraso	30 %
Peso de transiciones de ADN	0,50
Matriz de pesos de proteínas	serie Gonnet
Matriz de pesos de ADN	IUB
Uso matriz negativa	OFF

Salvo que se indique de otra forma, en el presente documento "identidad" se expresa en la totalidad de la secuencia de referencia, en lugar de la de prueba. Alineaciones múltiples de SEQ ID Nos. 1 y 50 con sus respectivos homólogos identificados se muestran en las Figuras 10 y 11 y los valores de identidad se muestran en las tablas 5 y 6.

Dicho primer antígeno o polipéptido puede opcionalmente no tener la secuencia de aminoácidos de un polipéptido NMB0964 según el documento PCT/EP2009/052689 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, SEQ ID NO. 2 del documento WO 00/55327 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, SEQ ID NO. 606 del documento WO 99/57280 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, o SEQ ID Nos. 2, 4 y 6 del documento WO 00/11182 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento.

Un "fragmento inmunogénico" tal como se usa en el presente documento, es un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos que es completamente la misma sobre su longitud como parte, pero no toda, una secuencia de aminoácidos de la invención (es decir, de una o ambas de SEQ ID Nos. 1 y 50), y que es capaz de provocar una respuesta inmune que reconoce al menos la secuencia de aminoácidos de la cual es un fragmento. Un fragmento inmunogénico puede tener la misma o sustancialmente la misma actividad inmunogénica que la secuencia de aminoácidos de la cual dicho fragmento es un fragmento. De forma adecuada, dicho fragmento inmunogénico es, al menos en parte, a partir de una parte extracelular de la secuencia de aminoácidos de la cual es un fragmento. Dichos fragmentos pueden ser, de otro modo, por ejemplo, derivados truncados de las secuencias de aminoácidos de la invención, tales como una serie continua de restos que incluye una secuencia de aminoácidos amino- o carboxil-terminal. También pueden usarse formas de degradación de las secuencias de aminoácidos de la invención.

Opcionalmente, Dicho antígeno o polipéptido o fragmento inmunogénico puede no tener la secuencia de aminoácidos de un polipéptido NMB0964 según el documento PCT/EP2009/052689 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, SEQ ID NO. 2 del documento WO 00/55327 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, SEQ ID NO. 606 del documento WO 99/57280 o un

fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento, o SEQ ID Nos. 2, 4 y 6 del documento WO 00/11182 o un fragmento de la misma tal como se desvela en el presente documento.

El primer antígeno o polipéptido correspondiente o fragmento inmunogénico correspondiente se deriva de una proteína Tdfl y la secuencia de aminoácidos con la que dicho polipéptido tiene una identidad de secuencia de aminoácidos o de la que dicho fragmento inmunogénico es un fragmento, es SEQ ID No. 1.

Dicho primer polipéptido o fragmento inmunogénico de la vacuna de la invención puede comprender al menos uno de los siguientes motivos de aminoácidos:

91 - G - S/A/V - S/A/V/G - X - P - V/I/M - V/I - R - G - Q/M/L - X - G/S/A - X - R;

116 - D - V/A/M - S/A - 2(X) - S/G - P/A - D - H - T/A/N - V/I;

154 - G - L/V/A/I - V/I - N/D - V/I/L - X - D - X - K/R - I/L/V - P;

250 - G - X - G/S/A - Y/F/W/V - G/S/T/N - X - Q/R/L - 3(X) - Y - G - L/I/V - L/I/P - G/A - H/D;

334 - R - X - D/E - X - R/K/Q/D - G/T/S/A - E/Q/S/D - 3(X) - P - 3(X) - I/F/V/L - 3(X) - R/A/K/Q - 5(X) - D/N/R/G - Y - X - H - X - E;

510 - R - X - P - X - A/P/V/T - Q/E/M - E - L/M - Y/F - A/S/Y/T - X - G - X - H - X - A - T/L/S - X - T/S/A - F/Y/I/V - E/Q - (1-9)X - G - D/N/Q - X - X - L;

595 - Y - X - Q/G - 2(X) - A - X - F/L/Y/I - X - G - X - E/D - G/A/V - 3(X) - Y/F/H/Q - 8(X) - G/S/A/T - X - F/S - G - D - X - V/I - R/K/N - A/G; y

657 - P/A - R - X - P/S/A - A/P/G - X - R - L/V/A - S/G.

El número que precede cada motivo indica la posición en la secuencia de f SEQ ID No. 1 del primer aminoácido de la secuencia de f SEQ ID No. 1 que se corresponde con ese motivo cuando f SEQ ID No. 1 y dicho polipéptido que comprende dicho motivo están alineados. Por ejemplo, dicho primer polipéptido o fragmento inmunogénico puede comprender 1,2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100 o más aminoácidos adicionales en el extremo N y/o C de dicho motivo a partir de la secuencia contigua a dicho motivo empezando en la posición de dicho primer aminoácido de SEQ ID No. 1 o en las posiciones equivalentes de SEQ ID No. 2 a 49.

Los motivos se representan usando el código estándar de letra única de aminoácidos, expresado en dirección de extremo N a C de izquierda a derecha. Por ejemplo, "- G -" en una posición particular relativa a los otros aminoácidos del motivo indica un requisito de un resto de glicina en esa posición, mientras que, por ejemplo, "- S/A/V -" especifica que un resto de serina o alanino o valina (sin orden de preferencia) debe ocupar esa posición. Una posición no especificada, es decir, que puede ser cualquier resto de aminoácido, se representa por "X" y múltiples contiguos como restos se indican mediante, por ejemplo, 3(X) que significa "- X - X - X -".

Como se ha mencionado anteriormente, dicho primer antígeno, polipéptido o fragmento inmunogénico se deriva de una proteína Tdfl. Dicho segundo antígeno, polipéptido o fragmento inmunogénico se deriva de una proteína TdfH y las secuencias de aminoácidos con la que dicho segundo polipéptido tiene una identidad de secuencia de aminoácidos o de la que dicho fragmento inmunogénico es un fragmento, se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID No. 50; SEQ ID No. 51; SEQ ID No. 52; SEQ ID No. 53; SEQ ID No. 54; SEQ ID No. 55; SEQ ID No. 56; SEQ ID No. 57; SEQ ID No. 58; SEQ ID No. 59; SEQ ID No. 60; SEQ ID No. 61; SEQ ID No. 62; SEQ ID No. 63; SEQ ID No. 64; SEQ ID No. 65; SEQ ID No. 66; SEQ ID No. 67; SEQ ID No. 68; SEQ ID No. 69; SEQ ID No. 70; y SEQ ID No. 71.

Dicho segundo polipéptido o fragmento inmunogénico de la vacuna de la invención puede comprender al menos uno de los siguientes motivos de aminoácidos:

81 - R - S/T - V/I - P - G - A - F/Y - T - Q/N - Q/V/L/I - D - K/Q - G/A/S - S/Q - G - X - V/L - S - V/L - N - V/I - R - G - X - S/N/T - G - F/L - G - R - V/A - N - S/T - M/Q - V/I - D - G - V/I - S/T - Q - T - F;

156 - F - S/N/D/E - G - S/T/A/K - A/G/S/N - G - I/L/V/A - N - S/T/A - L - X - G - S - A - N - L/F - R/K - T - L/I - G/ N/S - V/A - D/N - D; 226 - S - X - R/K/Q - X - V/I/S/L - S/A - Q - N/D - Y/F - R/K - V/I - G - G - G;

333 - L - F/A/L/V - K - L/I/F/V - E/R - Y - X - G/N/D/S - V/D/K/H - 4(X) - T/G/N/I - A/L - Q/N/S - F/L/I/Y - R - X - L/M/Y - X - T/N - X - I/L/V - G/A/S - S/T/G - R - K/R/N/S - I/L - X - N - R/D/K/N - N/T - Y - Q;

491 - P - X - G - S/K/E - Q - X - F/I - N/H/K/I - T/S - F/I/V/L - Y - F/L/I - D;

574 - N - H/Y - S - V/A/L/M - S/T/I/M - I/L/F - S - A - X - F/Y/L/I - G/D/S/H - D/T/P - Y/G/L - F - M/N/S/T - P - F - X - S/T/G - Y/F - S/A - R/H/K - T/S - H - R - M/I/V/A - P - N - I/V - Q/K/R - E - M/Y/V - Y/F - F - S/T; y

846 - E/D - V/I - K/Q - N - L/A/V - F/L - D - R/K - R/L/K/N - Y - I/V/M - D/N - P/A - L - D/Y.

El número que precede cada motivo indica la posición en la secuencia de f SEQ ID No. 50 del primer aminoácido de la secuencia de f SEQ ID No. 50 que se corresponde con ese motivo cuando f SEQ ID No. 50 y dicho polipéptido que comprende dicho motivo están alineados. Por ejemplo, dicho segundo polipéptido o fragmento inmunogénico puede comprender 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100 o más aminoácidos adicionales en el extremo N y/o C de dicho motivo a partir de la secuencia contigua a dicho motivo empezando en la posición de dicho primer aminoácido de SEQ ID No. 50 o en las posiciones equivalentes de SEQ ID No. 51 a 71. Los motivos se representan tal como se describen anteriormente en conexión con los motivos de Tdfl.

Como se ha mencionado anteriormente, la vacuna de la invención puede comprender uno o más antígenos adicionales a los que se han definido anteriormente.

Tales antígenos adicionales pueden incluir cualquier antígeno, cuyo antígeno puede o no puede provocar una respuesta inmune a la misma cepa gramnegativa o especie que el "primer" o "segundo" antígeno, o incluso a una bacteria gramnegativa o grupo taxonómico de la misma. De manera adecuada, dicho al menos un adicional antígeno es un polipéptido fHbp o un polipéptido Hsf o un polipéptido Hap o un polipéptido NadA o un polipéptido lipo28, por ejemplo de *N. meningitidis*.

fHbp puede significar la proteína GNA1870 de *Neisseria*, Hsf la proteína NMB0992 (documento WO99/31132; SEQ ID NO: 2 y 4 [BASB029] en el documento WO99/58683) de *Neisseria*, Hap la proteína NMB1985 (documento WO99/55873 - BASB006) de *Neisseria*, NadA la proteína NMB1994 de *Neisseria*, lipo28 la proteína GNA2132 o NMB2132 de *Neisseria*. Los números de GNA y NMB a los que se hace referencia en el presente documento se refieren a polipéptidos codificados por *Neisseria meningitidis* grupo A y B, respectivamente, secuencias de genoma disponible en www.neisseria.org.

Adicionalmente, cuando se menciona una proteína de forma específica en el presente documento, es, de forma adecuada, una referencia a una proteína de largo completo sin tratar, así como a sus variantes naturales, pero también puede abarcar fragmentos antigénicos de la misma. Estos son fragmentos (a menos descritos de forma específica en el presente documento) que contienen o comprenden al menos 15 aminoácidos, de manera adecuada al menos 20 aminoácidos, al menos 30 aminoácidos, al menos 40 aminoácidos o al menos 50 aminoácidos, tomados de forma contigua de la secuencia de aminoácidos de la proteína. Los fragmentos antigénicos también pueden ser fragmentos inmunogénicos. También se prevé que la referencia a proteínas y secuencias de proteínas en el presente documento incluyen un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de 7, 10, 12, 15, 20, 30, 40 o 50 (o más) aminoácidos contiguos de dicha secuencia de proteínas o de la secuencia de aminoácidos de dicha proteína (opcionalmente en la que dicho fragmento inmunogénico es capaz de provocar - si es necesario cuando se acopla a un transportador de proteínas - una respuesta inmune que puede reconocer dicha proteína o dicha secuencia de proteínas).

Hsf: Hsf tiene una estructura que es común a las proteínas autotransportadoras. Por ejemplo, Hsf de la cepa de *N. meningitidis* H44/76 consiste en una secuencia de señal hecha con aminoácidos 1-51, una región de cabeza en el extremo amino de la proteína madura (aminoácidos 52-479) que está expuesta a la superficie y contiene regiones variables (aminoácidos 52-106, 121-124, 191-210 y 230-234), una región de cuello (aminoácidos 480-509) una región hélice alfa hidrófoba (aminoácidos 518-529) y un dominio de anclaje en el que cuatro cadenas de transmembrana cruzan la membrana externa (aminoácidos 539-591).

Aunque la longitud completa de Hsf puede usarse en composiciones inmunogénicas de la divulgación, diversos truncados de Hsf y delecciones también pueden usarse dependiendo del tipo de vacuna.

Cuando se usa Hsf en una composición subunitaria o vacuna, puede usarse una parte del dominio de pasajero soluble; por ejemplo, el dominio completo de los aminoácidos 52 a 479, de forma lo más adecuada una parte conservada de los mismos, por ejemplo, la secuencia de aminoácidos 134 a 479. Formas adecuadas de Hsf pueden ser truncadas para suprimir regiones variables de la proteína que se desvela en el documento WO01/55182.

Variantes adecuadas incluirían la delección de una, dos, tres, cuatro o cinco regiones variables tal como se define en el documento WO01/55182. Las secuencias anteriores y las descritas a continuación, pueden extenderse o truncarse por hasta 1, 3, 5, 7, 10 o 15 aminoácidos en cada o en ambos extremos N o C.

Fragmentos adecuados de Hsf incluyen, por lo tanto, la región de cabeza completo de Hsf, que contiene de forma adecuada aminoácidos 52-473. Fragmentos adicionales adecuados de Hsf incluyen regiones expuestas a la superficie de la cabeza que incluyen una o más de las siguientes secuencias de aminoácidos; 52-62, 76-93, 116-134, 147-157, 157-175, 199-211, 230-252, 252-270, 284-306, 328-338, 362-391, 408-418, 430-440 y 469-479.

Cuando Hsf está presente en una preparación de vesícula de membrana externa, puede estar expresada como la proteína de longitud completa o como una variante hecha de una fusión de aminoácidos 1-51 y 134-591 (proporcionando una proteína de membrana externa madura de la segunda de aminoácidos 134 al extremo C). Formas adecuadas de Hsf pueden ser truncadas para suprimir regiones variables de la proteína que se desvela en el documento WO01/55182. Variantes adecuadas incluirían la delección de una, dos, tres, cuatro o cinco regiones variables tal como se define en el documento WO01/55182. Por ejemplo, la primera y segunda regiones variables pueden suprimirse.

Las variantes adecuadas suprimirían restos desde la secuencia de aminoácidos entre 52 hasta 237 o 54 hasta 237, de forma más adecuada, suprimiendo restos entre el aminoácido 52 hasta 133 o 55 hasta 133. La proteína madura carecería del péptido de señal.

Hap: Análisis informático de la proteína similar a Hap a partir de *Neisseria meningitidis* revela al menos tres dominios estructurales. Considerando la secuencia similar a Hap a partir de la cepa H44/76 como referencia, Dominio 1, que comprende aminoácidos 1 a 42, codifica un péptido de señal sec-dependiente característico de la familia de auto-transportadores, Dominio 2, que comprende aminoácidos 43 a 950, codifica el dominio de pasajero para que posiblemente sea expuesto a la superficie y accesible al sistema inmune, Dominio 3, que comprende restos 951 con respecto al extremo C (1457), está previsto que codifique cadenas beta para que posiblemente se agrupen en una estructura similar a un barril y anclarse en la membrana externa. Puesto que posiblemente los dominios 2 y 3 se expongan a la superficie, sean bien conservados (más del 80 % en todas las cepas analizadas) y podrían producirse como antígenos subunitarios en *E. coli*, representa un candidato de vacuna interesando (véase también Pizza y col. (2000), Science 287:1816-1820).

Las composiciones inmunogénicas de la divulgación pueden comprender una proteína Hap de longitud completa, incorporada de forma adecuada en una preparación de VME. Las composiciones inmunogénicas de la divulgación también pueden comprender el dominio de pasajero de Hap el cual en la cepa H44/76 está compuesto de restos de aminoácidos 43-950. Este fragmento de Hap se usaría en particular de forma ventajosa en una composición subunitaria de la divulgación. La secuencia anterior para el dominio de pasajero de Hap puede extenderse o truncarse por hasta 1,3, 5, 7, 10, 15, 20, 25 o 30 aminoácidos en cada o en ambos extremos N o C.

La vacuna de la invención comprende una preparación de vesícula de membrana externa bacteriana, cuya preparación comprende el dicho primer antígeno de la composición de vacuna. Tal vacuna puede producirse mediante un procedimiento que comprende el cultivo de al menos una primera cepa bacteriana gramnegativa que produce dicho primer antígeno, en el que dicho antígeno se produce a un nivel suficiente para proporcionar la producción de vesículas de membrana externa que, cuando se administran a un sujeto, provocan una respuesta protectora frente a infecciones mediante al menos dicha primera cepa bacteriana gramnegativa; la preparación de vesículas de membrana externa a partir de la cepa cultivada; y la combinación de dichas vesículas de membrana externa con un transportador o excipiente farmacéuticamente aceptable para producir una composición inmunogénica adecuada para su administración a un sujeto.

Por "un nivel suficiente para proporcionar la producción de vesículas de membrana externa que, cuando se administran a un sujeto, provocan una respuesta protectora frente a infecciones mediante al menos dicha primera cepa bacteriana gramnegativa" significa que se produce antígeno suficiente de modo que cuando se administran vesículas de membrana externa que comprenden dicho antígeno se induce una respuesta inmune que previene, retrasa el desarrollo de, o reduce la gravedad de una enfermedad que está causada por dicha primera cepa gramnegativa, o disminuye o elimina completamente los síntomas de la enfermedad.

Como se muestra en los ejemplos, la expresión de TdfI se regula en respuesta a la concentración de zinc libre, de modo que la disminución de los niveles de zinc libre se corresponde con una regulación positiva de la expresión de TdfI. (Se cree que la expresión de TdfH también está influenciada por los niveles de zinc libre, aunque en menor medida). De este modo, en dicho procedimiento, el cultivo de dicha cepa bacteriana puede ser en un medio que comprende quelante de zinc, a una concentración adecuada de 0,01-100, 0,1-10, 0,3-5, o 0,5-1 μ M, para regular positivamente la expresión de dicho antígeno. Dicho quelante de zinc puede, por ejemplo, ser TPEN. Como alternativa al uso de un quelante de zinc, dicho cultivo de acuerdo con el procedimiento puede tener lugar en un medio Catlin.

En dicho procedimiento, el dicho primer antígeno puede expresarse en dicha primera cepa bacteriana gramnegativa a partir de un vector de expresión que comprende un polinucleótido que codifica dicho antígeno. Además, o como alternativa, dicho antígeno se produce mediante expresión a partir de un heterólogo y/o promotor fuerte, es decir, tal promotor se obtiene por ingeniería en el cromosoma de dicha cepa bacteriana de modo que está operativamente unido con la secuencia de polinucleótidos que codifican dicho antígeno. Como bien conoce el experto en la materia, el término "heterólogo" se refiere a dos componentes biológicos que no se encuentran juntos en la naturaleza. Los componentes pueden ser células hospedadoras, genes o regiones reguladoras, tales como promotores. Aunque los componentes heterólogos no se encuentran juntos en la naturaleza, pueden funcionar juntos, como cuando un promotor heterólogo a un gen está operativamente unido al gen. Un promotor "fuerte" es un promotor que conduce la expresión de una secuencia de polinucleótidos unidos operativamente al mismo a un alto nivel. Lo que constituye un alto nivel, en el contexto de una cepa bacteriana que pertenece a una especie en particular, sería bien conocido para un experto en la materia, al igual que sería la identidad de promotores fuertes en tal cepa.

Además en cuanto a dicho procedimiento, la etapa de preparación de las vesículas de membrana externa a partir de la cepa cultivada puede realizarse usando una extracción de detergente o puede lograrse mediante medios alternativos. En el caso anterior, dicha extracción puede implicar el uso de un 0-0,5 %, 0,02-0,4%, 0,04-0,3%, 0,06-0,2%, 0,08-0,15% o 0,1% de detergente. El detergente puede ser deoxicolato.

Tal como se ha mencionado anteriormente, la expresión de dicho antígeno está regulada positivamente

opcionalmente en las vesículas de membrana externa a partir de dicha primera cepa bacteriana gramnegativa, por ejemplo, como resultado del cultivo en condiciones de bajo zinc libre. De este modo, la expresión de dicho antígeno puede regularse positivamente en preparaciones de vesícula de membrana externa en vacuna de la invención que comprenden tales preparaciones. Tal regulación positiva puede ser relativa a la expresión de dicho antígeno en una preparaciónd e vesícula de membrana externa a partir de una bacteria de tipo salvaje de la misma cepa. En particular, la expresión de dicho antígeno puede ser regulada positivamente 1,5, 2, 2,5, 3, 3,5, 4, 4,5, 5, 5,5, 6, 6,5, 7, 7,5, 8, 8,5, 9, 9,5, 10 veces o superior.

De forma alternativa o adicional al cultivo en condiciones de bajo zinc libre, para conseguir tal regulación positiva de la expresión de dicho antígeno se deriva una célula hospedadora a partir de dicha preparación de vesícula de membrana externa puede modificarse genéticamente en la producción de dicho antígeno. Tal modificación puede implicar la alteración de la expresión funcional de una proteína endógena, cuya proteína en una célula hospedadora no modificada genéticamente reprime la expresión de dicho antígeno. De este modo, siguiendo tal alteración dirigida de la proteína represora endógena la expresión de dicho antígeno ya no se reprime más, es decir, se regula positivamente relativamente. Por ejemplo, la proteína represora endógena puede ser el represor Zur de bacterias de Neisseria o gramnegativas. De forma alternativa o adicional a la alteración de la expresión de la proteína represora, la célula hospedadora puede modificarse mediante la introducción de un heterólogo y/o promotor fuerte unido operativamente al polinucleótido que codifica el antígeno. Tales promotores se describen anteriormente. Dicho promotor introducido puede ser inducible, es decir, el promotor puede "encenderse" o regularse positivamente en respuesta a estímulos químicos o ambientales, tal como por ejemplo IPTG o calor, respectivamente.

La vacuna de la invención puede comprender preparaciones de membrana externa aisladas a partir de dos o más cepas bacterianas gramnegativas. En una realización, al menos una primera cepa bacteriana gramnegativa pertenece a una especie bacteriana o género seleccionado a partir del grupo que consiste en *Acidovorax*; *Acinetobacter*; *Acinetobacter baumannii*; *Acinetobacter calcoaceticus*; *Acinetobacter johnsonii*; *Acinetobacter junii*; *Acinetobacter lwoffii*; *Acinetobacter radioresistens*; *Actinobacillus*; *Actinobacillus minor*; *Actinobacillus pleuropneumoniae*; *Aggregatibacter*; *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*; *Aggregatibacter aphrophilus*; *Alcanivorax*; *Alcanivorax borkumensis*; *Azoarcus*; *Azotobacter*; *Azotobacter vinelandii*; *Bordetella*; *Bordetella bronchiseptica*; *Bordetella parapertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella petrii*; *Campylobacter*; *Campylobacter coli*; *Campylobacter upsaliensis*; *Comamonas*; *Comamonas testosteroni*; *Delftia*; *Delftia acidovorans*; *Diaphorobacter*; *Haemophilus*; *Haemophilus influenzae*; *Haemophilus parasuis*; *Haemophilus somnus*; *Mannheimia*; *Mannheimia haemolytica*; *Moraxella*; *Moraxella catarrhalis*; *Neisseria*; *Neisseria gonorrhoeae*; *Neisseria meningitidis*; *Pasteurella*; *Pasteurella dagmatis*; *Pasteurella multocida*; *Proteus*; *Proteus mirabilis*; *Pseudomonas*; *Pseudomonas aeruginosa*; *Pseudomonas stutzeri*; y *Sphingomonas*.

Además de dicho primer y segundo antígeno y opcionalmente uno o más antígenos, la vacuna de la invención puede comprender uno o más de un excipiente farmacéuticamente aceptable, un adyuvante y una sal de zinc.

La vacuna definida anteriormente es capaz de generar una respuesta protectora contra infecciones mediante una cepa bacteriana gramnegativa. Por una "respuesta protectora" tal como se usa en el presente documento, se refiere a una respuesta inmune que previene, retrasa el desarrollo de, o reduce la gravedad de una enfermedad que está causada por una cepa bacteriana gramnegativa, o disminuye o elimina totalmente los síntomas de la enfermedad. Dicha vacuna puede ser capaz de generar una respuesta protectora contra dicha infección mediante dos o más cepas bacterianas distintas. De manera adecuada, una o más de dichas cepas bacterianas gramnegativas puede pertenecer a un género bacteriano seleccionado a partir del grupo que consiste en *Borrelia*; *Borrelia burgdorferi*; *Brucella*; *Brucella melitensis*; *Brucella ovis*; *Chlamydia*; *Chlamydia psittaci*; *Chlamydia trachomatis*; *Escherichia*; *Escherichia coli*; *Legionella*; *Legionella pneumophila*; *Yersinia*; *Yersinia enterocolitica*; *Shigella*; *Shigella flexneri*; *Shigella dysenteriae*; *Shigella boydii*; *Coxiella*; *Coxiella burnetii*; *Acidovorax*; *Acinetobacter*; *Acinetobacter baumannii*; *Acinetobacter calcoaceticus*; *Acinetobacter johnsonii*; *Acinetobacter junii*; *Acinetobacter lwoffii*; *Acinetobacter radioresistens*; *Actinobacillus*; *Actinobacillus minor*; *Actinobacillus pleuropneumoniae*; *Aggregatibacter*; *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*; *Aggregatibacter aphrophilus*; *Alcanivorax*; *Alcanivorax borkumensis*; *Azoarcus*; *Azotobacter*; *Azotobacter vinelandii*; *Bordetella*; *Bordetella bronchiseptica*; *Bordetella parapertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella petrii*; *Campylobacter*; *Campylobacter coli*; *Campylobacter upsaliensis*; *Comamonas*; *Comamonas testosteroni*; *Delftia*; *Delftia acidovorans*; *Diaphorobacter*; *Haemophilus*; *Haemophilus influenzae*; *Haemophilus parasuis*; *Haemophilus somnus*; *Mannheimia*; *Mannheimia haemolytica*; *Moraxella*; *Moraxella catarrhalis*; *Neisseria*; *Neisseria gonorrhoeae*; *Neisseria meningitidis*; *Pasteurella*; *Pasteurella dagmatis*; *Pasteurella multocida*; *Proteus*; *Proteus mirabilis*; *Pseudomonas*; *Pseudomonas aeruginosa*; *Pseudomonas stutzeri*; y *Sphingomonas*.

La vacuna de la invención, como se ha definido anteriormente, se proporciona para su uso en el tratamiento o prevención de enfermedades o infecciones bacterianas gramnegativas.

Por "enfermedad" tal como se usa en el presente documento, significa la infección por una bacteria o cualquier enfermedad causada o relacionada con la infección por una bacteria que incluye, por ejemplo, infección de las vías respiratorias superiores y enfermedades bacterianas invasivas tales como bacteriemia y meningitis.

Mientras que dicha enfermedad bacteriana gramnegativa puede ser una infección o enfermedad causada por

cualquier cepa bacteriana gramnegativa, de forma adecuada dicha cepa pertenece a un género o especie bacteriano seleccionado a partir del grupo que consiste en *Borrelia*; *Borrelia burgdorferi*; *Brucella*; *Brucella melitensis*; *Brucella ovis*; *Chlamydia*; *Chlamydia psittaci*; *Chlamydia trachomatis*; *Escherichia*; *Escherichia coli*; *Legionella*; *Legionella pneumophila*; *Yersinia*; *Yersinia enterocolitica*; *Shigella*; *Shigella flexneri*; *Shigella dysenteriae*; *Shigella boydii*; *Coxiella*; *Coxiella burnetii*; *Acidovorax*; *Acinetobacter*; *Acinetobacter baumannii*; *Acinetobacter calcoaceticus*; *Acinetobacter johnsonii*; *Acinetobacter junii*; *Acinetobacter lwoffii*; *Acinetobacter radioresistens*; *Actinobacillus*; *Actinobacillus minor*; *Actinobacillus pleuropneumoniae*; *Aggregatibacter*; *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*; *Aggregatibacter aphrophilus*; *Alcanivorax*; *Alcanivorax borkumensis*; *Azoarcus*; *Azotobacter*; *Azotobacter vinelandii*; *Bordetella*; *Bordetella bronchiseptica*; *Bordetella parapertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella petrii*; *Campylobacter*; *Campylobacter coli*; *Campylobacter upsaliensis*; *Comamonas*; *Comamonas testosteroni*; *Delftia*; *Delftia acidovorans*; *Diaphorobacter*; *Haemophilus*; *Haemophilus influenzae*; *Haemophilus parasuis*; *Haemophilus somnus*; *Mannheimia*; *Mannheimia haemolytica*; *Moraxella*; *Moraxella catarrhalis*; *Neisseria*; *Neisseria gonorrhoeae*; *Neisseria meningitidis*; *Pasteurella*; *Pasteurella dagmatis*; *Pasteurella multocida*; *Proteus*; *Proteus mirabilis*; *Pseudomonas*; *Pseudomonas aeruginosa*; *Pseudomonas stutzeri*; y *Sphingomonas*. Opcionalmente, dicha cepa no es una cepa de *Neisseria*.

Las vacunas de la invención se pueden administrar por vía oral, nasal, nasofaríngea, parenteral, entérica, gástrica, tópica, transdérmica, subcutánea, intramuscular, en comprimido, soporte sólido, en polvo, líquido, forma de aerosol, de forma local o sistémica, con o sin excipientes agregados. Los procedimientos efectivos para la preparación de composiciones administrables vía parenteral resultarán evidentes al experto en la técnica y se describen en más detalle en publicaciones tales como Remingtons Pharmaceutical Science, 15ª ed., Mack Publishing Company, Easton, Pensilvania (1980).

Se reconoce que la administración oral puede requerir la protección de las composiciones frente a la digestión. Este se consigue típicamente bien mediante la asociación de la composición con un agente que convierte resistente a la hidrólisis ácida y enzimática o bien mediante empaquetado de la composición en un transportador adecuadamente resistente. Los medios de protección frente a la digestión son bien conocidos en la técnica.

Las composiciones se administran a un animal que se encuentra en riesgo de adquirir una enfermedad gramnegativa para prevenir o al menos detener parcialmente el desarrollo de la enfermedad y sus complicaciones. Una cantidad adecuada para conseguir esto se define como una "dosis terapéuticamente eficaz". Las cantidades eficaces para su uso terapéutico dependerán de, por ejemplo, la vacuna, la forma de administración, el peso y el estado general de salud del paciente y el criterio del médico que lo recete. Pueden administrarse dosis únicas o múltiples de las composiciones inmunogénicas o vacunas dependiendo de la dosificación y frecuencia requerida y tolerada por el paciente y vía de administración.

Las vacunas pueden administrarse en una cantidad eficaz para provocar una respuesta inmune, en particular una respuesta inmune humoral, en el hospedador. Las cantidades para la inmunización generalmente varían en el intervalo de aproximadamente 0,001 mg a aproximadamente 1,0 mg por 70 kilogramos de paciente, de forma más común, de aproximadamente 0,001 mg a aproximadamente 0,2 mg por 70 kilogramos de paciente. Las dosificaciones de 0,001 hasta aproximadamente 10 mg por paciente al día pueden usarse, particularmente cuando el antígeno se administra en un lugar aislado y no en el torrente sanguíneo, tal como en una cavidad del cuerpo o dentro del lumen de un órgano. Dosificaciones sustancialmente más elevadas (por ejemplo, 10 a 100 mg o más) son posibles en administración oral, nasal o tópica. La administración inicial puede estar seguida por una inmunización de refuerzo de la misma o distinta composición, con al menos un refuerzo, siendo preferentes, más normalmente dos refuerzos. Las vacunas se administran típicamente a un mamífero que no está tratado inmunológicamente con respecto a una cepa o especie gramnegativa dada.

Por ejemplo, el mamífero puede ser un niño de aproximadamente cinco años o más joven e idealmente de aproximadamente dos años o más joven, y las composiciones de antígeno puede administrarse en cualquiera una o más de los siguientes tiempos: dos semanas, un mes, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 u 11 meses o un año o 15, 18, o 21 meses después del nacimiento o a los 2, 3, 4 o 5 años de edad. En general, la administración a cualquier mamífero se inicia normalmente antes de la primera señal de síntomas de la enfermedad o a la primera señal de exposición posible o real a una cepa o especie gramnegativa dada.

Una globulina inmune (por ejemplo, para su uso en la prevención o tratamiento de enfermedad bacteriana gramnegativa), puede prepararse mediante las etapas de inmunización de un receptor con una vacuna de la invención y mediante el aislamiento de la globulina inmune del receptor. La preparación de globulina inmune obtenida de este modo, puede estar opcionalmente en forma de una preparación farmacéutica que comprende adicionalmente un excipiente farmacéuticamente aceptable.

Los inóculos para la producción de anticuerpos policlonales se preparan típicamente mediante la dispersión de la composición inmunogénica o vacuna en un diluyente fisiológicamente tolerable tal como solución salina u otros adyuvantes adecuados para el uso humano para formar una composición acuosa. Se administra una cantidad inmunoestimuladora de inóculo a un mamífero, y el mamífero inoculado se mantiene entonces durante un tiempo suficiente para la composición inmunogénica o vacuna para inducir anticuerpos protectores. Los anticuerpos se pueden aislar en la medida deseada mediante técnicas bien conocidas tales como cromatografía de afinidad. Los

anticuerpos puede incluir preparaciones de antisuero de una variedad de animales comúnmente usados, por ejemplo, cabras, primates, burros, cerdos, caballos, cobayas, ratas o el ser humano. Los animales se sangran y se recupera el suero.

Una globulina inmune puede incluir anticuerpos completos, fragmentos de anticuerpos o subfragmentos. Los anticuerpos pueden ser inmunoglobulinas completas de cualquier clase, por ejemplo, IgG, IgM, IgA, IgD o IgE, anticuerpos quiméricos o anticuerpos híbridos, por ejemplo que tienen una especificidad dual a una proteína Tdfl y a una proteína TdfH. También pueden ser fragmentos, por ejemplo, F(ab')₂, Fab', Fab, Fv y similares que incluyen fragmentos híbridos. Una globulina inmune también incluye proteínas obtenidas genéticamente naturales, sintéticas que actúan como un anticuerpo uniéndose a antígenos específicos para formar un complejo.

Una vacuna de la presente invención se puede administrar a un receptor que después actúa como una fuente de globulina inmune, producida en respuesta a la exposición de la vacuna específica. Un sujeto, por tanto, tratado, donaría plasma del que se obtendría globulina hiperinmune mediante una metodología convencional de fraccionamiento de plasma. La globulina hiperinmune se administraría a otro sujeto con el fin de transmitir resistencia frente a o tratar la infección por una especie o cepa bacteriana gramnegativa. Las globulinas hiperinmunes de la invención son particularmente útiles para el tratamiento o la prevención de la enfermedad bacteriana gramnegativa en lactantes, individuos inmunocomprometidos o cuando se requiere tratamiento y no hay tiempo para que el individuo produzca anticuerpos en respuesta a la vacuna.

Anticuerpos que tienen una especificidad dual a una proteína Tdfl y a una proteína TdfH. También pueden ser fragmentos, por ejemplo, F(ab')₂, Fab', Fab, Fv y similares que incluyen fragmentos híbridos. Los procedimientos para preparar anticuerpos monoclonales son bien conocidos en la materia y pueden incluir la fusión de esplenocitos con células de mieloma (Kohler y Milstein, 1975, Nature 256; 495; Antibodies - a laboratory manual Harlow and Lane 1988). Como alternativa, los fragmentos Fv monoclonales se pueden obtener mediante la exploración de una biblioteca adecuada de expresión en fago (Vaughan TJ et al, 1998, Nature Biotechnology 16; 535). Anticuerpos monoclonales también pueden humanizarse o humanizarse parcialmente usando técnicas que son bien conocidas en la técnica.

La presente memoria descriptiva se extiende a un procedimiento para el tratamiento o prevención de enfermedad bacteriana gramnegativa que comprende una etapa de administración a un paciente una cantidad eficaz de tal preparación farmacéutica que comprende globulina inmune o anticuerpos monoclonales y a tales preparaciones para su uso en el tratamiento o prevención de tal enfermedad.

Ejemplos

Ejemplo 1: Inmunogenicidad de VME con regulación positiva de Tdfl

Tdfl es un gen que se piensa que se expresa cuando se encuentra *N. meningitidis* dentro de la sangre. Por lo tanto, no se expresa normalmente cuando se cultivan cepas en un medio de cultivo convencional, pero que la cepa H44/76 de tipo silvestre, por ejemplo, puede realizarse para expresar la proteína en condiciones de cultivo especiales (medio de cultivo RPMI suplementado con hemina). El siguiente experimento detalla el uso de una cepa H44/76 en la que la expresión de Tdfl ha sido realizada de forma recombinante inducible (mediante el uso de IPTG). Esto permite la sobreexpresión de Tdfl sobre la superficie de vacunas de VME fabricadas a partir de la cepa y proporciona un modo fácil de cultivo de una cepa que expresa el antígeno para establecer si los anticuerpos generados contra la Tdfl son capaces de destruir tal cepa modificada que expresa Tdfl en condiciones de cultivo normales (+IPTG). El impacto de IPTG sobre la expresión de Tdfl en células usadas en SBA se muestra en la Figura 7.

Grupos de 10 ratones fueron inmunizados tres veces con VME mediante la vía intramuscular los días 0, 21 y 28. Cada inoculación estaba preparada con 5 µg (contenido de proteínas) de VME formuladas sobre AIPO4 con MPL. Las VME fueron derivadas a partir de la cepa H44/76 de *Neisseria meningitidis*, se obtuvieron mediante ingeniería de modo que los polisacáridos capsulares y PorA se regularon negativamente y el inmunotipo de LOS fue del tipo galE. Se realizó una comparación de las VME en las que la Tdfl estaba o no estaba regulada positivamente (regulación positiva con control del promotor inducible de IPTG). El día 42, se tomaron muestras de sangre para su análisis mediante ensayo bactericida en suero usando también la cepa H44/76 homóloga (B:15:P1.7,16) que expresaba o no expresaba Tdfl (después de la agregación o no de IPTG en el medio de cultivo).

Las cepas de *N. meningitidis* se cultivaron durante la noche sobre un GC agar con 10 µg/ml de placas de Petri de cloranfenicol a 37 °C + 5 % de CO₂. Se sub-cultivaron durante 3 horas en un medio de TSB líquido suplementado o no con 1000 µM de IPTG. Se inactivó suero individual durante 30 min. a 56 °C. Las muestras de suero se diluyeron en 0,5 % de HBSS-BSA y a continuación se diluyeron por dos veces (8 diluciones) en un volumen de 25 µl en microplacas de fondo plano. Las bacterias se diluyeron en 0,5 % de HBSS-BSA para proporcionar 8,103 CFU/ml y 12,5 µl de esta dilución se agregó a la dilución de suero. También se agregó a cada pocillo complemento de conejo (12,5 µl). Después de 75 min. de incubación a 37 °C con agitación, 15 µl de la mezcla se extendió sobre placas de GC agar precalentadas incubadas durante la noche a 37 °C + CO₂. Las UFC se recontaron y se calculó el porcentaje de destrucciones. El título de SBA es la dilución que proporciona un 50 % de destrucciones.

Títulos de SBA: impacto de la expresión de Tdfl por células diana

	títulos de SBA
H44/76 sin IPTG	< 50
H44/76 con IPTG	400; 400; 800

Sin IPTG, la Tdfl no se expresa sobre células diana que no son destruidas por suero a partir de ratones inmunizados con VME de Tdfl reguladas positivamente. Cuando la expresión de Tdfl está inducida específicamente por IPTG las células diana expresan Tdfl y son destruidas por las VME anti-Tdfl de suero de ratones.

5 Ejemplo 2: Una proteína de membrana externa regulada por zinc en *Neisseria meningitidis* con potencial de vacuna

RESUMEN

Puesto que la concentración de hierro libre en el hospedador humano es baja, los mecanismos de adquisición de hierro eficaces constituyen factores de virulencia importantes para bacterias patógenas. En las bacterias gramnegativas, los receptores de membrana externa dependientes de TonB están involucrados en la adquisición de hierro. Sin embargo, el transporte a través de la membrana externa bacteriana de otros metales que también son escasos en el hospedador humano está menos claro. En un estudio hemos caracterizado un receptor dependiente de TonB nuevo en *Neisseria meningitidis*. Mostramos que las bacterias producen esta proteína con limitación de zinc y que está implicada en la absorción de zinc. Además, puesto que la proteína está altamente conservada entre aislados y es capaz de inducir anticuerpos bactericidas, constituye un candidato novedoso para el desarrollo de una vacuna contra *N. meningitidis* para la cual no existe una vacuna universal eficaz por el momento. Homólogos de la proteína, Tdfl designada, se encuentran en muchos otros patógenos que residen en las vías respiratorias, sugiriendo que la absorción de zinc mediada por receptores resulta particularmente importante para la supervivencia en este nicho.

INTRODUCCIÓN

La envoltura de las bacterias gramnegativas consiste en dos membranas, la membrana interna y la membrana externa, las cuales están separadas por el periplasma que contiene la capa peptidoglicana. La membrana externa forma una barrera para compuestos dañinos del entorno. La mayoría de nutrientes pueden atravesar la membrana externa mediante difusión pasiva a través de abundantes proteínas de membrana externa que forman canales, denominados de forma colectiva porinas. Sin embargo, la difusión no es una opción cuando la concentración extracelular de un nutriente es baja. Este es el caso, por ejemplo, del hierro. Los patógenos se enfrentan a bajas concentraciones de hierro libre dentro del hospedador humano, en el que el hierro está unido mediante proteínas de transporte y almacenamiento de hierro, tal como la lactoferrina y transferrina. De este modo, Los mecanismos de adquisición de hierro eficaces constituyen factores de virulencia importantes y se han estudiado exhaustivamente en muchos patógenos (1, 2).

Cuando se cultivan en condiciones limitantes de hierro, las bacterias gramnegativas inducen la síntesis de proteínas de membrana externa que funcionan como receptores para las proteínas de unión de hierro del hospedador, para hemo o sideróforos, que son pequeños compuestos quelantes de hierro producidos y secretados por bacterias con limitación de hierro. Las estructuras de cristal resultas de tales receptores revelaron barriles β de 22 cadenas, que no forman canales abiertos sino que están cerrados por un dominio de tapón de extremo N (3). Después de la unión del ligando al receptor, la absorción posterior es un procedimiento activo que requiere la energía del gradiente de protones a través de la membrana interna, que se acopla a los receptores en la membrana externa a través de un complejo de tres proteínas, el complejo TonB (4, 5).

Mientras que los mecanismos de adquisición de hierro se han estudiado exhaustivamente en muchas bacterias gramnegativas, se conoce aún poco sobre el transporte de otros metales pesados esenciales, tales como cinc y manganeso, a través de la membrana externa bacteriana. La concentración de estos oligoelementos también es baja en el hospedador humano, que, por ejemplo, responde a infecciones mediante la producción de metalotioneínas y calprotectina reduciendo de este modo la disponibilidad de metales a los patógenos invasores (6, 7). Por lo tanto, los patógenos gramnegativos poseen probablemente mecanismos de adquisición eficaces para estos metales, que pueden o no ser parecidos a los sistemas de adquisición de hierro.

La *Neisseria meningitidis* es un patógeno humano obligatorio que puede colonizar la mucosa nasofaríngea asintóticamente. Ocasionalmente la bacteria entra en el torrente sanguíneo y puede causar meningitis y sepsis con una elevada tasa de mortalidad (8). Mientras que hay vacunas disponibles para la mayoría de serogrupos de *N. meningitidis* a base de polisacáridos capsulares, se carece de una vacuna contra meningococos de serogrupo B. La cápsula e polisacáridos de las cepas de serogrupo B es pobremente inmunogénica debido a su parecido a las glicoproteínas humanas (9). Por lo tanto, se están estudiando antígenos subcapsulares como componentes de vacuna alternativos; sin embargo, estos estudios se han visto frustrados por la alta variabilidad antigénica de las proteínas de membrana externa principales. Por lo tanto, la atención se ha desviado a antígenos menores, entre los

que se incluyen los receptores dependientes de TonB.

Cuando se cultiva con limitaciones de hierro, la *N. meningitidis* produce receptores dependientes de TonB para la lactoferrina (10), transferrina (11), hemoglobina (12, 13) y enterobactina (14) todas involucradas en la absorción de hierro. Basándose en búsquedas de homología, Turner y col. (15) identificaron siete genes adicionales para miembros (Tdf) de familia dependiente de TonB putativos en las secuencias de genoma disponible de tres cepas de *Neisseria*. De forma interesante, la expresión de algunos de estos genes *tdf* no apareció afectada por la disponibilidad de hierro en diversos estudios de micromatriz (16, 17), indicando que sus productos podrían estar implicados en el transporte de metales distintos al hierro. Aquí estudiamos la regulación de la síntesis, la función y el potencial de vacuola de uno de estos receptores y mostramos que este receptor está involucrado en la absorción de zinc.

RESULTADOS

Tdfl no es un receptor hemo

Tdfl (marcadores de locus NMA1161 y NMB0964 en los genomas secuenciados de la cepa Z2491 del serogrupo A de *N. meningitidis* y la cepa MC58 del serogrupo B, respectivamente) se identificó previamente como uno de los siete receptores dependientes de TonB putativos novedosos presentes en los genomas de *Neisseria* (15) y se encontró que estaba regulada positivamente en presencia de suero humano no tratado previamente (18). Puestos que casi todos los receptores dependientes de TonB estudiados hasta la fecha están implicados en la adquisición de hierro asumimos que la Tdfl transporta un complejo de hierro. Esta idea se vio reforzada por el hecho de que las búsquedas blast (19) con la secuencia de aminoácidos de NMA1161 revelaron una alta similitud de secuencia a los receptores de membrana externa para la absorción de hemo, tal como HumA de *Moraxella catarrhalis* (20) con un 41 % de identidad y un 58 % de similitud.

Para evaluar la función de Tdfl, construimos un mutante de delección de *tdfl* de un derivado no encapsulado de la cepa H44/76 del serogrupo B denominado HB-1. Encontramos una unión similar de hemo a HB-1 y el mutante de *tdfl* se evaluó mediante análisis de transferencia puntual y la cepa mutante de *tdfl* aún podría crecer sobre placas con hemo como la única fuente de hierro. No pudimos tampoco encontrar unión de hemo aumentada mediante células de *Escherichia coli* que expresaban Tdfl. Tampoco fuimos capaces de complementar un auxotrofo de hemo de *E. coli* (datos no mostrados). Por lo tanto, hipotetizamos que la Tdfl, aunque es homóloga a receptores de hemo, no funciona como un receptor de hemo.

Regulación de *tdfl* mediante zinc

Puesto que la Tdfl no es un receptor de hemo y no se encontró ser regulada por hierro, buscamos condiciones en las que pudiéramos detectar *tdfl* fuera expresión en la HB-1 de *Neisseria meningitidis* de H44/76 deficiente de cápsula. Nunca pudimos detectar Tdfl en transferencias Western cuando las bacterias se cultivaban en caldo de soja triptico (TSB), un medio de complejo rico (Fig. 1A vía 1). Sin embargo, cuando se cultivaron las bacterias en medio RPMI químicamente definido, la Tdfl fue detectable en lisados bacterianos (Fig. 1A, vía 2). La especificidad de la señal detectada se demostró mediante su ausencia en la cepa desactivada de *tdfl* cultivada en RPMI (Fig. 1A, vía 3). Observamos que la presencia de incluso pequeñas cantidades de TSB agregado a RPMI afectó de forma negativa la síntesis de Tdfl (Fig. 1 B); aparentemente el TSB contiene un compuesto que reprime la transcripción de *tdfl*. Puesto que observamos que el RPMI no contiene una fuente de metales traza, decidimos analizar si la adición de un cóctel de metales traza, que contenían cobalto, molibdeno, manganeso, cobre y zinc, reprimirían la expresión de *tdfl*, lo que así realmente pareció ser el caso. A continuación, analizamos todos estos metales de forma separada y encontramos que el zinc específicamente, incluso a concentraciones sub- μM , causaron la represión de la expresión de *tdfl* (Fig. 1 C). Puesto que el RPMI estándar no está suplementado con una fuente de zinc específica, el zinc disponible requerido para el cultivo bacteriano supuestamente proviene del agua y/o trazas en las sales usadas para realizar el medio. Medimos la concentración de zinc en el medio de RPMI mediante espectrometría de masas de plasma acoplado inductivamente (ICP-MS) y encontramos que era de ~ 110 partes por mil millones ($\sim 1,69 \mu\text{M}$).

La regulación de zinc de *tdfl* se volvió incluso más evidente cuando suplementamos el medio de RPMI con el quelante específico de N,N,N',N'-Tetrakis(2-piridilmetil)-etilendiamina (TPEN). La adición de TPEN al medio dio como resultado un incremento dependiente de la dosis en la síntesis de Tdfl (figura 1 D). Sin embargo, las concentraciones superiores a $1 \mu\text{M}$ TPEN inhibieron totalmente el crecimiento celular, presumiblemente debido a la eliminación de zinc total del medio. El crecimiento puede ser restaurado mediante la adición de zinc (datos no mostrados). La regulación de zinc de *tdfl*, fue confirmada mediante PCR cuantitativa de tiempo real (RT-qPCR) usando ARN total obtenido de cultivos crecidos en RPMI suplementado con o sin 500 nM de zinc o $0,5 \mu\text{M}$ de TPEN. Los datos mostraron una represión de 13,8-veces en la presencia de zinc y 3,8-veces de regulación positiva en la presencia de TPEN. La diferencia en veces entre TPEN y zinc agregado, fue de 52,6 veces.

Función del regulador de transcripción Zur en la expresión de *tdfl*

En *E. coli*, el regulador de captación de zinc (Zur) ha mostrado regular la expresión de los genes *znuACB*, que codifican la proteína de enlace periplásmico, la ATPasa y el componente de membrana interna integral requerido para el transporte de zinc procedente desde el periplasma hasta el citoplasma (23). En la presencia de zinc, Zur

enlaza un elemento de enlace a Zur (GAAATGTTATANTATAACATTTTC de consenso) en el promotor del operón *znuACB* y por lo tanto bloquea la transcripción.

En la secuencia de genoma de la cepa *N. meningitidis* MC58, se identificaron homólogos del gen *zur* de *E. coli*, es decir, NMB1266, y de *znuCBA*, es decir, NMB0588, NMB0587 y NMB0586. Además, encontramos secuencias que se asemejan al consenso de enlace de Zur de *E. coli* en las regiones cadena arriba de *tdfl* neisserial (GtAATGTTATATaATAAC Aaact) y *znuC* (cAAACgTTATACagTatCATaTC) (los nucleótidos idénticos al consenso de *E. coli* están con letras mayúsculas). Para confirmar la implicación de Zur en la regulación de expresión de *tdfl*, generamos un mutante *zur* de la cepa HB-1, que, de hecho, produjo Tdfl en forma constitutiva (Fig. 2). También, RT-qPCR demostró la implicación de Zur en la expresión de *znuA* y *tdfl* ya que los niveles de expresión de *znuA* y *tdfl* incrementaron 5 y 34 veces, respectivamente, en el mutante *zur* en comparación con su cepa de origen ambos cultivados en la presencia de zinc.

Tdfl facilita la adquisición de zinc

Ya que la expresión de *tdfl* se regula a través de la disponibilidad de zinc, es probable que *Tdfl* actúe como un receptor para zinc o un complejo que contiene zinc. Se analizó primero la secuencia de aminoácidos y se construyó un modelo de topología de Tdfl usando el programa PROFtmb en el sitio www.rostlab.org, (Fig. 3). Tdfl contiene dos residuos de cisteína en el lazo extracelular putativo L3. Si estas cisteínas forman un enlace de disulfuro (soportado por nuestro análisis de la fracción de membrana de bacteria mediante SDS-PAGE con y sin DTT, en la cual la incubación de la muestra con el agente de reducción dio como resultado un cambio en la movilidad electroforética, presumiblemente debido a la interrupción del enlace de disulfuro), llevan dos tramos de los residuos de aminoácido, ambos con alto contenido en residuos de histidina y ácido aspártico, en proximidad cercana (Fig. 3), lo cual puede ser de importancia funcional, ya que también en la proteína periplásmica ZnuA de *E. coli*, está implicado un tramo de los residuos His y Asp en el enlace de zinc (25). Por lo tanto, se consideró la posibilidad de que Tdfl enlace a zinc libre, y lo transporta al periplasma. Para probar esta hipótesis, primero se determinó si Tdfl puede enlazar a zinc. Comparamos vesículas de membrana externa con o sin Tdfl por su capacidad de competir con 4-(2-piridilazo)resorcinol (PAR) para zinc. Las vesículas de membrana externa que contienen Tdfl mostraron ~40 % de enlace incrementado de zinc en comparación con vesículas sin Tdfl (Fig. 4A). Para probar el transporte de zinc, comparamos la eliminación de *tdfl*, una eliminación de *tonB* y su cepa de origen para la acumulación de zinc intracelular usando ICP-MS. HB-1 acumuló ~33 % más de zinc que el mutante *tdfl* o el mutante *tonB*, indicando que Tdfl transporta zinc libre y que este transporte necesita del sistema TonB (Fig. 4B).

Si de hecho Tdfl está implicado en la captación de zinc libre, se puede esperar que ocurra la eliminación de represión de la expresión del gen *znu* en mayores concentraciones de zinc externo en el mutante *tdfl* en comparación con la cepa tipo silvestre. Para probar esta idea, se cultivó el mutante *tdfl* y la cepa de origen en un medio RPMI con 500 nM de zinc adicional, el cual en gran parte, pero no completamente, reprime la expresión de *tdfl* en la cepa tipo silvestre (Fig. 1 C). Medimos en forma subsecuente los niveles relativos de mRNA de *tdfl* y *znuA* mediante RT-qPCR. El mutante *tdfl* aún contiene los primeros 437 nucleótidos del gen *tdfl* que fueron usados para la detección de la expresión de gen. En el mutante *tdfl*, hubo 18,6-veces más de *tdfl* y 7,4-veces más de *znuA* expresado, mostrando que de hecho, la concentración de zinc intracelular en el mutante *tdfl* es menor que la que está en la cepa de origen bajo condiciones de crecimiento aplicadas. Asimismo una cepa de eliminación *znuA* expresó altos niveles de Tdfl en la presencia de zinc, confirmando que se requiere ZnuA para sostener niveles de zinc suficientes en la célula (Fig. 4C). Por lo tanto, tanto Tdfl como ZnuA están implicados en el transporte de zinc.

Conservación de Tdfl

Además de la función f de Tdfl, también se desea investigar si Tdfl es un candidato de vacuna para una vacuna de *N. meningitidis* universal. Uno de los criterios es que el antígeno tiene que ser conservado. Miramos primero en los genomas de *N. meningitidis* disponibles y encontramos que Tdfl tiene una sorprendente identidad de aminoácido del 97-99 % de la proteína madura (Fig. 8). Las diferencias en secuencias son dispersadas en la proteína y no se aglomeran en las regiones de lazo extracelular anticipadas, las cuales con frecuencia son antigénicamente variables en las proteínas de membrana externa de *Neisseria* (Fig. 8). Analizamos en forma subsecuente la presencia de Tdfl en un panel de 32 diferentes aislados de *N. meningitidis* de diferentes serogrupos y diferentes linajes clonales. Cada cepa fue cultivada en un medio RPMI suplementado o no con 500 nM de zinc y analizado mediante transferencia de Western con el antisuero elevado contra Tdfl de H44/76. Todas las cepas mostraron una represión de Tdfl en la presencia de zinc (Fig. 5).

Posteriormente se desea conocer la homología de Tdfl con otras bacterias patógenas. Se comparó primero Tdfl con *N. gonorrhea* y se encontró una identidad del 96 % y una similitud del 97 % entre estas dos cepas de *Neisseria*. A continuación, Posteriormente, se usó el programa blast en NCBI con un corte del 40 % de identidad en el nivel de aminoácido para buscar homólogos de Tdfl en otras bacterias patógenas. Identificamos homólogos en otras bacterias patógenas, incluyendo *M. catarrhalis*, *Haemophilus parasuis*, *Mannheimia haemolytica*, *Acinetobacter baumannii*, *Pasteurella multocida*, *Bordetella pertussis* y *Actinobacillus pleuropneumoniae*, promediando una identidad del 41 % y una similitud del 59 % en el nivel de aminoácido y todos los homólogos Tdfl tienen la región His/Asp (Fig. 9). De forma interesante, en *B. pertussis* el homólogo *tdfl* se localiza en forma adyacente al homólogo de los genes *znuABC* y *zur*, indicando nuevamente una relación funcional entre estos genes. Además, todos estos

homólogos Tdfl contienen tramos con alto contenido de His- y Asp- (Fig. 9).

Tdfl induce anticuerpos bactericidas

Para investigar el potencial de vacuna de Tdfl, se inmunizaron ratones con vesículas de membrana externa de *Neisseria* que contienen niveles de sobre-expresión de esta proteína (Fig. 6A) y se probaron los sueros resultantes con respecto a la presencia de anticuerpos bactericidas. De forma rutinaria, llevamos a cabo ensayos bactericidas de suero en bacterias desarrolladas en un medio TSB; sin embargo, en estas condiciones *tdfl* no se expresa. Por lo tanto, probamos el suero con respecto a la actividad bactericida en una cepa que expresó Tdfl de un promotor inducible mediante β -D-1-tiogalactopiranosido de isopropilo (IPTG) y se compararon cultivos crecidos con y sin IPTG. Los títulos bactericidas de los sueros fueron $<1:100$ cuando IPTG estuvo ausente, pero $1:1042$ cuando IPTG estuvo presente durante el crecimiento de la bacteria. Los títulos en sueros pre-inmunes también fueron $<1:100$. Estos datos muestran claramente que Tdfl tiene la capacidad de provocar anticuerpos bactericidas. También se desea investigar si son suficientes los niveles de expresión de *tdfl* codificados por cromosoma normal, para mediar una exterminación transmitida por complemento. Para esto se empleó la cepa de eliminación de *zur* que produce en forma constitutiva Tdfl en el medio TSB, y crece en forma comparable a la cepa tipo silvestre en este medio.

DISCUSIÓN

El sistema de captación de ZnuABC de alta afinidad para zinc, ha sido identificado previamente en *N. gonorrhoeae* (30). Los homólogos pueden encontrarse en el genoma meningocócico, tal como se describe anteriormente, y en los genomas de muchas otras bacterias. En *Salmonella enterica* este transportador ABC ha estado asociado con virulencia (31). En ningún caso, un receptor de membrana externa implicada en la adquisición de zinc ha sido identificado y se considera que el zinc se difunde a través de las porinas.

En el hospedador humano, sin embargo, los niveles de zinc libres probablemente son demasiado bajos para sostener el crecimiento bacteriano mediante difusión pasiva. La cantidad total de zinc en el suero humano es de aproximadamente $19 \mu\text{M}$, aunque la vasta mayoría es enlazada por proteínas de suero tal como albúmina (32). Aquí se ha identificado un receptor de membrana externa, Tdfl que es regulado mediante zinc. La adición de 700 nM de zinc al medio de crecimiento reprimió completamente la expresión de Tdfl. La función de Tdfl, es enlazar y transportar el zinc no enlazado (libre). Se anticipa que el zinc es enlazado inicialmente por el tramo His/Asp en el lazo externo y posteriormente internado a través de dos histidinas que están en la parte superior del dominio de tapón (Fig. 3b). Un posible papel para el sistema TonB en la captación de zinc, es que extrae el tapón fuera del barril y con este movimiento el zinc enlazado a los dos residuos His, es transportado en el periplasma, donde es captado por la proteína ZnuA de enlace periplásmico.

De forma interesante, se informó sobre una regulación similar de expresión de *tdfl* y *znuA* en un estudio de micromatriz que usa *N. gonorrhoeae* (33). El homólogo *tdfl* NGO1205 y el homólogo *znuA* NGO0168 fueron regulados positivamente en un mutante que carece del gen NGO0542. Este gen fue anotado en dicho estudio como *perR*, debido a su homología con un regulador que responde a peróxido dependiente de manganeso, encontrado en organismos grampositivos (34). Sin embargo, este es el mismo gen que se ha indicado como *zur*. La anotación *zur* es claramente más precisa, debido a que se muestra una regulación idéntica a través de la ausencia de *zur* o la ausencia de zinc. Viene mayor evidencia de la anotación *zur* en lugar de *perR* del mismo estudio en *N. gonorrhoeae*. Las micromatrices llevadas a cabo con el mutante *perR* gonocócico, mostraron regulación positiva también de las proteínas ribosomales L31 y L36. Los genomas de *Neisseria* contienen dos copias para cada uno de los genes que codifican estas proteínas conteniendo una forma de cada proteína un motivo de cinta de zinc. Se encontró que la disponibilidad del zinc es el factor clave que controla el tipo de proteína L31/L36 expresada en *B. subtilis* (34). En el mutante *perR* gonocócico, se induce la expresión específicamente de parálogos L31 y L36 que carecen de cinta de zinc, indicando fuertemente una regulación de zinc perturbada en un mutante *perR*. Además en otro estudio (17), se llevó a cabo una micromatriz para identificar la respuesta a la tensión oxidativa y ni a *perR* ni a cualquiera de los genes identificados en el estudio *PerR* (33), se les eliminó la represión y no se observó ningún efecto regulador del manganeso en la expresión de *tdfl* y *znuA*.

Anteriormente, se informó que la expresión de *tdfl* para ser inducida en la presencia del complemento activo (18). En este estudio de micromatrices, se compararon los perfiles de expresión de *N. meningitidis* desarrollada en la presencia de suero y suero desactivado por calor, y se encontró que Tdfl tiene una eliminación de represión de 23 veces en la presencia de suero no tratado. La relación entre la regulación de zinc y complemento, puede no ser obvia a primera vista. Una explicación posible para encontrar circuitos de regulación similar, puede ser que la bacteria en el estudio de matrices haya sido cultivada previamente en RMPI con BSA. Se sabe que la albúmina puede quelar zinc y, por consiguiente, las condiciones de crecimiento previo pueden haber sido gravemente limitadas en zinc. El tratamiento térmico de suero humano, liberarán zinc de la albúmina, reprimiendo de esta forma la expresión de *tdfl*. Esta explicación se refuerza por el hecho de que la expresión de Tdfl es inducida cuando se agrega a BSA al medio TSB durante el cultivo bacteriano (datos no mostrados).

Un estudio realizado por Hagen y Cornelissen (35) investigó si cualesquiera de las proteínas Tdf son esenciales para la supervivencia intracelular de *N. gonorrhoeae* en células epiteliales humanas. Los autores también probaron una eliminación de homólogo Tdfl (NG1205), pero este mutante no fue afectado en la supervivencia intracelular.

La conservación de Tdfl es impactante; con una identidad del 98,6 % entre las cepas de *N. meningitidis* secuenciadas y una similitud del 99,2 % en el nivel de aminoácido de la proteína madura. Se encontró la proteína Tdfl en todos los meningococos probados, y todas las cepas mostraron expresión regulada por zinc de *tdfl*. Entre las proteínas Tdfl de las cepas meningocócicas y gonocócicas secuenciadas, existe el 96,1 % de identidad y el 97,3 % de similitud en el nivel de aminoácido. Las diferencias entre secuencias de Tdfl son dispersadas en la proteína y no se aglomeran en un lazo específico. Se encontró un promedio de identidad de aminoácido del 41 % de Tdfl con homólogos en otras bacterias, y en todos los casos se conservó el tramo His/Asp. Resulta intrigante que los homólogos de Tdfl fueron encontrados de manera particular en especies bacterianas que residen en el tracto respiratorio de seres humanos y animales. Posiblemente en las capas de mucosa del tracto respiratorio, la concentración de zinc no enlazada es demasiado baja para permitir una suficiente difusión pasiva a través de las porinas y por consiguiente Tdfl se vuelve esencial para el crecimiento y supervivencia bacteriano. Aunque Tdfl no es esencial para supervivencia intracelular (35), puede ser esencial en los fluidos corporales tipo suero y licor, en los que también puede ser muy baja la concentración de zinc libre. También, no podemos descartar que Tdfl reconozca en forma adicional una forma compleja de zinc, que puede estar disponible en el tracto respiratorio, suero y/o en fluido cerebral.

Se ha mostrado en forma adicional que Tdfl puede inducir anticuerpos bactericidas en ratones, y que estos anticuerpos son dirigidos específicamente en Tdfl. Asimismo cuando se usó una bacteria que expresa Tdfl del locus cromosómico, se pudo detectar actividad bactericida, mostrando que, durante la infección, la concentración de antígeno es lo suficientemente alta para permitir el despeje de *N. meningitidis*.

El alto nivel de conservación y la posibilidad de elevar anticuerpos bactericidas específicos de Tdfl, hace a Tdfl un candidato de vacuna excelente.

MATERIALES Y PROCEDIMIENTOS

Abreviaturas usadas: IPTG, β -D-1-tiogalactopiranosida de isopropilo; PAR, 4-(2-piridilazo)resorcinol; RPMI, medio de Roswell Park Memorial Institute 1640; Tdf, familia dependiente de TonB; TPEN, N,N,N',N'-Tetrakis(2-piridilmetil)etilendiamina; TSB, caldo de soja triptico; ICP-MS, Espectrometría de masas de plasma acoplado inductivamente.

Cepas bacterianas y condiciones de crecimiento.

Las cepas de Neisseria, descritas en la Fig. 5, son de colección de laboratorio. Excepto cuando se indica de otra forma, se llevaron a cabo experimentos con la cepa HB-1 y los mutantes de la misma. HB-1 es un derivado no encapsulado de la cepa H44/76 de serogrupo B (Bos y Tommassen, 2005). Se cultivó *N. meningitidis* sobre placas de GC agar (Oxoid) que contienen VitoX (Oxoid) y antibióticos cuando fue adecuado (kanamicina, 100 μ g/ml; cloranfenicol, 10 μ g/ml) en palmatorias a una temperatura de 37 °C. Se cultivaron cultivos líquidos en TSB (Difco) o en RPMI (Sigma) en frascos de plástico a una temperatura de 37 °C con agitación. Se agregaron IPTG, zinc, y TPEN en las concentraciones indicadas. Se agregaron metales como un cóctel (340 nM ZnSO₄, 160 nM Na₂MoO₄, 800 nM MnCl₂, 80 nM CoCl₂ y 80 nM CuSO₄ de concentración final) o como compuestos simples en las mismas concentraciones que el cóctel a menos que se indique de otra forma. Se agregó cloruro férrico como una concentración final de 8 μ M. Las cepas *E. coli* DH5 α y TOP10F' (Invitrogen) fueron usadas para clonación de rutina y BL21(DE3) (Invitrogen) para expresión. Se usó un mutante heniA de *E. coli* para evaluar el transporte de hemo de Tdfl (22). Se propagó *E. coli* en un medio LuriaBertani suplementado cuando era adecuado con 100 μ g/ml de ampicilina, 50 μ g/ml de kanamicina, o 25 μ g/ml de cloranfenicol. Para el hemo-auxótrofo C600 hemAr::kan (22) de *E. coli*, el medio fue suplementado con ácido 5- aminolevulínico.

Construcción de plásmidos y mutantes.

Todos los cebadores fueron diseñados en la secuencia de genoma MC58, usando NMB0964 (*tdfl*), NMB1730 (*tonB*), NMN0586 (*znuA*), NMB1266 (*zur*).

Para una producción de proteína de alto nivel en *E. coli* el gen *tdfl* sin la parte que codifica la secuencia de señal, fue amplificado a partir de ADN cromosómico de la cepa H44/76 mediante PCR usando los cebadores 0964-F-GATCATATGCATGAACTGAGCAATCGGTG- y 0964-R-GATGGATCCTTAAATCTTCACGTTACGCCGCC- que llevan los sitios de restricción NdeI y BamHI, respectivamente (negrita). El producto resultante fue clonado en pCRIITOP de acuerdo con la recomendación del fabricante (Invitrogen), produciendo pCRII-tdfl, y subclonados en pET11a (Novagen) usando restricción NdeI/BamHI, dando como resultado el plásmido pET11a-*tdfl*.

Para obtener la construcción de eliminación de *tdfl*, se amplificó un cartucho de gen de resistencia a kanamicina (36) mediante PCR con los cebadores Kan-R -TGACGCGTCTCGACGCTGAGGTCTGC- y Kan-F -TGTGTACAGTCGACTTCAGACGGCCACG- y se clonó después de la digestión de MluI y BsrGI en pCRII-*tdfl* digerido con las mismas enzimas. En la construcción resultante, pCKII-tdfl::kan, el cartucho de resistencia a kanamicina sustituye la región entre los pb 437 y 1344 de *tdfl*. Se usó pCRII-tdfl::kan en un PCR con los cebadores 0964-R y 0964-F y el producto resultante fue usado para transformar HB-1 (37). Se probaron colonias resistentes a kanamicina para el reemplazo del gen correcto mediante PCR.

Todo el gen *tdfl* de H44/76 fue amplificado con los cebadores Tdfl-F - GCAT**CATATGG**CACAACTACACTCAAACCC- y Tdfl-R -AT**GACGCTCT**TAAACTTCACGTTACGCCGCC- que contienen sitios de reconocimiento para NdeI y AatII (negrita), respectivamente. El producto PCR resultante fue clonado en pCRII-TOPO y subclonado en pEN11-pldA (36) usando los sitios de restricción NdeI y AatII. El plásmido resultante, pEN11-*tdfl*, constituye un plásmido de réplica de *Neisseria* que contiene un gen *lacI^Q* y un promotor *lac/tac* tándem para la expresión controlada de *tdfl*.

La construcción para generar una eliminación de *tonB* se elaboró amplificando fragmentos de ADN corriente arriba y corriente abajo del gen *tonB* usando los cebadores *tonB*-1 (GTACGATGATTGTGCCGACC), *tonB*-2 (ACTTTAAACTCC**GTCGACG**CAAG**TGACTG**CGGGGGTTAA) con sitios de restricción *AccI* (negrita) para un fragmento, y, *tonB*-3 (TTAACCCCGCAG**TGACTT**GCG**TGACG**AGTTTAAAGT) con el sitio de restricción *AccI* (negrita) y *tonB*-4 (GCCATACTGTTGCGGATTTGA) para el otro fragmento. Los dos fragmentos cada uno fueron clonados en pCRII-TOPO y posteriormente ligados entre sí usando el sitio de restricción introducido *AccI* y el sitio *SpeI* en el vector pCRII-TOPO. Se usó en forma subsecuente el sitio *AccI* para clonar el gen de transacetilasa de cloranfenicol de pKD3 (38) previamente clonado en pCRII-TOPO mediante amplificación por PCR con cebadores que contienen un sitio *AccI*. La construcción resultante fue amplificada mediante PCR usando los cebadores *tonB*-1 y *tonB*-4 y este fragmento lineal fue usado para transformar *N. meningitidis* HB-1.

El gen *zur* fue eliminado siguiendo la misma estrategia. Se amplificaron los fragmentos corriente arriba y corriente abajo en este caso con los cebadores: *zur*-1 (TCGCCGATGGCGGAATACA), *zur*-2 (CTTTCAGCGCAAAG**TGACTCCGTGACG**CGTGCCTGTTC) con el sitio de restricción *AccI* en letra negrita, *zur*-3 (GAACAGGCACGC**TGACG**AG**TGACTT**TGCGCTGAAAG) con el sitio de restricción *AccI* en letra negrita y *zur*-4 (TCCTATTGCGCAATACCCCC)

Se transformó un derivado *porA* de la cepa de *N. meningitidis* H44/76, llamado CE2001 (39) con pMF121, dando como resultado la eliminación de todo el locus de la cápsula y la producción de un lipopolisacárido con un centro externo truncado (36). Un plásmido derivado de pLAFR que contiene los genes *tonB*, *exbB* y *exbD* de *N. meningitidis* (13) se describió anteriormente.

SDS-PAGE y análisis de transferencia de Western.

Los lisados celulares fueron preparados de bacterias desarrolladas durante 6 horas. Las células se diluyeron en DO_{600nm}1, se sedimentaron, e hirvieron en 100 µl de un tampón de muestra SDS-PAGE que contiene 2 % de SDS y 5 % de 2- mercaptoetanol. Las proteínas fueron separadas mediante SDS-PAGE estándar. Los geles fueron manchados con azul brillante Coomassie o las proteínas fueron transferidas a membranas de nitrocelulosa (Protran) usando un sistema de transferencia de humedad (Biorad) en 25 mM de Tris-HCl, 192 mM de glicina, 20 % de metanol. Las membranas fueron bloqueadas durante 1 hora en PBS que contiene 0,1 % de Tween 20 y 0,5 % de Protifar (Nutricia). Los manchados fueron incubados con anticuerpos en tampón de bloqueo. Se detectó el enlace de anticuerpo usando anticuerpos secundarios conjugados con peroxidasa IgG anti-conejo de cabra (Biosource) y detección de quimioluminiscencia mejorada (Pierce).

Inmunizaciones.

Se cultivaron células BL21(DE3) que contienen pET11a-*tdfl* en LB a una DO A₆₀₀ de 0,6 después de lo cual se agregó 1 mM de IPTG y se continuó con el crecimiento durante 2 horas. La proteína Tdfl se acumuló en cuerpos de inclusión, los cuales fueron aislados tal como se describe (40), y se usó la proteína purificada para inmunizar conejos en Eurogentec. El antisuero resultante, SN1042, se usó en una dilución 1/5000.

Las vesículas de membrana externa de la cepa CE1523/pEN11-*tdfl* desarrolladas en presencia o ausencia de 1 mM de IPTG, fueron preparadas mediante extracción de desoxicolato (41) y usadas para inmunizar ratones tal como se describe (32). Los sueros de diez ratones por grupo fueron recolectados después de 42 días y reunidos. Los experimentos cumplieron con las directrices nacionales de Bélgica relevantes y con las políticas Institucionales de Glaxo SmithKline Biologicals.

RT-qPCR.

Se llevó a cabo RT-qPCR usando un Sistema Applied Biosystems 7900HT Fast Real-Time PCR y mezcla maestra verde SYBR (Applied Biosystems) de acuerdo con las recomendaciones del fabricante. Se aisló el ARN total resuspendiendo aproximadamente 4x10⁹ células *Neisseria* en 3 ml de Trizol (Invitrogen). Después de la adición de 600 µl de cloroformo y de centrifugación, se mezcló la fase superior 1:1 con etanol al 75 %. Esto se cargó en una columna de ARN II nucleospin (Macherey-Nagel), que posteriormente se lavó con tampón R3 del equipo de ARN II nucleospin y eluida con 100 µl de agua. Posteriormente el ARN fue tratado con Turbo DNA Free (Ambion) para producir ARN libre de ADN. Para generar el ADNc, se transcribió en forma inversa 1 µg de ARN total procedente de hexámeros aleatorios usando el equipo de síntesis de ADNc de alta fidelidad de transcriptor (Roche) de acuerdo con las recomendaciones del fabricante. Como un control, se prepararon muestras paralelas en las cuales la transcriptasa inversa fue omitida de la mezcla de reacción. Las PCR fueron llevadas a cabo por triplicado en un volumen de 25 µl en una placa de 96 pocillos (Applied Biosystems) con los siguientes parámetros de ciclo: 95 °C durante 10 minutos para la activación de enzima seguido de 40 ciclos a una temperatura de 95 °C durante 15

segundos y a una temperatura de 60 °C durante 1 minuto. Se llevó a cabo un trazo de fusión para asegurar que la señal se originara del amplicón específico. El análisis de datos se llevó a cabo usando un procedimiento de valor de umbral de ciclo de comparación (Applied Biosystems) para determinar los niveles de expresión relativos. Se usó la transcripción *rmpM* para normalizar todos los datos.

5 ICP-MS.

Se midieron concentraciones de zinc totales mediante ICP-MS en el laboratorio integrado del departamento de Geoquímica de la Universidad de Utrecht. Se cultivaron cepas de *N. meningitidis* en un medio RPMI de una DO_{A550} de inicio 0,1 durante 6 horas; en este punto de tiempo se tomó una muestra y el cultivo restante fue cultivado durante una hora adicional en la presencia de 1 µM de zinc. Después de esta hora, se tomó una segunda muestra. Se lavaron ambas muestras (7 ml) en solución salina tamponada con fosfato y se resuspendieron en agua, se exterminaron mediante 1 hora a una temperatura de 56 °C y se descongelaron a una temperatura de -80 °C. Posteriormente las muestras fueron descongeladas, sonicadas y filtradas a través de filtros de 0,22 µm (Millipore).

Ensayo de competición PAR.

El ensayo de competición PAR es una reacción colorimétrica en donde el color naranja del complejo de PAR-zinc, cambia a amarillo en la presencia de una proteína o compuesto químico que tiene la capacidad de liberar el zinc de PAR. El ensayo se llevó a cabo tal como se describe (42) con las siguientes modificaciones: En lugar de 50 µM se agregaron 30 µM de zinc y se midió primero la solución de PAR-zinc y posteriormente se agregaron las vesículas de membrana externa a la cubeta y se volvió a medir la solución. En esta forma se evitó el cambio de color potencial inducido en tiempo mediante UV. Posteriormente los datos fueron primero normalizados a la medida de PAR-zinc y posteriormente a la muestra de PAR solo para obtener valores de enlace de las vesículas de membrana externa. Los resultados mostrados son los datos normalizados de la absorción en 500 nm.

Ensayo bactericida de suero.

Se transformó H44/76 tipo silvestre con pEN11-tdfl y se inoculó de las placas desarrolladas durante la noche en TSB con 125 µM de FeCl₃ con o sin 1 mM de IPTG en frascos de agitación durante 3 horas a una temperatura de 37 °C hasta que se alcanzó una DO_{A550} de 0,5. El suero para ensayar se diluyó 1:100 en una solución de sal equilibrada de Hank (HBSS) (GIBCO), 0,3 % de BSA y posteriormente se diluyó en serie (pasos de dilución al doble, ocho diluciones) en un volumen de 50 µl en placas de microtitulación de 96 pocillos estériles de fondo redondo (NUNC). Las bacterias se diluyeron en HBSS, 0,3 % de BSA para producir □13.000 UFC por ml y se agregaron a las diluciones del suero muestras de 37,5 µl de la suspensión. Se incubaron las placas de microtitulación a una temperatura de 37 °C durante 15 minutos mientras se agitó. Posteriormente, se agregaron a los pocillos 12,5 µl de complemento de cría de conejo (Pelfreez) o, como control para toxicidad de los sueros, complemento desactivado por calor (56 °C durante 45 minutos). Después de 1 hora de incubación a una temperatura de 37 °C mientras se agitó, las placas de microtitulación fueron colocadas en hielo para detener el exterminio. Para cada pocillo, se aplicaron puntualmente 20 µl sobre placas GC, mientras que las placas se inclinaron para permitir que la gota "corriera" hacia abajo en la placa. Después de la incubación durante la noche, se contaron las colonias y se calculó el porcentaje de exterminio. El título bactericida fue definido como la mayor dilución en suero con rendimiento de >50 % de exterminio.

REFERENCIAS

1. Ratledge, C. 2007. Iron metabolism and infection. Food. Nutr. Bull. 28:S515-523.
2. Wandersman, C., y P. Delepelaire. 2004. Bacterial iron sources: from siderophores to hemophores. Annu. Rev. Microbiol. 58:611-647.
3. Wiener, M.C. 2005. TonB-dependent outer membrane transport: going for Baroque? Curr. Opin. Struct. Biol. 15:394-400.
4. Postle, K. 1993. TonB protein and energy transduction between membranes. J. Bioenerg. Biomembr. 25:591-601.
5. Braun, V. 2006. Energy transfer between biological membranes. ACS Chem. Biol. 1:352-354.
6. De, S.K., M.T. McMaster, y G.K. Andrews. 1990. Endotoxin induction of murine metallothionein gene expression. J. Biol. Chem. 265:15267-15274.
7. Corbin, B.D., E.H. Seeley, A. Raab, J. Feldmann, M.R. Miller, V.J. Torres, K.L. Anderson, B.M. Dattilo, P.M. Dunman, R. Gerads, R.M. Caprioli, W. Nacken, W.J. Chazin, y E.P. Skaar. 2008. Metal chelation and inhibition of bacterial growth in tissue abscesses. Science. 319:962-965.
8. Stephens, D.S., y S.M. D.S., and S.M. 2002. Pathogenesis, therapy, and prevention of meningococcal sepsis. Curr. Infect. Dis. Rep. 4:377-386.

9. Finne, J., M. Leinonen, y P.H. Mäkelä. 1983. Antigenic similarities between brain components and bacteria causing meningitis. Implications for vaccine development and pathogenesis. *Lancet*. 2:355-357.
10. Pettersson, A., A. Maas, and J. Tommassen. 1994. Identification of the *iroA* gene product of *Neisseria meningitidis* as a lactoferrin receptor. *J. Bacteriol.* 176:1764-1766.
- 5 11. Legrain, M., V. Mazarin, S.W. Irwin, B. Bouchon, M.J. Quentin-Millet, E. Jacobs, y A.B. Schryvers. 1993. Cloning and characterization of *Neisseria meningitidis* genes encoding the transferrin-binding proteins Tbp1 and Tbp2. *Gene*. 130:73-80.
12. Lewis, L.A., E. Gray, Y.P. Wang, B.A. Roe, y D.W. Dyer. 1997. Molecular characterization of *hpuAB*, the haemoglobin-haptoglobin-utilization operon of *Neisseria meningitidis*. *Mol. Microbiol.* 23:737-749.
- 10 13. Stojiljkovic, I., V. Hwa, L. de Saint Martin, P. O'Gaora, X. Nassif, F. Heffron, y M. So. 1995. The *Neisseria meningitidis* haemoglobin receptor: its role in iron utilization and virulence. *Mol. Microbiol.* 15:531-541.
14. Carson, S.D., P.E. Klebba, S.M. Newton, y P.F. Sparling. 1999. Ferric enterobactin binding and utilization by *Neisseria gonorrhoeae*. *J. Bacteriol.* 181:2895-2901.
- 15 15. Turner, P.C., C.E. Thomas, I. Stojiljkovic, C. Elkins, G. Kizel, D.A. Ala'Aldeen, y P.F. Sparling. 2001. *Neisseria* TonB-dependent outer-membrane proteins: detection, regulation and distribution of three putative candidates identified from the genome sequences. *Microbiology*. 147:1277-1290.
16. Ducey, T.F., M.B. Carson, J. Orvis, A.P. Stintzi, y D.W. Dyer. 2005. Identification of the iron-responsive genes of *Neisseria gonorrhoeae* by microarray analysis in defined medium. *J. Bacteriol.* 187:4865-4874.
- 20 17. Grifantini, R., E. Frigimelica, I. Delany, E. Bartolini, S. Giovinnazzi, S. Balloni, S. Agarwal, G. Galli, C. Genco, y G. Grandi. 2004. Characterization of a novel *Neisseria meningitidis* Fur and iron-regulated operon required for protection from oxidative stress: utility of DNA microarray in the assignment of the biological role of hypothetical genes. *Mol. Microbiol.* 54:962-979.
- 25 18. Dove, J.E., K. Yasukawa, C.R. Tinsley, y X. Nassif. 2003. Production of the signalling molecule, autoinducer-2, by *Neisseria meningitidis*: lack of evidence for a concerted transcriptional response. *Microbiology*. 149:1859-1869.
19. Altschul, S.F., T.L. Madden, A.A. Schaffer, J. Zhang, Z. Zhang, W. Miller, y D.J. Lipman. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.
- 30 20. Furano, K., y A.A. Campagnari. 2004. Identification of a hemin utilization protein of *Moraxella catarrhalis* (HumA). *Infect. Immun.* 72:6426-6432.
21. Mazoy, R., y M.L. Lemos. 1996. Identification of heme-binding proteins in the cell membranes of *Vibrio anguillarum*. *FEMS Microbiol. Lett.* 135:265-270.
22. Ghigo, J.M., S. Létoffé, y C. Wandersman. 1997. A new type of hemophore-dependent heme acquisition system of *Serratia marcescens* reconstituted in *Escherichia coli*. *J. Bacteriol.* 179:3572-3579.
- 35 23. Patzer, S.I., y K. Hantke. 1998. The ZnuABC high-affinity zinc uptake system and its regulator Zur in *Escherichia coli*. *Mol. Microbiol.* 28:1199-1210.
24. Ferguson, A.D., E. Hofmann, J.W. Coulton, K. Diederichs, y W. Welte. 1998. Siderophore-mediated iron transport: crystal structure of FhuA with bound lipopolysaccharide. *Science*. 282:2215-2220.
- 40 25. Yatsunyk, L.A., J.A. Easton, L.R. Kim, S.A. Sugarbaker, B. Bennett, R.M. Breece, Vorontsov, II, D.L. Tierney, M. W. Crowder, y A.C. Rosenzweig. 2008. Structure and metal binding properties of ZnuA, a periplasmic zinc transporter from *Escherichia coli*. *J. Biol. Inorg. Chem.* 13:271-288.
- 45 26. Bentley, S.D., G.S. Vernikos, L.A. Snyder, C. Churcher, C. Arrowsmith, T. Chillingworth, A. Cronin, P.H. Davis, N. E. Holroyd, K. Jagels, M. Maddison, S. Moule, E. Rabinowitsch, S. Sharp, L. Unwin, S. Whitehead, M.A. Quail, M. Achtman, B. Barrell, N.J. Saunders, y J. Parkhill. 2007. Meningococcal genetic variation mechanisms viewed through comparative analysis of serogroup C strain FAM18. *PLoS Genet.* 3:e23.
27. Dempsey, J.A., W. Litaker, A. Madhure, T.L. Snodgrass, y J.G. Cannon. 1991. Physical map of the chromosome of *Neisseria gonorrhoeae* FA1090 with locations of genetic markers, including *opa* and *pil* genes. *J. Bacteriol.* 173:5476-5486.
- 50 28. Parkhill, J., M. Achtman, K.D. James, S.D. Bentley, C. Churcher, S.R. Klee, G. Morelli, D. Basham, D. Brown, T. Chillingworth, R.M. Davies, P. Davis, K. Devlin, T. Feltwell, N. Hamlin, S. Holroyd, K. Jagels, S. Leather, S.

- Moule, K. Mungall, M.A. Quail, M.A. Rajandream, K.M. Rutherford, M. Simmonds, J. Skelton, S. Whitehead, B.G. Spratt, y B.G. Barrell. 2000. Complete DNA sequence of a serogroup A strain of *Neisseria meningitidis* Z2491. *Nature*. 404:502-506.
- 5 29. Tettelin, H., N.J. Saunders, J. Heidelberg, A.C. Jeffries, K.E. Nelson, J.A. Eisen, K.A. Ketchum, D.W. Hood, J.F. Peden, R.J. Dodson, W.C. Nelson, M.L. Gwinn, R. DeBoy, J.D. Peterson, E.K. Hickey, D.H. Haft, S.L. Salzberg, O. White, R.D. Fleischmann, B.A. Dougherty, T. Mason, A. Ciecko, D.S. Parksey, E. Blair, H. Cittone, E.B. Clark, M.D. Cotton, T.R. Utterback, H. Khouri, H. Qin, J. Vamathevan, J. Gill, V. Scarlato, V. Massignani, M. Pizza, G. Grandi, L. Sun, H.O. Smith, C.M. Fraser, E.R. Moxon, R. Rappuoli, y J.C. Venter. 2000. Complete genome sequence of *Neisseria meningitidis* serogroup B strain MC58. *Science*. 287:1809-1815.
- 10 30. Chen, C.Y., y S.A. Morse. 2001. Identification and characterization of a high-affinity zinc uptake system in *Neisseria gonorrhoeae*. *FEMS Microbiol. Lett.* 202:67-71.
31. Ammendola, Ammendola, P. Pasquali, C. Pistoia, P. Petrucci, P. Petrarca, G. Rotilio, and A. Battistoni. 2007. The high affinity Zn²⁺ uptake system ZnuABC is required for bacterial zinc homeostasis in intracellular environments and contributes to virulence of *Salmonella enterica*. *Infect. Immun.* 75:5867-5876.
- 15 32. Stewart, A.J., C.A. Blindauer, S. Berezenko, D. Sleep, y P.J. Sadler. 2003. Interdomain zinc site on human albumin. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 100:3701-3706.
33. Wu, H.J., K.L. Seib, Y.N. Srikhanta, S.P. Kidd, J.L. Edwards, T.L. Maguire, S.M. Grimmond, M.A. Apicella, A.G. McEwan, y M.P. Jennings. 2006. PerR controls Mn-dependent resistance to oxidative stress in *Neisseria gonorrhoeae*. *Mol. Microbiol.* 60:401-416.
- 20 34. Nanamiya, H., G. Akanuma, Y. Natori, R. Murayama, S. Kosono, T. Kudo, K. Kobayashi, N. Ogasawara, S.M. Park, K. Ochi, y F. Kawamura. 2004. Zinc is a key factor in controlling alternation of two types of L31 protein in the *Bacillus subtilis* ribosome. *Mol. Microbiol.* 52:273-283.
35. Hagen, T.A., y C.N. Cornelissen. 2006. *Neisseria gonorrhoeae* requires expression of TonB and the putative transporter TdfF to replicate within cervical epithelial cells. *Mol. Microbiol.* 62:1144-1157.
- 25 36. Bos, M.P., B. Tefsen, P. Voet, V. Weynants, J.P.M. van Putten, and J. Tommassen. 2005. Function of neisserial outer membrane phospholipase A in autolysis and assessment of its vaccine potential. *Infect. Immun.* 73:2222-2231.
37. Voulhoux, R., M.P. Bos, J. Geurtsen, M. Mols, y J. Tommassen. 2003. Role of a highly conserved bacterial protein in outer membrane protein assembly. *Science*. 299:262-265.
- 30 38. Datsenko, K.A., y B.L. Wanner. 2000. One-step inactivation of chromosomal genes in *Escherichia coli* K-12 using PCR products. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 97:6640-6645.
39. Tommassen, J., P. Vermeij, M. Struyvé, R. Benz, y J.T. Poolman. 1990. Isolation of *Neisseria meningitidis* mutants deficient in class 1 (PorA) and class 3 (PorB) outer membrane proteins. *Infect. Immun.* 58:1355-1359.
- 35 40. Dekker, N., K. Merck, J. Tommassen, y H.M. Verheij. 1995. In vitro folding of *Escherichia coli* outer-membrane phospholipase A. *Eur. J. Biochem.* 232:214-219.
41. Weynants, V.E., C.M. Feron, K.K. Goraj, M.P. Bos, P.A. Denoel, V.G. Verlant, J. Tommassen, I.R. Peak, R.C. Judd, M.P. Jennings, y J.T. Poolman. 2007. Additive and synergistic bactericidal activity of antibodies directed against minor outer membrane proteins of *Neisseria meningitidis*. *Infect. Immun.* 75:5434-5442.
- 40 42. Lim, K.H., C.E. Jones, R.N. vanden Hoven, J.L. Edwards, M.L. Falsetta, M.A. Apicella, M.P. Jennings, y A.G. McEwan. 2008. Metal binding specificity of the MntABC permease of *Neisseria gonorrhoeae* and its influence on bacterial growth and interaction with cervical epithelial cells. *Infect. Immun.* 76:3569-3576.

Tabla 1. Conservación de la secuencia de proteína de Tdfl madura en las cepas de *Neisseria* secuenciadas.

Similitud (%)	Identidad (%)							
	Cepa	MC58	Fam18	Z2491	053442	FA1090	NCCP 11945	ST-640
	<i>N. meningitidis</i> MC58		730/73 4 (99,5)	720/73 4 (98,1)	720/73 4 (98,1)	706/734 (96,2)	707/73 4 (96,3)	712/734 (97,0)
	<i>N. meningitidis</i> Fam18	733/73 4 (99,9)		722/73 4 (98,4)	718/73 4 (97,8)	705/734 (96,0)	706/73 4 (96,2)	712/734 (97,0)
	<i>N. meningitidis</i> Z2491	725/73 4 (98,8)	726/73 4 (98,9)		716/73 4 (97,5)	707/734 (96,3)	706/73 4 (96,2)	710/734 (96,7)
	<i>N. meningitidis</i> 053442	726/73 4 (98,9)	727/73 4 (99,0)	723/73 4 (98,5)		706/734 (96,2)	707/73 4 (96,3)	707/734 (96,3)
	<i>N. gonorrhoeae</i> FA1090	715/73 4 (97,4)	714/73 4 (97,3)	714/73 4 (97,3)	715/73 4 (97,4)		733/73 4 (99,9)	702/734 (95,6)
	<i>N. gonorrhoeae</i> NCCP11945	716/73 4 (97,5)	715/73 4 (97,4)	713/73 4 (97,1)	716/73 4 (97,5)	733/734 (99,9)		701/734 (95,5)
	<i>N. lactamica</i> ST-640	717/73 4 (97,7)	718/73 4 (97,8)	718/73 4 (97,8)	715/73 4 (97,4)	711/734 (96,9)	710/73 4 (96,7)	

Ejemplo 3: ZnuD: un candidato de vacuna potencial para una vacuna de *Neisseria meningitidis* simple y universal

RESUMEN

- 5 La *Neisseria meningitidis* del serogrupo B es una causa principal de la sepsis bacteriana y la meningitis en poblaciones más jóvenes. Las vacunas disponibles están basadas en vesículas de membrana externa obtenidas a partir de cepas de tipo salvaje. Sin embargo, en niños pequeños y lactantes, confieren protección únicamente contra cepas que expresan homólogos de PorA, una proteína de membrana externa principal y variable. En la búsqueda por identificar antígenos que permiten el desarrollo de vacunas capaces de prevenir la infección meningocócica en las poblaciones más jóvenes, la ZnuD (TdfI) se ha identificado como un candidato potencial. En este caso, hemos extendido el análisis del valor potencial de ZnuD mostrando que es un antígeno muy bien conservado expresado por todas las cepas de *N. meningitidis* del serogrupo B analizadas cuando se cultivan con limitación de zinc, induce anticuerpos trans-bactericidas contra la mayoría de cepas analizadas, sea cual sea el serogrupo, y también se expresa durante la infección y lo más probable durante el transporte. Además, los anticuerpos anti-ZnuD son capaces de mediar la destrucción complementaria de cepas que no han sido destruidos por la proteína de unión al factor H anti-humano (fHBP).

INTRODUCCIÓN

- La *Neisseria meningitidis* es una bacteria encapsulada gramnegativa. Es un patógeno humano obligatoria que coloniza asintóticamente las vías respiratorias superiores de aproximadamente el 10 % de la población adulta. De manera ocasional, Se transloca al torrente sanguíneo resultando en bacteriemia con posible progresión a meningitis y muerte. La *N. meningitidis* es una de las infecciones bacterianas más temidas debido a su rápida progresión y tendencia a causar epidemia. Esta bacteria está clasificada en 13 serogrupos basándose en la composición química de los polisacáridos capsulares. Sin embargo, solo los serogrupos A, B, C, Y y W-135 y en menor medida X, se han asociado con la enfermedad. Vacunas de polisacáridos conjugadas que proporcionan una inmunidad eficaz en humanos se están volviendo disponibles para los serogrupos A, C, y W135. Desafortunadamente, el enfoque de conjugados no puede aplicarse fácilmente al serogrupo B (MenB) ya que su polisacárido capsular comparte similitud estructural con las glicoproteínas del hospedador polisialiladas, tal como la molécula de adhesión celular neural.

La primera generación de vacunas de MenB se basaron en vesículas de membrana externa (VME) purificadas después de extracción de detergente para reducir el contenido de lipooligosacárido (LOS). PorA es una de las

proteínas de membrana externa más abundante (PME) y un componente inmunodominante en estas VME. Sin embargo, la PorA muestra una alta variabilidad antigénica que limita la eficacia de las vacunas a base de VME, especialmente por debajo de 2-4 años de edad; un grupo de edad que totalizó alrededor del 50 % de los casos de MeB en Europa con una incidencia de aproximadamente 16/100.000 bebés por debajo de 1 año de edad. Para superar esta limitación, se ha explorado el uso de PME menores conservadas.

Recientemente, se reconoció el potencial que tenía como candidato de vacuna una PVE integral. Esta proteína, denominada ZnuD por el componente D de absorción de zinc, se expresa con limitación de zinc y está involucrada en la absorción de zinc. Basándose en el potencial de esta vacuna como candidato de vacuna, hemos extendido su estudio, buscando la presencia de anticuerpos anti-ZnuD en humanos, su potencial para inducir anticuerpos trans-bactericidas y confirmar que esta proteína se conserva bien y expresa todas las cepas de *N. meningitidis* probadas, sea cual sea el serogrupo, con la excepción de unas pocas cepas del serogrupo Y a partir del complejo clonal ST-23.

RESULTADOS

ZnuD es inmunogénico y se expresa en humanos.

ZnuD no se expresa por *N. meningitidis* cultivándose en medio de cultivo agar clásico excepto después de la adición de quelante de zinc tal como TPEN, cuestionando su expresión en el hospedador. Un modo indirecto para demostrar que ZnuD se expresa en humanos es evaluar la presencia de anticuerpos anti-ZnuD en suero a partir de paciente convalecientes y/o portadores sanos. A tal fin, se usó un enfoque de conjunto de péptidos que cubría un 77 % de la proteína no madura.

El suero a partir de 12 pacientes convalecientes a partir de 11 portadores se evaluó de 3 a 5 veces en este conjunto de péptidos. La Figura 10 muestra la intensidad de las respuestas individuales entre los dos grupos de sujetos. Tanto la intensidad de las respuestas frente a los péptidos y la cantidad de péptidos reconocidos por el suero fueron mayores en el grupo convaleciente que en el grupo de portadores. Todo el suero convaleciente reaccionó al menos contra los mismos 5 péptidos no consecutivos indicando que ZnuD se expresa claramente durante la infección. La presencia de anticuerpos en suero transportador que reaccionada frente a algunos péptidos también sugiere que el ZnuD se expresa durante la colonización de las vías respiratorias superiores.

Desarrollo de condiciones de cultivo relevantes para evaluar el potencial de vacuna de ZnuD

Tal como se ha demostrado previamente, anticuerpos de anti-ZnuD son capaces de mediar la destrucción complementaria de su cepa homóloga modificada genéticamente para sobreexpresar ZnuD. La evaluación del potencial trans-bactericida de anticuerpos ZnuD usando un gran panel de cepas no permite modificar genéticamente todas estas cepas. Puesto que, la expresión de ZnuD es regulada por Zur, hemos identificado la cantidad de quelante de zinc necesario para conseguir el mismo nivel de expresión de ZnuD mediante una cepa de tipo salvaje que una cepa de *zur* delta. Esto se logró usando 20 µM de TPEN en placas de MH (Figura 11).

ZnuD es un antígeno muy bien conservado y expresado por todas las cepas de *Neisseria meningitidis* excepto algunas cepas de serogrupo Y alemanas a partir del complejo clonal ST23.

También se ha demostrado que ZnuD se expresa por todas las cepas pero una sobre un panel de 132 cepas a partir del serogrupo A, B, C, W-135 y Y. Esto se extendió y confirmó para 43 cepas adicionales, incluyendo 2 cepas de cada serogrupo A, C, W-135 y Y y 30 cepas de serogrupo B aisladas desde 2005 a partir de sujetos convalecientes ubicados en Reino Unido, España y Alemania. A nivel mundial, de las 175 cepas probadas, solo una no expresó ZnuD. Esta cepa es un serogrupo Y a partir de complejo clonal ST-23 aislados en un paciente alemán.

Se puso especial atención a las cepas del serogrupo Y a partir de este complejo clonal ST-23. Siete cepas, aisladas en Alemania se analizaron y no expresaron ZnuD. El análisis de secuencia ha revelado para 4 cepas una mutación de parada debido a la delección de nucleótidos única. Tres de ellas tuvieron la delección en la misma posición.

Znu D induce anticuerpos trans-bactericidas frente a serogrupos A, B, C, W-135 e Y

La demostración de la expresión e inmunogenicidad de ZnuD en humanos nos impulsó a evaluar más profundamente el potencial de ZnuD como un antígeno de vacuna de *N. meningitidis* universal. A tal fin, se produjeron VME a partir de dos cepas que sobreexpresaban ZnuD o no. Estas dos cepas tienen antecedentes similares ya que ambas están derivadas de la cepa H44/76 que expresa una familia B de fHbp. Para evitar la presencia de polisacárido capsular residual en preparaciones de VME y la inducción de anticuerpos bactericidas anti-LOS y específicos de PorA, se llevaron a cabo mutaciones de delección de *galE* y *porA* en ambas cepas.

El análisis SDS-PAGE sugirió que ZnuD representa aproximadamente el 15 % del contenido de proteínas de VME producido a partir de las cepas que se sobreexpresan mientras que ZnuD no se observa en las preparaciones de VME de control (Figura 12a). Pudes que fHbp se describió que era muy inmunogénica cuando se presentaba en las VME, su contenido se analizó mediante ELISA. Se estimó que la cantidad de fHbp en VME de ZnuD era 4 veces mayor que en las VME de control (Figura 12b). Ratones y cobayas fueron inmunizados tres veces con VME adsorbidas sobre AIPO4. Se obtuvieron muestras de suero 2 semanas después de la tercera inmunización y se

agruparon para conseguir 3 grupos de suero por grupo.

Se usó ELISA para evaluar la respuesta frente a ZnuD y fHbp (Tabla 3). La inmunización con VME de control indujo pocos o no indujo anticuerpos anti-ZnuD en tanto ratones como cobayas (GMT = 73 y 10 EU/ml, respectivamente). Como era de esperar, se midió un alto contenido de anticuerpos anti-ZnuD en el suero a partir de animales inmunizados con VME de ZnuD (GMT = 15096 y 5893 EU/ml, respectivamente). De forma sorprendente, la inmunogenicidad de fHbp parece ser distinta entre ratones y cobayas. El nivel de anticuerpos de anti-fHbp en suero a partir cobayas inmunizadas con VME de control o de ZnuD son claramente inferiores (335 y 2733 EU/ml, respectivamente) en comparación con suero de ratones (1342 y 59314 EU/ml, respectivamente). El nivel distinto de anticuerpos anti-fHbp entre suero de VME de anti-control y VME anti-ZnuD está en línea con la cantidad distinta de fHbp en VME de control y de ZnuD.

El suero agrupado se analizó en SBE frente a un panel de 14 cepas de *N. meningitidis* de serogrupo B cultivadas con o sin TPEN. Seis de estas cepas se usan regularmente mediante el HPA para la evaluación de vacuna de MenB. Este panel incluye dos cepas epidémicas (H44/76 y NZ98/254) así como 4 cepas de los 4 serosubtipos más predominantes en el Reino Unido que eran responsables del 59,3 % de la enfermedad de MenB en el 2000 y 2001 (M01-240013, M01-240101, M01-240149 e M01-240355). La expresión de ZnuD, en presencia de TPEN, se confirmó mediante análisis de transferencia Western para todas estas 14 cepas. Además, debido a la presente de anticuerpos anti-fHbp en suero a partir de animales inmunizados con VME, una grupo de suero a partir de ratones inmunizados con fHbo B recombinante también se evaluó en el ensayo bactericida (Tabla 3).

La actividad bactericida de anticuerpos anti-fHbp está relacionada con el nivel de expresión de fHbp por las bacterias y es específico a la familia. Usando condiciones de cultivo clásicas, solo 5 cepas, que expresaban un nivel de medio (+/-) a alto (++) de fHbp B, se exterminaron mediante suero de anti-fHbo B (punto de corte de positividad fijado en 128), mientras que ninguna de las cepas que expresaban o fHbp A o un bajo nivel de fHbp B fueron destruidas. En presencia de TPEN, las mismas 5 cepas más dos (NZ124 y DE10690-06) se destruyen mediante anticuerpos anti-fHbp B. Títulos de SBA, obtenidos en presencia o ausencia de TPEN, son universalmente similares con una tendencia a medir títulos ligeramente superiores en presencia de TPEN. Esto sugiere que la sensibilidad de las cepas con respecto a la destrucción complementaria mediada por anticuerpos no se ve aumentada de forma dramática en presencia del quelante.

Suero de ratones inmunizados con VME de control no fue capaz de medir la destrucción complementaria de cepas cuando se cultivó en ausencia de TPEN. En presencia de quelante, solo tres cepas mostraron títulos de SBA justo por encima del punto de corte. Puesto que estas 3 cepas fueron destruidas mediante anticuerpos anti-fHbp B, la destrucción observada con suero de VME anti-control se debe lo más probablemente a la presencia de anticuerpos anti-fHbo y una sensibilidad ligeramente aumentada de las cepas con respecto a la destrucción complementaria cuando se cultivan con TPEN. El papel de estos anticuerpos anti-fHbo se demostró claramente para una de estas 3 cepas mediante la realización de ensayo bactericida con una cepa *ΔfHbp* H44/76 (Tabla 4). La ausencia de destrucción por suero a partir de cobayas inmunizadas con VME de control se espera y atribuye a la baja inmunogenicidad de fHbp en esta especie tal como es sugerido por los resultados de ELISA.

En ausencia de quelante de zinc, suero de ratones inmunizados con VME de ZnuD no mediaron la destrucción complementaria de las cepas evaluadas excepto cuatro. Estas cuatro cepas también son destruidas por anticuerpos anti-fHbp. El papel de estos anticuerpos anti-fHbo se demostró claramente para la cepa H44/76 mediante la realización de ensayo bactericida con una cepa *ΔfHbp* H44/76 (Tabla 4). El mismo suero de VME anti-ZnuD analizado en un ensayo bactericida que permite la expresión de ZnuD permite mediar la destrucción de 12 de las 14 cepas probadas. Se observaron resultados similares con suero de cobayas. En ausencia de TPEN en el medio de cultivo, las cepas no fueron destruidas en presencia del complemento activo excepto tres. De nuevo, para una de estas tres cepas, H44/76, el papel de los anticuerpos anti-fHbp se demostró usando una cepa *ΔfHbp*. En presencia de TPEN, todas las cepas excepto dos fueron destruidas con títulos de SBA claramente por encima del punto de corte. Las dos cepas que no fueron destruidas son las mismas cepas que no fueron destruidas por el suero de ratón. La expresión de ZnuD por estas dos cepas (760676 y M05-024072) se demostró mediante análisis de transferencia Western.

Un tercer grupo de ratones y cobayas fue inmunizado con VME purificadas a partir de una cepa H44/76 que sobreexpresaba un antígeno irrelevante. En ausencia o presencia de TPEN en el ensayo bactericida de suero, los resultados son similares a los resultados observados con el suero de control (datos no mostrados). Además, también se llevó a cabo un ensayo bactericida sobre una cepa de capa serogrupo, A, C, W-135 e Y, confirmando la actividad trans-bactericida de anticuerpos anti-ZnuD frente a estos cuatro serogrupos (datos no mostrados).

Confirmación de ZnuD y fHbp como diana de anticuerpo bactericidas

Para confirmar que ZnuD es una diana principal de anticuerpos bactericidas y porque existe una tendencia a observar títulos bactericidas superiores en presencia de TPEN, se usó una cepa H44/76 de *znuD* delta en ensayos bactericidas con o sin TPEN (Tabla 4).

En ausencia de TPEN, los títulos de SBA fueron similares entre las cepas H44/76 WT y *znuD* delta, sea cual sea el

origen del suero (especie animal y VME usados para la inmunización). En esta condición bactericida, no se observó destrucción con la cepa *fHbp delta*. Estos resultados demuestran que fHbp es una diana principal de anticuerpos bactericidas en ausencia de expresión de ZnuD.

En presencia de TPEN, la cepa *fHbp delta* no fue destruida por suero a partir de animales de control mientras que títulos similares se midieron tanto en la cepa de *znuD delta* y la cepa WT H44/76. Como era de esperar, cuando se usó suero de VME anti-ZnuD, los títulos bactericidas fueron inferiores para la cepa de *znuD* en comparación con H44/76.

Estos resultados demuestran que las VME de ZnuD han inducido tanto anticuerpos anti-fHbp como anti-ZnuD, mientras que las VME de control solo han provocado la producción de anticuerpos anti-fHbp. Los resultados también demuestran que la co-expresión de fHbp y ZnuD no se requiere para inducir la destrucción complementaria mediada por anticuerpos bactericidas.

DISCUSIÓN

ZnuD no se expresa en medio de cultivo clásico tal como medio Mueller Hinton o medio de caldo de soja triptico. Estos medios se desarrollaron para el cultivo de microorganismos delicados y de este modo son ricos en oligoelementos. En MH agar, la cantidad total de zinc varía de 200 µg a 450 µg/L dependiendo del fabricante. En tal medio, zinc libre está probablemente disponible en tal concentración de modo que *N. meningitidis* no requiere expresar específicamente un receptor de membrana externa dedicado en la adquisición de zinc debido a que la difusión pasiva de zinc a través de porinas no específicas es probablemente suficiente para permitir el cultivo de la bacteria. En suero bovino, la cantidad de zinc libre se estima aproximadamente de 0,01 µg/L (0,15 nM) correspondiendo a aproximadamente 0,0008 % de la cantidad total de zinc en el suero (800 µg/L). En niños, la concentración total de zinc se estima aproximadamente en 750 µg/L y, por extrapolación, el zinc libre debe ser también aproximadamente 0,01 µg/L. En fluidos cerebroespinales, la concentración total de zinc es de aproximadamente 111 µg/L. La expresión de ZnuD en humano se demostró indirectamente mediante la detección de anticuerpos en suero a partir de pacientes convalecientes. Los resultados del conjunto de péptidos, también sugiere una expresión en los transportadores. Basándose en la intensidad de la señal medida en el conjunto de péptidos, sería incorrecto concluir que la expresión de ZnuD en las vías respiratorias superiores es inferior que en la sangre. De hecho, el experimento se diseñó para detectar suero de IgG que refleje pobremente una respuesta inmune en las mucosas inducida por la colonización de microorganismos. Experimentos en curso pretenden demostrar la expresión *in vivo* de ZnuD realizando la tinción de *N. meningitidis* directamente en los fluidos cerebroespinales de pacientes graves.

Para permitir la expresión de ZnuD en medio clásico, se requiere el uso de quelante de zinc. Esto no establece un precedente porque el uso de quelante de metal ya se describió para demostrar el potencial de proteínas de unión a hierro tales como TbpA/B. Sin embargo, el impacto de la concentración de TPEN sobre el nivel de expresión de ZnuD se investigó (datos no mostrados) con el fin de seleccionar una concentración que debería corresponderse con el nivel de expresión de ZnuD *in vivo*. A tal fin, la expresión de ZnuD en una cepa *zur delta* se usó como punto de referencia. A partir de experimentos de intervalo de dosis, se seleccionó la concentración de 20 µM de TPEN. Cabe señalar que en el intento de evitar el uso de quelante, existen otros medios en evaluación. Se obtuvieron resultados prometedores con el medio de Catlin que es un medio químicamente definido desarrollado previamente para el cultivo de Neisseria. El análisis por citometría de flujo sugiere que la expresión de ZnuD en este medio es similar a la expresión de ZnuD mediante una cepa *zur delta* que se cultiva sobre MH agar (datos no mostrados).

Usando la condición de cultivo seleccionada para imitar potencialmente la expresión *in vivo* de ZnuD (MH agar + 20 µM TPEN), se evaluó un panel de 43 cepas para la expresión de esta PME. Se detectó ZnuD en todas estas cepas. A nivel mundial, 182 cepas de *N. meningitidis* se analizaron para su expresión de ZnuD. La expresión de ZnuD se demostró en todas las cepas excepto en 7 cepas del serogrupo Y todas aisladas recientemente en Alemania y a partir del complejo clonal ST-23. Para 4 de ellas, la ausencia de expresión estuvo unida a una mutación de parada, para las 3 cepas restantes, no existe explicación basándose en el análisis de secuencia de nucleótidos. Se pondrá una atención más cuidadosa para evaluar la expresión de ZnuD en cepas de serogrupo Y, porque su expresión se demostró en cepas MenY más viejas.

Puesto que ZnuD es una PME integral, hemos seleccionados VME para su presentación al sistema inmune. Estas VME se extrajeron a partir de una cepa *ΔgalEand ΔporA* H44/76 mediante 0,5 % de DOC para reducir el contenido de LOS. En tales condiciones, hemos demostrado previamente que este tipo de VME no induce la producción de anticuerpos bactericidas dirigidos contra los LOS. Los ratones y cobayas inducidos con VME de control indujeron una respuesta bactericida limitada frente a pocas cepas. Esta respuesta protectora está relacionada lo más probablemente a la producción de algunos anticuerpos anti-fHbp tal como se ha demostrado por su presencia en ELISA y por el uso de la cepa *ΔfHbp* en el ensayo bactericida. Los resultados también sugirieron que la fHbp es una proteína altamente inmunogénica, especialmente en ratones, cuando se presenta en su conformación natural en VME incluso si está presente en una baja cantidad en estas VME debido al uso de detergente para la extracción de las vesículas. Tanto ratones como cobayas inmunizados con VME de ZnuD han provocado la producción de anticuerpos anti-ZnuD. Basándose en los datos de ELISA, la inmunogenicidad de ZnuD en las dos especies parece ser bastante similar en contraste con fHbp. El suero de VME de anti-ZnuD fue capaz de mediar la destrucción

complementaria de todas las cepas analizadas sea cual sea el serogrupo pero solo en condiciones de cultivo permitiendo la expresión de ZnuD. La excepción son dos cepas del serogrupo B para las cuales la ausencia de destrucción no se debe a la ausencia de expresión de ZnuD. Se están llevando a cabo investigaciones adicionales para explicar esta ausencia de destrucción. Entre las cepas destruidas dos son de interés puesto que se han usado recientemente en un ensayo clínico de niños que evalúa la transprotección inducida por una vacuna multivalente basándose en 5 proteínas y VME derivadas a partir de la cepa NZ98/254. Suero a partir de sujetos inmunizados con esta vacuna de complejo no mediaron la destrucción de la cepa M01-240355 y solo el 50 % de los niños han demostrado una trans-protección frente a la cepa M01-240101 en la edad de 1 año. Estas dos cepas se aislaron en el Reino Unido y son de complejos clonales ST-213 y ST-269, respectivamente. Estos dos complejos clonales representan el 39 % de las cepas de MenB aisladas a partir de casos de Reino Unido en el 2008. En los presentes experimentos preclínicos, tanto ratones como cobayas inmunizados con VME de ZnuD han provocado una elevada respuesta bactericida frente a estas dos cepas (títulos de SBA de conejo > 1700). Para la cepa M01-240355, esta destrucción no se debe a la co-presencia de anticuerpos de anti-ZnuD y anti-fHbp B puesto que esta cepa expresa fHbp A. Además, hemos confirmado que la cepa M01-240101 también es destruida mediante anticuerpos anti-ZnuD en presencia de complemento humano (datos no mostrados).

En conclusión, ZnuD es una proteína muy bien conservada, expresada por todas las cepas del serogrupo B y es capaz de mediar una respuesta trans-bactericida frente a la mayoría de cepas del serogrupo B analizadas y también frente a las cepas del serogrupo A, C, W y Y. Una ventaja de ZnuD es que la ZnuD está muy bien conservada y hasta el momento solo se describe una familia. Una vacuna más completa podría combinar tanto fHbp como ZnuD.

Ejemplo 4: unión de calprotectina a TdfH

La calprotectina se produce mediante neutrófilos, macrófagos y epitelio escamoso. Se usa como herramienta de diagnóstica en heces para la enfermedad intestinal inflamatoria. Además se regula positivamente al entrar en contacto con LPS y puede encontrarse en fluido cerebroespinal cuando el paciente tiene meningitis. La calprotectina es un heterotetramero de las proteínas humanas S100A8 y S100A9 y puede enlazar dos átomos de zinc o manganeso. Cuando se salpica calprotectina sobre una placa en la que se encuentra en la placa *Neisseria* en una capa confluyente existe una inhibición inicial de crecimiento, debido a la formación de complejos de zinc y/o manganeso. Creemos que *Neisseria* puede tomar el zinc y/o manganeso a partir solo de uno de los sitios de unión (el sitio de baja afinidad). El aclaramiento inicial viene a partir de la formación de complejos de zinc y/o manganeso al sitio de alta afinidad, causando la inhibición de crecimiento. También cuando el sitio de baja afinidad se va cargando con zinc y/o manganeso la *Neisseria* puede usar estos metales tomándolos a través de la TdfH. Por lo tanto, después del aclaramiento, se observa crecimiento en la zona de aclaramiento. Además, el procedimiento de absorción necesita energía a partir de la fuerza motora de protones en la membrana interna que se lanza hacia la membrana externa mediante TONB, tal como se muestra por la carencia de crecimiento del mutante TONB en la zona de aclaramiento.

Cepa	Crecimiento en zona de aclaramiento
H44/76 cps-	Sí
TdfH K.O.	No
TdfI K.O.	Sí
TdfH/TdfI K.O.	No
TonB K.O.	No

Se usó un derivado de pEN11 que expresaba TdfH en altas cantidades para evaluar si la TdfH puede unirse a calprotectina. Se cultivó B2540 con pEN11-TdfH-terminal en medio de TSB medium con y sin 1mM de IPTG. Se tomaron 1 DO_{550nm} de bacterias después de 6 horas de crecimiento y se lavaron una vez en HBSS. Las bacterias se resuspendieron en 1ml de HBSS y se agregaron 4 ug de calprotectina. La calprotectina se dejó que se uniera durante 1 hora después de la cual las células se lavaron dos veces en HBSS. El sedimento se resuspendió a continuación en tampón de muestras y se hirvió durante 10 minutos. Los lisados a continuación se analizaron mediante SDS-PAGE y transferencia western con anti-calprotectina (Figura 15).

Como se muestra en la Figura 15, una señal fue detectable pero fue más débil de lo esperado para la cantidad de TdfH presente en las muestras. A continuación se investigó si la unión es mejor cuando el zinc o manganeso se agrega a la etapa de unión (Figura 16). De forma más significativa, se unió más calprotectina a TdfH cuando había zinc o manganeso presente.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> GlaxoSmithKline Biologicals S.A.

<120> PME de adquisición de zinc a partir de bacterias gramnegativas

<130> VB64166

<150> US 61/312959

<151> 11/03/2010

<160> 119

<170> PatentIn versión 3.5

5

<210> 1

<211> 758

<212> PRT

<213> Neisseria meningitidis MC58

<400> 1

```

Met Ala Gln Thr Thr Leu Lys Pro Ile Val Leu Ser Ile Leu Leu Ile
1           5           10           15

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

Leu Glu Thr Val Ser Val Val Gly Lys Ser Arg Pro Arg Ala Thr Ser
          35           40           45

Gly Leu Leu His Thr Ser Thr Ala Ser Asp Lys Ile Ile Ser Gly Asp
50           55           60

Thr Leu Arg Gln Lys Ala Val Asn Leu Gly Asp Ala Leu Asp Gly Val
65           70           75           80

Pro Gly Ile His Ala Ser Gln Tyr Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro Val
          85           90           95

Ile Arg Gly Gln Thr Gly Arg Arg Ile Lys Val Leu Asn His His Gly
          100          105          110

Glu Thr Gly Asp Met Ala Asp Phe Ser Pro Asp His Ala Ile Met Val
          115          120          125

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

Leu Leu Tyr Ser Ser Gly Asn Val Ala Gly Leu Val Asp Val Ala Asp
145          150          155          160

Gly Lys Ile Pro Glu Lys Met Pro Glu Asn Gly Val Ser Gly Glu Leu
          165          170          175

```

10

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

690

695

700

Asn Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Arg Asn Thr Arg Tyr Gly Glu Trp Asn
705 710 715 720

Trp Tyr Val Lys Ala Asp Asn Leu Leu Asn Gln Ser Val Tyr Ala His
725 730 735

Ser Ser Phe Leu Ser Asp Thr Pro Gln Met Gly Arg Ser Phe Thr Gly
740 745 750

Gly Val Asn Val Lys Phe
755

<210> 2

<211> 695

<212> PRT

<213> Acidovorax sp JS42

<400> 2

Met Asn Ala Phe Thr Pro Phe Ala Arg Met Pro Gly Ala Met His Pro
1 5 10 15

Leu Ala Trp Ala Ala Leu Leu Cys Leu Thr Ser Ala Ala Pro Ala Trp
20 25 30

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

Leu Gln Leu Gly Val Ser Glu Met Thr Gln Pro Val Ser Val Leu Glu
50 55 60

Gly Asp Ala Leu Val Arg Gln Arg Glu Ala Thr Leu Gly Glu Thr Leu
65 70 75 80

Asp Gly Glu Pro Gly Ile Thr Gly Ser His Phe Gly Ala Gly Ala Ser
85 90 95

Arg Pro Val Ile Arg Gly Met Asp Gly Pro Arg Val Arg Val Leu Ser
100 105 110

Asp Gly Ser Glu Leu His Asp Ala Ser Thr Val Ser Pro Asp His Ala
115 120 125

Val Ala Ala Glu Pro Leu Leu Ala Thr Gln Val Glu Val Leu Arg Gly
130 135 140

Pro Ser Ala Leu Val Tyr Gly Gly Gly Ala Val Gly Gly Val Val Asn
145 150 155 160

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Gly Asp Trp His Gly Asp Trp Arg Ile Glu Thr Ala Leu Arg His Asp
 420 425 430
 Arg Gln Ser Ala Glu Ala Gln Asp Ser Gly Val Glu Arg Arg His His
 435 440 445
 Gly Thr Ser Ala Ser Leu Gly Ala Val Trp Arg Phe Ala Pro Gly Tyr
 450 455 460
 Ala Ala Gly Ala Ser Ile Thr Arg Ala His Arg Ala Pro Thr Ala Glu
 465 470 475 480
 Glu Leu Tyr Ala Arg Gly Leu His Met Ala Thr Ser Thr Tyr Glu Arg
 485 490 495
 Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Glu Thr Ser Arg Asn Ile Asp Leu Ser
 500 505 510
 Leu Arg Lys Thr Ser Gly Asp Thr Thr Phe Asp Val Ser Val Phe His
 515 520 525
 Asn Arg Ile Arg Asn Tyr Ile Tyr Gly Arg Thr Leu Asp Glu Leu Asp
 530 535 540
 Gly Leu Gln Leu Leu Gln Tyr Ser Gln Ala Gly Ala Thr Phe Thr Gly
 545 550 555 560
 Met Glu Gly Arg Val Arg Gln Arg Ile Thr Gln Arg Leu Gly Val Thr
 565 570 575
 Leu Phe Gly Asp Ser Val Arg Ala Arg Leu Asp Gly Gly Glu Arg Leu
 580 585 590
 Pro Arg Ile Ala Pro Ala Arg Val Gly Leu Arg Val Asp Ala Asn Trp
 595 600 605
 Arg Asp Trp Gly Gly Ala Val Glu Trp Val Gln Val Ala Arg Gln Asn
 610 615 620
 Arg Val Ala Ala Phe Glu Thr Ala Thr Pro Gly Tyr Gly Met Leu Asn
 625 630 635 640
 Leu Gly Leu Ala Tyr Asn Gly Arg Thr Gly Ser Gly Thr Pro Trp Gln
 645 650 655
 Val Tyr Leu Lys Ala Arg Asn Leu Thr Asp Arg Leu Ala Tyr Ala His
 660 665 670
 Thr Ser Phe Ile Lys Asp Ala Ala Pro Leu Ala Gly Arg Asn Val Thr

ES 2 663 872 T3

675

680

685

Val Gly Val His Val Ser Phe
690 695

<210> 3
<211> 803
<212> PRT
<213> Acinetobacter baumannii
<400> 3

5

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

Ser Lys Ile Val Leu Ala Ala Glu Gly Pro Val Thr Thr Leu Asn Thr
20 25 30

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

Lys Ser Leu Asn Val Ser Asn Gln Phe Ile Asp Thr Ser Lys Leu Lys
50 55 60

Gln Arg Ser Thr Thr Leu Gly Asp Ala Leu Gly Thr Glu Leu Gly Ile
65 70 75 80

His Ser Asn Gln Tyr Gly Gly Gly Ala Ser Thr Pro Ile Ile Arg Gly
85 90 95

Gln Glu Gly Lys Arg Ile Lys Val Leu Gln Asn Asn Ala Asp Val Leu
100 105 110

Asp Met Ser Asn Met Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Glu Pro Ser
115 120 125

Leu Ala Lys Ser Ile Glu Ile Ile Arg Gly Ala Ser Thr Leu Leu Tyr
130 135 140

Ser Ser Asn Ser Ala Ala Gly Val Val Asn Val Ile Asp Tyr Lys Ile
145 150 155 160

Pro Thr Gln Met Pro Gln Asp Gly Leu Glu Gly Asn Thr Thr Leu Arg
165 170 175

Phe Asn Thr Gly Ser Asn Glu Lys Leu Thr Thr Ala Gly Val Thr Val
180 185 190

Gly Leu Ser Pro His Val Ala Leu Arg Ala Glu Gly Leu Tyr Arg Asn
195 200 205

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

725

730

735

Ser Lys Phe Glu Gln Val Thr Ser Gly Tyr Asn Met Leu Asn Met Thr
740 745 750

Leu Ala Tyr Lys Asn Lys Leu Ser His Thr Glu Tyr Asp Leu Phe Phe
755 760 765

Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asp Gln Lys Val Tyr Ala His Glu Thr Phe
770 775 780

Leu Pro Tyr Ile Pro Gln Ile Gly Arg Asn Phe Ser Leu Gly Leu Asn
785 790 795 800

Leu Asn Phe

<210> 4

<211> 803

<212> PRT

<213> Acinetobacter baumannii

<400> 4

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

Ser Lys Ile Leu Leu Ala Ala Glu Gly Pro Val Thr Ile Leu Asn Thr
20 25 30

Lys Val Leu Thr Ala Gln Ser Asp Glu Leu Gly Ser Glu Leu Leu Gly
35 40 45

Lys Ser Leu Asn Val Ser Asn Gln Phe Ile Asp Thr Ser Lys Leu Lys
50 55 60

Gln Arg Ser Thr Thr Leu Gly Asp Ala Leu Gly Thr Glu Leu Gly Ile
65 70 75 80

His Ser Asn Gln Tyr Gly Gly Gly Ala Ser Thr Pro Ile Ile Arg Gly
85 90 95

Gln Glu Gly Lys Arg Ile Lys Val Leu Gln Asn Asn Ala Asp Val Leu
100 105 110

Asp Met Ser Asn Met Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Glu Pro Ser
115 120 125

Leu Ala Lys Ser Ile Glu Ile Ile Arg Gly Ala Ser Thr Leu Leu Tyr
130 135 140

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Leu	Ser	His	Gln	Pro	Leu	Gly	Glu	Leu	Thr	Gly	Ile	Leu	Gly	Leu	Gln	405	410	415
Tyr	Leu	Glu	Gln	Asp	Asn	Ser	Ala	Leu	Ser	Pro	Val	His	Ser	Gln	Glu	420	425	430
Gly	His	Thr	Thr	Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Gln	Leu	Leu	Asn	Arg	Asn	Val	435	440	445
Thr	Lys	Asn	Phe	Ser	Val	Phe	Gly	Leu	Glu	Lys	Tyr	Asn	Trp	Asn	Asp	450	455	460
Phe	Thr	Phe	Glu	Leu	Gly	Ala	Arg	Ile	Glu	Lys	Gln	Lys	Val	Ser	Met	465	470	475
Asp	Tyr	Asp	Ile	Glu	Lys	Ile	Lys	Asp	Ser	Met	Lys	Pro	Trp	Pro	Asn	485	490	495
Lys	Tyr	Asn	Ser	Pro	Tyr	Val	Glu	Lys	Asn	Asn	Lys	Ile	Arg	Ala	Gln	500	505	510
Asn	Leu	Lys	Ser	Ile	Leu	Glu	Ala	Val	Gln	Pro	Asn	Lys	Glu	Thr	Ala	515	520	525
Phe	Ser	Tyr	Ala	Gly	Thr	Val	His	Trp	Arg	Phe	Ala	Pro	Asn	Tyr	Ile	530	535	540
Leu	Ser	Leu	Thr	Gly	Thr	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	545	550	555
Met	Tyr	Thr	His	Gly	Met	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Ile	Gly	565	570	575
Asn	Arg	Phe	Leu	Arg	Lys	Glu	Lys	Ser	Asn	Asn	Leu	Glu	Ile	Ser	Leu	580	585	590
Ala	Tyr	Lys	Asp	Asp	Leu	Leu	Asp	Tyr	Gln	Ile	Ser	Thr	Tyr	Tyr	Tyr	595	600	605
Asp	Phe	Asp	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Leu	Gln	Thr	Leu	Asn	Glu	Val	Leu	Gly	610	615	620
Thr	Thr	Lys	Val	Arg	Asp	Gln	His	Thr	Leu	Arg	Ile	Asn	His	Tyr	Ser	625	630	635
Gln	Ser	Ala	Ala	Asn	Phe	Tyr	Gly	Leu	Glu	Gly	Asn	Ile	Gly	Tyr	Gln	645	650	655
Phe	Asn	Ser	Val	Tyr	His	Gly	Ser	Leu	Phe	Gly	Asp	Tyr	Val	Lys	Gly			

ES 2 663 872 T3

660

665

670

Arg Leu Thr Asn Leu Pro Asp Ala Val Ile Ala Tyr Asp Ile Trp Asn
675 680 685

Arg Glu Pro Thr Leu Ala Pro Gln Lys Asp Arg Tyr Thr Pro Arg Leu
690 695 700

Pro Pro Ala Arg Leu Gly Thr Arg Leu Lys Ala Asp Phe Asp Glu Ser
705 710 715 720

Leu Lys Gly Glu Ile Glu Tyr Tyr Arg Val Phe Lys Gln Asp Asn Ile
725 730 735

Ser Lys Phe Glu Gln Val Thr Ser Gly Tyr Asn Met Leu Asn Met Thr
740 745 750

Leu Ala Tyr Lys Asn Lys Leu Ser His Thr Glu Tyr Asp Leu Phe Phe
755 760 765

Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asp Gln Lys Val Tyr Ala His Glu Thr Phe
770 775 780

Leu Pro Tyr Ile Pro Gln Ile Gly Arg Asn Phe Ser Leu Gly Leu Asn
785 790 795 800

Leu Asn Phe

<210> 5

<211> 803

<212> PRT

<213> Acinetobacter baumannii

<400> 5

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

Ser Lys Ile Leu Leu Ala Ala Glu Gly Pro Val Thr Thr Leu Asn Thr
20 25 30

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

Lys Ser Leu Asn Val Ser Asn Gln Phe Ile Asp Thr Ser Lys Leu Lys
50 55 60

Gln Arg Ser Thr Thr Leu Gly Asp Ala Leu Gly Thr Glu Leu Gly Ile
65 70 75 80

5

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Phe Ser His Asn Ala Pro Tyr Ile Asp Leu Asn Thr Arg Arg Tyr Asp
 340 345 350
 Val Arg Gly Glu Phe Thr Gln Pro Phe Thr Gly Ile Asp Lys Ile Arg
 355 360 365
 Thr Ser Leu Ser Tyr Ile Asp Tyr Phe His Asn Glu Leu Glu Gly Asp
 370 375 380
 Lys Ile Thr Asn Phe Phe Lys Asn Thr Gly Lys Val Gly Arg Ile Glu
 385 390 395 400
 Leu Ser His Gln Pro Leu Gly Glu Leu Thr Gly Ile Leu Gly Leu Gln
 405 410 415
 Tyr Leu Glu Gln Asp Asn Ser Ala Leu Ser Pro Val His Ser Gln Glu
 420 425 430
 Gly His Thr Thr Tyr Leu Asp Asn Gln Gln Leu Leu Asn Arg Asn Val
 435 440 445
 Thr Lys Asn Phe Ser Val Phe Gly Leu Glu Lys Tyr Asn Trp Asn Asp
 450 455 460
 Phe Thr Phe Glu Leu Gly Ala Arg Ile Glu Lys Gln Lys Val Ser Met
 465 470 475 480
 Asp Tyr Asp Ile Glu Lys Ile Lys Asp Ser Met Lys Pro Trp Pro Asn
 485 490 495
 Lys Tyr Asn Ser Pro Tyr Val Glu Lys Asn Asn Lys Ile Arg Ala Gln
 500 505 510
 Asn Leu Lys Ser Ile Leu Glu Ala Val Gln Pro Asn Lys Glu Thr Ala
 515 520 525
 Phe Ser Tyr Ala Gly Thr Val His Trp Arg Phe Ala Pro Asn Tyr Ile
 530 535 540
 Leu Ser Leu Thr Gly Thr His Gln Glu Arg Leu Pro Asn Ala Gln Glu
 545 550 555 560
 Met Tyr Thr His Gly Met His Leu Ala Thr Asn Ser Phe Glu Ile Gly
 565 570 575
 Asn Arg Phe Leu Arg Lys Glu Lys Ser Asn Asn Leu Glu Ile Ser Leu
 580 585 590
 Ala Tyr Lys Asp Asp Leu Leu Asp Tyr Gln Ile Ser Thr Tyr Tyr Tyr

ES 2 663 872 T3

595

600

605

Asp Phe Asp Asn Tyr Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Asn Glu Val Leu Gly
610 615 620

Thr Thr Lys Val Arg Asp Gln His Thr Leu Arg Ile Asn His Tyr Ser
625 630 635 640

Gln Ser Ala Ala Asn Phe Tyr Gly Leu Glu Gly Asn Ile Gly Tyr Gln
645 650 655

Phe Asn Ser Val Tyr His Gly Ser Leu Phe Gly Asp Tyr Val Lys Gly
660 665 670

Arg Leu Thr Asn Leu Pro Asp Ala Val Ile Ala Tyr Asp Ile Trp Asn
675 680 685

Arg Glu Pro Thr Leu Ala Pro Gln Lys Asp Arg Tyr Thr Pro Arg Leu
690 695 700

Pro Pro Ala Arg Leu Gly Thr Arg Leu Lys Ala Asp Phe Asp Glu Ser
705 710 715 720

Leu Lys Gly Glu Ile Glu Tyr Tyr Arg Val Phe Lys Gln Asp Asn Ile
725 730 735

Ser Lys Phe Glu Gln Val Thr Ser Gly Tyr Asn Met Leu Asn Met Thr
740 745 750

Leu Ala Tyr Lys Asn Lys Leu Ser His Thr Glu Tyr Asp Leu Phe Phe
755 760 765

Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asp Gln Lys Val Tyr Ala His Glu Thr Phe
770 775 780

Leu Pro Tyr Ile Pro Gln Ile Gly Arg Asn Phe Ser Leu Gly Leu Asn
785 790 795 800

Leu Asn Phe

<210> 6

<211> 685

<212> PRT

<213> Acinetobacter baumannii AB900

<400> 6

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

530

535

540

Lys Ala Arg Phe Tyr Gly Ala Glu Gly Glu Ile Gly Tyr Gln Ile Thr
545 550 555 560

Pro Met Tyr Lys Ile Ser Ala Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys Ile
565 570 575

Asp Ala Glu Gly Asn Ala Pro Arg Ile Pro Ala Gly Arg Leu Gly Thr
580 585 590

Lys Val Asp Ala Asp Phe Gly Asp Gly Phe Ser Gly Ser Ala Glu Tyr
595 600 605

Tyr His Val Phe Asn Gln Asp Lys Ile Ala Ala Tyr Glu Thr Glu Thr
610 615 620

Glu Gly Tyr Asn Met Leu Asn Leu Gly Val Ala Tyr Ser Gly Gln Tyr
625 630 635 640

Gly Ala Lys Thr Asp Tyr Arg Val Tyr Leu Lys Ala Asn Asn Leu Leu
645 650 655

Asp Asp Thr Val Tyr Gln His Ala Ser Phe Leu Ser Asn Ile Pro Gln
660 665 670

Val Gly Arg Asn Phe Thr Val Gly Val Asp Phe Ser Phe
675 680 685

<210> 7

<211> 685

<212> PRT

<213> Acinetobacter baumannii ACICU

5

<400> 7

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

Ser Ile Pro Val Phe Ala Ala Glu Asn Glu Asn Val Glu Lys Leu Glu
20 25 30

Thr Ile Arg Ile Lys Ala His Pro Leu Glu Gln Thr Ser Lys Asp Phe
35 40 45

Ala Val Ala Asp Thr Val Val Asp Gln Lys His Leu Thr Glu Gly Ala
50 55 60

Ala Thr Ile Gly Asp Ala Leu Asn Ser Glu Val Gly Ile Tyr Ala Asn
65 70 75 80

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Gln His Asp Glu Ile Glu Glu Gly Thr Ile Ala Thr Arg Phe Gln Asn
 340 345 350
 Lys Gly Tyr Asp Gly Arg Ile Glu Leu Val His Asn Pro Ile Ala Asp
 355 360 365
 Trp Glu Gly Val Ile Gly Thr Gln Leu Gly Gln Gln Lys Leu Asn Leu
 370 375 380
 Thr Gly Glu Glu Ala Phe Met Ala Pro Thr Thr Thr Lys Lys Trp Ser
 385 390 395 400
 Val Phe Ala Leu Glu His Lys Gln Trp Lys Asp Val His Phe Glu Leu
 405 410 415
 Ser Ala Arg Ala Asp Gln Gln Glu Ile Asp Val Asp Asp Asn Ser Lys
 420 425 430
 Gln Asp Phe Asp Gly Ser Ala Phe Ser Tyr Ala Gly Ala Ala Asn Trp
 435 440 445
 Glu Phe Ala Pro Asn Tyr Lys Leu Ser Phe Val Ala Ser His Gln Glu
 450 455 460
 Arg Leu Pro Leu Ala Gln Glu Leu Tyr Ala Asn Gly Ala His Phe Ala
 465 470 475 480
 Thr Asn Thr Tyr Glu Leu Gly Asn Asp Gln Leu Gly Lys Glu Lys Ser
 485 490 495
 Asn Asn Val Glu Leu Gly Leu His Phe Asp His Asp Lys Leu Asp Tyr
 500 505 510
 His Leu His Val Tyr His Asn Trp Phe Asp Asp Tyr Ile Tyr Ala Gln
 515 520 525
 Thr Leu Asp Arg Tyr Lys Asp Phe Arg Leu Val Gln Tyr Thr Gln Asp
 530 535 540
 Lys Ala Arg Phe Tyr Gly Ala Glu Gly Glu Ile Gly Tyr Gln Ile Thr
 545 550 555 560
 Pro Ile Tyr Lys Ile Ser Ala Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys Ile
 565 570 575
 Asp Ala Glu Gly Asn Ala Pro Arg Ile Pro Ala Gly Arg Leu Gly Thr
 580 585 590
 Lys Val Asp Ala Asp Phe Gly Asp Gly Phe Ser Gly Ser Ala Glu Tyr

ES 2 663 872 T3

595

600

605

Tyr His Val Phe Asn Gln Asp Lys Ile Ala Ala Tyr Glu Thr Glu Thr
610 615 620

Glu Gly Tyr Asn Met Leu Asn Leu Gly Val Ala Tyr Ser Gly Gln Tyr
625 630 635 640

Gly Ala Lys Thr Asp Tyr Arg Val Tyr Leu Lys Ala Asn Asn Leu Leu
645 650 655

Asp Asp Thr Val Tyr Gln His Ala Ser Phe Leu Ser Asn Ile Pro Gln
660 665 670

Val Gly Arg Asn Phe Thr Val Gly Val Asp Phe Ser Phe
675 680 685

<210> 8

<211> 803

<212> PRT

5 <213> Acinetobacter baumannii ATCC 17978

<400> 8

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

Ser Lys Ile Leu Leu Ala Ala Glu Gly Pro Val Thr Thr Leu Asn Thr
20 25 30

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

Lys Ser Leu Asn Val Ser Asn Gln Phe Ile Asp Thr Ser Lys Leu Lys
50 55 60

Gln Arg Ser Thr Thr Leu Gly Asp Ala Leu Gly Thr Glu Leu Gly Ile
65 70 75 80

His Ser Asn Gln Tyr Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro Ile Ile Arg Gly
85 90 95

Gln Glu Gly Lys Arg Ile Lys Val Leu Gln Asn Asn Ala Asp Val Leu
100 105 110

Asp Met Ser Asn Met Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Glu Pro Ser
115 120 125

Leu Ala Lys Ser Ile Glu Ile Ile Arg Gly Ala Ser Thr Leu Leu Tyr
130 135 140

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Leu Ser His Gln Pro Leu Gly Glu Leu Thr Gly Ile Leu Gly Leu Gln
 405 410 415
 Tyr Leu Glu Gln Asp Asn Ser Ala Leu Ser Pro Val His Ser Gln Glu
 420 425 430
 Gly His Thr Thr Tyr Leu Asp Thr Gln Gln Leu Leu Asn Arg Asn Val
 435 440 445
 Thr Lys Asn Phe Ser Val Phe Gly Leu Glu Lys Tyr Asn Trp Asn Asp
 450 455 460
 Phe Thr Phe Glu Leu Gly Ala Arg Ile Glu Lys Gln Lys Val Ser Met
 465 470 475 480
 Asp Tyr Asp Ile Glu Lys Ile Lys Asp Ser Met Lys Pro Trp Pro Asn
 485 490 495
 Lys Tyr Asn Ser Pro Tyr Val Glu Lys Asn Asn Lys Ile Arg Ala Gln
 500 505 510
 Asn Leu Lys Ser Ile Leu Glu Ala Val Gln Pro Asn Lys Glu Thr Ala
 515 520 525
 Phe Ser Tyr Ala Gly Thr Val His Trp Arg Phe Ala Pro Asn Tyr Ile
 530 535 540
 Leu Ser Leu Thr Gly Thr His Gln Glu Arg Leu Pro Asn Ala Gln Glu
 545 550 555 560
 Met Tyr Thr His Gly Met His Leu Ala Thr Asn Ser Phe Glu Ile Gly
 565 570 575
 Asn Arg Phe Leu Arg Lys Glu Lys Ser Asn Asn Leu Glu Ile Ser Leu
 580 585 590
 Ala Tyr Lys Asp Asp Leu Leu Asp Tyr Gln Ile Ser Thr Tyr Tyr Tyr
 595 600 605
 Asp Phe Asp Asn Tyr Ile Tyr Leu Gln Thr Leu Asn Glu Val Leu Gly
 610 615 620
 Thr Thr Lys Val Arg Asp Gln His Thr Leu Arg Ile Asn His Tyr Ser
 625 630 635 640
 Gln Ser Ala Ala Asn Phe Tyr Gly Leu Glu Gly Asn Ile Gly Tyr Gln
 645 650 655
 Phe Asn Ser Val Tyr His Gly Ser Leu Phe Gly Asp Tyr Val Lys Gly

ES 2 663 872 T3

660

665

670

Arg Leu Thr Asn Leu Pro Asp Ala Val Ile Ala Tyr Asp Ile Trp Asn
675 680 685

Arg Glu Pro Thr Leu Ala Pro Gln Lys Asp Arg Tyr Thr Pro Arg Leu
690 695 700

Pro Pro Ala Arg Leu Gly Thr Arg Leu Lys Ala Asp Phe Asp Glu Ser
705 710 715 720

Leu Lys Gly Glu Ile Glu Tyr Tyr Arg Val Phe Lys Gln Asp Asn Ile
725 730 735

Ser Lys Phe Glu Gln Val Thr Ser Gly Tyr Asn Met Leu Asn Met Thr
740 745 750

Leu Ala Tyr Lys Asn Lys Leu Ser His Thr Glu Tyr Asp Leu Phe Phe
755 760 765

Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asp Gln Lys Val Tyr Ala His Glu Thr Phe
770 775 780

Leu Pro Tyr Ile Pro Gln Ile Gly Arg Asn Phe Ser Leu Gly Leu Asn
785 790 795 800

Leu Asn Phe

<210> 9

<211> 685

<212> PRT

<213> Acinetobacter baumannii SDF

<400> 9

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

Ser Ile Pro Val Phe Ala Ala Glu Asn Glu Asn Val Glu Lys Leu Glu
20 25 30

Thr Ile Arg Ile Lys Ala His Pro Leu Glu Gln Thr Ser Lys Asp Phe
35 40 45

Ala Val Ala Asp Thr Val Val Asp Gln Lys His Leu Thr Glu Gly Ala
50 55 60

Ala Thr Ile Gly Asp Ala Leu Asn Ser Glu Val Gly Ile Tyr Ala Asn
65 70 75 80

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Gln His Asp Glu Ile Glu Glu Gly Thr Ile Ala Thr Arg Phe Gln Asn
 340 345 350
 Lys Gly Tyr Asp Gly Arg Ile Glu Leu Val His Asn Pro Ile Ala Asp
 355 360 365
 Trp Glu Gly Val Ile Gly Thr Gln Leu Gly Gln Gln Lys Leu Asn Leu
 370 375 380
 Thr Gly Glu Glu Ala Phe Met Ala Pro Thr Thr Thr Lys Lys Trp Ser
 385 390 395 400
 Val Phe Ala Leu Glu His Lys Gln Trp Lys Asp Val His Phe Glu Leu
 405 410 415
 Ser Ala Arg Ala Asp Gln Gln Glu Ile Asp Val Asp Asp Asn Ser Lys
 420 425 430
 Gln Asp Phe Asp Gly Ser Ala Phe Ser Tyr Ala Gly Ala Ala Asn Trp
 435 440 445
 Glu Phe Ala Pro Asn Tyr Lys Leu Ser Phe Val Ala Ser His Gln Glu
 450 455 460
 Arg Leu Pro Leu Ala Gln Glu Leu Tyr Ala Asn Gly Gly His Phe Ala
 465 470 475 480
 Thr Asn Thr Tyr Glu Leu Gly Asn Asp Gln Leu Ser Lys Glu Lys Ser
 485 490 495
 Asn Asn Val Glu Leu Gly Leu His Phe Asp Asn Asp Lys Leu Asp Tyr
 500 505 510
 His Leu His Val Tyr His Asn Trp Phe Asp Asp Tyr Ile Tyr Ala Gln
 515 520 525
 Thr Leu Asp Arg Tyr Lys Asp Phe Arg Leu Val Gln Tyr Thr Gln Asp
 530 535 540
 Lys Ala Arg Phe Tyr Gly Ala Glu Gly Glu Ile Gly Tyr Gln Ile Thr
 545 550 555 560
 Pro Met Tyr Lys Ile Ser Ala Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys Ile
 565 570 575
 Asp Ala Glu Gly Asn Ala Pro Arg Ile Pro Ala Gly Arg Leu Gly Thr
 580 585 590
 Lys Val Asp Ala Asp Phe Gly Asp Gly Phe Ser Gly Ser Ala Glu Tyr

ES 2 663 872 T3

595

600

605

Tyr His Val Phe Asn Gln Asp Lys Ile Ala Ala Tyr Glu Thr Glu Thr
610 615 620

Glu Gly Tyr Asn Met Leu Asn Leu Gly Val Ala Tyr Ser Gly Gln Tyr
625 630 635 640

Gly Ala Lys Thr Asp Tyr Arg Val Tyr Leu Lys Ala Asn Asn Leu Leu
645 650 655

Asp Asp Thr Val Tyr Gln His Ala Ser Phe Leu Ser Asn Ile Pro Gln
660 665 670

Val Gly Arg Asn Phe Thr Val Gly Val Asp Phe Ser Phe
675 680 685

<210> 10

<211> 691

<212> PRT

<213> Acinetobacter calcoaceticus RUH2202

5

<400> 10

Met Gln Phe Tyr Lys Asn Ile Leu Thr Leu Ser Ile Leu Ala Val Ile
1 5 10 15

Ser Val Pro Ser Phe Ala Ala Glu Ser Glu Asn Val Glu Lys Leu Glu
20 25 30

Thr Ile Arg Ile Lys Ala His Pro Leu Glu Gln Thr Ser Gln Asp Phe
35 40 45

Ala Val Ala Asp Thr Val Val Asp Gln Lys His Leu Thr Gln Gly Ala
50 55 60

Ala Thr Ile Gly Asp Ala Leu Ser Ser Glu Val Gly Ile Tyr Ala Asn
65 70 75 80

Gln Phe Gly Ala Gly Ser Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Gln Asp Gly
85 90 95

Pro Arg Val Lys Val Leu Gln Asn Ser Ser Glu Asn Ile Asp Val Ser
100 105 110

Thr Leu Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Asp Pro Val Leu Ala Lys
115 120 125

Gln Val Glu Val Ile Arg Gly Pro Ser Thr Leu Leu Phe Gly Ala Gly
130 135 140

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Thr	Thr	Lys	Lys	Trp	Ser	Val	Phe	Ala	Leu	Glu	His	Lys	Gln	Trp	Lys		
				405					410					415			
Asp	Val	His	Phe	Glu	Leu	Ser	Ala	Arg	Ala	Asp	Gln	Gln	Glu	Ile	Asp		
			420					425					430				
Val	Glu	Asp	Asn	Ser	Lys	Gln	Asp	Phe	Asp	Gly	Ser	Ala	Phe	Ser	Tyr		
		435					440					445					
Ala	Gly	Ala	Ala	Asn	Trp	Glu	Phe	Ala	Pro	Asn	Tyr	Lys	Leu	Ser	Phe		
	450					455					460						
Val	Ala	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Leu	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala		
465					470					475					480		
Asn	Gly	Gly	His	Phe	Ala	Thr	Asn	Thr	Tyr	Glu	Leu	Gly	Asn	Asp	Gln		
				485					490					495			
Leu	Ser	Lys	Glu	Lys	Ser	Asn	Asn	Val	Glu	Leu	Gly	Leu	His	Phe	Asp		
			500					505					510				
Asn	Asp	Lys	Leu	Asp	Tyr	His	Leu	His	Val	Tyr	His	Asn	Trp	Phe	Asp		
		515					520					525					
Asp	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Gln	Thr	Leu	Asp	Arg	Tyr	Lys	Asp	Phe	Arg	Leu		
	530					535					540						
Val	Gln	Tyr	Thr	Gln	Asp	Lys	Ala	Arg	Phe	Tyr	Gly	Ala	Glu	Gly	Glu		
545					550					555					560		
Ile	Gly	Tyr	Gln	Ile	Thr	Pro	Met	Tyr	Lys	Ile	Ser	Ala	Phe	Gly	Asp		
				565					570					575			
Tyr	Val	Arg	Gly	Lys	Ile	Asp	Ala	Glu	Gly	Asn	Ala	Pro	Arg	Ile	Pro		
			580					585					590				
Ala	Gly	Arg	Leu	Gly	Thr	Lys	Val	Asp	Ala	Asp	Phe	Gly	Asp	Gly	Phe		
		595					600					605					
Ser	Gly	Ser	Ala	Glu	Tyr	Tyr	His	Val	Phe	Asn	Gln	Asp	Lys	Ile	Ala		
	610					615						620					
Ala	Tyr	Glu	Thr	Glu	Thr	Glu	Gly	Tyr	Asn	Met	Leu	Asn	Leu	Gly	Val		
625					630					635					640		
Ala	Tyr	Ser	Gly	Gln	Tyr	Gly	Ala	Lys	Thr	Asp	Tyr	Arg	Val	Tyr	Met		
				645					650					655			
Lys	Ala	Asn	Asn	Leu	Leu	Asp	Asp	Thr	Val	Tyr	Gln	His	Ala	Ser	Phe		

ES 2 663 872 T3

660

665

670

Leu Ser Asn Ile Pro Gln Val Gly Arg Asn Phe Thr Val Gly Val Asp
675 680 685

Phe Ser Phe
690

<210> 11

<211> 680

<212> PRT

<213> Acinetobacter johnsonii SH046

5

<400> 11

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

Ala Val Val Ala Pro Ala Val Phe Ala Asp Asp Thr Thr Thr Gln Gln
20 25 30

Leu Glu Thr Leu Thr Ser Gln Ala His Pro Leu Val Gln Thr Ala Ala
35 40 45

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

Arg Ala Pro Thr Ile Gly Asp Ala Leu Ala Asp Glu Leu Gly Val Tyr
65 70 75 80

Ser Asn Gln Tyr Gly Ser Gly Ser Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Gln
85 90 95

Asp Gly Pro Arg Val Lys Val Leu Gln His Ala Ser Glu Thr Ala Asp
100 105 110

Val Ser Thr Leu Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Asp Pro Ile Leu
115 120 125

Ala Lys Gln Ile Glu Ile Ile Arg Gly Pro Ser Thr Leu Leu Tyr Ser
130 135 140

Ala Gly Thr Val Gly Gly Leu Val Asn Val Thr Asp Gln Lys Ile Pro
145 150 155 160

Thr Ser Met Pro Glu Lys Gly Leu Glu Gly Thr Ala Gly Leu Arg Tyr
165 170 175

Asn Ser Gly Ser Asp Glu Lys Leu Ala Ser Ala Gly Ala Thr Val Ala
180 185 190

ES 2 663 872 T3

Leu	Gly	Ser	Gln	Phe	Ala	Leu	Arg	Val	Glu	Gly	Ser	Lys	Arg	Glu	Ala	195	200	205
Asn	Asp	Tyr	Ile	Ala	Pro	Asn	Tyr	Phe	His	Glu	His	Glu	Gly	Glu	Leu	210	215	220
Glu	Lys	Glu	Arg	Arg	Val	Gly	Asn	Thr	Phe	Ala	Lys	Gly	Lys	Thr	Val	225	230	235
Ser	Val	Gly	Gly	Ser	Trp	Ile	Gly	Glu	Arg	Ser	Phe	Ala	Gly	Ile	Ala	245	250	255
Tyr	Thr	Asn	Arg	Gln	Asp	Gln	Tyr	Gly	Leu	Pro	Gly	His	Ser	His	Glu	260	265	270
Tyr	Glu	Ser	Cys	Thr	Val	Ser	Gly	Asn	Leu	Leu	Ile	Gly	Cys	Gly	Glu	275	280	285
Glu	Asp	Tyr	Gly	Asp	Glu	His	Glu	Thr	Gly	Pro	Trp	Val	Asp	Leu	Lys	290	295	300
Ser	Glu	Arg	Tyr	Asp	Phe	Arg	Thr	Glu	Ile	Leu	Asn	Pro	Leu	Ala	Gly	305	310	315
Phe	Glu	Lys	Leu	Arg	Ala	His	Ala	Ser	Tyr	Thr	Asp	Tyr	Gln	His	Asp	325	330	335
Glu	Ile	Glu	Gly	Asp	Ser	Val	Ala	Thr	Thr	Phe	Lys	Ser	Lys	Ser	Tyr	340	345	350
Asp	Ala	Arg	Leu	Glu	Met	Val	His	Gln	Pro	Ile	Ala	Asp	Trp	Glu	Gly	355	360	365
Val	Val	Gly	Val	Gln	Tyr	Asn	Gln	Gln	Lys	Leu	Asp	Ile	Thr	Gly	Glu	370	375	380
Glu	Ser	Ile	Leu	Glu	Pro	Thr	Lys	Thr	Gln	Lys	Trp	Ser	Val	Phe	Gly	385	390	395
Leu	Glu	His	Lys	Gln	Trp	Asn	Asp	Phe	His	Phe	Glu	Leu	Gly	Ala	Arg	405	410	415
Val	Asp	Gln	Gln	Thr	Ile	Asp	Ile	Glu	Ser	Asp	Arg	Lys	Asp	Tyr	Asp	420	425	430
Asp	Tyr	Ala	Val	Ser	Tyr	Ser	Gly	Ala	Val	Asn	Trp	Met	Phe	Ala	Pro	435	440	445

ES 2 663 872 T3

Asn	Tyr	Lys	Leu	Ser	Leu	Val	Gly	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Leu		
450						455					460						
Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	Asp	Gly	Lys	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Thr	Tyr		
465					470					475					480		
Glu	Arg	Gly	Asn	Glu	Asn	Leu	Asp	Val	Glu	Lys	Ser	Asn	Asn	Leu	Glu		
				485					490					495			
Leu	Gly	Phe	His	Tyr	Asp	Thr	Asp	Lys	Ile	Asp	Tyr	His	Val	His	Val		
			500					505					510				
Tyr	His	Asn	Trp	Tyr	Asp	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Gln	Thr	Ala	Asp	Arg		
		515					520					525					
Tyr	Glu	Asn	Phe	Arg	Leu	Val	Asp	Tyr	Thr	Gln	Asp	Lys	Ala	Arg	Phe		
	530					535					540						
Tyr	Gly	Thr	Glu	Ala	Glu	Ala	Ser	Tyr	Ala	Ile	Asn	Asp	Val	Tyr	Lys		
545					550					555					560		
Met	Ser	Val	Phe	Gly	Asp	Tyr	Val	Arg	Gly	Lys	Ile	Asp	Asn	Asp	Asn		
				565					570					575			
Ala	Pro	Arg	Val	Pro	Ala	Gly	Arg	Leu	Gly	Thr	Lys	Val	Asn	Ala	Asn		
			580					585					590				
Phe	Ser	Asp	Thr	Trp	Ser	Gly	Thr	Ala	Glu	Tyr	Tyr	His	Val	Phe	Glu		
		595					600					605					
Gln	Asp	Gln	Ile	Ala	Ser	Tyr	Glu	Thr	Glu	Thr	Glu	Gly	Tyr	Asn	Met		
	610					615					620						
Val	Asn	Leu	Gly	Leu	Ala	Tyr	Asn	Gly	Gln	Tyr	Met	Gln	Gly	Asn	Asp		
625					630					635					640		
Tyr	Arg	Val	Tyr	Phe	Lys	Ala	Asn	Asn	Leu	Leu	Asp	Glu	Thr	Val	Tyr		
				645					650					655			
Ser	His	Thr	Ser	Phe	Leu	Ser	Thr	Leu	Pro	Gln	Val	Gly	Arg	Asn	Phe		
			660					665					670				
Thr	Ile	Gly	Leu	Asp	Phe	Ser	Phe										
		675					680										

<210> 12
 <211> 685
 <212> PRT

ES 2 663 872 T3

<213> Acinetobacter junii SH205

<400> 12

```

Met Leu Thr Leu Ser Ile Leu Ala Ala Val Ser Val Thr Ala Phe Ala
 1              5              10              15

Ala Glu Asn Glu Lys Val Glu Ser Leu Glu Thr Ile Arg Ile Lys Ala
      20              25              30

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

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

Leu Gly Gln Gln Thr Gly Ile Tyr Ser Asn Gln Phe Gly Ala Gly Ser
65              70              75              80

Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Gln Asp Gly Ala Arg Val Lys Ile Leu
      85              90              95

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

Ala Val Thr Val Asp Pro Ala Leu Ala Lys Gln Val Glu Val Ile Arg
      115             120             125

Gly Pro Ser Thr Leu Leu Phe Gly Ala Gly Thr Val Gly Gly Leu Val
      130             135             140

Asn Val Ile Asp Ser Lys Leu Pro Thr Gln Met Pro Glu Lys Gly Tyr
      145             150             155             160

Glu Gly Asn Val Gly Leu Arg Tyr Asn Thr Gly Ser Asp Glu Lys Leu
      165             170             175

Ala Ser Ala Gly Val Thr Val Gly Leu Gly Asp Gln Val Ala Leu Arg
      180             185             190

Val Glu Gly Leu Lys Arg Asp Ala Asn Asn Tyr Ile Ala Pro Asp Tyr
      195             200             205

Phe His Glu Gly Glu Lys Glu Arg Arg Val Asp Asn Thr Phe Ala Glu
      210             215             220

Gly Gln Thr Val Asn Val Gly Leu Ser Trp Ile Tyr Asp Arg Gly Phe
      225             230             235             240

Thr Gly Ile Ser Tyr Ser Asn Arg Gln Asp Lys Tyr Gly Leu Pro Gly
      245             250             255

```

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Tyr His Ile His Val Tyr His Asn Trp Phe Asp Asp Tyr Ile Tyr Ala
515 520 525

Gln Thr Leu Asp Arg Tyr Glu Asp Phe Arg Leu Val Lys Tyr Thr Gln
530 535 540

Asp Lys Ala Arg Phe Tyr Gly Ala Glu Ala Glu Ala Ala Tyr Gln Ile
545 550 555 560

Ser Pro Thr Tyr Lys Ile Gly Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys
565 570 575

Ile Asp Asn Glu Asn Ala Pro Arg Val Pro Ala Gly Arg Leu Gly Thr
580 585 590

Lys Val Asn Ala Asp Phe Gly Asp Gly Phe Thr Gly Ser Ala Glu Tyr
595 600 605

Tyr His Val Phe Asn Gln Asp Lys Ile Thr Ala Tyr Glu Thr Glu Thr
610 615 620

Gln Gly Tyr Asn Met Leu Asn Leu Gly Val Ala Tyr Ser Gly Glu Tyr
625 630 635 640

Ser Asn Leu Gly Asn Tyr Arg Val Phe Leu Asn Ala Asn Asn Leu Leu
645 650 655

Asp Asp Gln Ile Tyr Gln His Ala Ser Phe Leu Ser Thr Ile Pro Gln
660 665 670

Val Gly Arg Asn Phe Thr Val Gly Val Asn Phe Asn Phe
675 680 685

<210> 13

<211> 684

<212> PRT

<213> Acinetobacter lwoffii SH145

<400> 13

Met Ser Ile Phe Ala Val Val Ala Pro Thr Val Phe Ala Glu Gln Ser
1 5 10 15

Ser Ser Ser Ile Pro Val Gln Thr Met Asp Thr Ile Gln Val Gln Ala
20 25 30

His Pro Leu Val Gln Thr Ala Ala Asp Phe Ala Val Ala Asp His Phe
35 40 45

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

His	Ala	Ser	Phe	Thr	Asp	Tyr	Glu	His	Asp	Glu	Leu	Glu	Glu	Asn	Ala		325	330	335
Val	Ile	Ser	Asn	Phe	Lys	Ser	Lys	Gly	Tyr	Asp	Ala	Arg	Leu	Glu	Leu		340	345	350
Val	His	Val	Pro	Val	Ala	Gly	Trp	Glu	Gly	Val	Ile	Gly	Thr	Gln	Tyr		355	360	365
Ser	Gln	Gln	Lys	Ile	Asp	Leu	Ser	Gly	Gln	Leu	Glu	Pro	His	Asp	Asp		370	375	380
His	Phe	His	Glu	Ala	Val	Val	Met	Pro	Asp	Thr	Lys	Thr	Asp	Lys	Phe		385	390	395
Ser	Leu	Phe	Ala	Leu	Glu	His	Lys	Gln	Leu	Gly	Asp	Val	His	Val	Glu		405	410	415
Leu	Gly	Ala	Arg	Val	Asp	His	Gln	Lys	Val	Lys	Val	Asp	Ser	Asp	Gln		420	425	430
Lys	Asp	Tyr	Ser	Gly	Thr	Gly	Val	Ser	Ala	Ser	Ala	Ala	Ala	Asn	Trp		435	440	445
Glu	Phe	Ala	Pro	Asn	Tyr	Lys	Leu	Ser	Val	Val	Gly	Ser	His	Gln	Gln		450	455	460
Arg	Leu	Pro	Leu	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	Asp	Gly	Leu	His	Phe	Ala		465	470	475
Thr	Asn	Thr	Tyr	Glu	Leu	Gly	Asn	Pro	Asp	Leu	Asp	Lys	Glu	Thr	Ser		485	490	495
Asn	Asn	Leu	Glu	Leu	Gly	Leu	His	Tyr	Glu	Gly	Asp	Lys	Leu	Asp	Tyr		500	505	510
His	Val	His	Val	Tyr	His	Asn	Trp	Phe	Asp	Asp	Tyr	Ile	Tyr	Gly	Glu		515	520	525
Thr	Val	Ala	Gln	Lys	Gly	Asn	Leu	Arg	Gly	Val	Gln	Tyr	Thr	Gln	Asp		530	535	540
Lys	Ala	Arg	Phe	Tyr	Gly	Thr	Glu	Val	Gln	Ala	Gly	Tyr	Gln	Ile	Asn		545	550	555
Asp	Met	Tyr	Lys	Leu	Ser	Val	Phe	Gly	Asp	Tyr	Val	Arg	Gly	Lys	Ile		565	570	575

ES 2 663 872 T3

Glu Ala Glu Asn Ala Pro Arg Val Pro Ala Gly Arg Leu Gly Thr Lys
580 585 590

Val Glu Ala Asp Phe Ala Asp Gly Trp Ser Gly Leu Ala Glu Tyr Tyr
595 600 605

His Ile Phe Asn Gln Asp Lys Ile Ala Ser Tyr Glu Asp Glu Thr Gln
610 615 620

Gly Tyr Asn Met Val Asn Val Gly Leu Ser Tyr Ala Asn Ser Ile Ala
625 630 635 640

Asp Asn Asn Ala Tyr Arg Val Tyr Phe Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asp
645 650 655

Asp Gln Val Tyr Ser His Thr Ser Phe Leu Ser Asn Ile Pro Gln Val
660 665 670

Gly Arg Asn Phe Thr Val Gly Val Gln Tyr Asp Phe
675 680

<210> 14

<211> 699

<212> PRT

<213> Acinetobacter radioresistens SK82

5

<400> 14

Met Gln Phe Ser Lys Asn Phe Leu Thr Leu Ser Ile Met Ala Val Val
1 5 10 15

Ser Pro Val Ile Phe Ala Glu Glu Asn Ser Ser Val Gln Gln Leu Glu
20 25 30

Thr Ile Gln Val Thr Ala His Pro Leu Val Gln Ser Ala Val Asp Tyr
35 40 45

Val Ala Ala Asp Asn Ile Ile Glu Lys Glu Gln Leu Ile Gln Gly Gly
50 55 60

Thr Thr Ile Gly Glu Ala Leu Ser Asp Gln Val Gly Val Tyr Ser Asn
65 70 75 80

Gln Phe Gly Pro Gly Ala Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Gln Glu Gly
85 90 95

Ala Arg Val Lys Val Leu Gln Asn Ala Ser Glu Thr Met Asp Val Ser
100 105 110

Thr Leu Ser Pro Asp His Ala Val Met Val Asp Pro Ala Leu Ala Lys
115 120 125

ES 2 663 872 T3

Gln Val Glu Ile Val Arg Gly Pro Ser Thr Leu Leu Tyr Gly Ala Gly
 130 135 140

Thr Val Gly Gly Leu Val Asn Val Thr Asp Ser Lys Ile Pro Thr Arg
 145 150 155 160

Ile Pro Asp Asn Gly Tyr Glu Gly Arg Ala Gly Leu Arg Tyr Asn Ser
 165 170 175

Gly Asn Asp Glu Lys Leu Glu Thr Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Gly
 180 185 190

Glu Gln Val Ala Leu Arg Val Glu Gly Leu Lys Arg Asp Ala Asn Asn
 195 200 205

Tyr Ile Ala Pro Asp Tyr Tyr His Glu His Ser His Gly Asp His Ser
 210 215 220

His Leu Val Lys Glu Arg Arg Val Asp Asn Thr Phe Ala Gln Ser Asp
 225 230 235 240

Thr Ala Ser Val Gly Leu Ser Trp Ile His Asp Arg Gly Phe Thr Gly
 245 250 255

Leu Ser Tyr Thr Asn Arg Gln Asp Gln Tyr Gly Leu Pro Gly His Ser
 260 265 270

His Glu Tyr Glu Ser Cys Glu Ala Tyr Leu Ser Gly Arg Pro His Leu
 275 280 285

His Cys Gly Asp Glu His His His Asp Glu Glu Gly His Glu His Glu
 290 295 300

His Ser His Glu Lys Asp His Asp His Ala Gly Pro Trp Val Asp Leu
 305 310 315 320

Lys Ser Glu Arg Tyr Asp Phe Arg Thr Glu Leu Asp Asp Pro Phe Ala
 325 330 335

Gly Phe Lys Lys Leu Arg Ala Gln Ala Ser Tyr Thr Asp Tyr Lys His
 340 345 350

Asp Glu Ile Glu Glu Gly Glu Ala Ala Thr Thr Phe Lys Ser Thr Gly
 355 360 365

Tyr Asp Ala Arg Leu Glu Leu Val His Gln Pro Val Ala Ala Trp Glu
 370 375 380

ES 2 663 872 T3

Gly	Val	Ile	Gly	Thr	Gln	Phe	Gly	Arg	Gln	Lys	Leu	Asn	Ile	Thr	Gly		385		390		395		400
Glu	Glu	Ser	Leu	Phe	Ala	Gly	Pro	Thr	Thr	Thr	Asp	Lys	Trp	Ser	Leu			405		410		415	
Phe	Ala	Leu	Glu	His	Thr	Gln	Trp	Asn	Asp	Val	His	Phe	Glu	Leu	Ala			420		425		430	
Ala	Arg	Phe	Asp	Gln	Gln	Lys	Ile	Glu	Ile	Asp	Ser	Pro	Gln	Lys	Asn			435		440		445	
Tyr	Asp	Asp	His	Ala	Phe	Ser	Tyr	Ser	Gly	Ala	Ala	Asn	Trp	Glu	Phe		450		455		460		
Leu	Pro	Asp	Tyr	Lys	Leu	Ser	Leu	Val	Ala	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu		465		470		475	480	
Pro	Leu	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	Lys	Gly	Lys	His	Leu	Ala	Thr	Asn			485		490		495	
Thr	Tyr	Glu	Ile	Gly	Asn	Glu	Asn	Leu	Asp	Thr	Glu	Lys	Ser	Asn	Asn			500		505		510	
Ile	Glu	Leu	Gly	Phe	His	Tyr	Glu	Gly	Asp	Lys	Leu	Asn	Tyr	His	Ile			515		520		525	
His	Ala	Tyr	His	Asn	Trp	Phe	Asp	Asp	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Gln	Thr	Leu		530		535		540		
Asp	Arg	Phe	Glu	Asn	Phe	Arg	Leu	Val	Glu	Tyr	Thr	Gln	Asp	Lys	Ala		545		550		555	560	
Arg	Phe	Tyr	Gly	Ala	Glu	Gly	Glu	Val	Ser	Tyr	Gln	Leu	Ser	Pro	Arg			565		570		575	
Tyr	Lys	Ala	Ser	Leu	Phe	Gly	Asp	Tyr	Val	Arg	Gly	Lys	Ile	Glu	Thr			580		585		590	
Glu	Gly	Asn	Ala	Pro	Arg	Ile	Pro	Gly	Gly	Arg	Leu	Gly	Ser	Lys	Ile			595		600		605	
Asp	Ala	Asp	Phe	Gly	Asp	Gly	Phe	Ser	Gly	Met	Ala	Glu	Tyr	Tyr	His			610		615		620	
Val	Phe	Thr	Gln	Asp	Lys	Ile	Ala	Ala	Tyr	Glu	Thr	Glu	Thr	Glu	Gly		625		630		635	640	

ES 2 663 872 T3

Tyr Asn Met Val Asn Leu Gly Leu Ala Tyr Ser Ala Arg Ala Thr Asp
645 650 655

Lys Thr Asp Tyr Arg Ile Tyr Val Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asp Glu
660 665 670

Thr Val Tyr Asn His Ala Ser Phe Leu Ser Asn Ile Pro Gln Val Gly
675 680 685

Arg Asn Phe Thr Val Gly Leu Asp Phe Asn Phe
690 695

<210> 15

<211> 693

<212> PRT

5 <213> Acinetobacter sp. ADP1

<400> 15

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

Ser Ser Val Val His Ala Ala Asn Glu Thr Asn Thr Val Ser Lys Leu
20 25 30

Lys Thr Ile Glu Ala Thr Ala His Pro Leu Val Gln Thr Ala Val Asp
35 40 45

Tyr Ala Ala Ala Asp Asn Ile Ile Gln Asn Gln Gln Leu Val Gln Gly
50 55 60

Gly Ala Thr Ile Gly Glu Ala Leu Ser Asp Gln Val Gly Val Tyr Ser
65 70 75 80

Asn Gln Phe Gly Pro Gly Ala Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Gln Asp
85 90 95

Ser Ala Arg Val Lys Val Leu Gln Asn Ala Ser Glu Thr Ile Asp Val
100 105 110

Ser Thr Leu Ser Pro Asp His Ala Val Met Val Asn Pro Ile Leu Ala
115 120 125

Lys Gln Val Glu Ile Val Arg Gly Pro Ser Thr Leu Leu Tyr Gly Ala
130 135 140

Gly Thr Val Gly Gly Leu Val Asn Val Thr Asp Asn Lys Ile Pro Thr
145 150 155 160

Gln Met Pro Glu Lys Gly Tyr Glu Gly Gln Val Gly Leu Arg Tyr Asn
165 170 175

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

<210> 16
 <211> 696
 <212> PRT
 <213> Acinetobacter sp. ATCC 27244

5 <400> 16

```

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

Ser Val Ser Ala Leu Ala Ala Glu Asn Gln Lys Val Gln Thr Leu Glu
      20      25      30

Thr Ile Arg Ile Lys Ala His Pro Leu Glu Gln Thr Ser Gln Asp Phe
      35      40      45

Ala Val Ala Asp Thr Val Val Asp Gln Lys Thr Leu Thr Glu Gly Ala
50      55      60

Val Thr Ile Gly Asp Ala Leu Ala Ser Glu Val Gly Ile Tyr Ser Asn
65      70      75      80

Gln Phe Gly Ala Gly Ser Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Gln Asp Gly
      85      90      95

Ala Arg Val Lys Val Leu Gln Asn Ser Ser Glu Asn Ile Asp Val Ser
      100      105      110

Thr Leu Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Asp Pro Ala Leu Ala Thr
      115      120      125

Gln Val Glu Val Ile Arg Gly Pro Ser Thr Leu Leu Phe Gly Ala Gly
130      135      140

Thr Val Gly Gly Leu Val Asn Val Asn Asp Ser Lys Leu Pro Thr Lys
145      150      155      160

Met Pro Glu Lys Gly Tyr Glu Gly Asn Val Gly Leu Arg Tyr Asn Thr
      165      170      175

Gly Ser Asp Glu Lys Leu Ala Ser Ala Gly Val Thr Val Gly Leu Gly
      180      185      190

Asp Gln Phe Ala Leu Arg Val Glu Gly Leu Lys Arg Glu Ala Asn Asp
195      200      205

Tyr Ile Ala Pro Asn Tyr Phe His Glu Gly Glu Lys Glu Arg Arg Val
210      215      220
  
```

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala Gln Glu Leu Tyr Ala Asn Gly Lys His Phe Ala Thr Asn Thr Tyr
 485 490 495
 Glu Leu Gly Asn Asp Gln Leu Lys Lys Glu Lys Ser Asn Asn Val Glu
 500 505 510
 Leu Gly Phe His Tyr Asp Asp Asn Ile Phe Asp Tyr His Val His Val
 515 520 525
 Tyr His Asn Trp Phe Asp Asp Tyr Ile Phe Ala Gln Thr Leu Asp Arg
 530 535 540
 Tyr Glu Asp Phe Arg Leu Val Glu Tyr Thr Gln Asp Lys Ala Arg Phe
 545 550 555 560
 Tyr Gly Ala Glu Ala Glu Ala Gly Tyr Gln Val Ser Pro Ile Tyr Lys
 565 570 575
 Val Ser Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys Ile Asp Asn Glu Asn
 580 585 590
 Ala Pro Arg Val Pro Ala Gly Arg Leu Gly Thr Lys Val Lys Ala Asn
 595 600 605
 Phe Gly Asp Gly Phe Ser Gly Ser Ala Glu Tyr Tyr His Val Phe Gln
 610 615 620
 Gln Asp Lys Ile Ala Ala Tyr Glu Thr Asp Thr Gln Ser Tyr Asn Met
 625 630 635 640
 Val Asn Leu Gly Val Ala Tyr Ser Gly Gln Tyr Ser Ser Ala Gly Asp
 645 650 655
 Tyr Arg Val Phe Leu Asn Ala Asn Asn Leu Leu Asp Glu Lys Val Tyr
 660 665 670
 Gln His Ala Ser Phe Leu Ser Thr Val Pro Gln Val Gly Arg Asn Phe
 675 680 685
 Thr Val Gly Val Asn Phe Ser Phe
 690 695

<210> 17

<211> 670

<212> PRT

<213> Acinetobacter sp. RUH2624

<400> 17

Met Gln Leu Lys Thr Gln Leu Phe Val Leu Leu Leu Leu Ser Leu Ser

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Gln Asp Ala Ala Lys Phe Tyr Gly Val Asp Ala Asp Leu Ser Tyr Gln
530 535 540

Ile Ser Pro Val Tyr Asn Leu Gly Leu Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly
545 550 555 560

Lys Ile Asp Asn Glu Asn Ala Pro Arg Ile Pro Gly Gly Arg Leu Gly
565 570 575

Thr Lys Val Lys Ala Asp Phe Gly Asp Gly Trp Asp Gly Ser Ala Glu
580 585 590

Tyr Tyr His Val Phe Lys Gln Asp Asp Ile Ala Asn Tyr Glu Thr Lys
595 600 605

Gly Gln Ser Tyr Asn Met Leu Asn Leu Gly Val Gly Tyr Asn Gly Lys
610 615 620

Tyr Ser Asn Ile Gly Asp Tyr Arg Val Phe Leu Asn Ala Asn Asn Leu
625 630 635 640

Leu Asp Ser Arg Ile Tyr Gln His Glu Ser Phe Leu Ala Asn Val Pro
645 650 655

Gln Val Gly Arg Asn Phe Thr Val Gly Val Asn Phe Ser Phe
660 665 670

<210> 18

<211> 823

<212> PRT

<213> Actinobacillus minor 202

5

<400> 18

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

Cys Ala Tyr Ala Glu Glu Gly Ala Glu Leu Glu Glu Ile Gln Val Glu
20 25 30

Thr Lys Met Ala Glu Ser Asn Leu Leu Gly Asp Arg Pro Asn Val Ser
35 40 45

Asp Lys Leu Ile Asp Gly Lys Val Phe Lys Gln Lys Ser Thr Thr Leu
50 55 60

Gly Asp Ala Leu Ser Ser Glu Leu Gly Ile His Ser Asn Gln Tyr Gly
65 70 75 80

Gly Gly Ala Ser Ala Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Lys Arg Ile

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Asp	Lys	Leu	Arg	Phe	Asn	Ala	Ser	His	Val	Asn	Tyr	Gln	His	Gly	Glu	355	360	365
Ile	Glu	Gly	Glu	Lys	Ala	Ala	Asn	Leu	Phe	Lys	Asn	Lys	Gly	Leu	Thr	370	375	380
Thr	Arg	Leu	Glu	Phe	Val	His	Ser	Pro	Val	Gly	Asn	Leu	Thr	Gly	Ile	385	390	395
Trp	Gly	Ile	Gln	Tyr	Leu	Glu	Gln	Lys	Asn	Ser	Ala	Leu	Ser	Pro	Glu	405	410	415
Asp	Ser	Ala	Thr	His	Lys	His	Arg	Gly	Val	Gln	Gln	Leu	Leu	Asn	Asn	420	425	430
Asn	Lys	Met	Gln	Asn	Trp	Ser	Leu	Phe	Gly	Leu	Glu	Ser	Tyr	Gln	Trp	435	440	445
Asn	Asp	Ile	Thr	Phe	Glu	Ala	Ser	Ala	Arg	Leu	Glu	Lys	Gln	Lys	Val	450	455	460
Thr	Lys	Asp	Tyr	Asp	His	Glu	Lys	Val	Arg	Asn	Glu	Phe	Leu	Ser	Leu	465	470	475
Gly	Tyr	Ile	Asp	Ser	Lys	Arg	Pro	Glu	Thr	Ala	His	Ala	Met	Asp	Asn	485	490	495
Tyr	Tyr	Thr	Leu	Thr	Gln	Ala	His	Lys	Glu	Thr	Ala	His	Ser	Phe	Ala	500	505	510
Leu	Gly	Ala	His	Trp	Ala	Phe	Lys	Glu	Asn	His	Lys	Leu	Ser	Leu	Thr	515	520	525
Ala	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	His	530	535	540
Gly	Met	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Met	Gly	Asn	Lys	Gly	Leu	545	550	555
Ser	Lys	Glu	Lys	Ser	Asn	Asn	Leu	Asp	Leu	Gly	Leu	Ser	Tyr	Glu	Gly	565	570	575
Asp	Lys	Phe	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Ser	Gly	Phe	Leu	Tyr	Asn	Phe	Asp	Asn	580	585	590
Tyr	Thr	Tyr	Leu	Tyr	Thr	Leu	Asn	Ser	Gly	Arg	Gly	Pro	Ala	Ser	Met	595	600	605

ES 2 663 872 T3

Lys Gln Asp Ser Asp Leu Arg Ile Asn Arg Tyr Met Gln Ala Pro Ala
610 615 620

Arg Phe Tyr Gly Val Glu Val Asn Leu Gly Tyr Gln Val Thr Pro Lys
625 630 635 640

His His Ile Ser Leu Phe Gly Asp Tyr Val Lys Gly Tyr Leu Lys Ala
645 650 655

His Asp Ile Arg Thr Ser Asp Lys Val Ser Tyr Met Asp Asn Pro Glu
660 665 670

Phe Thr Lys Ala Val Glu Lys Leu Met Gln Glu Asn Pro Lys Met Lys
675 680 685

Pro Trp Arg Ala Ala Ser Lys Val Arg Asn Glu Met Gly Ile Glu Arg
690 695 700

Gln Ile Arg Val Gln Glu Pro Val Tyr Glu Glu Gln Pro Lys Met Tyr
705 710 715 720

Thr Pro Arg Leu Pro Pro Ile Arg Val Gly Ala Arg Ile Lys Ser Asp
725 730 735

Phe Thr Glu Asn Leu Lys Gly Glu Leu Glu Tyr Tyr His Val Phe Thr
740 745 750

Gln His Arg Ile Ser Lys Phe Glu Asn Val Thr Gln Gly His Asn Met
755 760 765

Leu Asn Leu Gly Leu Thr Tyr Gln Asn Lys Leu Ala Lys Gly Glu Tyr
770 775 780

Glu Ile Phe Leu Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asn Glu Glu Val Tyr Ala
785 790 795 800

His Glu Thr Phe Leu Pro Tyr Ile Pro Gln Ile Gly Arg Asn Phe Asn
805 810 815

Val Gly Phe Asn Tyr Lys Phe
820

<210> 19

<211> 823

<212> PRT

<213> Actinobacillus minor NM305

5

<400> 19

Met Lys Lys Asn Ala Ile Thr Leu Ser Met Ile Ser Leu Phe Ser Val

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala	His	Asn	His	Ile	Tyr	Glu	Gly	Cys	Ala	Val	Arg	Ile	Ile	Asp	Glu	275	280	285
Ser	Val	Lys	Gln	Gln	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Phe	Pro	Tyr	Pro	Glu	Leu	Ala	290	295	300
Asp	Asp	Leu	His	Leu	Phe	Trp	Ala	Asn	Pro	Gly	Val	Asn	Met	Ala	Asp	305	310	315
Cys	His	Ala	His	Gly	Leu	Ser	Ala	Thr	Pro	Tyr	Val	Asp	Leu	Lys	Ser	325	330	335
Gln	Arg	Tyr	Asp	Phe	Arg	Gly	Glu	Ile	Ile	Glu	Pro	Phe	Lys	Tyr	Val	340	345	350
Asp	Lys	Leu	Arg	Phe	Asn	Ala	Ser	His	Val	Asn	Tyr	Gln	His	Gly	Glu	355	360	365
Ile	Glu	Gly	Glu	Lys	Ala	Ala	Asn	Leu	Phe	Lys	Asn	Lys	Gly	Leu	Thr	370	375	380
Thr	Arg	Leu	Glu	Phe	Val	His	Ser	Pro	Ile	Gly	Asn	Leu	Thr	Gly	Ile	385	390	395
Trp	Gly	Ile	Gln	Tyr	Leu	Glu	Gln	Lys	Asn	Ser	Ala	Leu	Ser	Pro	Glu	405	410	415
Asp	Ser	Ala	Thr	His	Lys	His	Arg	Gly	Val	Gln	Gln	Leu	Leu	Asn	Asn	420	425	430
Asn	Lys	Met	Gln	Asn	Trp	Ser	Leu	Phe	Gly	Leu	Glu	Ser	Tyr	Gln	Trp	435	440	445
Asn	Asp	Ile	Thr	Phe	Glu	Ala	Ser	Ala	Arg	Leu	Glu	Lys	Gln	Lys	Val	450	455	460
Thr	Lys	Asp	Tyr	Asp	His	Glu	Lys	Val	Arg	Asn	Glu	Phe	Leu	Ser	Leu	465	470	475
Gly	Tyr	Ile	Asp	Ser	Lys	Arg	Pro	Glu	Thr	Ala	His	Ala	Met	Asp	Asn	485	490	495
Tyr	Tyr	Thr	Leu	Thr	Gln	Ala	Tyr	Lys	Glu	Thr	Ala	Arg	Ser	Phe	Ala	500	505	510
Leu	Gly	Ala	His	Trp	Ala	Phe	Lys	Glu	Asn	His	Lys	Leu	Ser	Leu	Thr	515	520	525

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Glu Ile Phe Leu Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asn Glu Glu Val Tyr Ala
785 790 795 800

His Glu Thr Phe Leu Pro Tyr Ile Pro Gln Ile Gly Arg Asn Phe Asn
805 810 815

Ile Gly Phe Asn Tyr Lys Phe
820

<210> 20

<211> 782

<212> PRT

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae L20

<400> 20

Met Leu Ile Ser Ala Gln Phe Ser Pro Leu Val Trp Ala Asn Asn Asn
1 5 10 15

Asp Val Ala Val Leu Asp Glu Val Ser Val Val Gly Ser Thr Pro Ser
20 25 30

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

Ile Ala Gly Lys Glu Phe Lys Lys Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala
50 55 60

Leu Ala Ala Glu Leu Gly Val His Ser Asn Pro Phe Gly Gly Gly Ala
65 70 75 80

Ser Lys Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Ala Arg Ile Arg Ile Leu
85 90 95

Gln Asn Gly Ser Asp Val Ile Asp Met Ser Asn Leu Ser Pro Asp His
100 105 110

Ala Val Val Ala Asp Ser Leu Leu Ala Lys Gln Val Glu Ile Leu Arg
115 120 125

Gly Ser Ser Thr Leu Leu Tyr Ala Ser Ser Ser Pro Ala Gly Ile Val
130 135 140

Asn Val Val Asp Lys Arg Ile Pro Thr Glu Ile Pro Glu Lys Gly Tyr
145 150 155 160

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

Gly Ala Leu Gly Ala Thr Phe Gly Ile Gly Lys His Ile Ala Val Arg
180 185 190

ES 2 663 872 T3

Ala Glu Gly Leu Thr Arg His Ser Asp Asn Tyr Arg Val Pro Gly Ile
195 200 205

Asn Leu Gly Glu Arg Leu Asn Tyr Val Pro Asp Thr Tyr Asn Lys Ser
210 215 220

Lys Val Gly Thr Leu Gly Leu Ser Phe Val Gly Glu Gln Gly Tyr Ile
225 230 235 240

Gly Ala Ser Tyr Ser Lys Arg Arg Asp Asn Tyr Gly Leu Pro Gly His
245 250 255

Asn His Lys Phe Asp Phe Cys Ile Gly His Ile Tyr Gly Asn Lys Gln
260 265 270

Gly Lys Tyr Ala Tyr Thr Tyr Leu Tyr Pro His Leu Ile Gly Glu Glu
275 280 285

Asn Ile Gly Ser Asn Pro His Phe His Cys Gly Thr Asp His Ala Glu
290 295 300

Asp Gly Thr His Ser His Asp Asn Pro Phe Glu His Asp His Asp His
305 310 315 320

Thr His Pro Gly Pro Trp Val Asp Leu Glu Ser Lys Arg Phe Asp Val
325 330 335

Lys Ala Glu Leu Arg Gln Pro Phe Lys Gly Ile Asp Lys Ile Lys Val
340 345 350

Ser Tyr Ala Asp Ala Asp Tyr Tyr His Asp Glu Lys Asp Ala Gly Val
355 360 365

Leu Ala Thr Arg Tyr His Lys Gln Leu Lys Lys Asp Gln Asp Tyr Gly
370 375 380

Lys Pro Val Asn Ile Phe Lys Asn Arg Gly Lys Asn Ala Arg Leu Glu
385 390 395 400

Ile Tyr His Ala Pro Leu Gly Gly Leu Thr Gly Val Trp Gly Val Gln
405 410 415

Tyr Gln Thr Gln Lys Ser Ser Met His Ala Pro Lys Asp Arg Glu Val
420 425 430

Lys Phe Pro Leu Val Glu Asn Thr Asn Lys Gln Met Ser Leu Phe Gly
435 440 445

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Glu Leu Ile Arg Thr Phe Thr Gln Arg Arg Thr Ser Gln Leu Glu Tyr
705 710 715 720

Ile Thr Glu Gly Asn Thr Met Leu Asn Ile Gly Val Ala Tyr Ser Asn
725 730 735

Lys Trp Lys Asp Leu Asp Tyr Lys Ile Ser Leu Asn Gly Thr Asn Leu
740 745 750

Leu Asn Gln Pro Val Tyr Ile His Thr Ser Tyr His Gln Phe Val Pro
755 760 765

Gln Thr Gly Arg Asn Phe Ile Leu Val Val Asn Val Lys Phe
770 775 780

<210> 21

<211> 782

<212> PRT

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae serovar 1 str. 4074

<400> 21

Met Leu Ile Ser Ala Gln Phe Ser Pro Leu Val Trp Ala Asn Asn Asn
1 5 10 15

Asp Val Ala Val Leu Asp Glu Val Ser Val Val Gly Ser Thr Pro Ser
20 25 30

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

Ile Ala Gly Lys Glu Phe Lys Lys Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala
50 55 60

Leu Ala Ala Glu Leu Gly Val His Ser Asn Pro Phe Gly Gly Gly Ala
65 70 75 80

Ser Lys Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Ala Arg Ile Arg Ile Leu
85 90 95

Gln Asn Gly Ser Asp Val Ile Asp Met Ser Asn Leu Ser Pro Asp His
100 105 110

Ala Val Val Ala Asp Ser Leu Leu Ala Lys Gln Val Glu Ile Leu Arg
115 120 125

Gly Ser Ser Thr Leu Leu Tyr Ala Ser Ser Ser Pro Ala Gly Ile Val
130 135 140

Asn Val Val Asp Lys Arg Ile Pro Thr Glu Ile Pro Glu Lys Gly Tyr
145 150 155 160

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Tyr	Gln	Thr	Gln	Lys	Ser	Ser	Met	His	Ala	Pro	Lys	Asp	Arg	Glu	Val	420	425	430
Lys	Phe	Pro	Leu	Val	Glu	Asn	Thr	Asn	Lys	Gln	Met	Ser	Leu	Phe	Gly	435	440	445
Ile	Glu	Gln	Tyr	Met	Trp	Asp	Asn	Phe	Ala	Leu	Glu	Phe	Ala	Gly	Arg	450	455	460
Val	Glu	Lys	Gln	Lys	Ile	Glu	Ile	Glu	Tyr	Asp	Arg	Asn	Glu	Ile	Lys	465	470	475
Arg	Leu	Gln	Asp	His	Tyr	Arg	Ile	Ser	Gly	Gly	Lys	Gln	Val	Glu	Pro	485	490	495
Asp	Leu	Ser	Pro	Tyr	Asn	Gln	Asn	Ala	Tyr	Ala	Tyr	Ser	Ser	Thr	Leu	500	505	510
Asn	Trp	Phe	Phe	His	Pro	Asp	Tyr	Gln	Leu	Ser	Phe	Thr	Ala	Ser	His	515	520	525
Asn	Glu	Arg	Phe	Pro	Thr	Pro	Met	Glu	Leu	Tyr	Tyr	His	Gly	Gln	His	530	535	540
Ile	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Tyr	Gly	Asn	Lys	Asp	Leu	Lys	Lys	Glu	545	550	555
Gln	Ser	Asn	Asn	Val	Glu	Leu	Gly	Leu	Gly	Tyr	Gln	Thr	Glu	Arg	Val	565	570	575
Gly	Tyr	Lys	Val	Asn	Val	Tyr	Tyr	Asn	His	Phe	Lys	Asn	Tyr	Ile	Tyr	580	585	590
Asn	Glu	Asn	Leu	Phe	Arg	Glu	Asn	Gln	Leu	Phe	Met	Arg	Arg	Tyr	Asn	595	600	605
Gln	Ala	Lys	Ala	Arg	Phe	Tyr	Gly	Ile	Glu	Ala	Glu	Ala	Ser	Tyr	Arg	610	615	620
Phe	Asn	Asp	Lys	Tyr	Gln	Ala	Thr	Ile	Phe	Gly	Asp	Met	Val	Arg	Gly	625	630	635
Trp	Leu	Thr	Asn	Leu	Pro	Pro	Leu	Thr	Val	Asn	Ser	Asp	Tyr	Ser	Val	645	650	655
Phe	Lys	Asp	Tyr	Leu	Pro	Lys	Asp	Ala	Lys	Pro	Gly	Glu	Asp	Tyr	Leu	660	665	670

ES 2 663 872 T3

Ile Tyr Arg Ala Asp Gln Asn Thr Pro Arg Thr Pro Pro Val Arg Leu
675 680 685

Gly Phe Arg Phe Asn Ala Glu Phe Thr Pro Asn Trp Ser Gly Asp Leu
690 695 700

Glu Leu Ile Arg Thr Phe Thr Gln Arg Arg Thr Ser Gln Leu Glu Tyr
705 710 715 720

Ile Thr Glu Gly Asn Thr Met Leu Asn Ile Gly Val Ala Tyr Ser Asn
725 730 735

Lys Trp Lys Asp Leu Asp Tyr Lys Ile Ser Leu Asn Gly Thr Asn Leu
740 745 750

Leu Asn Gln Pro Val Tyr Ile His Thr Ser Tyr His Gln Phe Val Pro
755 760 765

Gln Thr Gly Arg Asn Phe Ile Leu Val Val Asn Val Lys Phe
770 775 780

<210> 22

<211> 790

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae serovar 3 str. JL03

<400> 22

Met Phe Asn Lys Lys Leu Leu Ala Val Leu Ile Ser Ala Gln Phe Ser
1 5 10 15

Pro Leu Val Trp Ala Asn Asn Asn Asp Val Ala Val Leu Asp Glu Val
20 25 30

Ser Val Val Gly Ser Thr Pro Ser Ile Ser Gln Gly Ser Glu Val Thr
35 40 45

Leu Leu Lys Val Ser Asp Lys Ile Ile Ala Gly Lys Glu Phe Lys Lys
50 55 60

Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ala Ala Glu Leu Gly Val His
65 70 75 80

Ser Asn Pro Phe Gly Gly Gly Ala Ser Lys Pro Ile Ile Arg Gly Gln
85 90 95

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

Met Ser Asn Leu Ser Pro Asp His Ala Val Val Ala Asp Ser Leu Leu
115 120 125

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Leu	Lys	Lys	Asp	Gln	Asp	Tyr	Gly	Lys	Pro	Val	Asn	Ile	Phe	Lys	Asn	
385					390					395					400	
Arg	Gly	Lys	Asn	Ala	Arg	Leu	Glu	Ile	Tyr	His	Ala	Pro	Leu	Gly	Gly	
				405					410					415		
Leu	Thr	Gly	Val	Trp	Gly	Val	Gln	Tyr	Gln	Thr	Gln	Lys	Ser	Ser	Met	
			420					425					430			
His	Ala	Pro	Lys	Asp	Arg	Glu	Val	Lys	Phe	Pro	Leu	Val	Glu	Asn	Thr	
		435					440					445				
Asn	Lys	Gln	Met	Ser	Leu	Phe	Gly	Ile	Glu	Gln	Tyr	Met	Trp	Asp	Asn	
	450					455					460					
Phe	Ala	Leu	Glu	Phe	Ala	Gly	Arg	Val	Glu	Lys	Gln	Lys	Ile	Glu	Ile	
465					470					475					480	
Glu	Tyr	Asp	Arg	Asn	Glu	Ile	Lys	Arg	Leu	Gln	Asp	His	Tyr	Arg	Ile	
				485					490					495		
Ser	Gly	Gly	Lys	Gln	Val	Glu	Pro	Asp	Leu	Ser	Pro	Tyr	Asn	Gln	Asn	
			500					505					510			
Ala	Tyr	Ala	Tyr	Ser	Ser	Thr	Leu	Asn	Trp	Phe	Phe	His	Pro	Asp	Tyr	
		515					520					525				
Gln	Leu	Ser	Phe	Thr	Ala	Ser	His	Asn	Glu	Arg	Phe	Pro	Thr	Pro	Met	
	530					535					540					
Glu	Leu	Tyr	Tyr	His	Gly	Gln	His	Ile	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Tyr	
545					550					555					560	
Gly	Asn	Lys	Asp	Leu	Lys	Lys	Glu	Gln	Ser	Asn	Asn	Val	Glu	Leu	Gly	
				565					570					575		
Leu	Gly	Tyr	Gln	Thr	Glu	Arg	Val	Gly	Tyr	Lys	Val	Asn	Val	Tyr	Tyr	
			580					585					590			
Asn	His	Phe	Lys	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Asn	Glu	Asn	Leu	Phe	Arg	Glu	Asn	
		595					600					605				
Gln	Leu	Phe	Met	Arg	Arg	Tyr	Asn	Gln	Ala	Lys	Ala	Arg	Phe	Tyr	Gly	
	610					615					620					
Ile	Glu	Ala	Glu	Ala	Ser	Tyr	Arg	Phe	Asn	Asp	Lys	Tyr	Gln	Ala	Thr	
625					630					635					640	

ES 2 663 872 T3

Ile Phe Gly Asp Met Val Arg Gly Trp Leu Thr Asn Leu Pro Pro Leu
645 650 655

Thr Val Asn Ser Asp Tyr Ser Val Phe Lys Asp Tyr Leu Pro Lys Asp
660 665 670

Ala Lys Pro Gly Glu Asp Tyr Leu Ile Tyr Arg Ala Asp Gln Asn Thr
675 680 685

Pro Arg Thr Pro Pro Val Arg Leu Gly Phe Arg Phe Asn Ala Glu Phe
690 695 700

Thr Pro Asn Trp Ser Gly Asp Leu Glu Leu Ile Arg Thr Phe Thr Gln
705 710 715 720

Arg Arg Thr Ser Gln Leu Glu Tyr Ile Thr Glu Gly Asn Thr Met Leu
725 730 735

Asn Ile Gly Val Ala Tyr Ser Asn Lys Trp Lys Asp Leu Asp Tyr Lys
740 745 750

Ile Ser Leu Asn Gly Thr Asn Leu Leu Asn Gln Pro Val Tyr Ile His
755 760 765

Thr Ser Tyr His Gln Phe Val Pro Gln Thr Gly Arg Asn Phe Ile Leu
770 775 780

Val Val Asn Val Lys Phe
785 790

<210> 23

<211> 689

<212> PRT

<213> Alcanivorax borkumensis SK2

5

<400> 23

Met Thr Phe Arg Arg Gln Thr Leu Ser Gly Cys Val Ala Val Ala Leu
1 5 10 15

Leu Ala Pro Thr Ala Val Leu Ala Glu Ala Glu Asn Asn Ser Ala Gly
20 25 30

Leu Glu Lys Ala His Glu Leu Lys Gln Val Asp Val Ser Ala Leu Pro
35 40 45

Leu Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Pro Tyr Ser Val Met Asp Gln Gln
50 55 60

Thr Leu Thr Gln Lys Asn Lys Asp Thr Leu Gly Glu Thr Leu Lys Asn
65 70 75 80

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Glu Gly Ala Ile Gly Ser Thr Phe Thr Asn Lys Gly Gly Asp Ala Arg
 340 345 350
 Leu Glu Val Glu His Lys Pro Phe Gly Asn Trp Arg Gly Val Val Gly
 355 360 365
 Leu Gln Tyr Thr Asn Phe Asp Phe Ser Ser Leu Gly His Glu Ala Phe
 370 375 380
 Val Pro Lys Thr Glu Thr Glu Ser Ile Ala Ile Phe Ala Val Glu Glu
 385 390 395 400
 Tyr Val Leu Asn Glu Gln Trp Ser Phe Glu Leu Gly Ala Arg Gln Glu
 405 410 415
 His Leu Thr Gln Thr Pro Asp Gln Arg Asn Gly Gln Ala Leu Ala Lys
 420 425 430
 Val Thr Ala Asp Asn Ala Ser Phe Ser Gly Ala Ala Asn Trp Ala Phe
 435 440 445
 Val Pro Gly Tyr Glu Leu Val Leu Ser Val Gly His Ser Gly Arg Ala
 450 455 460
 Pro Ser Ala Gln Glu Leu Tyr Ala Gln Gly Val His Leu Ala Thr Asn
 465 470 475 480
 Thr Tyr Glu Cys Gly Leu Leu Ser Asp Cys Gly Gly Gly Gln Arg Asp
 485 490 495
 Leu Asp Asp Glu Val Ser Leu Asn Ala Asn Leu Asn Leu Arg Lys Thr
 500 505 510
 Arg Gly Asp Trp Leu Phe Asp Leu Gly Val Phe Glu Asn Arg Ile Asn
 515 520 525
 Asn Tyr Ile Tyr Ala Arg Thr Leu Asp Gln Gln Glu Asp Phe Arg Leu
 530 535 540
 Ile Lys Tyr Ser Gln Arg Asp Ala Thr Phe Thr Gly Ala Glu Ala Ser
 545 550 555 560
 Val Ser Tyr Tyr Gly Ile Asp Pro Val Gly Ile Thr Val Phe Gly Asp
 565 570 575
 Met Val Arg Ala Thr Phe Asp Asp Gly Gly Tyr Leu Pro Arg Ile Pro
 580 585 590

ES 2 663 872 T3

Ala Lys Arg Leu Gly Thr Arg Leu Asn Ser Tyr Leu Gly Asn Phe Asp
595 600 605

Gly Glu Leu Glu Val Tyr Arg Ser Phe Val Gln Asp Gln Leu Ser Gly
610 615 620

Phe Glu Glu Arg Thr Ala Ala Tyr Asp Met Val Asn Ala Thr Leu Ser
625 630 635 640

Tyr Arg Leu Arg Gly Asn Gln Arg Tyr Thr Phe Tyr Val Arg Gly Asn
645 650 655

Asn Leu Leu Gly Glu Glu Val Phe Asn His Ser Ser Phe Leu Ala Ser
660 665 670

Thr Val Pro Glu Pro Gly Arg Asn Ile Thr Val Gly Thr Arg Ile Glu
675 680 685

Phe

<210> 24

<211> 691

<212> PRT

<213> Azoarcus sp. BH72

<400> 24

Met Leu Pro Arg Leu Ser Pro Leu Ser Leu Ala Leu Leu Cys Ala Leu
1 5 10 15

Gly Thr Ala His Ala Ala Ala Gln Ser Ala Ala Pro Asn Asp Pro Thr
20 25 30

Ala Ala Pro Pro Val Gln Leu Glu Ala Val Thr Val Ser Ala Ser Gly
35 40 45

Leu Asp Val Asp Ser Gly Ala Met Ser Thr Pro Ala Thr Val Leu Gly
50 55 60

Gly Asp Glu Leu Val Arg Arg Arg Ala Ala Thr Leu Gly Glu Thr Leu
65 70 75 80

Ala Thr Glu Pro Gly Ile His Ala Thr Glu Phe Gly Ala Gly Ala Ser
85 90 95

Arg Pro Val Ile Arg Gly Met Asp Gly Ala Arg Val Arg Leu Leu Ser
100 105 110

Asp Gly Ala Glu Ile Met Asp Ala Ser Thr Ile Ser Pro Asp His Ala
115 120 125

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Phe	Ser	Ala	Ile	Gly	Glu	Glu	Ala	Tyr	Val	Pro	Pro	Thr	Leu	Thr	Arg	385	390	395	400
Arg	His	Gly	Ala	Phe	Leu	Ile	Glu	Glu	Tyr	Pro	Thr	Gly	Asp	Trp	Arg	405	410	415	
Phe	Glu	Ala	Gly	Leu	Arg	His	Glu	Trp	Gln	Gln	Val	Glu	Val	Asp	Ala	420	425	430	
Asp	Ala	Arg	Asp	Arg	Ser	His	Arg	Gly	Asn	Ser	Leu	Ser	Leu	Gly	Ala	435	440	445	
Val	Trp	Asn	Phe	Ala	Pro	Asp	Tyr	Ala	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Ala	Arg	450	455	460	
Ala	Gln	Arg	Leu	Pro	Thr	Ala	Glu	Glu	Leu	Tyr	Ala	Asp	Gly	Leu	His	465	470	475	480
Met	Ala	Thr	Arg	Thr	Ile	Glu	Arg	Gly	Asn	Ala	Asp	Leu	Lys	Ala	Glu	485	490	495	
Thr	Ser	His	Asn	Ile	Asp	Leu	Ser	Leu	Lys	Lys	Leu	Ala	Gly	Ala	Thr	500	505	510	
Thr	Phe	Asn	Leu	Ser	Val	Phe	His	Asn	Arg	Val	Asn	Asp	Phe	Ile	Tyr	515	520	525	
Ala	His	Thr	Leu	Asp	Ala	Leu	Glu	Gly	Met	Gln	Leu	Ile	Glu	Tyr	Ala	530	535	540	
Gln	Arg	Asp	Ala	Ile	Phe	Thr	Gly	Val	Glu	Gly	Gln	Val	Arg	Gln	Gln	545	550	555	560
Leu	Asp	Arg	Val	Phe	Gly	Leu	Thr	Leu	Phe	Gly	Asp	Tyr	Val	Arg	Ala	565	570	575	
Arg	Leu	Ala	Gly	Gly	Asp	Gly	Asp	Arg	Asp	Arg	Asp	Leu	Pro	Arg	Ile	580	585	590	
Pro	Ala	His	Arg	Val	Gly	Leu	Arg	Leu	Asp	Ala	Arg	Gln	Gly	Ala	Trp	595	600	605	
Gln	Gly	Glu	Leu	Glu	Val	Tyr	Arg	Val	Gly	Arg	Gln	Arg	Gln	Val	Ala	610	615	620	
Glu	Phe	Glu	Ser	Ser	Thr	Pro	Gly	Tyr	Asn	Met	Val	Asn	Leu	Gly	Ala	625	630	635	640

ES 2 663 872 T3

Ser Tyr Ala Gly Arg Ile Ala Ser Val Pro Tyr Leu Phe Tyr Val Lys
645 650 655

Ala Ala Asn Leu Thr Asp Glu Leu Ala Tyr Ser His Thr Ser Phe Ile
660 665 670

Lys Asp Ala Ala Pro Leu Met Gly Arg Asn Leu Thr Met Gly Val Lys
675 680 685

Val Thr Phe
690

<210> 25

<211> 682

<212> PRT

<213> Azotobacter vinelandii DJ

<400> 25

Met Lys Arg His Ser Leu Ala Trp Thr Leu Gly Leu Ser Leu Val Pro
1 5 10 15

Ala Ile Gly Ala Ser Glu Pro Leu Glu Leu Glu Ser Thr Val Val Ser
20 25 30

Ala Ser Ala Leu Ala Lys Lys Pro His Glu Met Thr Thr Pro Ala Glu
35 40 45

Val Leu Glu Gly Asp Glu Leu Val Leu Arg Arg Glu Ala Thr Leu Gly
50 55 60

Glu Thr Leu Glu Gly Leu Pro Gly Val Arg Ser Ala Ser Phe Gly Ala
65 70 75 80

Gly Val Gly Arg Pro Met Ile Arg Gly Gln Gln Gly Ala Arg Val Lys
85 90 95

Met Leu Ser Asp Gly Val Asp Val Leu Asp Ala Ser Asn Ile Ser Pro
100 105 110

Asp His Ala Val Ser Ser Glu Pro Leu Met Ala Glu Arg Ile Glu Val
115 120 125

Leu Lys Gly Pro Ala Thr Leu Leu Tyr Gly Gly Gly Ala Ile Gly Gly
130 135 140

Val Val Asn Val Ile Asp Lys Lys Val Pro Thr His Val Pro Glu Asn
145 150 155 160

Gly Tyr Glu Gly Glu Leu Glu Leu Arg Ala Asn Ser Val Ala Asn Glu
165 170 175

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

<211> 713

<212> PRT

<213> Bordetella bronchiseptica RB50

<400> 26

```

Met Val Cys Tyr Ile Val Ser Phe Asn Glu Asn Gly Thr Ser Phe Tyr
1          5          10          15

Arg Glu Gly Asn Met Arg Phe Glu Arg His Pro Leu Ser Ala Ala Leu
20          25          30

Ala Leu Ala Leu Ala Trp Gln Gly Ala His Ala Gln Ala Ser Ala Asp
35          40          45

Gly Thr Pro Glu Ala Ala Thr Leu Ala Pro Ile Thr Val Ser Ala Ser
50          55          60

Pro Leu Ala Gly Asp Leu Asp Ser Met Thr Ala Pro Ala Ala Val Leu
65          70          75          80

Glu Gly Asp Gln Leu Leu Leu Arg Arg Gln Gly Thr Leu Gly Asp Thr
85          90          95

Leu Asp Gly Leu Pro Gly Val His Ala Asp Thr Phe Gly Gly Gly Ala
100         105         110

Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Gln Thr Ala Pro Arg Val Lys Val Leu
115         120         125

Ser Asp Gly Ser Glu Leu Met Asp Ala Ser Ala Ile Ser Pro Asp His
130         135         140

Ala Val Thr Thr Glu Pro Leu Leu Ala Asp Lys Ile Glu Val Leu Arg
145         150         155         160

Gly Pro Ala Thr Leu Leu Tyr Gly Gly Gly Ala Ile Gly Gly Val Val
165         170         175

Asn Val Leu Asp Arg Lys Ile Pro Thr Ala Val Pro Gln Gln Gly Ile
180         185         190

Glu Ala Glu Ala Glu Leu Arg Gly Ala Thr Gly Thr Lys Glu Arg Ala
195         200         205

Gly Ala Ile Gly Ile Thr Ala Gly Ser Gly Asn Phe Ala Val Arg Val
210         215         220

Glu Gly Leu Lys Arg Arg Ser Ser Asp Tyr Arg Val Pro Asp Trp Pro
225         230         235         240

```

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala Gln Glu Leu Tyr Ala Asp Gly Val His Leu Ala Thr Asn Thr Tyr
500 505 510

Glu Ile Gly Asp Pro Gly Leu Asp Arg Glu Thr Ser Arg Asn Val Asp
515 520 525

Leu Thr Leu Arg Lys His Ser Gly Asp Thr Thr Phe Ser Val Ser Ala
530 535 540

Phe His Asn Arg Val Lys Asn Tyr Ile Tyr Ala Asn Thr Leu Asp Arg
545 550 555 560

Tyr Glu Asp Phe Arg Leu Ile Glu Tyr Thr Gln Arg Asp Ala Glu Phe
565 570 575

Thr Gly Val Glu Gly Glu Ile Arg His Arg Phe Gly Lys Val Phe Ser
580 585 590

Ala Ala Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Arg Leu Thr Gly Gly Gly
595 600 605

Gly Asn Leu Pro Arg Ile Pro Ala Ala Arg Leu Gly Val Arg Ala Asp
610 615 620

Ala Gln Trp Gln Asn Trp Ala Gly Gly Val Glu Tyr Phe His Val Tyr
625 630 635 640

Arg Gln Asp Asp Ile Ala Ala Tyr Glu Ser Ser Thr Pro Gly Tyr Asp
645 650 655

Met Val Asn Ala Thr Ile Arg Tyr Arg Gly Lys Leu Asp Arg Thr Ala
660 665 670

Tyr Glu Ile Tyr Leu Arg Gly Asn Asn Leu Leu Asn Lys Leu Ala Phe
675 680 685

Asn His Ala Ser Phe Ile Ser Thr Val Ala Pro Leu Pro Gly Arg Ser
690 695 700

Val Leu Leu Gly Val Arg Leu Thr Tyr
705 710

<210> 27

<211> 711

<212> PRT

<213> Bordetella parapertussis

<400> 27

Met Val Cys Tyr Ile Val Ser Phe Asn Glu Asn Gly Thr Ser Phe Cys

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

His Leu Glu Ser Lys Tyr Gly Leu Pro Gly His Asn His Glu Tyr Glu
 275 280 285

Gly Cys His Pro His Gly Ser His Leu His Cys Gly Gly His Asp Asp
 290 295 300

His Gly His Asp Glu His Glu Glu Gly Glu Ala Glu His Asp His Gly
 305 310 315 320

His Glu His Gly Ala Gly Asp Val Pro Tyr Val Lys Leu Arg Ser Asn
 325 330 335

Arg Thr Asp Leu Arg Ala Glu Tyr Thr Asp Pro Phe Ala Gly Phe Glu
 340 345 350

Lys Ile Arg Phe Arg Gly Gly Leu Thr Asp Tyr Arg His Asp Glu Ile
 355 360 365

Glu Gly Gly Gln Leu Gly Thr Arg Phe Gln Asn Arg Gly Tyr Asp Ala
 370 375 380

Arg Leu Glu Leu Thr His Arg Pro Leu Tyr Gly Trp His Gly Val Val
 385 390 395 400

Gly Val Gln Thr Ser Tyr Ser Asp Phe Arg Ala Thr Gly Glu Glu Ala
 405 410 415

Phe Leu Pro Arg Ser Lys Thr Arg Ala His Gly Leu Phe Leu Leu Glu
 420 425 430

Glu Tyr Arg Trp Ala Asp Trp Arg Val Glu Leu Gly Ala Arg Gln Asp
 435 440 445

Trp Gln Arg Val Ser Pro Gln Gly Gly Ala Pro Ala Ser Arg Thr Ala
 450 455 460

Gly Thr Ser Leu Ser Ala Ala Ala Ile Trp Asp Phe Ala Pro Gln Tyr
 465 470 475 480

Ser Leu Ala Leu Ser Val Ser Arg Ser Gln Arg Leu Pro Ser Ala Gln
 485 490 495

Glu Leu Tyr Ala Asp Gly Val His Leu Ala Thr Asn Thr Tyr Glu Ile
 500 505 510

Gly Asp Pro Gly Leu Asp Arg Glu Thr Ser Arg Asn Val Asp Leu Thr
 515 520 525

ES 2 663 872 T3

Leu Arg Lys His Ser Gly Asp Thr Thr Phe Ser Val Ser Ala Phe His
530 535 540

Asn Arg Val Lys Asn Tyr Ile Tyr Ala Asn Thr Leu Asp Arg Tyr Glu
545 550 555 560

Asp Phe Arg Leu Ile Glu Tyr Thr Gln Arg Asp Ala Glu Phe Thr Gly
565 570 575

Val Glu Gly Glu Ile Arg His Arg Phe Gly Lys Val Phe Ser Ala Ala
580 585 590

Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Arg Leu Thr Gly Gly Gly Gly Asn
595 600 605

Leu Pro Arg Ile Pro Ala Ala Arg Leu Gly Val Arg Ala Asp Ala Gln
610 615 620

Trp Gln Asn Trp Ala Gly Gly Val Glu Tyr Phe His Val Tyr Arg Gln
625 630 635 640

Asp Asp Ile Ala Ala Tyr Glu Ser Ser Thr Pro Gly Tyr Asp Met Val
645 650 655

Asn Ala Thr Ile Arg Tyr Arg Gly Lys Leu Asp Arg Thr Ala Tyr Glu
660 665 670

Ile Tyr Leu Arg Gly Asn Asn Leu Leu Asn Lys Leu Ala Phe Asn His
675 680 685

Ala Ser Phe Ile Ser Thr Val Ala Pro Leu Pro Gly Arg Ser Val Leu
690 695 700

Leu Gly Val Arg Leu Thr Tyr
705 710

<210> 28

<211> 713

<212> PRT

<213> Bordetella pertussis Tohama I

<400> 28

Met Ile Cys Tyr Ile Val Ser Phe Asn Glu Asn Gly Thr Ser Phe Tyr
1 5 10 15

Arg Glu Gly Asn Met Arg Phe Glu Arg His Pro Leu Ser Ala Ala Leu
20 25 30

Ala Leu Ala Leu Ala Trp Gln Gly Ala His Ala Gln Ala Ser Ala Asp

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

His 305	Gly	His	Gly	His	Asp 310	Glu	His	Glu	Glu	Gly 315	Glu	Ala	Glu	His	Asp 320
His	Gly	His	Glu	His	Gly 325	Ala	Gly	Asp	Val 330	Pro	Tyr	Val	Lys	Leu 335	Arg
Ser	Asn	Arg	Thr 340	Asp	Leu	Arg	Ala	Glu	Tyr 345	Thr	Asp	Pro	Phe 350	Ala	Gly
Phe	Glu	Lys 355	Ile	Arg	Phe	Arg	Gly 360	Gly	Leu	Thr	Asp	Tyr 365	Arg	His	Asp
Glu 370	Ile	Glu	Gly	Gly	Gln	Leu	Gly 375	Thr	Arg	Phe	Gln 380	Asn	Arg	Gly	Tyr
Asp 385	Ala	Arg	Leu	Glu	Leu	Thr	His 390	Arg	Pro	Leu	Tyr 395	Gly	Trp	His	Gly 400
Val	Val	Gly	Val 405	Gln	Thr	Ser	Tyr	Ser	Asp 410	Phe	Arg	Ala	Thr	Gly 415	Glu
Glu	Ala	Phe	Leu 420	Pro	Arg	Ser	Lys	Thr	Arg 425	Ala	His	Gly	Leu 430	Phe	Leu
Leu	Glu	Glu 435	Tyr	Arg	Trp	Ala	Asp 440	Trp	Arg	Phe	Glu	Leu 445	Gly	Ala	Arg
Gln 450	Asp	Trp	Gln	Arg	Val	Ser	Pro 455	Gln	Ser	Gly	Ala 460	Pro	Ala	Ser	Arg
Thr 465	Ala	Gly	Thr	Ser	Leu	Ser	Ala 470	Ala	Ala	Ile 475	Trp	Asp	Phe	Ala	Pro 480
Gln	Tyr	Ser	Leu	Ala	Leu	Ser	Val	Ser	Arg 490	Ser	Gln	Arg	Leu	Pro 495	Ser
Ala	Gln	Glu	Leu 500	Tyr	Ala	Asp	Gly	Val 505	His	Leu	Ala	Thr	Asn 510	Thr	Tyr
Glu	Ile	Gly 515	Asp	Pro	Gly	Leu	Asp 520	Arg	Glu	Thr	Ser	Arg 525	Asn	Val	Asp
Leu	Thr 530	Leu	Arg	Lys	His	Ser	Gly 535	Asp	Thr	Thr	Phe	Ser	Val	Ser	Ala
Phe 545	His	Asn	Arg	Val	Lys	Asn	Tyr 550	Ile	Tyr	Ala 555	Asn	Thr	Leu	Asp	Arg 560

ES 2 663 872 T3

Tyr Glu Asp Phe Arg Leu Ile Glu Tyr Thr Gln Arg Asp Ala Glu Phe
565 570 575

Thr Gly Val Glu Gly Glu Val Arg His Arg Phe Gly Lys Val Phe Ser
580 585 590

Ala Ala Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Arg Leu Thr Gly Gly Gly
595 600 605

Gly Asn Leu Pro Arg Ile Pro Ala Ala Arg Leu Gly Val Arg Ala Asp
610 615 620

Ala Gln Trp Gln Asn Trp Ala Gly Gly Val Glu Tyr Phe His Val Tyr
625 630 635 640

Arg Gln Asp Asp Ile Ala Ala Tyr Glu Ser Ser Thr Pro Gly Tyr Asp
645 650 655

Met Val Asn Ala Thr Ile Arg Tyr Arg Gly Lys Leu Asp Arg Thr Ala
660 665 670

Tyr Glu Ile Tyr Leu Arg Gly Asn Asn Leu Leu Asn Lys Leu Ala Phe
675 680 685

Asn His Ala Ser Phe Ile Ser Thr Val Ala Pro Leu Pro Gly Arg Ser
690 695 700

Val Leu Leu Gly Val Arg Leu Thr Tyr
705 710

<210> 29
<211> 684
<212> PRT
<213> Bordetella petrii

<400> 29

Met Gln Ile Lys Pro Leu Pro Leu Ala Val Ala Met Ser Leu Gly Leu
1 5 10 15

Ala Ala Thr Ala Gln Ala Gln Gln Ala Gln Gln Ala Gln Gln Thr Gln
20 25 30

Gln Ala Pro Thr Leu Ala Pro Ile Thr Val Ser Ala Asn Pro Leu Gly
35 40 45

Leu Asp Pro Asp Ser Met Ala Leu Pro Ala Leu Val Leu Ser Gly Asp
50 55 60

Ala Leu Ile Glu Arg Arg His Asp Thr Leu Gly Asn Thr Leu Asp Gly

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

His Gln Glu Ile Glu Gly Gly Glu Val Gly Thr Thr Phe Lys Asn Arg
 340 345 350
 Gly Tyr Asp Ala Arg Leu Glu Leu Glu His Lys Pro Leu Tyr Gly Trp
 355 360 365
 Arg Gly Val Val Gly Ile Gln Asn Ala Tyr Ser Asp Phe Ser Ala Asp
 370 375 380
 Gly Glu Glu Ala Phe Leu Pro Arg Ser Asp Thr Arg Ser Thr Gly Ile
 385 390 395 400
 Phe Leu Leu Glu Glu Tyr Lys Leu Gly Asp Trp Arg Phe Glu Val Gly
 405 410 415
 Ala Arg Gln Asp Trp Gln Arg Ile Ser Pro Glu Gly Asp His Pro Arg
 420 425 430
 Ser Ser Gln Ser Gly Thr Ser Leu Ser Ala Ser Ala Ile Trp Asn Phe
 435 440 445
 Ala Pro Gln Tyr Ser Val Ala Leu Ser Leu Ser Arg Ser Gln Arg Leu
 450 455 460
 Pro Ser Ala Gln Glu Leu Tyr Ala Asp Gly Val His Leu Ala Thr Asn
 465 470 475 480
 Thr Tyr Glu Ile Gly Asn Pro Asp Leu Gly Lys Glu Thr Ser Arg Asn
 485 490 495
 Ile Asp Leu Thr Leu Arg Lys His Glu Gly Asp Thr Thr Phe Ser Leu
 500 505 510
 Ser Ala Phe His Asn Arg Val Lys Asn Tyr Ile Tyr Ala Asn Thr Leu
 515 520 525
 Asp Gln Phe Glu Asp Phe Arg Leu Ile Glu Tyr Thr Gln Arg Asp Ala
 530 535 540
 Glu Phe Thr Gly Leu Glu Gly Glu Val Arg His Gln Phe Thr Lys Val
 545 550 555 560
 Phe Ser Ala Ala Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys Leu Thr Gly
 565 570 575
 Gly Gly Gly Asn Leu Pro Arg Ile Pro Ala Ala Arg Leu Gly Val Arg
 580 585 590

ES 2 663 872 T3

Ala Asp Ala Lys Trp Arg Gln Trp Ser Gly Gly Val Glu Tyr Ala His
595 600 605

Val Phe Arg Gln Asn Asp Ile Ala Ser Tyr Glu Ser Ser Thr Pro Gly
610 615 620

Tyr Asp Met Val Asn Ala Val Val Ser Tyr Arg Gly Gly Leu Gly Ala
625 630 635 640

Asp Ala Ala Tyr Glu Val Tyr Leu Arg Gly Thr Asn Leu Leu Asp Lys
645 650 655

Leu Ala Tyr Asn His Ala Ser Phe Ile Ser Lys Val Ala Pro Leu Pro
660 665 670

Gly Arg Ser Val Leu Leu Gly Val Arg Val Thr Tyr
675 680

<210> 30

<211> 711

<212> PRT

<213> Comamonas testosteroni CNB-2

<400> 30

Met Ser Gln Arg Phe Leu Asn Ser Ser Ala His Ser Leu His Arg Ser
1 5 10 15

Ser Lys Ser Ala Leu Ala Arg Ala Ile Glu Ala Leu Gln Pro Ala Gly
20 25 30

Arg Gly Leu Ala Leu Gly Thr Gly Leu Gly Leu Leu Ala Cys Ser Pro
35 40 45

Leu Val Phe Ala Gln Ser Asp Ala Ala Lys Gln Glu Ser Ser Leu Ala
50 55 60

Glu Val Thr Val Ser Ala Thr Gly Met Ala Ala Gly Asp Met Ala Thr
65 70 75 80

Pro Val Gln Val Leu Gly Glu Glu Glu Leu Arg Leu Arg Arg Ala Ala
85 90 95

Thr Leu Gly Glu Thr Leu Ala Ala Glu Pro Gly Ile Asn Ala Ser His
100 105 110

Phe Gly Ala Gly Ala Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Met Asp Gly Ala
115 120 125

Arg Val Ser Val Leu Ser Asp Gly Ser Glu Leu Leu Asp Ala Ser Thr

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Leu Gly Leu Gln Thr Leu Lys Arg Arg Phe Ser Ala Thr Gly Glu Glu
 405 410 415
 Ala Tyr Val Gln Pro Thr Asp Thr Gln Arg His Ser Leu Tyr Leu Leu
 420 425 430
 Glu Glu Tyr Arg Trp Gln Asp Trp Ser Phe Gln Gly Ala Leu Arg His
 435 440 445
 Asp Arg Gln Arg Val Glu Ala Glu Leu Ser Asn Glu Arg Arg Ser His
 450 455 460
 Ser Ala Thr Ser Ala Ser Leu Gly Thr Ala Trp Lys Phe Gln Pro Gly
 465 470 475 480
 Tyr Ser Ala Ser Ala Ser Phe Thr Ser Gly Ser Arg Met Pro Thr Ala
 485 490 495
 Glu Glu Leu Phe Ala Asn Gly Leu His Met Ala Thr Ala Thr Tyr Glu
 500 505 510
 Ile Gly Asn Pro Asn Leu Ser Arg Glu Arg Ser Gln Ala Leu Asp Leu
 515 520 525
 Gly Leu Ala Lys Thr Ala Gly Asp Thr Thr Trp Lys Leu Asn Ala Tyr
 530 535 540
 His Tyr Arg Ile Lys Gly Tyr Ile Tyr Gly Ala Thr Leu Asp Ala His
 545 550 555 560
 Glu Gly Leu Gln Leu Leu Gln Tyr Thr Gln Gly Asn Ala Arg Phe Thr
 565 570 575
 Gly Trp Glu Ala Gln Leu Ser Gln Arg Leu Ser Arg Glu Leu Ser Leu
 580 585 590
 Ser Val Phe Gly Asp Gly Val Arg Ala Arg Leu Glu Asp Gly Ser Ala
 595 600 605
 Leu Pro Arg Ile Pro Ala Leu Arg Ala Gly Leu Arg Val Asn Ala Arg
 610 615 620
 Leu Ala Gly Trp Asp Thr Met Ala Glu Trp Thr Gln Val Leu Arg Gln
 625 630 635 640
 Asn Arg Thr Ala Gln Tyr Glu Thr Gln Thr Pro Gly Tyr Gly Met Leu
 645 650 655

ES 2 663 872 T3

Asn Leu Gly Ala Ser Tyr Leu Trp Lys Ser Gly Gly Asn Gln Trp Gln
660 665 670

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

Thr Ser Phe Ile Lys Ser Ala Ala Pro Leu Thr Gly Arg Asn Leu Val
690 695 700

Val Gly Leu Arg Met Asp Phe
705 710

<210> 31

<211> 711

<212> PRT

<213> Comamonas testosteroni KF-1

<400> 31

Met Tyr Gln Arg Phe Ser Asn Ser Ser Ala His Ser Leu Arg Arg Ser
1 5 10 15

Pro Lys Ser Ala Leu Ala Arg Ala Ile Glu Ala Leu Gln Pro Ala Gly
20 25 30

Arg Gly Leu Ala Leu Gly Thr Gly Leu Gly Leu Leu Ala Cys Ser Pro
35 40 45

Leu Val Phe Ala Gln Ser Glu Ala Ala Lys Gln Glu Ser Ser Leu Ala
50 55 60

Glu Val Thr Val Ser Ala Thr Gly Met Ala Ala Gly Asp Met Ala Thr
65 70 75 80

Pro Val Gln Val Leu Gly Glu Glu Glu Leu Arg Leu Arg Arg Ala Ala
85 90 95

Thr Leu Gly Glu Thr Leu Ala Ala Glu Pro Gly Ile Asn Ala Ser His
100 105 110

Phe Gly Ala Gly Ala Ser Arg Pro Val Ile Arg Gly Met Asp Gly Ala
115 120 125

Arg Val Ser Val Leu Ser Asp Gly Ser Glu Leu Leu Asp Ala Ser Thr
130 135 140

Val Ser Pro Asp His Ala Val Thr Thr Glu Pro Leu Leu Ala Arg Gln
145 150 155 160

Ile Glu Val Leu Arg Gly Pro Ser Ala Leu Leu Tyr Ser Pro Gly Ala

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Thr Ser Phe Ile Lys Ser Ala Ala Pro Leu Thr Gly Arg Asn Leu Val
690 695 700

Val Gly Leu Arg Met Asp Phe
705 710

<210> 32
<211> 730
<212> PRT
<213> Delftia acidovorans SPH-1
<400> 32

Met Arg Val Thr Thr Lys Gln Tyr His Gln Asp Ala Lys Ala Gln Gly
1 5 10 15

Glu Arg Thr Lys Leu Arg Pro Leu Leu Gln Gln Leu Leu Leu Ala Gly
20 25 30

Val Leu Gly Pro Ala Thr Gly Gly Leu Ala Met Ala Ala Glu Pro Ala
35 40 45

Asp Pro Val Pro Ser Ala Gly Pro Ala Ala Ala Ala Asn Ala Gly Ala
50 55 60

Gly Ala Pro Arg Ser Asp Ala Pro Val Leu Asn Glu Val Thr Val Lys
65 70 75 80

Ala Ser Gly Leu Gly Leu Thr Ser Ala Asp Met Ser Thr Pro Ala Thr
85 90 95

Val Leu Glu Gly Asp Val Leu Thr Leu Arg Gln Ala Ala Thr Leu Gly
100 105 110

Glu Thr Leu Asp Gly Glu Pro Gly Ile His Ala Ser His Phe Gly Ala
115 120 125

Gly Ala Ser Arg Pro Ile Ile Arg Gly Met Asp Gly Pro Arg Val Gln
130 135 140

Ile Leu Ser Asp Gly Ser Glu Leu His Asp Ala Ser Thr Ile Ser Pro
145 150 155 160

Asp His Ala Val Ala Ser Glu Pro Met Leu Ala Thr Gln Ile Glu Val
165 170 175

Leu Arg Gly Pro Ser Ala Leu Ile Tyr Gly Gly Gly Gly Ala Met Gly
180 185 190

Gly Val Val Asn Ile Leu Asp Asp Lys Ile Pro Thr Ser Ile Pro Arg

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Asn Ile Thr Val Gly Val Lys Val Ser Phe
725 730

<210> 33
<211> 693
<212> PRT

5 <213> Diaphorobacter sp. TPSY

<400> 33

Met Asn Ser Phe Thr Pro Phe Ala Arg Met Pro Gly Ala Met His Pro
1 5 10 15

Leu Ala Trp Ala Ala Leu Leu Cys Leu Thr Ser Ala Ala Pro Ala Trp
20 25 30

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

Leu Gln Leu Gly Val Ser Glu Met Thr Gln Pro Val Ser Val Leu Glu
50 55 60

Gly Asp Ala Leu Val Arg Gln Arg Glu Ala Thr Leu Gly Glu Thr Leu
65 70 75 80

Asp Gly Glu Pro Gly Ile Thr Gly Ser His Phe Gly Ala Gly Ala Ser
85 90 95

Arg Pro Val Ile Arg Gly Met Asp Gly Pro Arg Val Arg Val Leu Ser
100 105 110

Asp Gly Ser Glu Leu His Asp Ala Ser Thr Val Ser Pro Asp His Ala
115 120 125

Val Ala Ala Glu Pro Leu Leu Ala Thr Gln Val Glu Val Leu Arg Gly
130 135 140

Pro Ser Ala Leu Val Tyr Gly Gly Gly Ala Val Gly Gly Val Val Asn
145 150 155 160

Val Leu Asp Gly Lys Val Pro Thr Ala Val Pro Asp Lys Gly Tyr Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Glu Leu Arg Ala Gly Ser Ala Ala Arg Glu Lys Ala Gly
180 185 190

Ala Val Ala Leu Thr Gly Gly Ala Gly Asn Leu Ala Val His Val Glu
195 200 205

Ala Ala Gly Arg Asp Ala Asp Asp Tyr Arg Val Gly Ser Gly Trp Ala

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Tyr Ala Arg Gly Leu His Met Ala Thr Ser Thr Tyr Glu Arg Gly Asp
 485 490 495
 Ala Ser Leu Arg Ala Glu Thr Ser Arg Asn Ile Asp Leu Ser Leu Arg
 500 505 510
 Lys Thr Ser Gly Asp Thr Thr Phe Asp Val Ser Val Phe His Asn Arg
 515 520 525
 Ile Arg Asn Tyr Ile Tyr Gly Arg Thr Leu Asp Glu Leu Asp Gly Leu
 530 535 540
 Gln Leu Leu Gln Tyr Ser Gln Ala Gly Ala Thr Phe Thr Gly Met Glu
 545 550 555 560
 Gly Arg Val Arg Gln Arg Ile Thr Gln Arg Leu Gly Val Thr Leu Phe
 565 570 575
 Gly Asp Ser Val Arg Ala Arg Leu Asp Gly Gly Ala Arg Leu Pro Arg
 580 585 590
 Ile Ala Pro Ala Arg Val Gly Leu Arg Leu Asp Ala Asn Trp Arg Asp
 595 600 605
 Trp Asp Gly Ala Val Glu Trp Val Gln Val Ala Arg Gln Asn Arg Val
 610 615 620
 Ala Ala Phe Glu Thr Ala Thr Pro Gly Tyr Gly Met Leu Asn Leu Gly
 625 630 635 640
 Leu Ala Tyr Asn Ser Arg Thr Gly Ser Gly Thr Pro Trp Gln Val Tyr
 645 650 655
 Leu Lys Ala Arg Asn Leu Thr Asp Arg Leu Ala Tyr Ala His Thr Ser
 660 665 670
 Phe Ile Lys Asp Ala Ala Pro Leu Ala Gly Arg Asn Val Thr Val Gly
 675 680 685
 Val Arg Val Ser Phe
 690

<210> 34
 <211> 809
 <212> PRT
 <213> Haemophilus parasuis 29755
 <400> 34

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Tyr Ile His Asn Ser Tyr His Pro Tyr Val Pro Gln Met Gly Arg Asn
785 790 795 800

Phe Ile Leu Gly Leu Asp Leu Ser Phe
805

<210> 35

<211> 797

<212> PRT

5 <213> Haemophilus parasuis SH0165

<400> 35

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

Gly Ile Asn Ala Glu Gln Leu Glu Leu Asp Glu Ile Ser Val Met Gly
20 25 30

Lys Val Pro Glu Gly Asn Ser Ile Ser Phe Leu Lys Val Ser Asp Ala
35 40 45

Ile Ile Asp Gly Glu Lys Phe Lys Asn Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn
50 55 60

Ala Leu Ser Ser Glu Leu Gly Val His Ser Thr Pro Phe Gly Gly Gly
65 70 75 80

Ala Ser Ala Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Val Arg Val Lys Ile
85 90 95

Leu Gln Asn Asn Ala Asp Val Val Asp Met Ser Asn Ile Ser Pro Asp
100 105 110

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

Arg Gly Ala Ser Thr Leu Leu Tyr Ala Ser Ser Ser Pro Ala Gly Ile
130 135 140

Val Asn Ile Val Asp Gln Arg Ile Pro Asn Lys Met Pro Lys Lys Gly
145 150 155 160

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

Val Tyr Ala Leu Gly Thr Thr Ile Gly Ile Gly Lys His Leu Ala Leu
180 185 190

Arg Leu Glu Gly Leu Asp Arg Gln Ser Gln Asn Tyr Lys Val Pro Gln

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Trp Met Lys Val Phe Thr Gln Asn Lys Val Ser Lys Leu Glu Ser Ser
725 730 735

Thr Lys Gly Tyr Gln Leu Leu Asn Ala Ser Leu Asn Tyr Arg Arg Gln
740 745 750

Ile Lys Gly Val Glu Tyr Thr Val Ser Leu Thr Gly Asn Asn Leu Leu
755 760 765

Asn Gln Ala Val Tyr Ile His Asn Ser Tyr His Pro Tyr Val Pro Gln
770 775 780

Met Gly Arg Asn Phe Ile Leu Gly Leu Asp Leu Ser Phe
785 790 795

<210> 36

<211> 868

<212> PRT

<213> Haemophilus somnus 129PT

<400> 36

Met Lys Leu Tyr Lys Phe Arg Lys Glu Leu Phe Val Leu Thr Phe Leu
1 5 10 15

Val Ser Gly Ser Ser Ile Ser Ala Glu Ile Ile Ala Glu Leu Asp Glu
20 25 30

Val Val Val Ser Asp Ser Ser Ser Val Ala Asp Phe Gln Ser Leu Ala
35 40 45

Phe Gln Gly Gly Arg Lys Ala Ser Asp Val Phe Ile Glu Gly Lys Glu
50 55 60

Phe Lys Thr Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ala Gly Glu Leu
65 70 75 80

Gly Val His Ser Asn Pro Phe Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro Val Ile
85 90 95

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

Ile Val Asp Met Ser Asn Ile Ser Pro Asp His Ala Val Val Ala Asp
115 120 125

Thr Leu Leu Ala Gln Gln Val Glu Leu Val Arg Gly Thr Ser Thr Leu
130 135 140

Met Tyr Gly Met Ala Ser Pro Ala Gly Val Val Asn Ile Val Asp Asn

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala	Asn	Arg	Gly	Phe	Asn	Ser	Arg	Leu	Glu	Ile	Tyr	His	Gln	Pro	Thr	
			420					425					430			
Glu	His	Phe	Asn	Gly	Val	Val	Gly	Met	Gln	Tyr	Gln	Thr	Gln	Lys	Thr	
		435					440					445				
Lys	Val	Gln	Arg	Leu	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	Asn	Asn	Gly	Gln	Asp	Leu	
	450					455					460					
Ser	Gly	Glu	Arg	Lys	Glu	Ser	Glu	Arg	Asn	Pro	Leu	Val	Pro	His	Thr	
465					470					475					480	
Asn	Lys	Gln	Phe	Ser	Val	Phe	Ala	Leu	Glu	Gln	Phe	Thr	Trp	Arg	Asn	
			485						490					495		
Phe	Ile	Val	Glu	Val	Gly	Ala	Arg	Trp	Glu	Thr	Gln	Arg	Ile	Pro	Ile	
			500					505					510			
Lys	Tyr	Asp	Pro	Asn	Lys	Leu	Arg	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Gly	Ser	Lys	
		515					520					525				
Val	Arg	Leu	Pro	Asp	Leu	Ser	Pro	Tyr	Thr	Glu	Asn	Ala	Leu	Ser	Tyr	
	530					535					540					
Ser	Gly	Thr	Leu	Met	Trp	Asp	Phe	His	Pro	Ala	Tyr	Arg	Leu	Ser	Ile	
545					550					555					560	
Thr	Gly	Ser	His	Asn	Glu	Arg	Ile	Pro	Ser	Pro	Met	Glu	Leu	Tyr	Tyr	
				565					570					575		
His	Gly	Lys	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Gln	Tyr	Gly	Asn	Lys	Asp	
			580					585					590			
Leu	Lys	Lys	Glu	Arg	Ser	Asn	Asn	Val	Glu	Ile	Gly	Leu	Met	Arg	Ile	
		595					600					605				
Ser	Asp	Lys	Trp	Asp	Phe	Lys	Val	Ser	Ala	Tyr	Tyr	Gln	Arg	Phe	Lys	
	610					615					620					
Asn	Tyr	Ile	His	Asn	Glu	Asn	Leu	Tyr	Arg	Glu	Gly	Asn	Leu	Phe	Met	
625					630					635					640	
Arg	Arg	Tyr	Asn	Gln	Ser	Gln	Ala	Arg	Phe	Tyr	Gly	Phe	Glu	Gly	Glu	
				645					650					655		
Ile	Gly	Tyr	Gln	Ile	Thr	Pro	Asn	His	Lys	Ile	Thr	Phe	Phe	Gly	Asp	
			660					665					670			

ES 2 663 872 T3

Tyr Val Asn Gly Lys Leu Phe Gly Phe Lys Lys Phe Tyr Gly Asn Pro
675 680 685

Lys Phe Lys Lys Ile Cys Glu Ile Pro Lys Ala Gln Leu Ile Asp Ile
690 695 700

Glu Arg Cys Ile Glu Asp Glu Glu Trp Gly Glu Glu Trp Asp Tyr Arg
705 710 715 720

Lys Ile Gly Glu Gln Ile Ile Glu Arg Pro Asn Arg Asn Ala Ala Arg
725 730 735

Val Pro Pro Met Arg Leu Gly Phe Arg Leu Lys Ser Gln Phe Asn Asp
740 745 750

Asn Trp Ser Ser Ser Leu Glu Tyr Thr Arg Met Phe Ala Gln Lys Arg
755 760 765

Ile Ser Ile Asn Thr Val Ile Lys Glu Ile Asp Arg Glu Glu Ala Glu
770 775 780

Lys Arg Arg Glu Asn Ala Asn Gly Leu Gly Tyr Asp Gly His Tyr Thr
785 790 795 800

Glu Leu Val Pro Glu Asp Val Thr Gln Gly Tyr His Leu Leu Asn Leu
805 810 815

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

Leu Ser Ala Asn Asn Leu Leu Asn Gln Lys Ile Tyr Ile His Asn Ser
835 840 845

Tyr Leu Pro Tyr Val Pro Gln Met Gly Arg Asn Phe Ile Leu Asn Val
850 855 860

Gly Val Thr Phe
865

<210> 37
<211> 868
<212> PRT
<213> Haemophilus somnus 2336

<400> 37

Met Lys Leu Tyr Lys Phe Arg Lys Glu Leu Phe Val Leu Thr Leu Leu
1 5 10 15

Val Ser Gly Ser Ser Ile Ser Ala Glu Ile Ile Ala Glu Leu Asp Glu

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Gly	Gly	Asp	Gly	Glu	Ala	Pro	Tyr	Leu	Asn	Ala	Tyr	Pro	His	Leu	Met	290	295	300
Thr	Asp	Ala	Asp	Met	Ile	Ser	Ser	Leu	His	Phe	His	Cys	Gly	Ala	Asp	305	310	315
Ile	Gln	Gly	His	Lys	His	Ser	His	Glu	Ser	Ile	Tyr	Gly	His	Asp	His	325	330	335
Asp	Ile	Ser	Glu	Ala	Gly	Pro	Val	Val	Asp	Met	Arg	Ser	Lys	Arg	Tyr	340	345	350
Asp	Val	Arg	Gly	Glu	Trp	Lys	Ser	Pro	Ile	Pro	Gly	Ile	Ser	Lys	Val	355	360	365
Lys	Leu	Ser	Leu	Ala	Tyr	Ala	Asp	Tyr	Tyr	His	Asp	Glu	Lys	His	Asp	370	375	380
Gly	Lys	Ala	His	Ile	Asp	Lys	Asn	Asp	Ser	Gln	Gly	Ile	Lys	Asp	Arg	385	390	395
Lys	Lys	Tyr	Thr	Ala	Ala	Ile	Met	Ser	Gly	Lys	Pro	Glu	Ala	Phe	Tyr	405	410	415
Ala	Asn	Arg	Gly	Phe	Asn	Ser	Arg	Leu	Glu	Ile	Tyr	His	Gln	Pro	Thr	420	425	430
Glu	His	Phe	Asn	Gly	Val	Val	Gly	Met	Gln	Tyr	Gln	Thr	Gln	Lys	Thr	435	440	445
Lys	Val	Gln	Arg	Leu	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	Asn	Asn	Gly	Gln	Asp	Leu	450	455	460
Ser	Gly	Glu	Arg	Lys	Glu	Ser	Glu	Arg	Asn	Pro	Leu	Val	Pro	His	Thr	465	470	475
Asn	Lys	Gln	Phe	Ser	Val	Phe	Ala	Leu	Glu	Gln	Phe	Thr	Trp	Arg	Asn	485	490	495
Phe	Ile	Val	Glu	Val	Gly	Ala	Arg	Trp	Glu	Lys	Gln	Arg	Ile	Pro	Ile	500	505	510
Lys	Tyr	Asp	Pro	His	Lys	Leu	Arg	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Gly	Ser	Lys	515	520	525
Val	Arg	Leu	Pro	Asp	Leu	Ser	Pro	Tyr	Thr	Glu	Asn	Ala	Leu	Ser	Tyr	530	535	540

ES 2 663 872 T3

Ser	Gly	Thr	Leu	Met	Trp	Asp	Phe	His	Pro	Ala	Tyr	Arg	Leu	Ser	Ile	545	550	555	560
Thr	Gly	Ser	His	Asn	Glu	Arg	Ile	Pro	Ser	Pro	Met	Glu	Leu	Tyr	Tyr	565	570	575	
His	Gly	Lys	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Gln	Tyr	Gly	Asn	Lys	Asp	580	585	590	
Leu	Lys	Lys	Glu	Arg	Ser	Asn	Asn	Val	Glu	Ile	Gly	Leu	Met	Arg	Ile	595	600	605	
Ser	Asp	Lys	Trp	Asp	Phe	Lys	Val	Ser	Ala	Tyr	Tyr	Gln	Arg	Phe	Lys	610	615	620	
Asn	Tyr	Ile	His	Asn	Glu	Asn	Leu	Tyr	Arg	Glu	Gly	Asn	Leu	Phe	Met	625	630	635	640
Arg	Arg	Tyr	Asn	Gln	Ser	Gln	Ala	Arg	Phe	Tyr	Gly	Phe	Glu	Gly	Glu	645	650	655	
Ile	Gly	Tyr	Gln	Ile	Thr	Pro	Asn	His	Lys	Ile	Thr	Phe	Phe	Gly	Asp	660	665	670	
Tyr	Val	Asn	Gly	Lys	Leu	Phe	Gly	Phe	Lys	Lys	Phe	Tyr	Gly	Asn	Pro	675	680	685	
Lys	Phe	Lys	Arg	Val	Cys	Glu	Leu	Glu	Asn	Asp	Gly	Lys	Asn	Asn	Leu	690	695	700	
Glu	Lys	Cys	Val	Glu	Asn	Glu	Glu	Trp	Gly	Glu	Glu	Trp	Ser	Tyr	His	705	710	715	720
Lys	Ile	Gly	Glu	Gln	Thr	Ile	Glu	Arg	Pro	Asn	Arg	Asn	Ala	Ala	Arg	725	730	735	
Val	Pro	Pro	Met	Arg	Leu	Gly	Phe	Arg	Leu	Lys	Ser	Gln	Phe	Asn	Asp	740	745	750	
Asn	Trp	Ser	Gly	Ser	Leu	Glu	Tyr	Thr	Arg	Met	Phe	Val	Gln	Lys	Arg	755	760	765	
Ile	Ser	Ile	Asn	Ser	Val	Ile	Lys	Glu	Ile	Asp	Arg	Glu	Glu	Ala	Glu	770	775	780	
Lys	Arg	Arg	Glu	Asn	Ala	Lys	Gly	Leu	Gly	Tyr	Asp	Gly	His	Tyr	Thr	785	790	795	800

ES 2 663 872 T3

Glu Leu Val Pro Glu Asp Val Thr Gln Gly Tyr His Leu Leu Asn Leu
805 810 815

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

Leu Ser Ala Asn Asn Leu Leu Asn Gln Lys Ile Tyr Ile His Asn Ser
835 840 845

Tyr Leu Pro Tyr Val Pro Gln Met Gly Arg Asn Phe Ile Leu Asn Val
850 855 860

Gly Val Thr Phe
865

<210> 38

<211> 766

<212> PRT

5 <213> Mannheimia haemolytica

<400> 38

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

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

Gly Asn Thr Pro Ser Thr Lys Gly Lys Leu Leu Gly Gly Glu Leu Asn
35 40 45

Ser Asn Glu Ser Val Val Asp Glu Lys Asn Leu Lys Gln Gly Ser Ile
50 55 60

Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ser Gly Glu Leu Gly Ile His Ser Ser Gln
65 70 75 80

Phe Gly Gly Gly Ala Ser Thr Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Ser Lys
85 90 95

Arg Ala Lys Ile Leu Gln Asn Asn Gly Glu Asn Leu Asp Met Ser Gly
100 105 110

Met Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Asp Ala Leu Leu Ala Lys Arg
115 120 125

Ile Glu Ile Leu Arg Gly Pro Thr Thr Leu Leu Tyr Ser Ala Gly Asn
130 135 140

Thr Ala Gly Val Ile Asn Val Val Asp Asn Lys Ile Pro Thr Ala Ile
145 150 155 160

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala	Ala	Lys	Val	Phe	Asn	Lys	Gln	Pro	Leu	Leu	Asn	Asn	Pro	Lys	Thr	420	425	430
Lys	Leu	Trp	Ser	Leu	Phe	Ala	Ile	Glu	Arg	Leu	Asn	Leu	Gly	Asp	Phe	435	440	445
Thr	Phe	Glu	Leu	Ser	Gly	Arg	Ala	Glu	Arg	Gln	Lys	Ile	Ala	Met	Asp	450	455	460
Tyr	Asp	Val	Lys	Leu	Ile	Asp	Arg	Trp	Leu	Gly	Phe	Asn	Thr	Pro	Met	465	470	475
Pro	Asn	Leu	Asp	Pro	His	Lys	Asp	Lys	Gly	Tyr	Ser	Tyr	Ser	Phe	Ala	485	490	495
Thr	His	Trp	Tyr	Phe	Ala	Pro	Asn	His	Lys	Leu	Thr	Leu	Asn	Ala	Ala	500	505	510
His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	His	Gly	Lys	515	520	525
His	Ile	Ala	Leu	Asn	Ala	Phe	Glu	Ala	Gly	Asn	Lys	Asn	Leu	Lys	Lys	530	535	540
Glu	Arg	Ser	Asn	Gln	Ile	Glu	Leu	Ser	Leu	Ala	Tyr	Val	Gly	Asp	Lys	545	550	555
Trp	Asp	Tyr	Lys	Leu	Asn	Leu	Tyr	His	Thr	Arg	Tyr	Gly	Asn	Tyr	Ile	565	570	575
Tyr	Pro	Leu	Thr	Leu	Asn	Asp	Asn	Arg	Gly	Pro	Lys	Ser	Phe	Thr	Asp	580	585	590
Glu	Tyr	Asn	Leu	Lys	Val	Asn	Arg	Tyr	Tyr	Gln	Gly	Glu	Ala	Arg	Phe	595	600	605
Ser	Gly	Ala	Glu	Gly	Glu	Ile	Gly	Tyr	Leu	Phe	Thr	Pro	Asn	Tyr	Arg	610	615	620
Leu	Ala	Val	Phe	Gly	Asp	Tyr	Val	Arg	Gly	Lys	Leu	Val	Asn	Leu	Pro	625	630	635
Asn	Ile	Ala	Met	Ser	Tyr	Asn	Ile	Trp	Thr	Gly	Glu	Val	Asp	Lys	Trp	645	650	655
Ala	Ser	Gln	Pro	Asp	Ile	Ser	Ala	Pro	Arg	Ile	Pro	Pro	Leu	Arg	Leu	660	665	670

ES 2 663 872 T3

Gly Ala Arg Phe Asn Ala Asp Phe Asn Leu Asn Trp Ser Gly Met Leu
675 680 685

Glu Tyr Tyr Arg Val Phe Ala Gln Lys Lys Val Ser Lys Tyr Glu Gln
690 695 700

Val Thr Pro Gly His His Gln Val Asn Leu Gly Val Thr Tyr Ser Asn
705 710 715 720

His Phe Asn Gln Thr Glu Tyr Gln Val Phe Leu Lys Val Asp Asn Leu
725 730 735

Leu Asn Gln Lys Met Tyr Gln His Ala Ser Tyr Leu Pro His Ile Pro
740 745 750

Gln Met Gly Arg Asn Ala Met Leu Gly Met Asn Ile Ser Phe
755 760 765

<210> 39

<211> 790

<212> PRT

<213> Mannheimia haemolytica PHL213

<400> 39

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

Pro Leu Val Trp Ala Glu Asn Asn Asp Val Ala Val Leu Asp Glu Val
20 25 30

Ser Val Val Gly Ser Thr Pro Ser Ile Ser Gln Gly Ser Glu Val Thr
35 40 45

Leu Leu Lys Val Ser Asp Lys Ile Ile Ala Gly Lys Glu Phe Lys Lys
50 55 60

Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ala Ser Glu Leu Gly Val His
65 70 75 80

Ser Asn Pro Phe Gly Gly Gly Ala Ser Lys Pro Ile Ile Arg Gly Gln
85 90 95

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

Met Ser Asn Leu Ser Pro Asp His Ala Val Val Ala Asp Ser Leu Leu
115 120 125

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Arg Gly Lys Asn Thr Arg Leu Glu Val Tyr His Ala Pro Leu Gly Gly
 405 410 415
 Leu Thr Gly Val Trp Gly Val Gln Tyr Gln Thr Gln Lys Ser Ser Met
 420 425 430
 Asn Ala Pro Lys Asp Arg Glu Val Lys Phe Pro Leu Val Glu Asn Thr
 435 440 445
 Asn Lys Gln Phe Ser Leu Phe Gly Val Glu Gln Tyr Met Trp Asp Ser
 450 455 460
 Val Ala Val Glu Leu Ala Gly Arg Met Glu Lys Gln Lys Ile Glu Ile
 465 470 475 480
 Glu Tyr Asp Arg Asn Glu Ile Lys Arg Leu Gln Glu His Tyr Arg Ile
 485 490 495
 Ser Gly Gly Lys Gln Val Glu Pro Asp Leu Ser Pro Tyr Asp Glu Thr
 500 505 510
 Ala Tyr Ala Tyr Ser Gly Thr Leu Asn Trp Phe Phe His Pro Asp Tyr
 515 520 525
 Gln Leu Ser Phe Thr Ala Ser His Asn Glu Arg Leu Pro Thr Pro Met
 530 535 540
 Glu Leu Tyr Tyr His Gly Gln His Ile Ala Thr Asn Ser Phe Glu Tyr
 545 550 555 560
 Gly Asn Lys Asp Leu Lys Lys Glu Gln Ser Asn Asn Val Glu Leu Gly
 565 570 575
 Leu Gly Tyr Gln Ala Glu Arg Ile Gly Tyr Lys Val Ser Val Tyr Tyr
 580 585 590
 Asn His Phe Lys Asn Tyr Ile Tyr Asn Glu Asn Leu Phe Arg Glu Asn
 595 600 605
 Gln Leu Phe Met Arg Arg Tyr Asn Gln Ala Lys Ala Arg Phe Tyr Gly
 610 615 620
 Val Glu Ala Glu Ala Ser Tyr Arg Phe Asn Asp Gln Tyr Gln Ala Thr
 625 630 635 640
 Ile Phe Gly Asp Met Val Arg Gly Trp Leu Thr Asn Leu Pro Pro Leu
 645 650 655

ES 2 663 872 T3

Lys Ile Asn Ser Asp Tyr Ser Val Phe Lys Asp Tyr Leu Pro Glu Asn
660 665 670

Val Glu Lys Gly Lys Asp Tyr Leu Leu Tyr Arg Ala Asp Gln Asn Thr
675 680 685

Pro Arg Thr Pro Pro Met Arg Leu Gly Phe Arg Phe Asn Ala Glu Phe
690 695 700

Thr Pro Asn Trp Ser Gly Asp Leu Glu Leu Ile Arg Thr Phe Thr Gln
705 710 715 720

Arg Arg Thr Ser Gln Leu Glu Tyr Ile Thr Glu Gly Asn Thr Met Leu
725 730 735

Asn Val Gly Leu Ser Tyr Ser Asn Lys Trp Lys Glu Leu Asp Tyr Lys
740 745 750

Ile Ser Leu Asn Gly Thr Asn Leu Leu Asn Gln Pro Val Tyr Ile His
755 760 765

Thr Ser Tyr His Gln Phe Val Pro Gln Met Gly Arg Asn Phe Met Leu
770 775 780

Gly Met Glu Met Lys Phe
785 790

<210> 40

<211> 654

<212> PRT

5 <213> Mannheimia haemolytica serotipo A2 str. BOVINO

<400> 40

Met Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Asp Ala Leu Leu Ala Lys Arg
1 5 10 15

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

Thr Ala Gly Val Ile Asn Val Val Asp Asn Lys Ile Pro Thr Ala Ile
35 40 45

Pro Glu Lys Gly Tyr Glu Gly Gln Phe Gly Val Arg Phe Gly Ser Ala
50 55 60

Ser Lys Glu Arg Leu Thr Tyr Ala Gly Ser Thr Phe Ala Leu Gly Asn
65 70 75 80

His Leu Ala Leu Arg Val Gln Gly Met Tyr Asn Lys Ala Ser Glu Tyr
85 90 95

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Tyr	Asp	Val	Lys	Leu	Ile	Asp	Arg	Trp	Leu	Gly	Phe	Asn	Thr	Pro	Met		
		355					360					365					
Pro	Asn	Leu	Asp	Pro	His	Lys	Asp	Lys	Gly	Tyr	Ser	Tyr	Ser	Phe	Ala		
	370					375					380						
Thr	His	Trp	Tyr	Phe	Ala	Pro	Asn	His	Lys	Leu	Thr	Leu	Asn	Ala	Ala		
385					390					395					400		
His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	His	Gly	Lys		
				405					410					415			
His	Ile	Ala	Leu	Asn	Ala	Phe	Glu	Ala	Gly	Asn	Lys	Asn	Leu	Lys	Lys		
			420					425					430				
Glu	Arg	Ser	Asn	Gln	Ile	Glu	Leu	Ser	Leu	Ala	Tyr	Val	Gly	Asp	Lys		
		435					440					445					
Trp	Asp	Tyr	Lys	Leu	Asn	Leu	Tyr	His	Thr	Arg	Tyr	Gly	Asn	Tyr	Ile		
	450					455					460						
Tyr	Pro	Leu	Thr	Leu	Asn	Asp	Asn	Arg	Gly	Pro	Lys	Ser	Phe	Thr	Asp		
465					470					475					480		
Glu	Tyr	Asn	Leu	Lys	Val	Asn	Arg	Tyr	Tyr	Gln	Gly	Glu	Ala	Arg	Phe		
				485					490					495			
Ser	Gly	Ala	Glu	Gly	Glu	Ile	Gly	Tyr	Leu	Phe	Thr	Pro	Asn	Tyr	Arg		
			500					505					510				
Leu	Ala	Val	Phe	Gly	Asp	Tyr	Val	Arg	Gly	Lys	Leu	Val	Asn	Leu	Pro		
		515					520					525					
Asn	Ile	Ala	Met	Ser	Tyr	Asn	Ile	Trp	Thr	Gly	Glu	Val	Asp	Lys	Trp		
	530					535					540						
Ala	Ser	Gln	Pro	Asp	Ile	Ser	Ala	Pro	Arg	Ile	Pro	Pro	Leu	Arg	Leu		
545					550					555					560		
Gly	Ala	Arg	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Asn	Leu	Asn	Trp	Ser	Gly	Met	Leu		
				565					570					575			
Glu	Tyr	Tyr	Arg	Val	Phe	Ala	Gln	Lys	Lys	Val	Ser	Lys	Tyr	Glu	Gln		
			580					585					590				
Val	Thr	Pro	Gly	His	His	Gln	Val	Asn	Leu	Gly	Val	Thr	Tyr	Ser	Asn		
		595					600					605					

ES 2 663 872 T3

His Phe Asn Gln Thr Glu Tyr Gln Val Phe Leu Lys Val Asp Asn Leu
610 615 620

Leu Asn Gln Lys Met Tyr Gln His Ala Ser Tyr Leu Pro His Ile Pro
625 630 635 640

Gln Met Gly Arg Asn Ala Met Leu Gly Met Asn Ile Ser Phe
645 650

<210> 41

<211> 793

<212> PRT

5 <213> Mannheimia haemolytica serotipo A2 str. BOVINO

<400> 41

Met Ile Val Phe Asn Lys Lys Leu Leu Ala Leu Leu Ile Ser Ala Gln
1 5 10 15

Phe Ser Pro Leu Val Trp Ala Glu Ser Ser Asp Asp Val Ala Val Leu
20 25 30

Asn Glu Val Ser Val Val Gly Ser Thr Pro Ser Val Ala Lys Gly Ser
35 40 45

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

Phe Lys Lys Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ala Ala Glu Leu
65 70 75 80

Gly Val His Ser Asn Pro Phe Gly Gly Gly Ala Ser Lys Pro Ile Ile
85 90 95

Arg Gly Gln Glu Gly Ala Arg Ile Arg Ile Leu Gln Asn Gly Ser Asp
100 105 110

Val Ile Asp Met Ser Asn Leu Ser Pro Asp His Ala Val Val Ala Asp
115 120 125

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

Leu Tyr Ala Ser Ser Ser Pro Val Gly Ile Val Asn Val Val Asp Lys
145 150 155 160

Arg Ile Pro Thr Ala Ile Pro Glu Lys Gly Tyr Glu Val Glu Leu Asn
165 170 175

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala Glu Phe Thr Pro Asn Trp Ser Gly Asp Leu Glu Leu Ile Arg Thr
705 710 715 720

Phe Thr Gln Arg Arg Thr Ser Gln Leu Glu Tyr Ile Thr Glu Gly Asn
725 730 735

Thr Met Leu Asn Val Gly Leu Ser Tyr Ser Asn Lys Trp Lys Glu Leu
740 745 750

Asp Tyr Lys Ile Ser Leu Asn Gly Thr Asn Leu Leu Asn Gln Pro Val
755 760 765

Tyr Ile His Thr Ser Tyr His Gln Phe Val Pro Gln Met Gly Arg Asn
770 775 780

Phe Met Leu Gly Met Glu Met Lys Phe
785 790

<210> 42

<211> 818

<212> PRT

<213> Moraxella catarrhalis

<400> 42

Met Lys Val Thr Met Ile Lys Lys Pro Leu Ala Cys Ala Ile Leu Ala
1 5 10 15

Thr Phe Ser Met Pro Met Leu Ala Glu Ala Asn Leu Lys Asp Lys Pro
20 25 30

Thr Val Ile Leu Asp Gly Val Ser Ile Thr Ser Leu Ala Asp Gln Asn
35 40 45

Thr Glu Phe Gly Val Asn His Ser Lys Thr Val Ser Gly Ile Thr Val
50 55 60

Ser Lys Glu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Thr Thr Leu Gly Asp Ala Leu
65 70 75 80

Ala Gly Glu Leu Gly Val His Ser Asn His Phe Gly Gly Gly Ala Ser
85 90 95

Ala Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Lys Arg Leu Lys Ile Leu Gln
100 105 110

Asn Gly Ser Glu Val Val Asp Met Ser Gly Leu Ser Pro Asp His Ala
115 120 125

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Gly	Glu	Lys	Thr	Ser	Phe	Phe	Asp	Asn	Gln	Ala	Asn	Val	Trp	Arg	Leu	
				405					410					415		
Glu	Ala	Ser	His	Thr	Pro	Ile	His	Thr	Pro	Met	Gly	Lys	Phe	Ser	Gly	
			420					425					430			
Val	Phe	Gly	Val	Gly	Tyr	Leu	Thr	Ser	Lys	Asn	Ser	Gly	Leu	Val	Pro	
		435					440					445				
Pro	Arg	Tyr	Glu	Asp	Gly	Asn	Lys	Gln	Asp	Thr	Gln	Asn	Ile	Leu	His	
	450					455					460					
Asn	Asn	Lys	Thr	Lys	Thr	Gly	Ser	Val	Phe	Trp	Phe	Glu	Glu	Tyr	Lys	
465					470					475					480	
Pro	Asn	Asp	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Ala	Ala	Ala	Arg	Ile	Glu	Lys	Gln	
				485				490						495		
Thr	Ile	Thr	Met	Asp	Tyr	Asp	Lys	Asp	Ala	Ile	Tyr	Gln	Ser	Leu	Asn	
			500					505					510			
Leu	Gly	Leu	Ala	Thr	Ala	His	Glu	Pro	Asp	Ile	Arg	Phe	Lys	Arg	Leu	
		515					520					525				
Leu	Asp	Ser	Gly	Thr	Leu	Asn	Pro	Lys	Lys	Gln	Thr	Ala	Arg	Ser	Tyr	
	530					535					540					
Ala	Val	Gly	Thr	His	Leu	Gln	Leu	Thr	Pro	Lys	His	Lys	Leu	Ser	Leu	
545					550					555					560	
Asn	Leu	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	
				565					570					575		
His	Gly	Met	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Ile	Gly	Asn	Arg	Phe	
			580					585					590			
Leu	Asn	Lys	Glu	Lys	Ser	Asn	Asn	Ile	Asp	Leu	Gly	Leu	Thr	Phe	Gln	
		595					600					605				
Gly	Asp	Lys	Trp	Asp	Tyr	Arg	Leu	Gly	Gly	Tyr	His	Tyr	Asp	Phe	Asp	
	610					615					620					
Asn	Tyr	Val	Phe	Leu	Gln	Thr	Leu	Ser	Gln	Tyr	Lys	Gln	Gly	Leu	Arg	
625					630					635					640	
Gly	Met	Arg	His	Asp	Lys	Asp	Leu	Lys	Thr	Ala	Arg	Tyr	Glu	Gln	Ala	
				645					650					655		

ES 2 663 872 T3

Ala Ala Lys Phe Tyr Gly Phe Asp Val Asn Ile Gly Tyr Gln Ile Asn
660 665 670

Asp Val Tyr His Val Ala Leu Phe Gly Asp Tyr Ile Arg Gly Lys Leu
675 680 685

Thr Asn Leu Pro Asp Lys Lys Gly Arg Thr Asp Ala Tyr Gly Asn Arg
690 695 700

Pro Leu Ile Lys Gln Pro Asp Ser His Thr Pro Arg Leu Pro Pro Lys
705 710 715 720

Arg Leu Gly Met Lys Leu Thr Ala Asn Val Asn Ala Asn Trp Ser Gly
725 730 735

Phe Leu Glu Tyr Arg His Thr Phe Lys Gln Asp Lys Leu Ala Asn Phe
740 745 750

Glu Arg Pro Thr Pro Ala His Asn Leu Val Asn Leu Gly Leu Asn Tyr
755 760 765

Gln His Lys Pro Ser His Gln Ala Gly Ser Val Gln Val Phe Phe Asn
770 775 780

Ala Asn Asn Leu Leu Asn Asp Lys Val Phe Ala His Glu Thr Phe Phe
785 790 795 800

Pro Asp Met Pro Gln Met Gly Arg Asn Phe Met Leu Gly Ala Asn Phe
805 810 815

Lys Phe

<210> 43

<211> 796

<212> PRT

<213> Pasteurella dagmatis ATCC 43325

5

<400> 43

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

Ser Gln Ile Ala Val Ala Gln Asn Asn Leu Thr Asn Thr Gly Asn His
20 25 30

Ile Glu Leu Asp Ala Ile His Val Asp Ala Leu Asn Asp Ser Arg Gln
35 40 45

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ser	His	Gly	His	Leu	Cys	Asn	His	Gly	His	Ala	His	His	Ala	Asn	Glu	325	330	335	
Pro	Asn	Ser	His	Asp	His	Gln	His	Ala	Asp	Pro	His	Ile	Val	Leu	Asn	340	345	350	
Ser	Gln	Arg	Trp	Asp	Ile	Arg	Gly	Glu	Trp	Lys	Asn	Pro	Val	Lys	Gly	355	360	365	
Leu	Asp	Lys	Val	Arg	Phe	Ser	Val	Ala	Gln	Val	Asp	Tyr	Arg	His	Asp	370	375	380	
Glu	Lys	Ser	Gly	Ala	Ile	Ser	Asp	Asn	Ser	Phe	Lys	Asn	Lys	Gly	Tyr	385	390	395	400
Ser	Ala	Arg	Leu	Glu	Phe	Ile	His	Gln	Pro	Ile	Ala	Asn	Val	Ser	Gly	405	410	415	
Leu	Ile	Gly	Val	Ser	His	Thr	Tyr	Gln	Asp	Ser	Tyr	Ala	Leu	Asp	Asn	420	425	430	
His	Thr	Leu	Glu	Tyr	Arg	Lys	Gln	Asn	Leu	Leu	Ser	Asp	His	Thr	Thr	435	440	445	
Asp	Gln	Gln	Ser	Leu	Phe	Leu	Met	Glu	Arg	Val	Glu	Phe	Gly	Lys	Trp	450	455	460	
Gln	Phe	Asp	Ile	Gly	Gly	Arg	Met	Glu	Arg	Gln	Arg	Ile	Ala	Met	Lys	465	470	475	480
Tyr	His	Phe	Asn	Val	Pro	Ala	Arg	Glu	Gln	Val	Pro	Gln	Glu	Leu	Thr	485	490	495	
Gln	Pro	His	Lys	Ser	Lys	Gly	Tyr	Ser	Tyr	Ala	Phe	Ser	Ala	Asn	Tyr	500	505	510	
Gln	Val	Asn	Asp	Arg	His	Gln	Leu	Asn	Ile	Ile	Phe	Ser	His	Gln	Glu	515	520	525	
Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	His	Gly	Lys	His	Leu	Ala	530	535	540	
Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Ala	Gly	Asn	Lys	Asn	Leu	Lys	Lys	Glu	Arg	Ser	545	550	555	560
Asn	Asn	Ile	Glu	Leu	Gly	Trp	Asp	Tyr	Ser	Gly	Glu	Lys	Leu	Gly	Ile	565	570	575	

ES 2 663 872 T3

Lys Leu Ser Gly Tyr Tyr Gln Gln Phe Ser Asn Tyr Ile Tyr Ala Ala
 580 585 590
 Ile Leu Asn Asp Lys Ser Thr Cys Thr Trp Arg Ala Asn Gly Arg Cys
 595 600 605
 Ser Arg Ser Leu Ser Ser Asp Tyr Pro Leu His Leu Tyr Arg Tyr Asn
 610 615 620
 Gln Ala Glu Ala Asn Ile Tyr Gly Leu Glu Ala Glu Ala Ser Tyr Gln
 625 630 635 640
 Ile Ser Ser Thr Tyr Asp Val Ser Ile Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly
 645 650 655
 Lys Leu Lys Asn Leu Pro Val Leu Pro Ile Gly Tyr Glu Gln Ala Tyr
 660 665 670
 Asp Gln Asn Tyr Asn Pro Ile Gly Leu Lys Pro Thr Gly Trp Glu Lys
 675 680 685
 Gln Pro Asp Gly Asn Ala Pro Arg Met Pro Ala Met Arg Leu Gly Ile
 690 695 700
 Lys Leu Asn Gly His Phe Asp Asn Gly Val Ser Phe Asn Thr Gln Leu
 705 710 715 720
 Tyr Arg Val Phe Lys Gln Asn Lys Val Ala Arg Leu Glu Lys Pro Thr
 725 730 735
 Pro Gly His Thr Met Trp Asn Ala Gly Val Ser Tyr Asp Gly Arg Ile
 740 745 750
 Gly Asn Asn Glu Tyr Thr Leu Phe Leu Asn Ala Asn Asn Leu Leu Asn
 755 760 765
 Val Lys Val Tyr Asn His Ala Ser Phe Leu Ser Tyr Ile Pro Gln Asn
 770 775 780
 Gly Arg Gly Ile Asn Val Gly Met Asn Phe Lys Phe
 785 790 795

<210> 44

<211> 809

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida subsp. multocida str. Pm70

<400> 44

ES 2 663 872 T3

```

Met Pro Leu Leu Thr Leu Lys Ile Asn Met Phe Phe Met Arg Lys Ile
1           5           10           15

Ser Tyr Leu Ser Leu Cys Val Ile Ser Ala Leu Tyr Ser Gln Leu Ala
20           25           30

Val Ala Gln Ser Pro Leu Lys Asn Thr Ser Glu His Ile Glu Leu Glu
35           40           45

Pro Ile Phe Val Asn Thr Leu Ile Glu Ser Arg Glu Gly Ala Pro Leu
50           55           60

Gly Gly Arg Leu Met Ala Ser Glu Lys Ile Ile Pro Ala Tyr Ser Leu
65           70           75           80

Lys Gln Arg Gly Ser Asn Leu Gly Asp Ala Leu Ser Ser Glu Leu Gly
85           90           95

Ile His Ala Ser Gln Phe Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro Val Ile Arg
100          105          110

Gly Gln Glu Gly Lys Arg Ile Lys Val Leu Ser Ser Gly Asn Glu Thr
115          120          125

Leu Asp Met Ser Ala Met Ser Pro Asp His Ala Val Ala Val Asp Ser
130          135          140

Leu Leu Ala Lys Lys Val Glu Ile Leu Arg Gly Ala Asn Thr Leu Leu
145          150          155          160

Tyr Ser Ser Gly Asn Ala Ala Gly Val Val Asn Val Val Asp Asn Lys
165          170          175

Ile Pro Thr Ala Glu Val Val Gly Val Glu Gly Glu Val Gly Leu Arg
180          185          190

Thr Gly Ser Ala Asp Asn Glu Arg Leu Val Asn Val Ala Leu Asp Val
195          200          205

Gly Leu Ser Lys His Phe Ala Leu His Leu Glu Gly Leu His Lys Lys
210          215          220

Ala Gly Asp Tyr Arg Thr Pro Ser Tyr Gln Tyr Gln Gly Ser Thr His
225          230          235          240

His Lys Leu Ala Asn Ser Phe Val Asp Asn Arg Ser Gly Ser Val Gly
245          250          255

Leu Ser Trp Val Gly Asp Lys Gly Tyr Leu Gly Val Ala Tyr Ser Gln
260          265          270

```

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Glu Gln His Gln Phe Asn Met Ile Val Ser His Gln Glu Arg Leu Pro
 530 535 540

Asn Ala Gln Glu Leu Tyr Ala His Gly Lys His Leu Ala Thr Asn Ser
 545 550 555 560

Phe Glu Ala Gly Asn Lys Asn Leu Thr Lys Glu Arg Ser Asn Asn Val
 565 570 575

Glu Leu Gly Trp Gly Tyr Thr Gly Glu Lys Leu Gly Ile Lys Leu Ser
 580 585 590

Gly Tyr Tyr Gln Gln Phe Ser Asn Tyr Ile Tyr Ala Ala Ile Leu Asn
 595 600 605

Asn Lys Thr Ser Cys Pro Trp Arg Pro Asn Ser Arg Cys Leu Arg Ser
 610 615 620

Leu Ser Asp Asp Tyr Pro Leu Arg Leu Tyr Arg Tyr Asn Gln Ala Lys
 625 630 635 640

Ala Lys Ile Tyr Gly Leu Glu Ala Glu Val Ser Tyr Gln Ile Ser Ser
 645 650 655

Thr His Ser Val Ser Ile Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys Leu Lys
 660 665 670

Asp Leu Pro Ser Leu Pro Ile Gly Tyr Lys Tyr Ile Tyr Asn Glu Asn
 675 680 685

Tyr Asp Met Val Gly Val Gln Pro Thr Gly Trp Glu Lys Gln Pro Asp
 690 695 700

Gly Asn Ala Pro Arg Met Ser Pro Met Arg Leu Gly Ile Lys Trp Asn
 705 710 715 720

Ala Tyr Phe Asp Asn Gly Ile Ser Phe Asn Thr Gln Leu Tyr Arg Val
 725 730 735

Phe Ala Gln Asn Lys Val Ala Arg Leu Glu Thr Pro Thr Lys Gly His
 740 745 750

Thr Met Leu Asn Leu Gly Met Ser Tyr Asp Gly Lys Met Gly Asn Asn
 755 760 765

Glu Tyr Thr Leu Phe Ala Asn Val Asn Asn Val Leu Asn Ser Arg Val
 770 775 780

Tyr Asn His Thr Ser Phe Leu Ser Tyr Ile Pro Gln Ser Gly Leu Gly

ES 2 663 872 T3

785 790 795 800

Leu Asn Val Gly Met Asn Phe Lys Phe
805

<210> 45

<211> 805

<212> PRT

5 <213> Pasteurella multocida subsp. multocida str. Pm70

<400> 45

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

Met Cys Cys Ile Pro Gln Val Val Trp Ala Asn Thr Glu Lys Lys Gln
20 25 30

Ile Val Phe Leu Asp Glu Ile Ser Val Glu Ser Lys Gly Ala Ala Phe
35 40 45

Arg Ser Asp Pro Leu Ser Gly Leu Pro Lys Gln Asn Asp Ile Leu Val
50 55 60

Ser Lys Gln Lys Leu Lys Thr Gly Ser Ser Thr Leu Gly Asn Ala Leu
65 70 75 80

Ala Gly Glu Leu Ser Val His Ser Asn Gln Phe Gly Gly Gly Ser Ser
85 90 95

Ala Pro Val Val Arg Gly Gln Glu Gly Val Arg Leu Lys Ile Leu Gln
100 105 110

Asn Gly Ser Asp Val Ile Asp Met Ser Gln Leu Ser Pro Asp His Ala
115 120 125

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

Ala Ser Thr Leu Leu Tyr Ala Asn Ala Ser Pro Ala Gly Val Ile Asn
145 150 155 160

Val Val Asp Lys Arg Ile Pro Thr Gln Leu Pro Lys Lys Gly Tyr Glu
165 170 175

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

Thr Ala Ala Leu Thr Phe Gly Leu Gly Lys His Ile Ala Leu Arg Val
195 200 205

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

725

730

735

Lys Val Ala Pro Leu Glu Asn Gln Thr Ala Ala Tyr Ser Leu Leu Asn
740 745 750

Ile Gly Val Asp Tyr Ser Arg Gln Ile Ala Gly Val Asn Tyr Gln Leu
755 760 765

Phe Val Gln Ala Asn Asn Val Leu Asn Arg Lys Val Tyr Ser His Thr
770 775 780

Ser Phe Leu Pro Phe Val Pro Gln Met Gly Arg Asn Val Thr Leu Gly
785 790 795 800

Leu Asn Ile His Phe
805

<210> 46

<211> 925

<212> PRT

5 <213> Pasteurella multocida subsp. multocida str. Pm70

<400> 46

Met Val Asn Ile Leu Tyr Phe Leu Tyr Lys Lys Trp Ile Phe Leu Leu
1 5 10 15

Gln Asn Asn Ile Phe Met Leu Asn Leu Ser Thr Leu Phe Phe Tyr Val
20 25 30

Lys Lys Asp Val Glu Thr Val Glu Thr Lys Val Val Thr Asn Lys Leu
35 40 45

Ile Lys Gln Ile Thr Tyr Leu Leu Pro Trp Ser Ala Val Ala Phe Thr
50 55 60

His Val Ile Tyr Ala Gln Thr Glu Met Leu Asp Glu Ile Val Val Ser
65 70 75 80

Gly Ala Gln Pro His Leu Ala Gly Ser Ala Ile Glu His Tyr Gln Ala
85 90 95

Ile Ser Asn Gln Val Ile Lys Lys Glu Arg Leu Gln Lys Gln Ser Ala
100 105 110

Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ala Gly Glu Leu Gly Val His Ser Asn Pro
115 120 125

Phe Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Val
130 135 140

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Thr Ala Trp Leu Asp Lys Val Lys Gly Ser Phe Ser Tyr Ala Asp Tyr
 405 410 415
 Ile His Tyr Glu Tyr His Ser Gly Gln Ala Gly Thr Asp Lys Phe Asp
 420 425 430
 Arg Asp Ser Phe Ile Glu Arg Glu Arg Lys Lys Ala Glu Lys Asn Arg
 435 440 445
 Gly Lys Ala Ala Gly Ile Tyr Lys Asn Ser Gly Tyr Asn Gly Lys Leu
 450 455 460
 Glu Phe Tyr His Thr Pro Ile Val Gly Leu Ser Gly Val Phe Gly Val
 465 470 475 480
 Gln Tyr Ser Glu Tyr Lys Thr Ala Ile Leu Ala Pro Leu Gly Ser Gly
 485 490 495
 Ile Lys His Gln His His Leu Val Pro Asn Thr Gln Lys Gln Ala Ser
 500 505 510
 Phe Phe Ala Val Glu Asn Tyr Val Val Asp Asp Phe Ile Phe Glu Val
 515 520 525
 Gly Ala Arg Val Asp Lys Gln Arg Ile Pro Ile Lys Tyr Asp Gln His
 530 535 540
 Val Leu Asn Ala His Lys Lys Glu Gly Asp His Pro Pro Asp Leu Ser
 545 550 555 560
 Thr His Lys Glu Lys Ala Val Ser Tyr Leu Gly Ser Val Asp Trp Leu
 565 570 575
 Phe His Pro Asn Tyr Arg Ile Gly Leu Thr Leu Ser Arg Asn Glu Arg
 580 585 590
 Leu Pro Thr Pro Met Glu Leu Tyr Tyr His Gly Gln His Leu Ala Thr
 595 600 605
 Asn Ser Phe Glu His Gly Asn Lys Asn Leu Arg Lys Glu Ser Ser Asn
 610 615 620
 Asn Ile Glu Leu Gly Phe Ala Tyr His Thr Asp Lys Trp Asp Tyr Lys
 625 630 635 640
 Leu Ser Leu Tyr Gln Asn Lys Phe Arg Asn Tyr Ile Tyr Asn Glu Asp
 645 650 655
 Leu Ala Arg Tyr Gly Asn Ala Phe Leu Arg Arg Tyr Thr Gln Ala Arg

ES 2 663 872 T3

660	665	670
Ala Lys Phe His Gly Ile Glu Ala Glu Leu Asn Phe Arg Pro Thr Pro 675 680 685		
Asp Tyr Gln Val Thr Leu Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Arg Leu Phe 690 695 700		
Asp Leu Pro Glu Gln Tyr Gly Gln Arg Phe Tyr Gln Gly Tyr Ile Ala 705 710 715 720		
Tyr Asp Glu Glu Gly Leu Ile Gln Ala Asn Trp Glu Lys Gln Pro Tyr 725 730 735		
Arg Ile Glu Gly Ile Lys Arg Asn Glu Arg Asp Ala Pro Arg Val Pro 740 745 750		
Pro Ala Arg Leu Gly Met Arg Leu Ser Gly Asn Val Thr Glu His Leu 755 760 765		
Ser Phe Phe Ala Asp Tyr Thr Tyr Val Phe Ser Gln Gln Lys Thr Ala 770 775 780		
Ser Ser Leu Ser Ile Lys Pro Pro Arg Ala Leu Glu Ala Ser Asp Phe 785 790 795 800		
Ile Asp Asp Asp Thr Gly Glu Asn Leu Leu Leu Lys Gly Ile Asp Arg 805 810 815		
Asp Lys Tyr Asn Arg Thr Gly Gln Pro Ile Ala Asp Leu Ser Ala Ser 820 825 830		
Asp Lys Ala Asp Phe Glu Ser Ala Leu Glu Ala Ile Arg Leu Arg Glu 835 840 845		
Glu Asn Glu Lys Leu Pro Ala Lys Ile Glu Lys Ile Gln Glu Asp Pro 850 855 860		
Ser Lys Gly His His Leu Leu Asn Ile Gly Val Asn Tyr Gln Arg Gln 865 870 875 880		
Ile Gly His Leu Asp Tyr Ser Val Gly Phe Ser Val Asn Asn Val Leu 885 890 895		
Asn Gln Arg Val Tyr Val His Thr Ser Tyr Leu Pro Tyr Val Pro Gln 900 905 910		
Met Gly Arg Asn Tyr Val Leu Asn Phe Gly Val Lys Phe 915 920 925		

ES 2 663 872 T3

<211> 697
 <212> PRT
 <213> Proteus mirabilis ATCC 29906
 <400> 47

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

				485						490						495			
Asp	Pro	Asn	Leu	Thr	Ala	Glu	Ala	Ala	Asn	Asn	Ile	Asp	Ile	Gly	Ile				
			500					505					510						
Thr	Lys	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Gln	Phe	Asn	Met	Ser	Ala	Tyr	Tyr	Asn				
		515					520					525							
Arg	Ile	Asn	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Gly	Gln	Phe	Thr	Gly	Thr	Glu	Leu	Asn				
	530					535					540								
Asn	Gly	Tyr	Arg	Ser	Leu	Gln	Tyr	Val	Gln	Asn	Asp	Ala	Gln	Phe	Lys				
545					550					555					560				
Gly	Ile	Glu	Gly	Asn	Ile	Asp	Tyr	Tyr	Tyr	Asn	Gln	Asp	Ser	Leu	Ile				
				565					570					575					
Gly	Ile	Ser	Gly	Asp	Tyr	Val	Arg	Ala	Asn	Leu	Leu	His	Asn	Lys	Gly				
			580					585					590						
Asn	Ile	Pro	Arg	Ile	Pro	Ala	Tyr	Arg	Leu	Ser	Thr	Tyr	Ile	Lys	His				
		595					600					605							
Ser	Phe	Thr	Glu	Asn	Val	Ile	Gly	Gln	Ile	Arg	Ile	Asp	Tyr	Phe	Gly				
	610					615					620								
Lys	Gln	Asn	Lys	Thr	Ala	Asp	Tyr	Glu	Thr	Ser	Thr	Glu	Ala	Tyr	Asn				
625					630					635					640				
Thr	Val	Ser	Leu	Gly	Ser	Glu	Tyr	Ile	Gly	Tyr	Leu	Asp	Asn	Thr	Asp				
				645					650					655					
Tyr	Thr	Leu	Tyr	Ala	Lys	Ile	Asn	Asn	Ile	Phe	Asp	Val	Lys	Gly	Lys				
			660				665						670						
Asp	Ser	Thr	Ser	Tyr	Ile	Lys	Asp	Glu	Met	Tyr	Leu	Pro	Gly	Arg	Asn				
		675					680					685							
Ile	Ile	Leu	Gly	Ala	Thr	Leu	Thr	Phe											
	690					695													

<210> 48
 <211> 672
 <212> PRT
 <213> Pseudomonas stutzeri A1501

5

<400> 48

Met	Lys	Leu	Lys	Arg	His	Pro	Leu	Ala	Trp	Ala	Ile	Ser	Leu	Ala	Leu
1				5					10					15	

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

530

535

540

Ala Thr Asp Ala Thr Ala Phe Thr Leu Phe Gly Asp His Val Arg Gly
545 550 555 560

Lys Leu Arg Gly Asp Gly Gly Asp Leu Pro Arg Ile Pro Ala Asp Arg
565 570 575

Leu Gly Val Arg Leu Asp Gln Ser Phe Thr Pro Ala Leu Asn Gly Gln
580 585 590

Leu Glu Phe Tyr Arg Val Gln Arg Gln Asp Asp Leu Ala Asp Tyr Glu
595 600 605

Thr Glu Thr Gly Gly Tyr Asn Met Leu Gly Ala Ser Leu Gly Tyr Ser
610 615 620

Gly Ser Leu Ser Gln Thr Asp Tyr Leu Leu Tyr Leu Lys Ala Asn Asn
625 630 635 640

Leu Leu Asp Glu Lys Ala Arg Gln His Thr Ser Phe Ile Lys Asp Glu
645 650 655

Val Leu Leu Pro Gly Arg Asn Leu Thr Val Gly Val Arg Leu Ala Phe
660 665 670

<210> 49

<211> 686

<212> PRT

<213> Sphingomonas sp. SKA58

5

<400> 49

Met Cys Ala Val Ser Ile Ile Ala Ile Thr Pro Gly Ile Ala Leu Ala
1 5 10 15

Gln Ala Gly Gly His Gly Gln Gly Asp Ile Val Val Thr Ala Ala Pro
20 25 30

Leu Gly Gln Lys Ala Asp Glu Thr Thr Thr Pro Val Val Thr Leu Thr
35 40 45

Gly Glu Glu Leu Ile His Arg Arg Ala Ala Thr Leu Gly Glu Thr Leu
50 55 60

Ala Gly Gln Pro Gly Ile Asn Phe Glu Asn Phe Gly Gly Gly Ala Ser
65 70 75 80

Arg Pro Ile Ile Arg Gly Gln Ser Ser Pro Arg Val Gln Val Leu Ser
85 90 95

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala Pro Leu Gly Gly Leu Arg Gly Thr Phe Gly Ile Gln Gln Ser Gly
355 360 365

Ser Arg Phe Gln Ala Ile Ser Gly Gly Val Thr His Thr Leu Asn Thr
370 375 380

Asp Ser Ser Asn Thr Ala Ile Phe Leu Leu Glu Thr Tyr Ser Leu Gly
385 390 395 400

Asn Val Arg Leu Glu Ala Ala Ala Arg Gln Glu Trp Gln Thr Val Lys
405 410 415

Ser Leu Ile Thr Arg Tyr Pro Ser Ile Lys His Lys Pro Phe Ser Ala
420 425 430

Ser Ala Ala Ala Ile Trp Ser Met Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Ala Leu
435 440 445

Ser Leu Ala His Thr Glu Arg Ala Pro Ser Val Gln Glu Leu Tyr Ala
450 455 460

Tyr Gly Leu His Leu Ala Thr Asn Thr Tyr Glu Ile Gly Ile Val Ser
465 470 475 480

Gly Asn Ser Arg Leu Ala Glu Lys Val Ser Gln Gly Val Glu Lys Ala
485 490 495

Asn Ser Val Asn Leu Thr Leu Arg Lys Thr Ala Gly Pro Thr Thr Phe
500 505 510

Thr Ile Gly Ala Tyr His Gln Asp Phe Asp Asn Tyr Ile Tyr Ala Gln
515 520 525

Thr Leu Asp Gln Phe Glu Asp Phe Arg Leu Ile Arg Tyr Ala Gly Ala
530 535 540

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

Asp Gln Phe Ala Leu Ser Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Ala Lys Leu
565 570 575

Lys Asn Gly Gly Gly Asp Leu Pro Arg Ile Pro Ala Gly Arg Leu Gly
580 585 590

Ala Arg Gly Asp Ala His Val Gly Pro Phe Thr Ala Asp Ala Glu Tyr
595 600 605

Tyr His Val Phe Glu Gln Asp Arg Ile Ala Ala Phe Glu Thr Arg Thr

ES 2 663 872 T3

610

615

620

Pro Gly Tyr Asp Met Val Asn Ala Thr Leu Ala Tyr Arg Leu Glu Leu
625 630 635 640

Gly Asp Lys Arg Ser Ala Glu Leu Phe Val Arg Gly Thr Asn Leu Thr
645 650 655

Asn Glu Leu Ala Tyr Asn His Ser Ser Phe Ile Lys Ala Phe Ser Pro
660 665 670

Leu Arg Gly Arg Asn Phe Val Phe Gly Leu Arg Gly Ala Phe
675 680 685

<210> 50

<211> 921

<212> PRT

<213> Neisseria meningitidis MC58

<400> 50

Met Arg Ser Ser Phe Arg Leu Lys Pro Ile Cys Phe Tyr Leu Met Gly
1 5 10 15

Val Thr Leu Tyr His Tyr Ser Tyr Ala Glu Asp Ala Gly Arg Ala Gly
20 25 30

Ser Glu Ala Gln Ile Gln Val Leu Glu Asp Val His Val Lys Ala Lys
35 40 45

Arg Val Pro Lys Asp Lys Lys Val Phe Thr Asp Ala Arg Ala Val Ser
50 55 60

Thr Arg Gln Asp Ile Phe Lys Ser Ser Glu Asn Leu Asp Asn Ile Val
65 70 75 80

Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln Gln Asp Lys Ser Ser Gly Ile
85 90 95

Val Ser Leu Asn Ile Arg Gly Asp Ser Gly Phe Gly Arg Val Asn Thr
100 105 110

Met Val Asp Gly Ile Thr Gln Thr Phe Tyr Ser Thr Ser Thr Asp Ala
115 120 125

Gly Arg Ala Gly Gly Ser Ser Gln Phe Gly Ala Ser Val Asp Ser Asn
130 135 140

Phe Ile Ala Gly Leu Asp Val Val Lys Gly Ser Phe Ser Gly Ser Ala
145 150 155 160

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Leu Asp Leu Asn Asn Thr Ala Thr Phe Arg Leu Pro Arg Glu Thr Glu
 420 425 430
 Leu Gln Thr Thr Leu Gly Phe Asn Tyr Phe His Asn Glu Tyr Gly Lys
 435 440 445
 Asn Arg Phe Pro Glu Glu Leu Gly Leu Phe Phe Asp Gly Pro Asp Gln
 450 455 460
 Asp Asn Gly Leu Tyr Ser Tyr Leu Gly Arg Phe Lys Gly Asp Lys Gly
 465 470 475 480
 Leu Leu Pro Gln Lys Ser Thr Ile Val Gln Pro Ala Gly Ser Gln Tyr
 485 490 495
 Phe Asn Thr Phe Tyr Phe Asp Ala Ala Leu Lys Lys Asp Ile Tyr Arg
 500 505 510
 Leu Asn Tyr Ser Thr Asn Thr Val Gly Tyr Arg Phe Gly Gly Glu Tyr
 515 520 525
 Thr Gly Tyr Tyr Gly Ser Asp Asp Glu Phe Lys Arg Ala Phe Gly Glu
 530 535 540
 Asn Ser Pro Thr Tyr Lys Lys His Cys Asn Arg Ser Cys Gly Ile Tyr
 545 550 555 560
 Glu Pro Val Leu Lys Lys Tyr Gly Lys Lys Arg Ala Asn Asn His Ser
 565 570 575
 Val Ser Ile Ser Ala Asp Phe Gly Asp Tyr Phe Met Pro Phe Ala Ser
 580 585 590
 Tyr Ser Arg Thr His Arg Met Pro Asn Ile Gln Glu Met Tyr Phe Ser
 595 600 605
 Gln Ile Gly Asp Ser Gly Val His Thr Ala Leu Lys Pro Glu Arg Ala
 610 615 620
 Asn Thr Trp Gln Phe Gly Phe Asn Thr Tyr Lys Lys Gly Leu Leu Lys
 625 630 635 640
 Gln Asp Asp Thr Leu Gly Leu Lys Leu Val Gly Tyr Arg Ser Arg Ile
 645 650 655
 Asp Asn Tyr Ile His Asn Val Tyr Gly Lys Trp Trp Asp Leu Asn Gly
 660 665 670
 Asp Ile Pro Ser Trp Val Ser Ser Thr Gly Leu Ala Tyr Thr Ile Gln

ES 2 663 872 T3

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

<210> 51
 <211> 530
 <212> PRT
 <213> Aggregatibacter actinomycetemcomitans

5 <400> 51

```

Met Val Thr Phe Cys Ile Leu Asn Val Leu Asn Val Ala Asn Ala Glu
 1          5          10          15

Glu Gln Leu Asp Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Thr Ile Ala Asn Glu
 20          25          30

Lys Lys Pro Phe Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val
 35          40          45

Phe Lys Ser Thr Glu Thr Val Asp Asn Val Val Arg Ser Ile Pro Gly
 50          55          60

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

Arg Gly Glu Thr Gly Phe Gly Arg Ala Asn Thr Met Val Asp Gly Val
 85          90          95

Thr Gln Thr Phe Tyr Ser Thr Ser Met Asp Ala Gly Arg Thr Gly Gly
100          105          110

Asn Ser Gln Phe Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Ile
115          120          125

Asp Leu Thr Lys Gly Asn Phe Ser Gly Thr Gly Gly Val Asn Ser Leu
130          135          140

Tyr Gly Ala Ala Asn Phe Arg Thr Leu Gly Val Asn Asp Val Ile Gln
145          150          155          160

Gly Asp Lys Asn Tyr Gly Phe Leu Thr Lys Gly Leu Ser Gly Asp Asn
165          170          175

Glu Thr Lys Tyr Asn Tyr Met Ala Met Gly Ala Ala Arg Lys Trp Leu
180          185          190

Asp Asn Gly Gly Tyr Ile Gly Val Leu Tyr Gly Tyr Ser Gln Arg Glu
195          200          205

Val Ser Gln Asn Tyr Lys Val Gly Gly Gly Gly Glu Arg Ile Ser Asp
210          215          220

Val Gly Lys Gly Phe Leu Glu Arg Lys Arg Asn Glu Phe Phe Arg Ser
225          230          235          240
    
```

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

500

505

510

Tyr Thr Ala Tyr Tyr Asn Ser Pro Ser Asp Phe Lys Lys Ala Phe Gly
515 520 525

Glu Asp
530

<210> 52

<211> 365

<212> PRT

5 <213> Aggregatibacter actinomycetemcomitans D11S-1

<400> 52

Met Tyr Glu Pro Val Tyr Lys Lys Gly Gly Lys Lys Ser Ala Val Asn
1 5 10 15

His Ser Val Val Leu Ser Ala Ala Pro Ser Asp Tyr Phe Met Pro Phe
20 25 30

Ile Ser Tyr Ala Arg Thr His Arg Met Pro Asn Ile Gln Glu Met Tyr
35 40 45

Phe Ser Gln Ile Gly Asp Ser Gly Val Asn Thr Asn Leu Lys Pro Glu
50 55 60

Arg Ala Asp Thr Tyr Gln Ile Gly Phe Asn Thr Phe Lys Asn Asn Val
65 70 75 80

Phe Leu Asp Asp Asp Val Leu Gly Leu Lys Ala Val Phe Tyr Arg Ser
85 90 95

Arg Ile Lys Asp Tyr Ile His Asn Val Tyr Gly Lys Trp Trp Asn Thr
100 105 110

Gln Ala Gly Leu Pro Pro Ser Trp Val Thr Thr Thr Gly Leu Ser Tyr
115 120 125

Thr Ile Gln His Arg Asn Tyr Gln Lys Arg Val Asn Lys Arg Gly Leu
130 135 140

Glu Leu Glu Leu Asn Tyr Asp Ala Gly Arg Phe Phe Thr Asn Leu Ser
145 150 155 160

Tyr Ala Tyr Gln Lys Thr Asn Gln Pro Thr Asn Tyr Ser Asp Ala Ser
165 170 175

Glu Ser Pro Asn Asn Ala Ser Lys Gln Asp Gln Ile Lys Gln Gly Tyr
180 185 190

ES 2 663 872 T3

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

Ile Gly Ser Arg Trp Phe Asp Arg Lys Leu Thr Ile Gly Ser Ala Val
210 215 220

Arg Tyr Tyr Gly Lys Ser Lys Arg Ala Thr Thr Glu Glu Arg Tyr Ile
225 230 235 240

Asp Gly Thr Lys Pro Gly Asn Thr Ala Asp Pro His Asn Ile Gly Lys
245 250 255

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

Asp Phe Tyr Val Ala Tyr Glu Pro Val Glu Asn Leu Val Ile Arg Ala
275 280 285

Asp Ile Gln Asn Ala Phe Asp Lys Arg Tyr Ile Asp Pro Leu Asp Ala
290 295 300

Ala Asn Asp Ala Ala Thr Gln Arg Tyr Phe Ser Thr Phe Glu Asn Leu
305 310 315 320

Asn Ser Tyr Gly Asp Asp Ile Val Gln Cys Asp Ser Asn Gly Leu Cys
325 330 335

Asn Gly Arg Tyr Gly Gly Lys Thr Asn Ser Ile Leu Asn Asn Tyr Ala
340 345 350

Arg Gly Arg Thr Phe Val Leu Ser Val Ser Tyr Lys Phe
355 360 365

<210> 53

<211> 924

<212> PRT

<213> Aggregatibacter aphrophilus NJ8700

<400> 53

Met Arg Lys Thr Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Phe Cys Leu Leu Asn
1 5 10 15

Val Ile Asn Ile Thr Tyr Ala Glu Glu Gln Leu Asn Gln Ile Asp Val
20 25 30

Val Glu Lys Ile Ile Ala Asn Glu Lys Lys Pro Phe Thr Glu Ala Lys
35 40 45

Ala Lys Ser Thr Arg Glu His Val Phe Lys Glu Thr Gln Ser Ile Asp

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Glu Gln Tyr Arg Leu Ala Pro Leu Asp Pro Ser Ser Val Arg Gln Ser
 325 330 335
 Ser His Ser His Leu Val Lys Leu Glu Tyr Gly Asp Asp Arg His Thr
 340 345 350
 Leu Asn Leu Gln Leu Arg Ala Leu Asp Asn Ala Ile Gly Thr Arg Lys
 355 360 365
 Ile Glu Asn Arg Asn Tyr Gln Leu Asn Tyr Asn Phe Asn Asn Asn Gly
 370 375 380
 Tyr Ile Asp Met Asn Leu Leu Leu Ala His Asn Val Gly Lys Ser Lys
 385 390 395 400
 Tyr Pro Lys Gly Ser Arg Phe Thr Gly Trp Glu Val Leu Lys Tyr Leu
 405 410 415
 Glu Thr Lys Asn Ala Ala Asp Ile Phe Asp Ile Ser Asn Ser Tyr Thr
 420 425 430
 Phe Thr Leu Pro Lys Glu Val Asp Leu Lys Thr Thr Leu Gly Phe Asn
 435 440 445
 Phe Phe Lys Asn Glu Tyr Ser Lys Asn Arg Phe Pro Glu Glu Leu Ser
 450 455 460
 Leu Phe Tyr Asp Gly Ser Ser Gln Arg Gly Gly Leu Tyr Asp Phe Leu
 465 470 475 480
 Gly Arg Tyr Lys Gly Ser Lys Gly Leu Leu Pro Gln Lys Ser Ser Ile
 485 490 495
 Leu His Pro Ser Gly Glu Gln Lys Phe His Thr Phe Tyr Leu Asp Thr
 500 505 510
 Ser Leu Thr Arg Asp Ile Tyr Arg Leu Asp Tyr Ser Val Asn Phe Ile
 515 520 525
 Lys Tyr Lys Phe Asn Gly Glu Tyr Ala Gly Tyr Tyr Asn Ser Pro Glu
 530 535 540
 Asp Phe Glu Lys Ala Phe Gly Lys Asp Ser Gln Ile Tyr Lys Lys Tyr
 545 550 555 560
 Cys Lys Pro Asn Gly Gly Cys Gln Ile Tyr Glu Pro Leu Glu Arg Lys
 565 570 575

ES 2 663 872 T3

Thr	Gly	His	Lys	Thr	Ala	Val	Asn	His	Ser	Ala	Ile	Phe	Ser	Ala	His	580	585	590
Leu	His	Asp	Tyr	Phe	Met	Pro	Phe	Met	Gly	Tyr	Ala	Arg	Thr	His	Arg	595	600	605
Met	Pro	Asn	Ile	Gln	Glu	Met	Tyr	Phe	Ser	Gln	Val	Ser	Asp	Ala	Gly	610	615	620
Val	Asn	Thr	Asp	Leu	Lys	Pro	Glu	Arg	Ala	Ser	Thr	Tyr	Gln	Leu	Gly	625	630	635
Phe	Asn	Thr	Phe	Lys	Glu	Gly	Ile	Trp	Lys	Asn	Asp	Asp	Val	Leu	Gly	645	650	655
Ile	Lys	Val	Val	Gly	Tyr	Arg	Ser	Tyr	Ile	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Asn	660	665	670
Val	Trp	Gly	Glu	Trp	Trp	Gln	Gly	Gly	Ala	Pro	Thr	Trp	Ala	Glu	Ser	675	680	685
Asn	Gly	Phe	Gln	Phe	Thr	Ile	Ala	His	Arg	Asn	Tyr	Ala	Lys	Thr	Val	690	695	700
Lys	Lys	Ser	Gly	Val	Glu	Leu	Glu	Leu	Asn	Tyr	Asp	Met	Gly	Arg	Phe	705	710	715
Phe	Thr	Asn	Leu	Ser	Tyr	Ala	Tyr	Gln	Arg	Thr	Asn	Gln	Pro	Thr	Asn	725	730	735
Tyr	Ser	Asp	Ala	Ser	Pro	Arg	Pro	Asn	Asn	Ala	Ser	Lys	Glu	Asp	Val	740	745	750
Leu	Lys	Gln	Gly	Tyr	Gly	Leu	Thr	Arg	Ile	Ser	Ala	Leu	Pro	Arg	Asp	755	760	765
Tyr	Gly	Arg	Leu	Glu	Leu	Gly	Ser	Arg	Trp	Phe	Asp	Arg	Lys	Leu	Thr	770	775	780
Val	Gly	Gly	Ala	Val	Arg	Tyr	Tyr	Gly	Glu	Ser	Lys	Arg	Ala	Ser	Ile	785	790	795
Glu	Glu	Lys	Tyr	Ile	Asp	Gly	Thr	Lys	Phe	Glu	Lys	Asn	Ala	Leu	Arg	805	810	815
Arg	His	His	His	Ala	Ile	Lys	Glu	Thr	Glu	Thr	Ile	Glu	Lys	Gln	Pro	820	825	830

ES 2 663 872 T3

Leu Ile Phe Asp Leu Tyr Val Ser Tyr Glu Pro Ile Glu Asn Leu Ile
835 840 845

Leu Lys Thr Glu Val Gln Asn Leu Phe Asp Lys Lys Tyr Ile Asp Pro
850 855 860

Leu Asp Ala Gly Asn Asp Ala Ala Thr Gln Arg Tyr Tyr Ser Ser Ile
865 870 875 880

Ser Ser Ala Pro Ser Gln Pro Cys Ala Pro Gly Glu Leu Cys His Lys
885 890 895

Asp Gly His Ser Gly Lys Thr Gln Ser Ile Leu Asn Asn Tyr Ala Arg
900 905 910

Gly Arg Thr Ile Val Phe Ser Leu Ser Tyr Lys Phe
915 920

<210> 54

<211> 758

<212> PRT

<213> Campylobacter coli RM2228

<400> 54

Met Lys Lys Leu Ser Leu Phe Cys Ala Val Gly Leu Cys Phe Ala Asn
1 5 10 15

Phe Ala Phe Ser Glu Glu Leu Glu Phe Asp Ser Leu Glu Ile Ser Gly
20 25 30

Ser Lys Ile Lys Asn Asp Glu Lys Pro Phe Val Thr Pro Gly Ala Thr
35 40 45

Ser Thr Arg Asp Asn Leu Asn Ser Asn Thr Gln Ser Ile Asp Ser Ile
50 55 60

Val Arg Ser Val Pro Gly Ala Tyr Thr Gln Val Asp Gln Ala Gln Gly
65 70 75 80

Gly Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Met Thr Gly Leu Gly Arg Val Asn
85 90 95

Thr Gln Ile Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe Phe Gly Ser Ala Ser Asp
100 105 110

Asp Ser Phe His Gly Gln Ile Gly Thr Ser Ser Phe Thr Ala Pro Ile
115 120 125

Asp Lys Asn Phe Leu Val Ala Leu Asp Val Asn Arg Gly Thr Phe Ser
130 135 140

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Lys	Gln	Asp	Ile	Lys	Thr	Leu	Tyr	Leu	Asp	Thr	Ser	Phe	Thr	Lys	Gly	405	410	415
Ile	Phe	Thr	Leu	Asn	Ser	Asn	Ile	Asn	Trp	Thr	Asn	Ala	Gln	Leu	Ser	420	425	430
Gly	Tyr	Lys	Gly	Ile	Cys	Ser	Met	Ala	Asn	Pro	Tyr	Cys	Gln	Pro	Lys	435	440	445
Asn	Ala	Thr	Asn	Leu	Glu	Lys	Asp	Tyr	Asn	Asn	Phe	Asn	Tyr	Ser	Leu	450	455	460
Met	Leu	Ser	Ala	Asp	Ile	His	Pro	Leu	Phe	Asn	Pro	Phe	Ile	Ser	Tyr	465	470	475
Ser	Lys	Ser	His	Arg	Ile	Pro	Asn	Val	Gln	Glu	Tyr	Phe	Phe	Thr	His	485	490	495
Asp	Ala	Ser	Phe	Glu	His	Asn	Met	Asn	Thr	Phe	Leu	Lys	Ala	Glu	Ser	500	505	510
Ala	Asp	Thr	Tyr	Gln	Ile	Gly	Phe	Asn	Ser	Phe	Thr	His	Glu	Ile	Leu	515	520	525
Asn	Asp	Ser	Asp	Thr	Leu	Gly	Phe	Lys	Met	Leu	Tyr	Tyr	Asp	Thr	Lys	530	535	540
Val	Lys	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Asn	Arg	Arg	Tyr	Trp	Gln	Lys	Ala	Asp	Asp	545	550	555
Ala	Ile	Phe	Leu	Met	Gln	Leu	Asn	Asp	Asp	Glu	Lys	Ala	Lys	Phe	His	565	570	575
Gly	Val	Glu	Leu	Glu	Phe	Lys	Tyr	Asp	Thr	Gly	Phe	Phe	Tyr	Ser	Ile	580	585	590
Leu	Ser	Tyr	Thr	Tyr	Gln	Lys	Ser	Lys	His	Lys	Phe	Ser	Asp	Thr	Glu	595	600	605
Ser	Leu	Glu	Phe	Gly	Gly	Ala	Gln	Ser	Gly	Gln	Ser	Gln	Phe	Ala	Gln	610	615	620
Leu	Pro	Glu	His	Tyr	Ala	Asn	Leu	Asp	Met	Gly	Val	Arg	Leu	Phe	Glu	625	630	635
Glu	Lys	Leu	Thr	Leu	Gly	Ala	Leu	Ala	Lys	Tyr	Thr	Gly	Lys	Ala	Lys	645	650	655

ES 2 663 872 T3

Arg Ile Val Pro Val Gly Ser Leu Asp Asp Asp Pro Ser Asn Pro Asp
660 665 670

Ala Met Ala Pro Leu Lys Thr Thr Asp Glu Leu Pro Lys Ile Pro Thr
675 680 685

Ile Val Asp Leu Tyr Ala Asn Tyr Lys Ile Leu Lys Asn Phe Thr Ile
690 695 700

Lys Ala Glu Val Gln Asn Leu Phe Asp Lys Asn Tyr Met Asp Ala Leu
705 710 715 720

Tyr Ser Tyr Asn Thr Gly Glu Asn Gln Asn Ala Gly Gly Leu Phe Asp
725 730 735

Pro Ile Tyr Ile Tyr Asn Asn Ser Ala Arg Gly Arg Thr Phe Ile Val
740 745 750

Ser Phe Glu Tyr Lys Tyr
755

<210> 55

<211> 758

<212> PRT

<213> Campylobacter upsaliensis RM3195

5

<400> 55

Met Lys Lys Leu Ser Leu Phe Cys Val Met Gly Leu Tyr Phe Ala Asn
1 5 10 15

Phe Ala Phe Ser Glu Glu Leu Glu Phe Asp Ser Leu Glu Ile Ser Gly
20 25 30

Ser Lys Ile Lys Asn Asp Glu Lys Pro Phe Val Thr Pro Gly Ala Thr
35 40 45

Ser Thr Arg Asp Asn Leu Asn Ser Ser Thr Gln Ser Ile Asp Ser Ile
50 55 60

Val Arg Ser Val Pro Gly Ala Tyr Thr Gln Val Asp Gln Ala Gln Gly
65 70 75 80

Gly Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Met Thr Gly Leu Gly Arg Val Asn
85 90 95

Thr Gln Ile Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe Phe Gly Ser Ala Ser Asp
100 105 110

Asp Ser Phe His Gly Gln Ile Gly Thr Ser Ser Phe Thr Ala Pro Ile
115 120 125

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Asp	Arg	Val	Leu	Leu	Pro	Tyr	Ile	Leu	Thr	Ser	Phe	Tyr	Pro	Lys	Gly	385	390	395	400
Lys	Gln	Glu	Ile	Lys	Thr	Phe	Tyr	Leu	Asp	Thr	Ser	Phe	Thr	Lys	Gly	405	410	415	
Ile	Phe	Thr	Leu	Asn	Ser	Asn	Val	Asn	Trp	Ile	Asn	Ala	Gln	Leu	Ser	420	425	430	
Gly	Tyr	Lys	Gly	Val	Cys	Ser	Met	Val	Asn	Pro	Tyr	Cys	Gln	Pro	Lys	435	440	445	
Asn	Ala	Thr	Asn	Leu	Glu	Lys	Asp	Tyr	Asn	Asn	Phe	Asn	Tyr	Ser	Leu	450	455	460	
Met	Leu	Ser	Ala	Asp	Ile	His	Pro	Leu	Phe	Asn	Pro	Phe	Ile	Ser	Tyr	465	470	475	480
Ser	Lys	Ser	His	Arg	Ile	Pro	Asn	Val	Gln	Glu	Tyr	Phe	Phe	Thr	His	485	490	495	
Asp	Ala	Ser	Gly	Glu	His	Asn	Met	Asn	Thr	Phe	Leu	Arg	Ala	Glu	Ser	500	505	510	
Ala	Asn	Thr	Tyr	Gln	Ile	Gly	Phe	Asn	Ser	Phe	Ala	His	Glu	Ile	Leu	515	520	525	
Asn	Asn	Asn	Asp	Thr	Leu	Gly	Phe	Lys	Val	Leu	Tyr	Tyr	Asp	Thr	Lys	530	535	540	
Val	Lys	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Asn	Arg	Arg	Tyr	Trp	Leu	Lys	Ala	Asp	Lys	545	550	555	560
Ala	Ile	Phe	Ile	Met	Gln	Leu	Asn	Asp	Asp	Glu	Lys	Ala	Lys	Phe	His	565	570	575	
Gly	Val	Glu	Leu	Glu	Phe	Lys	Tyr	Asp	Thr	Gly	Phe	Phe	Tyr	Ser	Ile	580	585	590	
Leu	Ser	Tyr	Thr	Tyr	Gln	Lys	Ser	Lys	His	Lys	Phe	Ser	Asp	Thr	Glu	595	600	605	
Ser	Leu	Glu	Thr	Gly	Gly	Ala	Gln	Ser	Gly	Gln	Ser	Gln	Phe	Ala	Gln	610	615	620	
Leu	Pro	Glu	His	Tyr	Ala	Asn	Leu	Asp	Met	Gly	Val	Arg	Leu	Phe	Glu	625	630	635	640

ES 2 663 872 T3

Glu Lys Leu Thr Leu Gly Ala Leu Ala Lys Tyr Thr Gly Lys Ala Lys
645 650 655

Arg Ile Ala Pro Val Gly Ser Leu Glu Asp Asp Pro Ser Asn Pro Asp
660 665 670

Ala Met Ala Pro Leu Lys Thr Thr Asp Lys Leu Pro Lys Ile Pro Thr
675 680 685

Ile Val Asp Leu Tyr Ala Asn Tyr Lys Ile Leu Lys Asn Phe Thr Ile
690 695 700

Lys Ala Glu Ile Gln Asn Leu Phe Asp Lys Asn Tyr Met Asp Ala Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Tyr Asn Thr Gly Asp Ser Gln Asn Val Gly Gly Leu Phe Asn
725 730 735

Pro Ile Tyr Ile Tyr Asn Asn Ser Ala Arg Gly Arg Thr Phe Ile Val
740 745 750

Ser Phe Glu Tyr Lys Tyr
755

<210> 56

<211> 921

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae 3655

<400> 56

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65 70 75 80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
85 90 95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
100 105 110

ES 2 663 872 T3

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe
 115 120 125
 Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys
 130 135 140
 Ser Asn Phe Ser Gly Ala Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala
 145 150 155 160
 Asn Phe Arg Thr Leu Ser Val Asn Asp Val Ile Thr Asp Asp Lys Pro
 165 170 175
 Phe Gly Ile Ile Leu Lys Gly Met Thr Gly Ser Asn Ala Thr Lys Ser
 180 185 190
 Asn Phe Met Thr Thr Ala Ala Gly Arg Lys Trp Leu Asp Asn Gly Gly
 195 200 205
 Tyr Val Gly Val Val Tyr Gly Tyr Ser Gln Arg Glu Val Ser Gln Asp
 210 215 220
 Tyr Arg Ile Gly Gly Gly Glu Arg Leu Ala Ser Leu Gly Gln Asp Val
 225 230 235 240
 Leu Ala Lys Glu Lys Glu Lys Ile Phe Arg Asn Asp Gly Tyr Val Leu
 245 250 255
 Asn Ser Ala Gly Gln Trp Ala Pro Asp Leu Ser Gln Asn Ser Trp Thr
 260 265 270
 Cys Asn Ala Lys Lys Pro Tyr Leu Ala Asp Glu Arg Val Thr Glu Gly
 275 280 285
 Phe Lys Pro Asp Cys Lys Phe Ile Ala Phe Pro Lys Ser Pro Thr Thr
 290 295 300
 Ile Lys Arg Lys Lys Ile Leu Gln Asp Ile Asp Asp Gly Lys Pro Leu
 305 310 315 320
 Gln Asp Ile Pro Glu Leu Gln Ala Asp Ile Lys Glu Thr Asp Asp Ser
 325 330 335
 Phe Glu Arg Asn Lys Asp Gln Tyr Ser Val Ala Pro Ile Glu Pro Gly
 340 345 350
 Ser Leu Gln Ser Arg Ser Arg Ser His Leu Leu Lys Phe Glu Tyr Gly
 355 360 365

ES 2 663 872 T3

Asp	Asp	His	His	Thr	Leu	Gly	Ala	Gln	Ile	Arg	Thr	Leu	Asp	Asn	Lys	370	375	380	
Ile	Gly	Ser	Arg	Lys	Ile	Glu	Asn	Arg	Asn	Tyr	Gln	Ala	Asn	Tyr	Asn	385	390	395	400
Phe	Asn	Asn	Asn	Ser	Tyr	Leu	Asp	Leu	Asn	Leu	Met	Ala	Ala	His	Asn	405	410	415	
Ile	Gly	Lys	Thr	Ile	Tyr	Pro	Lys	Gly	Gly	Phe	Phe	Ala	Gly	Trp	Gln	420	425	430	
Val	Ala	Asp	Lys	Leu	Ile	Ala	Lys	Asn	Val	Ala	Asn	Ile	Val	Asp	Ile	435	440	445	
Asn	Asn	Ser	His	Thr	Phe	Leu	Leu	Pro	Lys	Glu	Ile	Asp	Leu	Lys	Thr	450	455	460	
Thr	Leu	Gly	Phe	Asn	Tyr	Phe	Thr	Asn	Glu	Tyr	Ser	Lys	Asn	Arg	Phe	465	470	475	480
Pro	Glu	Glu	Leu	Ser	Leu	Phe	Tyr	Val	Asn	Glu	Ser	His	Asp	Gln	Gly	485	490	495	
Leu	Tyr	Ser	Leu	Ser	Asn	Lys	Gly	Arg	Tyr	Ser	Gly	Ser	Lys	Gly	Leu	500	505	510	
Leu	Pro	Gln	Arg	Ser	Val	Ile	Leu	Gln	Pro	Ser	Gly	Lys	Gln	Lys	Phe	515	520	525	
Lys	Thr	Val	Tyr	Phe	Asp	Thr	Ala	Leu	Ser	Lys	Gly	Ile	Tyr	His	Leu	530	535	540	
Asn	Tyr	Ser	Val	Asn	Phe	Thr	His	Tyr	Ala	Phe	Asn	Gly	Glu	Tyr	Val	545	550	555	560
Gly	Tyr	Lys	Asn	Thr	Ala	Asp	Lys	Ile	Asn	Glu	Pro	Ile	Leu	His	Lys	565	570	575	
Ser	Gly	His	Lys	Lys	Ala	Phe	Asn	His	Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Ala	Glu	580	585	590	
Leu	Ser	Asp	Tyr	Phe	Met	Pro	Phe	Phe	Thr	Tyr	Ser	Arg	Thr	His	Arg	595	600	605	
Met	Pro	Asn	Ile	Gln	Glu	Met	Phe	Phe	Ser	Gln	Val	Ser	Asp	Ala	Gly	610	615	620	

ES 2 663 872 T3

Val	Asn	Thr	Ala	Leu	Lys	Pro	Glu	Gln	Ser	Asp	Thr	Tyr	Gln	Leu	Gly	625	630	635	640
Phe	Asn	Thr	Tyr	Lys	Lys	Gly	Leu	Phe	Thr	Gln	Asp	Asp	Val	Leu	Gly	645	650	655	
Val	Lys	Leu	Val	Gly	Tyr	Arg	Ser	Phe	Ile	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Asn	660	665	670	
Val	Tyr	Gly	Asp	Trp	Ser	Arg	Asp	Gly	Val	Ile	Pro	Glu	Trp	Ala	Lys	675	680	685	
Leu	Asn	Gly	Phe	Arg	Leu	Thr	Ile	Ala	His	Gln	Asn	Tyr	Gln	Pro	Ile	690	695	700	
Val	Lys	Lys	Ser	Gly	Ala	Glu	Leu	Glu	Leu	Asn	Tyr	Asp	Met	Gly	Arg	705	710	715	720
Phe	Phe	Ala	Asn	Leu	Ser	Tyr	Ala	Tyr	Gln	Arg	Thr	Asn	Gln	Pro	Thr	725	730	735	
Asn	Tyr	Ala	Asp	Ala	Ser	Pro	Arg	Pro	Arg	Asn	Ala	Ser	Lys	Glu	Glu	740	745	750	
Ile	Leu	Lys	Gln	Gly	Tyr	Gly	Leu	Ser	Arg	Ile	Thr	Met	Leu	Pro	Lys	755	760	765	
Asp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Glu	Leu	Gly	Thr	Arg	Trp	Phe	Asp	Gln	Lys	Leu	770	775	780	
Thr	Leu	Gly	Ile	Ala	Ala	Arg	Tyr	Tyr	Gly	Lys	Ser	Lys	Arg	Ala	Thr	785	790	795	800
Thr	Gln	Glu	Glu	Tyr	Ile	Asn	Gly	Ser	Arg	Tyr	Glu	Lys	Asn	Thr	Thr	805	810	815	
Arg	Asp	Arg	Ile	Tyr	Tyr	Ala	Ile	Lys	Lys	Thr	Glu	Glu	Ile	Lys	Lys	820	825	830	
Gln	Pro	Ile	Ile	Leu	Asp	Leu	His	Val	Ser	Tyr	Glu	Pro	Ile	Lys	Asp	835	840	845	
Leu	Ile	Ile	Lys	Ala	Glu	Val	Gln	Asn	Leu	Leu	Asp	Lys	Arg	Tyr	Val	850	855	860	
Asp	Pro	Leu	Asp	Ala	Gly	Asn	Asp	Ala	Ala	Ser	Gln	Arg	Tyr	Tyr	Ser	865	870	875	880
Ser	Leu	Asn	Asp	Ser	Leu	Ala	Cys	Lys	Ile	Asn	Glu	Ser	Thr	Cys	Asn				

ES 2 663 872 T3

885

890

895

Asp Gly Ser Asp Lys Ser Val Leu Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr
900 905 910

Tyr Ile Leu Ser Leu Asn Tyr Lys Phe
915 920

<210> 57

<211> 950

<212> PRT

5 <213> Haemophilus influenzae 6P18H1

<400> 57

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Ser Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Ile Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65 70 75 80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
85 90 95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
100 105 110

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe
115 120 125

Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys
130 135 140

Ser Asn Phe Ser Gly Ala Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala
145 150 155 160

Asn Phe Arg Thr Leu Ser Val Asn Asp Val Ile Thr Asp Asp Lys Pro
165 170 175

Phe Gly Ile Ile Leu Lys Gly Met Thr Gly Ser Asn Ala Thr Lys Ser
180 185 190

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

705		710		715		720									
Phe	Arg	Phe	Thr	Ile	Ala	His	Gln	Asn	Tyr	Lys	Pro	Ile	Val	Lys	Lys
				725					730					735	
Ser	Gly	Ala	Glu	Leu	Glu	Ile	Asn	Tyr	Asp	Met	Gly	Arg	Phe	Phe	Ala
			740					745					750		
Asn	Val	Ser	Tyr	Ala	Tyr	Gln	Arg	Thr	Asn	Gln	Pro	Thr	Asn	Tyr	Ala
		755					760					765			
Asp	Ala	Ser	Pro	Arg	Pro	Asn	Asn	Ala	Ser	Gln	Glu	Asp	Ile	Leu	Lys
	770					775					780				
Gln	Gly	Tyr	Gly	Leu	Ser	Arg	Val	Ser	Met	Leu	Pro	Lys	Asp	Tyr	Gly
785					790					795					800
Arg	Leu	Glu	Leu	Gly	Thr	Arg	Trp	Phe	Asp	Gln	Lys	Leu	Thr	Leu	Gly
				805					810					815	
Leu	Ala	Ala	Arg	Tyr	Tyr	Gly	Lys	Ser	Lys	Arg	Ala	Thr	Ile	Glu	Glu
			820					825					830		
Glu	Tyr	Ile	Asn	Gly	Ser	His	Tyr	Glu	Gln	Lys	Thr	Ser	Gly	Ser	Arg
		835					840					845			
Thr	Tyr	Tyr	Ala	Val	Lys	Lys	Thr	Glu	Asp	Ile	Lys	Lys	Gln	Pro	Ile
	850					855					860				
Ile	Leu	Asp	Leu	His	Val	Ser	Tyr	Glu	Pro	Ile	Lys	Asp	Leu	Ile	Ile
865					870					875					880
Lys	Ala	Glu	Val	Gln	Asn	Leu	Leu	Asp	Lys	Arg	Tyr	Val	Asp	Pro	Leu
				885					890					895	
Asp	Ala	Gly	Asn	Asp	Ala	Ala	Ser	Gln	Arg	Tyr	Tyr	Ser	Ser	Leu	Asn
			900					905					910		
Asp	Ser	Ile	Cys	Asn	Gln	Lys	Ala	Asn	Ser	Cys	Glu	Gly	Gly	Gly	Lys
		915					920					925			
Asp	Lys	Thr	Val	Leu	Tyr	Asn	Phe	Ala	Arg	Gly	Arg	Thr	Tyr	Ile	Leu
	930					935					940				
Ser	Leu	Asn	Tyr	Lys	Phe										
945					950										

ES 2 663 872 T3

<211> 915
 <212> PRT
 <213> Haemophilus influenzae 7P49H1
 <400> 58

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

500					505					510					
Gln	Arg	Ser	Val	Ile	Leu	Gln	Pro	Ser	Gly	Lys	Gln	Lys	Phe	Lys	Thr
		515					520					525			
Val	Tyr	Phe	Asp	Thr	Ala	Leu	Ser	Lys	Gly	Ile	Tyr	His	Leu	Asn	Tyr
	530					535					540				
Ser	Val	Asn	Phe	Ile	His	Tyr	Ala	Phe	Asn	Gly	Glu	Tyr	Val	Gly	Tyr
545					550					555					560
Glu	Asn	Gly	Ala	Glu	Pro	Ile	Leu	His	Lys	Ser	Gly	His	Lys	Lys	Ala
				565					570					575	
Phe	Asn	His	Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu	Ser	Asp	Tyr	Phe	Met
			580					585					590		
Pro	Phe	Phe	Thr	Tyr	Ser	Arg	Thr	His	Arg	Met	Pro	Asn	Ile	Gln	Glu
		595					600					605			
Met	Phe	Phe	Ser	Gln	Val	Ser	Asp	Ala	Gly	Val	Asn	Thr	Ala	Leu	Lys
	610					615					620				
Pro	Glu	Gln	Ser	Asp	Thr	Tyr	Gln	Leu	Gly	Phe	Asn	Thr	Tyr	Lys	Lys
625					630					635					640
Gly	Leu	Phe	Thr	Gln	Asp	Asp	Val	Leu	Gly	Val	Lys	Leu	Val	Gly	Tyr
				645					650					655	
Arg	Ser	Phe	Ile	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Asn	Val	Tyr	Gly	Val	Trp	Trp
			660					665					670		
Arg	Asp	Gly	Val	Val	Pro	Thr	Trp	Ala	Asn	Ser	Asn	Gly	Phe	Arg	Phe
		675					680					685			
Thr	Ile	Ala	His	Gln	Asn	Tyr	Gln	Pro	Ile	Val	Lys	Lys	Ser	Gly	Ala
	690					695					700				
Glu	Leu	Glu	Leu	Asn	Tyr	Asp	Met	Gly	Arg	Phe	Phe	Ala	Asn	Val	Ser
705					710					715					720
Tyr	Ala	Tyr	Gln	Arg	Thr	Asn	Gln	Pro	Thr	Asn	Tyr	Ala	Asp	Ala	Ser
				725					730					735	
Pro	Arg	Pro	Asn	Asn	Ala	Ser	Lys	Glu	Asp	Ile	Leu	Lys	Gln	Gly	Tyr
			740					745					750		
Gly	Leu	Ser	Arg	Val	Ser	Met	Leu	Pro	Lys	Asp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Glu
		755					760					765			

ES 2 663 872 T3

Leu Gly Thr Arg Trp Phe Asp Gln Lys Leu Thr Leu Gly Met Ala Ala
770 775 780

Arg Tyr Tyr Gly Lys Ser Lys Arg Ala Thr Ile Glu Glu Glu Tyr Ile
785 790 795 800

Asn Gly Ser His Tyr Glu Gln Asn Thr Ser Gly Ser Arg Thr His Tyr
805 810 815

Ala Val Lys Lys Thr Glu Glu Ile Glu Lys Gln Pro Ile Ile Leu Asp
820 825 830

Leu His Val Ser Tyr Glu Pro Ile Lys Asp Leu Ile Ile Lys Ala Glu
835 840 845

Val Gln Asn Leu Leu Asp Lys Arg Tyr Val Asp Pro Leu Asp Ala Gly
850 855 860

Asn Asp Ala Ala Ser Gln Arg Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Asp Ser Ile
865 870 875 880

Cys Ser Lys Gln Asn Asp Ile Cys Glu Gly Gly Gly Lys Asp Lys Thr
885 890 895

Val Leu Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Asn
900 905 910

Tyr Lys Phe
915

<210> 59

<211> 915

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae 86-028NP

<400> 59

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

				325				330				335				
Asn	Lys	Asp	Gln	Tyr	Ser	Val	Ala	Pro	Ile	Glu	Pro	Gly	Ser	Leu	Gln	
			340							345				350		
Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	His	Leu	Leu	Lys	Phe	Glu	Tyr	Gly	Asp	Asp	His	
			355				360							365		
Gln	Asn	Leu	Gly	Ala	Gln	Ile	Arg	Thr	Leu	Asp	Asn	Lys	Ile	Gly	Ser	
		370				375							380			
Arg	Lys	Ile	Glu	Asn	Arg	Asn	Tyr	Gln	Val	Asn	Tyr	Asn	Phe	Asn	Asn	
385							390				395				400	
Asn	Asn	Tyr	Leu	Asp	Leu	Asn	Leu	Met	Ala	Ala	His	Asn	Ile	Gly	Lys	
			405							410				415		
Thr	Ile	Tyr	Pro	Lys	Gly	Gly	Phe	Phe	Ala	Gly	Trp	Arg	Val	Ala	Asp	
			420							425				430		
Lys	Leu	Ile	Thr	Lys	Asn	Val	Ala	Asn	Ile	Val	Asp	Ile	Asn	Asn	Ser	
			435				440							445		
His	Thr	Phe	Leu	Leu	Pro	Lys	Glu	Ile	Asp	Leu	Lys	Thr	Thr	Leu	Gly	
			450				455							460		
Phe	Asn	Tyr	Phe	Thr	Asn	Glu	Tyr	Ser	Lys	Asn	Arg	Phe	Pro	Glu	Glu	
465							470				475				480	
Leu	Ser	Leu	Phe	Tyr	Asn	Asp	Asp	Ser	His	Asp	Gln	Gly	Asn	Tyr	Ser	
			485							490				495		
Asn	Leu	Gly	Arg	Phe	Arg	Gly	Asn	Arg	Asn	Leu	Leu	Pro	Gln	Arg	Ser	
			500							505				510		
Val	Ile	Leu	Gln	Pro	Ser	Gly	Lys	Gln	Lys	Phe	Lys	Thr	Val	Tyr	Phe	
			515				520							525		
Asp	Thr	Ala	Leu	Ser	Lys	Gly	Ile	Tyr	His	Leu	Asn	Tyr	Ser	Val	Asn	
			530				535				540					
Phe	Thr	His	Tyr	Ala	Phe	Asn	Gly	Glu	Tyr	Val	Gly	Tyr	Glu	Asn	Thr	
545							550				555				560	
Ala	Asn	Gln	Ile	Asn	Glu	Pro	Ile	Leu	His	Lys	Ser	Gly	His	Lys	Lys	
			565							570				575		
Ala	Phe	Asn	His	Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu	Ser	Asp	Tyr	Phe	
			580				585							590		

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Glu Val Gln Asn Leu Leu Asp Lys Arg Tyr Val Asp Pro Leu Asp Ala
850 855 860

Gly Asn Asp Ala Ala Ser Gln Arg Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Asp Ser
865 870 875 880

Ile Cys Ser Lys Ser Gln Asp Cys Glu Asp Gly Gly Lys Asp Lys Thr
885 890 895

Val Leu Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Asn
900 905 910

Tyr Lys Phe
915

<210> 60

<211> 910

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae NT127

<400> 60

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65 70 75 80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
85 90 95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
100 105 110

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe
115 120 125

Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys
130 135 140

Ser Asn Phe Ser Gly Ser Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Tyr Pro Lys Gly Gly Phe Phe Ala Gly Trp Gln Val Ala Asp Lys Leu
 420 425 430
 Ile Thr Lys Asn Val Ala Asn Ile Val Asp Ile Asn Asn Ser His Thr
 435 440 445
 Phe Leu Leu Pro Lys Glu Ile Asp Leu Lys Thr Thr Leu Gly Phe Asn
 450 455 460
 Tyr Phe Thr Asn Glu Tyr Ser Lys Asn Arg Phe Pro Glu Glu Leu Ser
 465 470 475 480
 Leu Phe Tyr Lys Asp Asp Ser His Asp Arg Gly Asn Tyr Ser His Leu
 485 490 495
 Gly Arg Leu Ser Gly Ala Gln Gly Leu Leu Pro Gln Arg Ser Val Ile
 500 505 510
 Leu Gln Pro Ser Gly Lys Gln Lys Phe Lys Thr Val Tyr Phe Asp Thr
 515 520 525
 Ala Leu Ser Lys Gly Ile Tyr His Leu Asn Tyr Ser Val Asn Phe Ile
 530 535 540
 His Tyr Ala Phe Asn Gly Glu Tyr Val Gly Tyr Glu Thr Thr Ala Glu
 545 550 555 560
 Pro Ile Leu His Lys Ser Gly His Lys Lys Ala Phe Asn His Ser Ala
 565 570 575
 Thr Leu Ser Ala Glu Leu Ser Asp Tyr Phe Met Pro Phe Phe Thr Tyr
 580 585 590
 Ser Arg Thr His Arg Met Pro Asn Ile Gln Glu Met Phe Phe Ser Gln
 595 600 605
 Val Ser Asp Ala Gly Val Asn Thr Ala Leu Lys Pro Glu Gln Ser Asp
 610 615 620
 Thr Tyr Gln Leu Gly Phe Asn Thr Tyr Lys Lys Gly Leu Phe Thr Gln
 625 630 635 640
 Asp Asp Val Leu Gly Ile Lys Leu Val Gly Tyr Arg Ser Phe Ile Lys
 645 650 655
 Asn Tyr Ile His Asn Val Tyr Gly Val Trp Trp Arg Asp Gly Lys Val
 660 665 670

ES 2 663 872 T3

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

<210> 61
<211> 921

ES 2 663 872 T3

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae PittAA

<400> 61

```

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
 1           5           10           15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
      20           25           30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
      35           40           45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
 50           55           60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65           70           75           80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
      85           90           95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
      100          105          110

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe
      115          120          125

Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys
      130          135          140

Ser Asn Phe Ser Gly Ser Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala
145          150          155          160

Asn Phe Arg Thr Leu Gly Val Asn Asp Val Ile Thr Asp Asp Lys Pro
      165          170          175

Phe Gly Ile Ile Leu Lys Gly Met Thr Gly Ser Asn Ala Thr Lys Ser
      180          185          190

Asn Phe Met Thr Met Ala Ala Gly Arg Lys Trp Leu Asp Asn Gly Gly
      195          200          205

Tyr Val Gly Val Val Tyr Gly Tyr Ser Gln Arg Glu Val Ser Gln Asp
210          215          220

Tyr Arg Ile Gly Gly Gly Glu Arg Leu Ala Ser Leu Gly Gln Asp Ile
225          230          235          240

Leu Ala Lys Glu Lys Glu Ala Tyr Phe Arg Asn Ala Gly Tyr Val Leu
      245          250          255

```

ES 2 663 872 T3

Asn	Gln	Ala	Gly	Gln	Trp	Ile	Pro	Asp	Leu	Asn	Lys	Asn	His	Trp	Ser	260	265	270
Cys	Asn	His	Pro	Thr	Glu	Pro	Lys	Leu	Ala	Asp	Pro	Arg	Lys	Ile	Gly	275	280	285
Asp	Phe	Thr	Pro	Glu	Cys	Lys	Trp	Tyr	Asn	Asn	Asn	Ser	Glu	Arg	Lys	290	295	300
Glu	Ile	Leu	Lys	Gln	Leu	Ile	Gln	Glu	Lys	Lys	Asp	Pro	Ser	Glu	Ile	305	310	315
Glu	Lys	Leu	Gln	Lys	Gly	Asp	Asp	Gly	Ile	Glu	Lys	Thr	Asp	Lys	Ser	325	330	335
Phe	Glu	Asp	Asn	Lys	Glu	Gln	Tyr	Ser	Val	Ala	Pro	Ile	Glu	Pro	Gly	340	345	350
Ser	Leu	Gln	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	His	Leu	Leu	Lys	Phe	Glu	Tyr	Ser	355	360	365
Asp	Asp	His	His	Thr	Leu	Gly	Ala	Gln	Ile	Arg	Thr	Leu	Asp	Asn	Lys	370	375	380
Ile	Gly	Ser	Arg	Lys	Ile	Glu	Asn	Arg	Asn	Tyr	Gln	Val	Asn	Tyr	Asn	385	390	395
Phe	Asn	Asn	Asn	Ser	Tyr	Leu	Asp	Leu	Asn	Leu	Met	Ala	Ala	His	Asn	405	410	415
Ile	Gly	Lys	Thr	Ile	Tyr	Pro	Lys	Gly	Gly	Phe	Phe	Ala	Gly	Trp	Arg	420	425	430
Val	Ala	Asp	Lys	Leu	Ile	Thr	Lys	Asn	Val	Ala	Asn	Ile	Val	Asp	Ile	435	440	445
Asn	Asn	Ser	His	Thr	Phe	Leu	Leu	Pro	Lys	Glu	Ile	Asp	Leu	Lys	Thr	450	455	460
Thr	Leu	Gly	Phe	Asn	Tyr	Phe	Thr	Asn	Glu	Tyr	Ser	Lys	Asn	Arg	Phe	465	470	475
Pro	Glu	Glu	Leu	Ser	Leu	Phe	Tyr	Val	Asn	Glu	Ser	His	Asp	Gln	Gly	485	490	495
Leu	Phe	Ser	Tyr	Ser	Gln	Lys	Gly	Arg	Tyr	Ser	Gly	Thr	Arg	Gly	Leu	500	505	510

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Asp Tyr Gly Arg Leu Glu Leu Gly Thr Arg Trp Phe Asp Gln Lys Leu
770 775 780

Thr Leu Gly Ile Ala Ala Arg Tyr Tyr Gly Lys Ser Lys Arg Ala Thr
785 790 795 800

Thr Gln Glu Glu Tyr Ile Asn Gly Ser Arg Tyr Glu Lys Asn Thr Thr
805 810 815

Arg Asp Arg Ile Tyr Tyr Ala Ile Lys Lys Thr Glu Glu Ile Lys Lys
820 825 830

Gln Pro Ile Ile Leu Asp Leu His Val Ser Tyr Glu Pro Ile Lys Asp
835 840 845

Leu Ile Ile Lys Ala Glu Val Gln Asn Leu Leu Asp Lys Arg Tyr Val
850 855 860

Asp Pro Leu Asp Ala Gly Asn Asp Ala Ala Ser Gln Arg Tyr Tyr Ser
865 870 875 880

Ser Leu Asn Asp Ser Leu Ala Cys Lys Ile Asn Glu Ser Thr Cys Asn
885 890 895

Asp Gly Ser Asp Lys Thr Val Leu Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr
900 905 910

Tyr Ile Leu Ser Leu Asn Tyr Lys Phe
915 920

<210> 62

<211> 915

<212> PRT

5 <213> Haemophilus influenzae PittHH

<400> 62

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65 70 75 80

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Asn	Lys	Asp	Gln	Tyr	Ser	Val	Ala	Pro	Ile	Glu	Pro	Gly	Ser	Leu	Gln	
			340							345				350		
Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	His	Leu	Leu	Lys	Phe	Glu	Tyr	Gly	Asp	Asp	His	
		355					360					365				
Gln	Asn	Leu	Gly	Ala	Gln	Ile	Arg	Thr	Leu	Asp	Asn	Lys	Ile	Gly	Ser	
		370					375					380				
Arg	Lys	Ile	Glu	Asn	Arg	Asn	Tyr	Gln	Val	Asn	Tyr	Asn	Phe	Asn	Asn	
385					390					395					400	
Asn	Asn	Tyr	Leu	Asp	Leu	Asn	Leu	Met	Ala	Ala	His	Asn	Ile	Gly	Lys	
			405							410				415		
Thr	Ile	Tyr	Pro	Lys	Gly	Gly	Phe	Phe	Ala	Gly	Trp	Arg	Val	Ala	Asp	
			420					425					430			
Lys	Leu	Ile	Thr	Lys	Asn	Val	Ala	Asn	Ile	Val	Asp	Ile	Asn	Asn	Ser	
		435					440					445				
His	Thr	Phe	Leu	Leu	Pro	Lys	Glu	Ile	Asp	Leu	Lys	Thr	Thr	Leu	Gly	
		450					455					460				
Phe	Asn	Tyr	Phe	Thr	Asn	Glu	Tyr	Ser	Lys	Asn	Arg	Phe	Pro	Glu	Glu	
465					470					475						480
Leu	Ser	Leu	Phe	Tyr	Asn	Asp	Asp	Ser	His	Asp	Gln	Gly	Thr	Tyr	Ser	
			485							490					495	
Asn	Leu	Gly	Arg	Phe	Lys	Gly	Asp	Arg	Asn	Leu	Leu	Pro	Gln	Arg	Ser	
		500							505					510		
Val	Ile	Leu	Gln	Pro	Ser	Gly	Lys	Gln	Lys	Phe	Lys	Thr	Val	Tyr	Phe	
		515					520					525				
Asp	Thr	Ala	Leu	Ser	Lys	Gly	Ile	Tyr	His	Leu	Asn	Tyr	Ser	Val	Asn	
		530					535					540				
Phe	Ile	His	Tyr	Ala	Phe	Asn	Gly	Glu	Tyr	Val	Gly	Tyr	Glu	Asn	Thr	
545					550					555						560
Thr	Ser	Gln	Ile	Asn	Glu	Pro	Ile	Leu	His	Thr	Ser	Gly	His	Lys	Lys	
			565							570					575	
Ala	Phe	Asn	His	Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu	Ser	Asp	Tyr	Phe	
		580							585					590		

ES 2 663 872 T3

Met Pro Phe Phe Thr Tyr Ser His Thr His Arg Met Pro Asn Ile Gln
595 600 605

Glu Met Phe Phe Ser Gln Val Ser Asp Ala Gly Val Asn Thr Ala Leu
610 615 620

Lys Pro Glu Gln Ser Asp Thr Tyr Gln Leu Gly Phe Asn Thr Tyr Lys
625 630 635 640

Lys Gly Leu Phe Thr Gln Asp Asp Val Leu Gly Ile Lys Leu Val Gly
645 650 655

Tyr Arg Ser Phe Ile Lys Asn Tyr Ile His Asn Val Tyr Gly Val Trp
660 665 670

Trp Arg Asn Gly Val Val Pro Thr Trp Ala Asn Ser Thr Arg Phe Arg
675 680 685

Phe Thr Ile Ala His Gln Asn Tyr Gln Pro Ile Val Lys Lys Ser Gly
690 695 700

Ala Glu Leu Glu Leu Asn Tyr Asp Met Gly Arg Phe Phe Ala Asn Val
705 710 715 720

Ser Tyr Ala Tyr Gln Arg Thr Asn Gln Pro Thr Asn Tyr Ala Asp Ala
725 730 735

Ser Pro Arg Pro Asn Asn Ala Ser Lys Glu Asp Ile Leu Lys Gln Gly
740 745 750

Tyr Gly Leu Ser Arg Val Ser Met Leu Pro Lys Asp Tyr Gly Arg Leu
755 760 765

Glu Leu Gly Thr Arg Trp Phe Asp Gln Lys Leu Thr Leu Gly Met Ala
770 775 780

Ala Arg Tyr Tyr Gly Lys Ser Lys Arg Ala Thr Ile Glu Glu Glu Tyr
785 790 795 800

Ile Asn Gly Ser Arg Tyr Glu Lys Tyr Thr Ala Gly Asp Arg Thr Tyr
805 810 815

Tyr Ala Val Lys Lys Thr Glu Glu Ile Lys Lys Gln Pro Ile Ile Leu
820 825 830

Asp Leu His Val Ser Tyr Glu Pro Ile Lys Asp Leu Ile Ile Lys Ala
835 840 845

Glu Val Gln Asn Leu Leu Asp Lys Arg Tyr Val Asp Pro Leu Asp Ala

ES 2 663 872 T3

850

855

860

Gly Asn Asp Ala Ala Ser Gln Arg Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Asn Ser
865 870 875 880

Ile Glu Cys Ala Gln Asp Ser Ser Ala Cys Gly Gly Ser Asp Lys Thr
885 890 895

Val Leu Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Asn
900 905 910

Tyr Lys Phe
915

<210> 63

<211> 915

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae PittII

<400> 63

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Ile Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65 70 75 80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
85 90 95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
100 105 110

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe
115 120 125

Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys
130 135 140

Ser Asn Phe Ser Gly Ala Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala
145 150 155 160

ES 2 663 872 T3

Asn	Phe	Arg	Thr	Leu	Ser	Val	Asn	Asp	Val	Ile	Thr	Asp	Asp	Lys	Pro	165	170	175
Phe	Gly	Ile	Ile	Leu	Lys	Gly	Met	Thr	Gly	Ser	Asn	Ala	Thr	Lys	Ser	180	185	190
Asn	Phe	Met	Thr	Thr	Ala	Ala	Gly	Arg	Lys	Trp	Leu	Asp	Asn	Gly	Gly	195	200	205
Tyr	Val	Gly	Val	Val	Tyr	Gly	Tyr	Ser	Gln	Arg	Glu	Val	Ser	Gln	Asp	210	215	220
Tyr	Arg	Ile	Gly	Gly	Gly	Glu	Arg	Leu	Ala	Ser	Leu	Gly	Gln	Asp	Ile	225	230	235
Leu	Ala	Lys	Glu	Lys	Glu	Ala	Tyr	Phe	Arg	Asn	Ala	Gly	Tyr	Val	Phe	245	250	255
Thr	Asn	Gly	Gln	Trp	Thr	Pro	Asp	Leu	Asn	Lys	Asn	His	Trp	Ser	Cys	260	265	270
Asn	Leu	Pro	Thr	Pro	Lys	Leu	Ala	Asp	Ser	Thr	Gln	Leu	Asn	Gly	Ile	275	280	285
Asn	Glu	Thr	Ser	Ala	Cys	Arg	Leu	Tyr	Tyr	Lys	Asn	Ser	Lys	Arg	Lys	290	295	300
Glu	Ile	Leu	Lys	Glu	Leu	Glu	Glu	Lys	Lys	Asp	Pro	Ser	Lys	Ile	Thr	305	310	315
Glu	Leu	Gln	Lys	Asp	Ile	Thr	Glu	Thr	Asp	Lys	Ser	Phe	Glu	Arg	Asn	325	330	335
Lys	Asp	Gln	Tyr	Ser	Val	Ala	Pro	Ile	Glu	Pro	Gly	Ser	Leu	Gln	Ser	340	345	350
Arg	Ser	Arg	Ser	His	Leu	Leu	Lys	Phe	Glu	Tyr	Ser	Asp	Asp	Arg	His	355	360	365
Thr	Leu	Gly	Ala	Gln	Ile	Arg	Thr	Leu	Asp	Asn	Lys	Ile	Gly	Ser	Arg	370	375	380
Lys	Ile	Glu	Asn	Arg	Asn	Tyr	Gln	Val	Asn	Tyr	Asn	Phe	Asn	Asn	Asn	385	390	395
Ser	Tyr	Leu	Asp	Leu	Asn	Leu	Met	Thr	Ala	His	Asn	Ile	Gly	Lys	Thr	405	410	415

ES 2 663 872 T3

Ile Tyr Pro Lys Gly Gly Phe Phe Ala Gly Trp Arg Val Ala Asp Lys
 420 425 430
 Leu Ile Thr Lys Asn Val Ala Asn Ile Ile Asp Ile Asn Asn Ser His
 435 440 445
 Thr Phe Leu Leu Pro Lys Glu Ile Asp Leu Lys Thr Thr Leu Gly Phe
 450 455 460
 Asn Tyr Phe Thr Asn Glu Tyr Ser Lys Asn Arg Phe Pro Glu Glu Leu
 465 470 475 480
 Ser Leu Phe Tyr Asn Asp Asp Ser His Asn Gln Gly Asn Tyr Ser Tyr
 485 490 495
 Leu Gly Arg Phe Gln Gly Ser Lys Ser Gly Leu Pro Gln Arg Ser Val
 500 505 510
 Ile Leu Gln Pro Ser Gly Lys Gln Lys Phe Lys Thr Val Tyr Phe Asp
 515 520 525
 Thr Ala Leu Ser Lys Gly Ile Tyr His Leu Asn Tyr Ser Val Asn Phe
 530 535 540
 Thr His Tyr Ala Phe Asn Gly Glu Tyr Val Gly Tyr Glu Asn Lys Pro
 545 550 555 560
 Thr Gln Ile Asn Glu Pro Ile Leu His Lys Ser Gly His Lys Lys Ala
 565 570 575
 Phe Asn His Ser Ala Thr Leu Ser Ala Glu Leu Ser Asp Tyr Phe Met
 580 585 590
 Pro Phe Phe Thr Tyr Ser Arg Thr His Arg Met Pro Asn Ile Gln Glu
 595 600 605
 Met Phe Phe Ser Gln Val Ser Asn Ala Gly Val Asn Thr Ala Leu Lys
 610 615 620
 Pro Glu Gln Ser Asp Thr Tyr Gln Leu Gly Phe Asn Thr Tyr Lys Lys
 625 630 635 640
 Gly Leu Phe Thr Gln Asp Asp Val Leu Gly Ile Lys Leu Val Gly Tyr
 645 650 655
 Arg Ser Phe Ile Lys Asn Tyr Ile His Asn Val Tyr Gly Val Trp Trp
 660 665 670
 Arg Asp Gly Val Val Pro Thr Trp Ala Ser Ser Asn Gly Phe Arg Phe

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

<211> 934
 <212> PRT
 <213> Haemophilus influenzae R2846
 <400> 64

```

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1      5      10      15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Leu Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20      25      30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35      40      45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50      55      60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65      70      75      80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
85      90      95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
100     105     110

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe
115     120     125

Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys
130     135     140

Ser Asn Phe Ser Gly Ser Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala
145     150     155     160

Asn Phe Arg Thr Leu Gly Val Asn Asp Val Ile Thr Asp Asp Lys Pro
165     170     175

Phe Gly Ile Ile Leu Lys Gly Met Thr Gly Ser Asn Ala Thr Lys Ser
180     185     190

Asn Phe Met Thr Met Ala Ala Gly Arg Lys Trp Leu Asp Asn Gly Gly
195     200     205

Tyr Val Gly Val Val Tyr Gly Tyr Ser Gln Arg Glu Val Ser Gln Asp
210     215     220

Tyr Arg Ile Gly Gly Gly Glu Arg Leu Ala Ser Leu Gly Gln Asp Ile
225     230     235     240

```

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

ES 2 663 872 T3

500	505	510
Ser His Asp Arg Gly Asn Tyr Ser Asn Leu Gly Arg Leu Lys Gly Ala 515 520 525		
Gln Gly Leu Leu Pro Gln Arg Ser Val Ile Leu Gln Pro Ser Gly Lys 530 535 540		
Gln Lys Phe Lys Thr Val Tyr Phe Asp Thr Ala Leu Ser Lys Gly Ile 545 550 555 560		
Tyr His Leu Asn Tyr Ser Val Asn Phe Thr His Tyr Ala Phe Asn Gly 565 570 575		
Glu Tyr Val Gly Tyr Glu Asn Thr Ala Glu Pro Ile Leu His Lys Ser 580 585 590		
Gly His Lys Lys Ala Phe Asn His Ser Ala Thr Leu Ser Ala Glu Leu 595 600 605		
Ser Asp Tyr Phe Met Pro Phe Phe Thr Tyr Ser Arg Thr His Arg Met 610 615 620		
Pro Asn Ile Gln Glu Met Phe Phe Ser Gln Val Ser Asp Ala Gly Val 625 630 635 640		
Asn Thr Ala Leu Lys Pro Glu Gln Ser Asp Thr Tyr Gln Leu Gly Phe 645 650 655		
Asn Thr Tyr Lys Lys Gly Leu Phe Thr Gln Asp Asp Val Leu Gly Ile 660 665 670		
Lys Leu Val Gly Tyr Arg Ser Phe Ile Lys Asn Tyr Ile His Asn Val 675 680 685		
Tyr Gly Val Trp Trp Arg Asn Gly Lys Val Pro Asp Trp Ala Ala Thr 690 695 700		
Asn Gly Phe Arg Phe Asn Ile Ala His Gln Asn Tyr Gln Pro Ile Val 705 710 715 720		
Lys Lys Ser Gly Ala Glu Leu Glu Leu Asn Tyr Asp Met Gly Arg Phe 725 730 735		
Phe Ala Asn Val Ser Tyr Ala Tyr Gln Arg Thr Asn Gln Pro Thr Asn 740 745 750		
Tyr Ala Asp Ala Ser Pro Arg Pro Asn Asn Ala Ser Lys Glu Asp Ile 755 760 765		

ES 2 663 872 T3

Leu Lys Gln Gly Tyr Gly Leu Ser Arg Val Ser Met Leu Pro Lys Asp
 770 775 780
 Tyr Gly Arg Leu Glu Leu Gly Thr Arg Trp Phe Asp Lys Lys Leu Thr
 785 790 795 800
 Leu Gly Met Ala Ala Arg Tyr Tyr Gly Lys Ser Lys Arg Ala Thr Ile
 805 810 815
 Glu Glu Glu Tyr Ile Asn Gly Ser His Phe Glu Lys Asn Thr Ser Gly
 820 825 830
 Ser Arg Thr Tyr Tyr Ala Val Lys Lys Thr Glu Glu Ile Lys Lys Gln
 835 840 845
 Pro Ile Ile Leu Asp Leu His Val Ser Tyr Glu Pro Ile Lys Asp Leu
 850 855 860
 Ile Ile Lys Ala Glu Val Gln Asn Leu Leu Asp Lys Arg Tyr Val Asp
 865 870 875 880
 Pro Leu Asp Ala Gly Asn Asp Ala Ala Ser Gln Arg Tyr Tyr Ser Ser
 885 890 895
 Leu Asn Asp Ser Ile Cys Lys Gly Asn Thr Cys Glu Asp Gly Gly Lys
 900 905 910
 Asp Lys Thr Val Leu Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr Tyr Ile Leu
 915 920 925
 Ser Leu Asn Tyr Lys Phe
 930

<210> 65

<211> 929

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae R2866

<400> 65

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

ES 2 663 872 T3

Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln Gln Asp Lys
 50 55 60

Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn Gly Leu Gly
 65 70 75 80

Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe Tyr Ser Thr
 85 90 95

Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe Gly Ala Ala
 100 105 110

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

Ser Gly Ala Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala Asn Phe Arg
 130 135 140

Thr Leu Ser Val Asn Asp Val Ile Thr Asp Asp Lys Pro Phe Gly Ile
 145 150 155 160

Ile Leu Lys Gly Met Thr Gly Ser Asn Ala Thr Lys Ser Asn Phe Met
 165 170 175

Thr Thr Ala Ala Gly Arg Lys Trp Leu Asp Asn Gly Gly Tyr Val Gly
 180 185 190

Val Val Tyr Gly Tyr Ser Gln Arg Glu Val Ser Gln Asp Tyr Arg Ile
 195 200 205

Gly Gly Gly Glu Arg Leu Ala Ser Leu Gly Gln Asp Ile Leu Ala Lys
 210 215 220

Glu Lys Glu Ala Tyr Phe Arg Asn Ala Gly Tyr Ile Leu Asn Pro Ala
 225 230 235 240

Gly Gln Trp Ala Pro Asp Leu Ser Lys Asn His Trp Ser Cys Asn Ala
 245 250 255

Pro Asp Pro Lys Phe Asn Gly Ser Thr Lys Lys Thr Glu Ser Ser Asn
 260 265 270

Asp Leu Thr Gly Glu Arg Glu Thr Ile Trp Thr Asp Lys Asp Cys Val
 275 280 285

Phe His Arg Glu Lys Tyr Asn Ile Tyr Asp Val Pro Thr Lys Lys Glu
 290 295 300

Glu Thr Lys Asp Lys Ile Tyr Glu Asp Pro Val Arg Lys Lys Ile Leu

ES 2 663 872 T3

305		310		315		320
Glu Asp Ile Asn Lys Asn Thr Pro Leu Lys Asp Ile Pro Glu Leu Gln	325		330		335	
Lys Gly Ile Glu Lys Thr Asp Lys Ser Phe Glu Asp Asn Lys Glu Gln	340		345		350	
Tyr Ser Val Ala Pro Ile Glu Pro Gly Ser Leu Gln Ser Arg Ser Arg	355		360		365	
Ser His Leu Leu Lys Phe Glu Tyr Gly Asp Asp His His Thr Leu Gly	370		375		380	
Ala Gln Ile Arg Thr Leu Asp Asn Lys Ile Gly Ser Arg Lys Ile Glu	385		390		395	400
Asn Arg Asn Tyr Gln Val Asn Tyr Asn Phe Asn Asn Asn Ser Tyr Leu	405		410		415	
Asp Leu Asn Leu Met Ala Ala His Asn Ile Gly Lys Thr Ile Tyr Pro	420		425		430	
Lys Gly Gly Phe Phe Ala Gly Trp Arg Val Arg Asp Lys Leu Ile Thr	435		440		445	
Lys Asn Val Ala Asn Ile Val Asp Ile Asn Asn Ser His Thr Phe Leu	450		455		460	
Leu Pro Lys Glu Ile Asp Leu Lys Thr Thr Leu Gly Phe Asn Tyr Phe	465		470		475	480
Thr Asn Glu Tyr Ser Lys Asn Arg Phe Pro Glu Glu Leu Ser Leu Phe	485		490		495	
Tyr Lys Glu Ala Ser Gly Asp Pro Gly Arg Tyr Thr Tyr Thr Gln Gly	500		505		510	
Thr Gly Gly Thr Gln Asn Leu Leu Pro Gln Arg Ser Val Ile Leu Gln	515		520		525	
Pro Ser Gly Lys Gln Lys Phe Lys Thr Val Tyr Phe Asp Thr Ala Leu	530		535		540	
Ser Lys Gly Ile Tyr His Leu Asn Tyr Asn Val Asn Phe Thr His Tyr	545		550		555	560
Ala Phe Asn Gly Glu Tyr Val Gly Tyr Glu Asn Lys Pro Thr Gln Ile	565		570		575	

ES 2 663 872 T3

Asn	Glu	Pro	Ile	Leu	His	Lys	Ser	Gly	His	Lys	Lys	Ala	Phe	Asn	His	
			580					585					590			
Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu	Ser	Asp	Tyr	Phe	Met	Pro	Phe	Phe	
		595					600					605				
Thr	Tyr	Ser	Arg	Thr	His	Arg	Met	Pro	Asn	Ile	Gln	Glu	Met	Phe	Phe	
	610					615					620					
Ser	Gln	Val	Ser	Asn	Ala	Gly	Val	Asn	Thr	Ala	Leu	Lys	Pro	Glu	Gln	
625					630					635					640	
Ser	Asp	Thr	Tyr	Gln	Leu	Gly	Phe	Asn	Thr	Tyr	Lys	Lys	Gly	Leu	Phe	
				645					650					655		
Thr	Gln	Asp	Asp	Val	Leu	Gly	Val	Lys	Leu	Val	Gly	Tyr	Arg	Ser	Phe	
			660					665					670			
Ile	Lys	Asn	Tyr	Ile	His	Asn	Val	Tyr	Gly	Glu	Trp	Trp	Lys	Asn	Asp	
		675					680					685				
Val	Pro	Ile	Trp	Ala	Asp	Ser	Asn	Gly	Phe	Arg	Phe	Thr	Ile	Ala	His	
	690					695					700					
Gln	Asn	Tyr	Lys	Pro	Ile	Val	Lys	Lys	Ser	Gly	Val	Glu	Leu	Glu	Ile	
705					710					715					720	
Asn	Tyr	Asp	Met	Gly	Arg	Phe	Phe	Ala	Asn	Val	Ser	Tyr	Ala	Tyr	Gln	
				725					730					735		
Arg	Thr	Asn	Gln	Pro	Thr	Asn	Tyr	Ala	Asp	Ala	Ser	Pro	Arg	Ala	Lys	
			740					745					750			
Asn	Thr	Ser	Asn	Lys	Asp	Ile	Leu	Lys	Gln	Gly	Tyr	Gly	Leu	Ser	Arg	
		755					760					765				
Ile	Thr	Met	Leu	Pro	Arg	Asp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Glu	Leu	Gly	Thr	Arg	
	770					775					780					
Trp	Phe	Asp	Gln	Lys	Leu	Thr	Leu	Gly	Met	Ala	Ala	Arg	Tyr	Tyr	Gly	
785					790					795					800	
Lys	Ser	Lys	Arg	Ala	Ser	Ile	Lys	Asp	Glu	Cys	Val	Lys	Gly	Val	Pro	
				805					810					815		
Cys	Lys	Ile	Gln	Gly	Thr	Gly	Glu	Lys	Ala	Glu	Val	Val	His	Asn	Ala	
			820					825					830			

ES 2 663 872 T3

Ile Lys Lys Thr Glu Asp Ile Lys Lys Gln Pro Ile Ile Leu Asp Leu
835 840 845

His Val Ser Tyr Glu Pro Ile Lys Asp Leu Ile Ile Lys Ala Glu Val
850 855 860

Gln Asn Leu Leu Asp Lys Arg Tyr Val Asp Pro Leu Asp Ala Gly Asn
865 870 875 880

Asp Ala Ala Ser Gln Arg Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Asp Ser Ile Cys
885 890 895

Ser Lys Asp Gly Thr Cys Glu Asp Gly Gly Lys Asp Lys Pro Val Leu
900 905 910

Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Asn Tyr Lys
915 920 925

Phe

<210> 66

<211> 913

<212> PRT

<213> Haemophilus influenzae Rd KW20

<400> 66

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65 70 75 80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
85 90 95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
100 105 110

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe

ES 2 663 872 T3

115	120	125
Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys 130 135 140		
Ser Asn Phe Ser Gly Ala Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala 145 150 155 160		
Asn Phe Arg Thr Leu Gly Val Asn Asp Val Ile Thr Asp Asp Lys Pro 165 170 175		
Phe Gly Ile Ile Leu Lys Gly Met Thr Gly Ser Asn Ala Thr Lys Ser 180 185 190		
Asn Phe Met Thr Met Ala Ala Gly Arg Lys Trp Leu Asp Asn Gly Gly 195 200 205		
Tyr Val Gly Val Val Tyr Gly Tyr Ser Gln Arg Glu Val Ser Gln Asp 210 215 220		
Tyr Arg Ile Gly Gly Gly Glu Arg Leu Ala Ser Leu Gly Gln Asp Ile 225 230 235 240		
Leu Ala Lys Glu Lys Glu Ala Tyr Phe Arg Asn Ala Gly Tyr Ile Leu 245 250 255		
Asn Pro Glu Gly Gln Trp Thr Pro Asp Leu Ser Lys Lys His Trp Ser 260 265 270		
Cys Asn Lys Pro Asp Tyr Gln Lys Asn Gly Asp Cys Ser Tyr Tyr Arg 275 280 285		
Ile Gly Ser Ala Ala Lys Thr Arg Arg Glu Ile Leu Gln Glu Leu Leu 290 295 300		
Thr Asn Gly Lys Lys Pro Lys Asp Ile Glu Lys Leu Gln Lys Gly Asn 305 310 315 320		
Asp Gly Ile Glu Glu Thr Asp Lys Ser Phe Glu Arg Asn Lys Asp Gln 325 330 335		
Tyr Ser Val Ala Pro Ile Glu Pro Gly Ser Leu Gln Ser Arg Ser Arg 340 345 350		
Ser His Leu Leu Lys Phe Glu Tyr Gly Asp Asp His Gln Asn Leu Gly 355 360 365		
Ala Gln Leu Arg Thr Leu Asp Asn Lys Ile Gly Ser Arg Lys Ile Glu 370 375 380		

ES 2 663 872 T3

Asn	Arg	Asn	Tyr	Gln	Val	Asn	Tyr	Asn	Phe	Asn	Asn	Asn	Ser	Tyr	Leu	385	390	395	400
Asp	Leu	Asn	Leu	Met	Ala	Ala	His	Asn	Ile	Gly	Lys	Thr	Ile	Tyr	Pro	405	410	415	
Lys	Gly	Gly	Phe	Phe	Ala	Gly	Trp	Gln	Val	Ala	Asp	Lys	Leu	Ile	Thr	420	425	430	
Lys	Asn	Val	Ala	Asn	Ile	Val	Asp	Ile	Asn	Asn	Ser	His	Thr	Phe	Leu	435	440	445	
Leu	Pro	Lys	Glu	Ile	Asp	Leu	Lys	Thr	Thr	Leu	Gly	Phe	Asn	Tyr	Phe	450	455	460	
Thr	Asn	Glu	Tyr	Ser	Lys	Asn	Arg	Phe	Pro	Glu	Glu	Leu	Ser	Leu	Phe	465	470	475	480
Tyr	Asn	Asp	Ala	Ser	His	Asp	Gln	Gly	Leu	Tyr	Ser	His	Ser	Lys	Arg	485	490	495	
Gly	Arg	Tyr	Ser	Gly	Thr	Lys	Ser	Leu	Leu	Pro	Gln	Arg	Ser	Val	Ile	500	505	510	
Leu	Gln	Pro	Ser	Gly	Lys	Gln	Lys	Phe	Lys	Thr	Val	Tyr	Phe	Asp	Thr	515	520	525	
Ala	Leu	Ser	Lys	Gly	Ile	Tyr	His	Leu	Asn	Tyr	Ser	Val	Asn	Phe	Thr	530	535	540	
His	Tyr	Ala	Phe	Asn	Gly	Glu	Tyr	Val	Gly	Tyr	Glu	Asn	Thr	Ala	Gly	545	550	555	560
Gln	Gln	Ile	Asn	Glu	Pro	Ile	Leu	His	Lys	Ser	Gly	His	Lys	Lys	Ala	565	570	575	
Phe	Asn	His	Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu	Ser	Asp	Tyr	Phe	Met	580	585	590	
Pro	Phe	Phe	Thr	Tyr	Ser	Arg	Thr	His	Arg	Met	Pro	Asn	Ile	Gln	Glu	595	600	605	
Met	Phe	Phe	Ser	Gln	Val	Ser	Asn	Ala	Gly	Val	Asn	Thr	Ala	Leu	Lys	610	615	620	
Pro	Glu	Gln	Ser	Asp	Thr	Tyr	Gln	Leu	Gly	Phe	Asn	Thr	Tyr	Lys	Lys	625	630	635	640

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Asn Tyr Lys
900 905 910

Phe

<210> 67

<211> 913

<212> PRT

5 <213> Haemophilus influenzae RdAW

<400> 67

Met Lys Lys Ala Ile Lys Leu Asn Leu Ile Thr Leu Gly Leu Ile Asn
1 5 10 15

Thr Ile Gly Met Thr Ile Thr Gln Ala Gln Ala Glu Glu Thr Leu Gly
20 25 30

Gln Ile Asp Val Val Glu Lys Val Ile Ser Asn Asp Lys Lys Pro Phe
35 40 45

Thr Glu Ala Lys Ala Lys Ser Thr Arg Glu Asn Val Phe Lys Glu Thr
50 55 60

Gln Thr Ile Asp Gln Val Ile Arg Ser Ile Pro Gly Ala Phe Thr Gln
65 70 75 80

Gln Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ser Val Asn Ile Arg Gly Glu Asn
85 90 95

Gly Leu Gly Arg Val Asn Thr Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr Phe
100 105 110

Tyr Ser Thr Ala Leu Asp Ser Gly Gln Ser Gly Gly Ser Ser Gln Phe
115 120 125

Gly Ala Ala Ile Asp Pro Asn Phe Ile Ala Gly Val Asp Val Asn Lys
130 135 140

Ser Asn Phe Ser Gly Ala Ser Gly Ile Asn Ala Leu Ala Gly Ser Ala
145 150 155 160

Asn Phe Arg Thr Leu Gly Val Asn Asp Val Ile Thr Asp Asp Lys Pro
165 170 175

Phe Gly Ile Ile Leu Lys Gly Met Thr Gly Ser Asn Ala Thr Lys Ser
180 185 190

Asn Phe Met Thr Met Ala Ala Gly Arg Lys Trp Leu Asp Asn Gly Gly
195 200 205

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala Tyr Gln Arg Thr Asn Gln Pro Thr Asn Tyr Ala Asp Ala Ser Pro
725 730 735

Arg Pro Asn Asn Ala Ser Gln Glu Asp Ile Leu Lys Gln Gly Tyr Gly
740 745 750

Leu Ser Arg Val Ser Met Leu Pro Lys Asp Tyr Gly Arg Leu Glu Leu
755 760 765

Gly Thr Arg Trp Phe Asp Gln Lys Leu Thr Leu Gly Leu Ala Ala Arg
770 775 780

Tyr Tyr Gly Lys Ser Lys Arg Ala Thr Ile Glu Glu Glu Tyr Ile Asn
785 790 795 800

Gly Ser Arg Phe Lys Lys Asn Thr Leu Arg Arg Glu Asn Tyr Tyr Ala
805 810 815

Val Lys Lys Thr Glu Asp Ile Lys Lys Gln Pro Ile Ile Leu Asp Leu
820 825 830

His Val Ser Tyr Glu Pro Ile Lys Asp Leu Ile Ile Lys Ala Glu Val
835 840 845

Gln Asn Leu Leu Asp Lys Arg Tyr Val Asp Pro Leu Asp Ala Gly Asn
850 855 860

Asp Ala Ala Ser Gln Arg Tyr Tyr Ser Ser Leu Asn Asn Ser Ile Glu
865 870 875 880

Cys Ala Gln Asp Ser Ser Ala Cys Gly Gly Ser Asp Lys Thr Val Leu
885 890 895

Tyr Asn Phe Ala Arg Gly Arg Thr Tyr Ile Leu Ser Leu Asn Tyr Lys
900 905 910

Phe

<210> 68

<211> 915

<212> PRT

5 <213> Haemophilus somnus 129PT

<400> 68

Met Ser Asn Lys Phe Lys Leu Thr Ala Val Ala Phe Ser Val Leu Ser
1 5 10 15

Thr Cys Val Tyr Ala Glu Glu Met Leu Asp Gln Ile Asn Val Glu Tyr
20 25 30

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Gln Lys Gly Asn Ser Arg Ala His Asp Asn Tyr Ser Met Ser Phe Ser
 545 550 555 560
 Ala Asp Phe His Pro Leu Phe Ser Pro Phe Val Ser Tyr Ala Lys Thr
 565 570 575
 His Arg Val Pro Asn Ile Lys Glu Met Tyr Phe Ser Glu Phe Gly Thr
 580 585 590
 Leu Ala Ile Arg Pro Asp Leu Lys Ser Glu Lys Ala Lys Thr Ile Gln
 595 600 605
 Phe Gly Ile Asn Gly Tyr Lys Asn Gly Ile Phe Ser Asp Phe Asp Ala
 610 615 620
 Leu Gly Phe Lys Val Leu Ala Tyr Gln Thr Lys Ile Arg Asp Tyr Ile
 625 630 635 640
 Ile Asn Ile Lys Gln Glu Cys Ser Ser Asn Ser Trp Arg Gly Ala Asp
 645 650 655
 Lys Ala Pro Thr Ile Tyr Asp Cys Val Gly His Leu Thr His Ile Asn
 660 665 670
 Tyr Glu Gly Gly Lys Thr Ile Leu Lys Thr Glu Met Val Asp Ser Gly
 675 680 685
 Ser Gly Phe Lys Val Pro Leu Asn Gln Leu Ile Pro Ala Asp Ser Ser
 690 695 700
 Pro Ile Val Lys Ile Gln Gly Leu Glu Leu Glu Leu Asn Tyr Asp Ile
 705 710 715 720
 Gly Trp Phe Tyr Ala Asn Leu Ser Tyr Ala Arg Gln Lys Thr Asn Gln
 725 730 735
 Pro Ser Ser Tyr Ser Asp Ser Ser Asn Ser Val Gly Asp Asp Ser Glu
 740 745 750
 Thr Gly Gln Tyr Leu Gln Gly Phe Gly Leu Ser Lys Ile Ser Ser Leu
 755 760 765
 Pro Lys Asp Tyr Gly Ser Leu Asp Leu Gly Thr Arg Leu Phe Asp Gly
 770 775 780
 Lys Leu Thr Leu Gly Gly Thr Ala Lys Tyr Tyr Gly Lys Ser Lys Arg
 785 790 795 800
 Ala Arg Leu Asp Lys Ala Asp Gly Asp Val Ile Leu Pro Gly Thr Phe

ES 2 663 872 T3

805

810

815

Thr Ser Arg Lys Thr Gly Glu Thr Phe Leu Thr Tyr Val Arg Ile Ser
820 825 830

Gly Thr Glu Glu Ile Lys Ala Gln Pro Ile Ile Phe Asp Phe Tyr Ala
835 840 845

Ile Tyr Gln Pro Thr Glu Asn Leu Thr Ile Lys Gly Glu Ile Gln Asn
850 855 860

Ala Phe Asp Lys Lys Tyr Ile Asn Pro Leu Asp Ala Asn Asn Asp Ser
865 870 875 880

Ala Asn Gln Met Thr Tyr Ala Met Gly Val Gly Asp Gly Tyr Gln Lys
885 890 895

Ala Leu Asn Asn Tyr Ser Lys Gly Arg Thr Phe Val Leu Asn Val Asn
900 905 910

Tyr Lys Phe
915

<210> 69

<211> 917

<212> PRT

<213> Haemophilus somnus 2336

5

<400> 69

Met Met Thr Asn Lys Phe Lys Leu Thr Ala Val Ala Phe Ser Val Leu
1 5 10 15

Ser Thr Cys Val Tyr Ala Glu Glu Met Leu Asp Gln Ile Asn Val Glu
20 25 30

Tyr Lys Leu Pro Pro Lys Gln Glu Val Phe Lys Lys Ala Gly Ala Thr
35 40 45

Ser Val Arg Glu Asn Ile Ser Thr Ser Thr Gln Ser Ile Asp Asp Ile
50 55 60

Ile Arg Thr Val Pro Gly Ala Phe Thr Asn Leu Asp Lys Ser Ser Gly
65 70 75 80

Thr Val Ser Val Asn Val Arg Gly Gln Thr Gly Phe Gly Arg Val Asn
85 90 95

Thr Met Val Asp Gly Ile Ser Gln Thr Phe Phe Ala Thr Ser Gly Asp
100 105 110

ES 2 663 872 T3

Asn	Ser	Glu	Lys	Ala	Gly	Gly	Thr	Ser	Gln	Phe	Gly	Ala	Thr	Ile	Asp
		115					120					125			
Pro	Ala	Phe	Ile	Thr	Ser	Val	Asp	Ile	Gln	Arg	Gly	Ser	Phe	Asp	Gly
	130					135					140				
Lys	Ala	Gly	Ala	Asn	Ala	Leu	Val	Gly	Ser	Ala	Asn	Phe	Arg	Thr	Ile
145					150					155					160
Gly	Val	Asp	Asp	Val	Ile	Ser	Glu	Gly	Arg	Asn	Val	Gly	Ala	Leu	Leu
				165					170					175	
Asn	Val	Gly	Gly	Gly	Thr	Asn	Ala	Thr	Gly	Pro	Asn	Tyr	Met	Gly	Ala
			180					185					190		
Val	Ala	Phe	Arg	Tyr	Pro	Phe	Ser	Asp	Thr	Arg	Thr	Leu	Gly	Phe	Met
		195					200					205			
Tyr	Ala	Tyr	Ser	Trp	Arg	Lys	Ser	Ser	Gln	Asp	Phe	Lys	Val	Gly	Gly
	210					215					220				
Gly	Arg	Ser	Ile	Lys	Asp	Val	Asp	Ala	Glu	Glu	Val	Gly	Arg	Ile	Val
225					230					235					240
Glu	Glu	Ala	Cys	Lys	Gly	Glu	Ala	Phe	Cys	Asp	Arg	Asn	Glu	Lys	Arg
				245					250					255	
Lys	Leu	Tyr	Gly	Leu	Gln	Pro	Tyr	Asp	Pro	Ser	Lys	Leu	Leu	His	Tyr
			260					265					270		
Pro	Gln	Ser	His	Leu	Ala	Lys	Ile	Glu	Tyr	Asn	Asp	Lys	Tyr	Asn	Lys
		275					280					285			
Ala	Ile	Leu	Ser	Tyr	Arg	Ser	Leu	Ser	Thr	Ala	Leu	Ser	Gly	Arg	Asn
	290					295					300				
Leu	Glu	Asn	Lys	Asn	Tyr	Gln	Leu	Asn	Tyr	Gln	Leu	Lys	Pro	Lys	Glu
305					310					315					320
Asn	Leu	Gln	Phe	Glu	Leu	Ile	Leu	Ala	Asp	Asn	Thr	Ser	Thr	Gln	Thr
				325					330					335	
Tyr	His	Lys	Gly	Ser	Val	Phe	Asn	Gly	Lys	Met	Leu	Lys	Asp	Val	Leu
			340					345					350		
Glu	Ser	Lys	Asn	Ser	Ala	Lys	Thr	Thr	Asp	Ile	Asn	Met	His	Phe	Ser
		355					360					365			

ES 2 663 872 T3

Ile Pro Phe Thr Glu Lys Phe Ser Tyr Glu Ala Thr Leu Gly Ala Asn
 370 375 380
 Ile Leu Lys Asn Lys Tyr Ser Lys Asn Arg His Pro Arg Glu Leu Gly
 385 390 395 400
 Tyr Tyr Phe Asp Gly Gly Glu Pro Asn Ser Leu Asp Ala Cys Asp Glu
 405 410 415
 Val Gly Lys Tyr Lys Asn Ala Cys Lys Tyr His Gly Ile Arg Ser Asn
 420 425 430
 Thr Phe Gln Pro Asp Gly Glu Gln Arg Phe Lys Thr Leu Tyr Phe Asp
 435 440 445
 Gln Thr Phe Lys Tyr Asp Ile Tyr Thr Leu Lys Val Asn Ala Asn Arg
 450 455 460
 Gln Ile Tyr Lys Tyr Glu Gly Arg Ile Phe Pro Leu Asp Pro Lys Asp
 465 470 475 480
 Arg Phe Ser Ser Arg Thr Trp His Asp Ser His Lys Lys Met Lys Asn
 485 490 495
 Gly Lys Pro Ile Trp Val Asn Ser Asn Ser Ser Glu Ile Val Ala Lys
 500 505 510
 Tyr Gly Val Glu Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Tyr Thr Gly Pro Asn
 515 520 525
 Asp Asp Asp Thr Thr Trp Asp Val Tyr Asn Cys Pro Ser Phe Tyr Ser
 530 535 540
 Val His Lys Gly Asp Ser Arg Ser His Asp Asn Tyr Ser Met Ser Phe
 545 550 555 560
 Ser Ala Asp Phe His Pro Leu Phe Ser Pro Phe Val Ser Tyr Ala Lys
 565 570 575
 Thr His Arg Val Pro Asn Ile Lys Glu Met Tyr Phe Ser Glu Phe Gly
 580 585 590
 Thr Leu Ala Ile Arg Pro Asp Leu Lys Ser Glu Lys Ala Lys Thr Ile
 595 600 605
 Gln Phe Gly Ile Asn Gly Tyr Lys Asn Gly Ile Phe Ser Asp Phe Asp
 610 615 620
 Ala Leu Gly Phe Lys Ile Leu Ala Tyr Gln Thr Lys Ile Arg Asp Tyr

ES 2 663 872 T3

625				630				635				640			
Ile	Ile	Asn	Ile	Lys 645	Gln	Glu	Cys	Ser	Ser 650	Asn	Ala	Trp	Arg	Gly 655	Ser
Asn	Lys	Ala	Pro 660	Thr	Ile	Tyr	Asp	Cys 665	Val	Glu	His	Leu	Thr 670	His	Ile
Asn	Tyr	Glu 675	Gly	Gly	Lys	Thr	Ile 680	Leu	Lys	Thr	Asp	Leu 685	Val	Asp	Thr
Gly	Asp 690	Gly	Lys	Thr	Lys	Val 695	Pro	Ser	Asn	Gln	Leu 700	Ile	Pro	Ala	Asp
Ser 705	Ser	Pro	Ile	Val	Lys 710	Ile	Gln	Gly	Leu	Glu 715	Leu	Glu	Leu	Asn	Tyr 720
Asp	Ile	Gly	Trp	Phe 725	Tyr	Ala	Asn	Leu	Ser 730	Tyr	Ala	Arg	Gln	Lys 735	Thr
Asn	Gln	Pro	Ser 740	Ser	Phe	Ser	Asp	Ser 745	Ser	Tyr	Asn	Val	Ser 750	Asp	Asp
Ser	Glu 755	Thr	Gly	Gln	Tyr	Leu	Gln 760	Gly	Phe	Gly	Leu	Ser 765	Lys	Ile	Ser
Ser 770	Leu	Pro	Lys	Asp	Tyr	Gly 775	Ser	Leu	Asp	Leu	Gly 780	Thr	Arg	Leu	Phe
Asp 785	Gly	Lys	Leu	Thr	Leu 790	Gly	Gly	Thr	Ala	Lys 795	Tyr	Tyr	Gly	Lys	Ser 800
Lys	Arg	Ala	Arg	Leu 805	Asp	Lys	Ala	Asp	Gly 810	Asp	Val	Ile	Leu	Pro 815	Gly
Thr	Phe	Thr	Ser 820	Arg	Lys	Thr	Gly	Glu 825	Thr	Phe	Leu	Thr	Tyr 830	Val	Arg
Ile	Ser 835	Gly	Thr	Glu	Glu	Ile	Lys 840	Ala	Gln	Pro	Ile	Ile 845	Phe	Asp	Phe
Tyr	Ala 850	Ile	Tyr	Gln	Pro	Thr 855	Glu	Asn	Leu	Thr	Ile 860	Lys	Gly	Glu	Ile
Gln 865	Asn	Ala	Phe	Asp	Lys 870	Lys	Tyr	Ile	Asn	Pro 875	Leu	Asp	Ala	Asn	Asn 880
Asp	Ser	Ala	Asn 885	Gln	Met	Thr	Tyr	Ala	Met 890	Gly	Val	Gly	Asp	Gly 895	Tyr

ES 2 663 872 T3

Gln Lys Ala Leu Asn Asn Tyr Ser Lys Gly Arg Thr Phe Val Leu Asn
900 905 910

Val Asn Tyr Lys Phe
915

<210> 70
<211> 902
<212> PRT
<213> Moraxella catarrhalis

5

<400> 70

Met Met Ile Thr Gly Asn Thr Met Asn Gln Ile Phe His Leu Met Thr
1 5 10 15

Gln Thr Lys His Thr Asn His Thr Lys Lys Val Leu Lys Leu Ser Met
20 25 30

Leu Ser Leu Cys Leu Leu His Ile Thr Gln Thr Ala Met Ala Glu Asp
35 40 45

Thr Leu Lys Asp Val Pro Lys Ala Thr Asp Phe Ser Val Ile Leu Asp
50 55 60

Glu Val Val Val Thr Ala Thr Asn Gly Thr Lys Lys Ser Gln Lys Pro
65 70 75 80

Phe Thr Lys Ala Ser Ala Thr Ser Val Arg Glu Asn Val Phe Asn Ala
85 90 95

Ser Glu Asn Ile Asp Ala Ile Val Arg Ser Val Pro Gly Ala Phe Thr
100 105 110

Gln Gln Asp Lys Ser Ser Gly Leu Val Ser Leu Asn Val Arg Gly Asp
115 120 125

Ser Gly Phe Gly Arg Ala Asn Ser Met Val Asp Gly Val Thr Gln Thr
130 135 140

Phe Tyr Ser Thr Ser Thr Asp Ala Gly Arg Gly Gly Gly Thr Ser Gln
145 150 155 160

Phe Gly Ala Val Ile Asp Gln Asn Phe Ile Ala Gly Val Glu Leu Asn
165 170 175

Lys Gly Ser Phe Asn Gly Lys Gly Gly Leu Asn Thr Leu Thr Gly Ser
180 185 190

ES 2 663 872 T3

Ala Asn Phe Arg Thr Leu Asn Ala Asp Asp Val Ile Lys Asp Asp Lys
195 200 205

Asn Phe Gly Phe Ile Ala Lys Gly Leu Thr Gly Lys Asn Ala Thr Asp
210 215 220

Lys Asn Phe Met Leu Ala Ala Gly Gly Arg Gly Trp Leu Asp Asn Gly
225 230 235 240

Ser Ile Ser Ala Leu Tyr Ala Tyr Ser His Lys Asp Ile Ser Gln Asn
245 250 255

Tyr Lys Val Gly Gly Gly Gly Thr His Ile Gly Asn Val Gly Asp Asp
260 265 270

Leu Leu Leu Ser Lys Gln Lys Gln Val Phe Ala Lys Glu His Ala Leu
275 280 285

Thr Tyr Asn Glu Ala Ser Arg Ser Trp Gln Lys Asp Leu Thr Lys Leu
290 295 300

Asp Lys Glu Thr Gly Lys Pro Leu Trp Asp Arg Lys Tyr Gln Phe Gly
305 310 315 320

Gly Lys Cys Tyr Gly Leu Gly Cys Ile Asp Thr Lys Glu Lys Phe Asp
325 330 335

Glu Tyr Val Ala Asp Lys Gln Gln Gln Trp Gln Lys His Gly Ala Lys
340 345 350

Glu Tyr Ser Ile Thr Pro Ile Asp Ile Thr Ala Leu Asn Gln Thr Ser
355 360 365

Lys Ser His Leu Ala Lys Ile Arg Tyr Asn Asn Asp Thr Ser Asp Val
370 375 380

Gly Leu Gln Leu Arg Lys Met Asp Thr Thr Ile Gly Ser Arg Arg Ile
385 390 395 400

Ser Asn Asp Asn Tyr Gln Leu Asp Ala Ala Tyr Asn Pro Asn Glu Ile
405 410 415

Ile Asp Leu Lys Val Leu Ala Ala His Asn Val Gly Val Gln Lys Tyr
420 425 430

Pro Lys Gly Ser Thr Phe Thr Gly Trp Lys Leu Asp Lys Asp Phe Glu
435 440 445

Thr Lys Asn Thr Ala Asn Leu Phe Asp Leu Asn Asn Thr His Thr Phe

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ala Leu Lys Gly Asp Thr Ile Gln His Arg Asn Trp Gln Met Pro Val
725 730 735

His Lys Gln Gly Leu Glu Leu Glu Ile Asn Tyr Asp Ala Gly Arg Tyr
740 745 750

Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Ala Arg Gln Lys Thr Asp Gln Pro Thr Asn
755 760 765

Tyr Ser Asp Ala Ser Glu Ser Pro Arg Asn Ser Ser Lys Glu Asp Gln
770 775 780

Leu Thr Gln Gly Tyr Gly Leu Ser Lys Val Ser Met Leu Pro Lys Asp
785 790 795 800

Tyr Gly Arg Phe Glu Leu Gly Val Arg Gly Phe Asp Asp Lys Leu Thr
805 810 815

Ile Gly Ser Ala Val Arg Tyr Tyr Gly Gln Ser Pro Arg Ala Thr Ile
820 825 830

Glu Pro Arg Tyr Ile Asp Gly Thr His Gly Gly Asn Thr Ser His Ser
835 840 845

Asp Asp Lys Gly Ala His Val Ile Lys Gln Ile Glu Met Leu Lys Arg
850 855 860

Gln Pro Leu Val His Asp Phe Tyr Val Ala Tyr Glu Pro Ile Lys Asp
865 870 875 880

Leu Val Met Arg Leu Asp Val Gln Asn Ala Phe Asp Lys Leu Tyr Ile
885 890 895

Asp Pro Leu Asp Ala Asn
900

<210> 71

<211> 860

<212> PRT

5 <213> Pasteurella dagmatis ATCC 43325

<400> 71

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

Pro Phe Cys Ala Tyr Ala Glu Thr Thr Glu Leu Asp Val Ile Ser Val
20 25 30

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Phe Ile Ser Tyr Ser Lys Ser His Arg Ala Pro Asn Ile Arg Glu Val
 565 570 575
 Phe Phe Ser Ser Val Ser Asp Tyr Gly Val Asn Thr Asn Leu Arg Pro
 580 585 590
 Glu Lys Ala Lys Val Ile Gln Phe Gly Ile Asn Gly Tyr Gln Glu Lys
 595 600 605
 Val Phe Thr Asp Asn Asp Lys Leu Gly Tyr Lys Val Val Tyr Tyr Asn
 610 615 620
 Thr His Val Lys Asp Phe Ile Tyr Asn Ser Asp Asn Arg Gln Pro Leu
 625 630 635 640
 Val Ala Gly Lys Leu Arg Tyr Leu Asn Asp Thr Asn Ile Leu His Lys
 645 650 655
 Asn Tyr Gln Gln Arg Val Lys Met Thr Gly Ile Glu Thr Glu Leu Ser
 660 665 670
 Tyr Asp Leu Gly Asn Ile Tyr Phe Asn Leu Ala Tyr Ala Arg Gln Lys
 675 680 685
 Asn Asn Gln Pro Val Ser Phe Thr Asp Gly Ser Ala Arg Gly Lys Gly
 690 695 700
 Ala Ser Glu Thr Glu Arg Leu Leu Gln Gly Phe Gly Ala Ser Lys Ile
 705 710 715 720
 Ser Ile Leu Pro Lys Asp Tyr Gly Ser Leu Glu Ile Gly Thr Arg Phe
 725 730 735
 Leu Asp Gly Lys Leu Asn Phe Ser Gly Thr Ala Lys Tyr Tyr Gly Ser
 740 745 750
 Ser Lys Arg Val Leu Ser Lys Pro Leu Thr Ile Lys Ser Gly Asp Ala
 755 760 765
 Arg Asp Thr Val Lys Glu Arg Ile Arg Val Thr Glu Glu Ile Pro Lys
 770 775 780
 Gln Pro Ile Ile Val Asp Leu Gln Val Ser Tyr Glu Pro Leu Lys Asn
 785 790 795 800
 Leu Val Leu Lys Ala Glu Val Gln Asn Val Phe Asp Lys Arg Tyr Val
 805 810 815

ES 2 663 872 T3

Asn Pro Leu Asp Ser Asn Asn Asp Ala Ala Ser Gln Ser Val Phe Asn
820 825 830

Leu Asp Leu Ser Asp Gln Thr Ile Asn Val Leu Asn Asn Phe Ala Arg
835 840 845

Gly Arg Thr Tyr Val Phe Thr Val Ser Tyr Lys Tyr
850 855 860

5 <210> 72
<211> 23
<212> ADN
<213> Escherichia coli

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223>n es a, c, g, o t

10 <400> 72
gaaatgttat antataacat ttc 23

<210> 73
<211> 23
<212> ADN
15 <213> Neisseria meningitidis

<400> 73
gtaatgttat ataataacaa act 23

<210> 74
<211> 23
20 <212> ADN
<213> Neisseria meningitidis

<400> 74
caaacgttat acagtatcat atc 23

<210> 75
25 <211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia del cebador
30 <400> 75
gatcatatgc atgaaactga gcaatcggcg 30

<210> 76
<211> 33
35 <212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> secuencia del cebador

<400> 76
gatggatcct taaatcttca cggtcacgcc gcc 33
40 <210> 77
<211> 26
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia del cebador
 <400> 77
 tgacgcgtct cgacgtgag gtctgc 26
 <210> 78
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 78
 tgtgtacagt cgacttcaga cggccacg 28
 <210> 79
 <211> 31
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 79
 gcatcatatg gcacaaacta cactcaaacc c 31
 <210> 80
 <211> 32
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 80
 atgacgtctt aaaacttcac gttcacgccg cc 32
 <210> 81
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 81
 gtacgatgat tgtgccgacc 20
 <210> 82
 <211> 40
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 82
 actttaact ccgtcgacgc aagtcgactg cggggggtaa 40
 <210> 83
 <211> 40
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 83

ttaacccccg cagtcgactt gcgtcgacgg agtttaaagt 40
 <210> 84
 <211> 21
 <212> ADN
 5 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 84
 gccatactgt tgcggatttg a 21
 10 <210> 85
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 15 <223> secuencia del cebador
 <400> 85
 ttgccgatg gcggaataca 20
 <210> 86
 <211> 40
 20 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 86
 25 ctttcagcgc aaagtcgact ccgtcgacgc gtcctgttc 40
 <210> 87
 <211> 40
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 30 <220>
 <223> secuencia del cebador
 <400> 87
 gaacaggcac gcgtcgacgg agtcgactt gcgctgaaag 40
 <210> 88
 35 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia del cebador
 40 <400> 88
 tcctattgcg caataccccc 20
 <210> 89
 <211> 67
 <212> PRT
 45 <213> Neisseria meningitidis
 <400> 89

ES 2 663 872 T3

Arg Asp Gln Tyr Gly Leu Pro Ala His Ser His Glu Tyr Asp Asp Cys
1 5 10 15

His Ala Asp Ile Ile Trp Gln Lys Ser Leu Ile Asn Lys Arg Tyr Leu
20 25 30

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

Pro Gly Leu Ser Cys Gly Phe His Asp Asp Asp Asn Ala His Ala His
50 55 60

Thr His Ser
65

<210> 90

<211> 758

<212> PRT

5 <213> Neisseria meningitidis MC58

<400> 90

Met Ala Gln Thr Thr Leu Lys Pro Ile Val Leu Ser Ile Leu Leu Ile
1 5 10 15

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

Leu Glu Thr Val Ser Val Val Gly Lys Ser Arg Pro Arg Ala Thr Ser
35 40 45

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

305					310						315				320
Thr	His	Ser	Gly	Arg	Pro	Trp	Ile	Asp	Leu	Arg	Asn	Lys	Arg	Tyr	Glu
				325					330					335	
Leu	Arg	Ala	Glu	Trp	Lys	Gln	Pro	Phe	Pro	Gly	Phe	Glu	Ala	Leu	Arg
			340					345					350		
Val	His	Leu	Asn	Arg	Asn	Asp	Tyr	Arg	His	Asp	Glu	Lys	Ala	Gly	Asp
		355					360					365			
Ala	Val	Glu	Asn	Phe	Phe	Asn	Asn	Gln	Thr	Gln	Asn	Ala	Arg	Ile	Glu
	370					375					380				
Leu	Arg	His	Gln	Pro	Ile	Gly	Arg	Leu	Lys	Gly	Ser	Trp	Gly	Val	Gln
385					390					395					400
Tyr	Leu	Gln	Gln	Lys	Ser	Ser	Ala	Leu	Ser	Ala	Ile	Ser	Glu	Ala	Val
				405					410					415	
Lys	Gln	Pro	Met	Leu	Leu	Asp	Asn	Lys	Val	Gln	His	Tyr	Ser	Phe	Phe
			420					425					430		
Gly	Val	Glu	Gln	Ala	Asn	Trp	Asp	Asn	Phe	Thr	Leu	Glu	Gly	Gly	Val
		435					440					445			
Arg	Val	Glu	Lys	Gln	Lys	Ala	Ser	Ile	Gln	Tyr	Asp	Lys	Ala	Leu	Ile
	450					455					460				
Asp	Arg	Glu	Asn	Tyr	Tyr	Asn	His	Pro	Leu	Pro	Asp	Leu	Gly	Ala	His
465					470					475					480
Arg	Gln	Thr	Ala	Arg	Ser	Phe	Ala	Leu	Ser	Gly	Asn	Trp	Tyr	Phe	Thr
				485					490					495	
Pro	Gln	His	Lys	Leu	Ser	Leu	Thr	Ala	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro
			500					505					510		
Ser	Thr	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	His	Gly	Lys	His	Val	Ala	Thr	Asn	Thr
		515				520						525			
Phe	Glu	Val	Gly	Asn	Lys	His	Leu	Asn	Lys	Glu	Arg	Ser	Asn	Asn	Ile
	530					535					540				
Glu	Leu	Ala	Leu	Gly	Tyr	Glu	Gly	Asp	Arg	Trp	Gln	Tyr	Asn	Leu	Ala
545					550					555					560
Leu	Tyr	Arg	Asn	Arg	Phe	Gly	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Gln	Thr	Leu	Asn
				565					570					575	

ES 2 663 872 T3

Asp Gly Arg Gly Pro Lys Ser Ile Glu Asp Asp Ser Glu Met Lys Leu
580 585 590

Val Arg Tyr Asn Gln Ser Gly Ala Asp Phe Tyr Gly Ala Glu Gly Glu
595 600 605

Ile Tyr Phe Lys Pro Thr Pro Arg Tyr Arg Ile Gly Val Ser Gly Asp
610 615 620

Tyr Val Arg Gly Arg Leu Lys Asn Leu Pro Ser Leu Pro Gly Arg Glu
625 630 635 640

Asp Ala Tyr Gly Asn Arg Pro Phe Ile Ala Gln Asp Asp Gln Asn Ala
645 650 655

Pro Arg Val Pro Ala Ala Arg Leu Gly Phe His Leu Lys Ala Ser Leu
660 665 670

Thr Asp Arg Ile Asp Ala Asn Leu Asp Tyr Tyr Arg Val Phe Ala Gln
675 680 685

Asn Lys Leu Ala Arg Tyr Glu Thr Arg Thr Pro Gly His His Met Leu
690 695 700

Asn Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Arg Asn Thr Arg Tyr Gly Glu Trp Asn
705 710 715 720

Trp Tyr Val Lys Ala Asp Asn Leu Leu Asn Gln Ser Val Tyr Ala His
725 730 735

Ser Ser Phe Leu Ser Asp Thr Pro Gln Met Gly Arg Ser Phe Thr Gly
740 745 750

Gly Val Asn Val Lys Phe
755

<210> 91
<211> 758
<212> PRT
<213> Neisseria meningitidis O53322

5

<400> 91

Met Ala Gln Thr Thr Leu Lys Pro Ile Val Leu Ser Ile Leu Leu Ile
1 5 10 15

Asn Thr Pro Leu Leu Ala Gln Ala His Glu Thr Glu Gln Ser Val Gly
20 25 30

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Leu Tyr Arg Asn Arg Phe Gly Asn Tyr Ile Tyr Ala Gln Thr Leu Asn
565 570 575

Asp Gly Arg Gly Pro Lys Ser Ile Glu Asp Asp Ser Glu Met Lys Leu
580 585 590

Val Arg Tyr Asn Gln Ser Gly Ala Asp Phe Tyr Gly Ala Glu Gly Glu
595 600 605

Ile Tyr Phe Lys Pro Thr Pro Arg Tyr Arg Ile Gly Val Ser Gly Asp
610 615 620

Tyr Val Arg Gly Arg Leu Lys Asn Leu Pro Ser Leu Pro Gly Arg Glu
625 630 635 640

Asp Ala Tyr Gly Asn Arg Pro Phe Ile Ala Gln Asp Asp Gln Asn Ala
645 650 655

Pro Arg Val Pro Ala Ala Arg Leu Gly Val His Leu Lys Ala Ser Leu
660 665 670

Thr Asp Arg Ile Asp Ala Asn Leu Asp Tyr Tyr Arg Val Phe Ala Gln
675 680 685

Asn Lys Leu Ala Arg Tyr Glu Thr Arg Thr Pro Gly His His Met Leu
690 695 700

Asn Leu Gly Ala Asn Tyr Arg Arg Asn Thr Arg Tyr Gly Glu Trp Asn
705 710 715 720

Trp Tyr Val Lys Ala Asp Asn Leu Leu Asn Gln Ser Val Tyr Ala His
725 730 735

Ser Ser Phe Leu Ser Asp Thr Pro Gln Met Gly Arg Ser Phe Thr Gly
740 745 750

Gly Val Asn Val Lys Phe
755

<210> 92

<211> 758

<212> PRT

<213> Neisseria meningitidis Z2491

<400> 92

Met Ala Gln Thr Thr Leu Lys Pro Ile Val Leu Ser Ile Leu Leu Ile
1 5 10 15

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Glu	Leu	Ala	Leu	Gly	Tyr	Glu	Gly	Asp	Arg	Trp	Gln	Tyr	Asn	Leu	Ala	545	550	555			560
Leu	Tyr	Arg	Asn	Arg	Phe	Gly	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Gln	Thr	Leu	Asn		565	570			575
Asp	Gly	Arg	Gly	Pro	Lys	Ser	Ile	Glu	Asp	Asp	Ser	Glu	Met	Lys	Leu		580	585			590
Val	Arg	Tyr	Asn	Gln	Ser	Gly	Ala	Asp	Phe	Tyr	Gly	Ala	Glu	Gly	Glu		595	600			605
Ile	Tyr	Phe	Lys	Pro	Thr	Pro	Arg	Tyr	Arg	Ile	Gly	Val	Ser	Gly	Asp	610		615			620
Tyr	Val	Arg	Gly	Arg	Leu	Lys	Asn	Leu	Pro	Ser	Leu	Pro	Gly	Arg	Glu	625		630			635
Asp	Ala	Tyr	Gly	Asn	Arg	Pro	Leu	Ile	Ala	Gln	Ala	Asp	Gln	Asn	Ala		645	650			655
Pro	Arg	Val	Pro	Ala	Ala	Arg	Leu	Gly	Val	His	Leu	Lys	Ala	Ser	Leu		660	665			670
Thr	Asp	Arg	Ile	Asp	Ala	Asn	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Arg	Val	Phe	Ala	Gln		675	680			685
Asn	Lys	Leu	Ala	Arg	Tyr	Glu	Thr	Arg	Thr	Pro	Gly	His	His	Met	Leu	690		695			700
Asn	Leu	Gly	Ala	Asn	Tyr	Arg	Arg	Asn	Thr	Arg	Tyr	Gly	Glu	Trp	Asn	705		710			715
Trp	Tyr	Val	Lys	Ala	Asp	Asn	Leu	Leu	Asn	Gln	Ser	Val	Tyr	Ala	His		725	730			735
Ser	Ser	Phe	Leu	Ser	Asp	Thr	Pro	Gln	Met	Gly	Arg	Ser	Phe	Thr	Gly		740	745			750
Gly	Val	Asn	Val	Lys	Phe												755				

<210> 93

<211> 758

<212> PRT

<213> Neisseria meningitidis FAM18

<400> 93

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

<210> 94

<211> 758

<212> PRT

<213> Neisseria meningitidis alpha14

<400> 94

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

				245				250				255			
Arg	Asp	Gln	Tyr	Gly	Leu	Pro	Ala	His	Ser	His	Glu	Tyr	Asp	Asp	Cys
			260				265						270		
His	Ala	Asp	Ile	Ile	Trp	Gln	Lys	Ser	Leu	Ile	Asn	Lys	Arg	Tyr	Leu
			275				280				285				
Gln	Leu	Tyr	Pro	His	Leu	Leu	Thr	Glu	Glu	Asp	Val	Asp	Tyr	Asp	Asn
		290				295				300					
Pro	Gly	Leu	Ser	Cys	Gly	Phe	His	Asp	Asp	Asp	Asp	Ala	His	Ala	His
305				310						315		320			
Ala	His	Asn	Gly	Lys	Pro	Trp	Ile	Asp	Leu	Arg	Asn	Lys	Arg	Tyr	Glu
				325				330					335		
Leu	Arg	Ala	Glu	Trp	Lys	Gln	Pro	Phe	Pro	Gly	Phe	Glu	Ala	Leu	Arg
			340				345					350			
Val	His	Leu	Asn	Arg	Asn	Asp	Tyr	Arg	His	Asp	Glu	Lys	Ala	Gly	Asp
		355				360					365				
Ala	Val	Glu	Asn	Phe	Phe	Asn	Asn	Gln	Thr	Gln	Asn	Ala	Arg	Ile	Glu
		370				375					380				
Leu	Arg	His	Gln	Pro	Ile	Gly	Arg	Leu	Lys	Gly	Ser	Trp	Gly	Val	Gln
385				390						395					400
Tyr	Leu	Gln	Gln	Lys	Ser	Ser	Ala	Leu	Ser	Ala	Thr	Ser	Glu	Ala	Val
				405				410					415		
Lys	Gln	Pro	Met	Leu	Leu	Asp	Asn	Lys	Val	Gln	His	Tyr	Ser	Phe	Phe
			420				425					430			
Gly	Val	Glu	Gln	Ala	Asn	Trp	Asp	Asn	Phe	Thr	Leu	Glu	Gly	Gly	Val
		435				440					445				
Arg	Val	Glu	Lys	Gln	Lys	Ala	Ser	Ile	Arg	Tyr	Asp	Lys	Ala	Leu	Ile
		450				455					460				
Asp	Arg	Glu	Asn	Tyr	Tyr	Asn	His	Pro	Leu	Pro	Asp	Leu	Gly	Ala	His
465				470						475		480			
Arg	Gln	Thr	Ala	Arg	Ser	Phe	Ala	Leu	Ser	Gly	Asn	Trp	Tyr	Phe	Thr
				485				490					495		
Pro	Gln	His	Lys	Leu	Ser	Leu	Thr	Ala	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro
			500				505					510			

ES 2 663 872 T3

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

<210> 95

ES 2 663 872 T3

<211> 758

<212> PRT

<213> Neisseria meningitidis alpha153

<400> 95

```

Met  Ala  Gln  Thr  Thr  Leu  Lys  Pro  Ile  Val  Leu  Ser  Ile  Leu  Leu  Ile
 1              5              10              15

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

Leu  Glu  Thr  Val  Ser  Val  Val  Gly  Lys  Ser  Arg  Pro  Arg  Ala  Thr  Ser
      35              40              45

Gly  Leu  Leu  His  Thr  Ser  Thr  Ala  Ser  Asp  Lys  Ile  Ile  Ser  Gly  Asp
 50              55              60

Thr  Leu  Arg  Gln  Lys  Ala  Val  Asn  Leu  Gly  Asp  Ala  Leu  Asp  Gly  Val
 65              70              75              80

Pro  Gly  Ile  His  Ala  Ser  Gln  Tyr  Gly  Gly  Gly  Ala  Ser  Ala  Pro  Val
      85              90              95

Ile  Arg  Gly  Gln  Thr  Gly  Arg  Arg  Ile  Lys  Val  Leu  Asn  His  His  Gly
      100              105              110

Glu  Thr  Gly  Asp  Met  Ala  Asp  Phe  Ser  Pro  Asp  His  Ala  Ile  Met  Val
      115              120              125

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

Leu  Leu  Tyr  Ser  Ser  Gly  Asn  Val  Ala  Gly  Leu  Val  Asp  Val  Ala  Asp
      145              150              155              160

Gly  Lys  Ile  Pro  Glu  Lys  Met  Pro  Glu  Asn  Gly  Val  Ser  Gly  Glu  Leu
      165              170              175

Gly  Leu  Arg  Leu  Ser  Ser  Gly  Asn  Leu  Glu  Lys  Leu  Thr  Ser  Gly  Gly
      180              185              190

Ile  Asn  Ile  Gly  Leu  Gly  Lys  Asn  Phe  Val  Leu  His  Thr  Glu  Gly  Leu
      195              200              205

Tyr  Arg  Lys  Ser  Gly  Asp  Tyr  Ala  Val  Pro  Arg  Tyr  Arg  Asn  Leu  Lys
      210              215              220

Arg  Leu  Pro  Asp  Ser  His  Ala  Asp  Ser  Gln  Thr  Gly  Ser  Ile  Gly  Leu

```

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Pro	Gln	His	Lys	Leu	Ser	Leu	Thr	Ala	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	500	505	510
Ser	Thr	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	His	Gly	Lys	His	Val	Ala	Thr	Asn	Thr	515	520	525
Phe	Glu	Val	Gly	Asn	Lys	His	Leu	Asn	Lys	Glu	Arg	Ser	Asn	Asn	Ile	530	535	540
Glu	Leu	Ala	Leu	Gly	Tyr	Glu	Gly	Asp	Arg	Trp	Gln	Tyr	Asn	Leu	Ala	545	550	555
Leu	Tyr	Arg	Asn	Arg	Phe	Gly	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Gln	Thr	Leu	Asn	565	570	575
Asp	Gly	Arg	Gly	Pro	Lys	Ser	Ile	Glu	Asp	Asp	Ser	Glu	Met	Lys	Leu	580	585	590
Val	Arg	Tyr	Asn	Gln	Ser	Gly	Ala	Asp	Phe	Tyr	Gly	Ala	Glu	Gly	Glu	595	600	605
Ile	Tyr	Phe	Lys	Pro	Thr	Pro	Arg	Tyr	Arg	Ile	Gly	Val	Ser	Gly	Asp	610	615	620
Tyr	Val	Arg	Gly	Arg	Leu	Lys	Asn	Leu	Pro	Ser	Leu	Pro	Gly	Arg	Glu	625	630	635
Asp	Ala	Tyr	Gly	Asn	Arg	Pro	Phe	Ile	Ala	Gln	Asp	Asp	Gln	Asn	Ala	645	650	655
Pro	Arg	Val	Pro	Ala	Ala	Arg	Leu	Gly	Val	His	Leu	Lys	Ala	Ser	Leu	660	665	670
Thr	Asp	Arg	Ile	Asp	Ala	Asn	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Arg	Val	Phe	Ala	Gln	675	680	685
Asn	Lys	Leu	Ala	Arg	Tyr	Glu	Thr	Arg	Thr	Pro	Gly	His	His	Met	Leu	690	695	700
Asn	Leu	Gly	Ala	Asn	Tyr	Arg	Arg	Asn	Thr	Arg	Tyr	Gly	Glu	Trp	Asn	705	710	715
Trp	Tyr	Val	Lys	Ala	Asp	Asn	Leu	Leu	Asn	Gln	Ser	Val	Tyr	Ala	His	725	730	735
Ser	Ser	Phe	Leu	Ser	Asp	Thr	Pro	Gln	Met	Gly	Arg	Ser	Phe	Thr	Gly	740	745	750

ES 2 663 872 T3

Gly Val Asn Val Lys Phe
755

<210> 96
<211> 728
<212> PRT
5 <213> Neisseria meningitidis alpha 275
<400> 96

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

<211> 803
 <212> PRT
 <213> Acinetobacter baumannii
 <400> 97

```

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

Ser Lys Ile Leu Leu Ala Ala Glu Gly Pro Val Thr Thr Leu Asn Thr
          20          25          30

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

Lys Ser Leu Asn Val Ser Asn Gln Phe Ile Asp Thr Ser Lys Leu Lys
          50          55          60

Gln Arg Ser Thr Thr Leu Gly Asp Ala Leu Gly Thr Glu Leu Gly Ile
65          70          75          80

His Ser Asn Gln Tyr Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro Ile Ile Arg Gly
          85          90          95

Gln Glu Gly Lys Arg Ile Lys Val Leu Gln Asn Asn Ala Asp Val Leu
          100          105          110

Asp Met Ser Asn Met Ser Pro Asp His Ala Val Thr Val Glu Pro Ser
          115          120          125

Leu Ala Lys Ser Ile Glu Ile Ile Arg Gly Ala Ser Thr Leu Leu Tyr
          130          135          140

Ser Ser Asn Ser Ala Ala Gly Val Val Asn Val Ile Asp Tyr Lys Ile
          145          150          155          160

Pro Thr Gln Met Pro Gln Asp Gly Leu Glu Gly Asn Thr Thr Leu Arg
          165          170          175

Phe Asn Thr Gly Ser Asn Glu Lys Leu Thr Thr Ala Gly Val Thr Val
          180          185          190

Gly Leu Ser Pro Arg Val Ala Leu Arg Ala Glu Gly Leu Tyr Arg Asn
          195          200          205

Ala Gly Asn Tyr Lys Thr Pro His Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Asn Ser
          210          215          220

Leu Glu Asp Leu Glu Asn Gln Asn Ile Val Tyr Lys Asn Leu Lys Tyr
  
```


ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Leu Ala Tyr Lys Asn Lys Leu Ser His Thr Glu Tyr Asp Leu Phe Phe
755 760 765

Lys Ala Asn Asn Leu Leu Asp Gln Lys Val Tyr Ala His Glu Thr Phe
770 775 780

Leu Pro Tyr Ile Pro Gln Ile Gly Arg Asn Phe Ser Leu Gly Leu Asn
785 790 795 800

Leu Asn Phe

<210> 98

<211> 790

<212> PRT

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 98

Met Phe Asn Lys Lys Leu Leu Ala Val Leu Ile Ser Ala Gln Phe Ser
1 5 10 15

Pro Leu Val Trp Ala Asn Asn Asn Asp Val Ala Val Leu Asp Glu Val
20 25 30

Ser Val Val Gly Ser Thr Pro Ser Ile Ser Gln Gly Ser Glu Val Thr
35 40 45

Leu Leu Lys Val Ser Asp Lys Ile Ile Ala Gly Lys Glu Phe Lys Lys
50 55 60

Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ala Ala Glu Leu Gly Val His
65 70 75 80

Ser Asn Pro Phe Gly Gly Gly Ala Ser Lys Pro Ile Ile Arg Gly Gln
85 90 95

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

Met Ser Asn Leu Ser Pro Asp His Ala Val Val Ala Asp Ser Leu Leu
115 120 125

Ala Lys Gln Val Glu Ile Leu Arg Gly Ser Ser Thr Leu Leu Tyr Ala
130 135 140

Ser Ser Ser Pro Ala Gly Ile Val Asn Val Val Asp Lys Arg Ile Pro
145 150 155 160

Thr Glu Ile Pro Glu Lys Gly Tyr Glu Val Glu Leu Asn Ser Arg Phe

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

His	Ala	Pro	Lys	Asp	Arg	Glu	Val	Lys	Phe	Pro	Leu	Val	Glu	Asn	Thr	435	440	445
Asn	Lys	Gln	Met	Ser	Leu	Phe	Gly	Ile	Glu	Gln	Tyr	Met	Trp	Asp	Asn	450	455	460
Phe	Ala	Leu	Glu	Phe	Ala	Gly	Arg	Val	Glu	Lys	Gln	Lys	Ile	Glu	Ile	465	470	475
Glu	Tyr	Asp	Arg	Asn	Glu	Ile	Lys	Arg	Leu	Gln	Asp	His	Tyr	Arg	Ile	485	490	495
Ser	Gly	Gly	Lys	Gln	Val	Glu	Pro	Asp	Leu	Ser	Pro	Tyr	Asn	Gln	Asn	500	505	510
Ala	Tyr	Ala	Tyr	Ser	Ser	Thr	Leu	Asn	Trp	Phe	Phe	His	Pro	Asp	Tyr	515	520	525
Gln	Leu	Ser	Phe	Thr	Ala	Ser	His	Asn	Glu	Arg	Phe	Pro	Thr	Pro	Met	530	535	540
Glu	Leu	Tyr	Tyr	His	Gly	Gln	His	Ile	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Tyr	545	550	555
Gly	Asn	Lys	Asp	Leu	Lys	Lys	Glu	Gln	Ser	Asn	Asn	Val	Glu	Leu	Gly	565	570	575
Leu	Gly	Tyr	Gln	Thr	Glu	Arg	Val	Gly	Tyr	Lys	Val	Asn	Val	Tyr	Tyr	580	585	590
Asn	His	Phe	Lys	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Asn	Glu	Asn	Leu	Phe	Arg	Glu	Asn	595	600	605
Gln	Leu	Phe	Met	Arg	Arg	Tyr	Asn	Gln	Ala	Lys	Ala	Arg	Phe	Tyr	Gly	610	615	620
Ile	Glu	Ala	Glu	Ala	Ser	Tyr	Arg	Phe	Asn	Asp	Lys	Tyr	Gln	Ala	Thr	625	630	635
Ile	Phe	Gly	Asp	Met	Val	Arg	Gly	Trp	Leu	Thr	Asn	Leu	Pro	Pro	Leu	645	650	655
Thr	Val	Asn	Ser	Asp	Tyr	Ser	Val	Phe	Lys	Asp	Tyr	Leu	Pro	Lys	Asp	660	665	670
Ala	Lys	Pro	Gly	Glu	Asp	Tyr	Leu	Ile	Tyr	Arg	Ala	Asp	Gln	Asn	Thr	675	680	685

ES 2 663 872 T3

Pro Arg Thr Pro Pro Val Arg Leu Gly Phe Arg Phe Asn Ala Glu Phe
690 695 700

Thr Pro Asn Trp Ser Gly Asp Leu Glu Leu Ile Arg Thr Phe Thr Gln
705 710 715 720

Arg Arg Thr Ser Gln Leu Glu Tyr Ile Thr Glu Gly Asn Thr Met Leu
725 730 735

Asn Ile Gly Val Ala Tyr Ser Asn Lys Trp Lys Asp Leu Asp Tyr Lys
740 745 750

Ile Ser Leu Asn Gly Thr Asn Leu Leu Asn Gln Pro Val Tyr Ile His
755 760 765

Thr Ser Tyr His Gln Phe Val Pro Gln Thr Gly Arg Asn Phe Ile Leu
770 775 780

Val Val Asn Val Lys Phe
785 790

<210> 99
<211> 809
<212> PRT
<213> Haemophilus parasuis
<400> 99

5

Met Ile Asn Asn Arg Thr Thr Glu Gln Gln Asn Asn Arg Thr Thr Ala
1 5 10 15

Phe Ser Leu Ala Phe Ser Leu Leu Leu Cys Cys Leu Gly Ile Asn Ala
20 25 30

Glu Gln Leu Glu Leu Asp Glu Ile Ser Val Met Gly Lys Val Pro Glu
35 40 45

Gly Asn Ser Ile Ser Phe Leu Lys Val Ser Asp Ala Ile Ile Asp Gly
50 55 60

Glu Lys Phe Lys Asn Arg Ser Ala Thr Leu Gly Asn Ala Leu Ser Ser
65 70 75 80

Glu Leu Gly Val His Ser Thr Pro Phe Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro
85 90 95

Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Val Arg Val Lys Ile Leu Gln Asn Asn
100 105 110

Ala Asp Val Val Asp Met Ser Asn Ile Ser Pro Asp His Ala Ile Thr

ES 2 663 872 T3

115	120	125
Ala Asp Thr Leu Leu Ala Asn Gln Val Glu Ile Leu Arg Gly Ala Ser 130 135 140		
Thr Leu Leu Tyr Ala Ser Ser Ser Pro Ala Gly Ile Val Asn Ile Val 145 150 155 160		
Asp Gln Arg Ile Pro Asn Lys Met Pro Lys Lys Gly Tyr Glu Val Thr 165 170 175		
Leu Ser Ser Arg Phe Asp Thr Ala Ser Lys Glu Lys Val Tyr Ala Leu 180 185 190		
Gly Thr Thr Ile Gly Ile Gly Lys His Leu Ala Leu Arg Leu Glu Gly 195 200 205		
Leu Asp Arg Gln Ser Gln Asn Tyr Lys Val Pro Gln Ile Lys Leu Gly 210 215 220		
Glu Thr Leu Asn Tyr Val Pro Asp Thr Tyr His Gln Ser Lys Val Gly 225 230 235 240		
Thr Ile Gly Leu Ser Phe Ile Gly Glu Lys Gly Tyr Leu Gly Ala Ser 245 250 255		
Tyr Asn Gln Arg Lys Asp Arg Tyr Gly Leu Pro Gly His Asn His Lys 260 265 270		
Phe Asp Thr Cys Ile Ala His Ile Tyr Asp Met Arg Leu Gln Gly Lys 275 280 285		
His Ser Tyr Thr Asn Leu Tyr Pro His Leu Met Ser Asp Glu Met Val 290 295 300		
Thr Glu Asn Pro His Phe His Cys Gly Thr Asp Tyr Asp Leu Asp Pro 305 310 315 320		
Ser His Ser His Asp His Pro Tyr Gly His Asp His Asp His Thr His 325 330 335		
Ile Gly Pro Trp Val Asp Leu His Ser Lys Arg Ile Asp Ile Lys Gly 340 345 350		
Glu Ile Lys Gln Pro Leu Pro Met Leu Asp Lys Ile Gln Leu Ser Tyr 355 360 365		
Ala Gln Thr Asp Tyr Tyr His Asp Glu Lys Asp Ala Gly Lys Ser Gly 370 375 380		

ES 2 663 872 T3

Asp	Thr	Ile	Asn	Pro	Asn	Arg	Val	Asp	Lys	Ser	Lys	Asp	Phe	Gly	Lys	
385					390					395					400	
Pro	Val	Asn	Ile	Phe	Lys	Asn	Gln	Gly	Lys	Asn	Ala	Arg	Leu	Glu	Phe	
				405					410					415		
Phe	His	Thr	Pro	Ile	Gly	Gly	Leu	Thr	Gly	Met	Phe	Gly	Val	Gln	Tyr	
			420					425					430			
Gln	Thr	Leu	Gln	Ser	Ser	Ala	Asn	Thr	Pro	Asn	Asn	Arg	Glu	Val	Gln	
		435					440					445				
Trp	Pro	Leu	Val	Asp	Asn	Arg	Asn	Lys	Gln	Ile	Ser	Leu	Phe	Ala	Leu	
	450					455					460					
Glu	Gln	Tyr	Ala	Trp	Asp	Asn	Phe	Ala	Ile	Glu	Leu	Gly	Leu	Arg	Thr	
465					470					475					480	
Glu	Lys	Gln	Asn	Ile	His	Ile	Asp	Tyr	Asp	Leu	Ala	Lys	Ile	Gln	Lys	
				485					490					495		
Gln	Gln	Lys	Phe	Asn	Glu	Arg	Thr	Tyr	Gly	Lys	Gln	Val	Asp	Pro	Asp	
			500					505					510			
Leu	Ser	Asp	Tyr	Asp	Glu	Lys	Ala	Ile	Ser	Tyr	Thr	Gly	Ala	Phe	Asn	
		515					520					525				
Trp	Phe	Phe	His	Pro	Asp	Tyr	Gln	Leu	Ser	Phe	Thr	Ala	Ser	His	Asn	
	530					535					540					
Glu	Arg	Leu	Pro	Thr	Pro	Met	Glu	Leu	Tyr	Tyr	His	Gly	Gln	His	Leu	
545					550					555					560	
Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Tyr	Gly	Asn	Lys	Asp	Leu	Lys	Lys	Glu	Ile	
				565					570					575		
Ser	Asn	Asn	Phe	Glu	Leu	Gly	Leu	Gly	Tyr	His	Thr	Glu	Lys	Leu	Asp	
			580					585					590			
Tyr	Lys	Leu	Ser	Thr	Tyr	Tyr	Asn	Asn	Phe	Asp	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Asn	
		595					600					605				
Glu	Thr	Leu	Tyr	Arg	Ser	Asn	Asn	Leu	Phe	Met	Arg	Arg	Tyr	Asn	Gln	
	610					615					620					
Ala	Lys	Ala	Thr	Phe	Tyr	Gly	Leu	Glu	Gly	Ile	Ile	Asn	Tyr	Arg	Phe	
625					630					635					640	

ES 2 663 872 T3

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

<210> 100
 <211> 693
 <212> PRT
 <213> Bordetella pertussis
 <400> 100

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

ES 2 663 872 T3

50		55		60
Leu 65	Leu 66	Leu 67	Arg 68	Arg 69
		Gln 70	Gly 71	Thr 72
			Leu 73	Gly 74
			Asp 75	Thr 76
			Leu 77	Asp 78
			Gly 79	Leu 80
Pro 81	Gly 82	Val 83	His 84	Ala 85
			Asp 86	Thr 87
			Phe 88	Gly 89
			Gly 90	Gly 91
			Ala 92	Ser 93
			Arg 94	Pro 95
Ile 96	Arg 97	Gly 98	Gln 99	Thr 100
				Ala 101
			Pro 102	Arg 103
			Val 104	Lys 105
			Val 106	Leu 107
			Ser 108	Asp 109
			Gly 110	Ser 111
Glu 112	Leu 113	Met 114	Asp 115	Ala 116
			Ser 117	Ala 118
			Ile 119	Ser 120
			Pro 121	Asp 122
			His 123	Ala 124
			Val 125	Thr 126
			Thr 127	
Glu 128	Pro 129	Leu 130	Leu 131	Ala 132
			Asp 133	Lys 134
			Ile 135	Glu 136
			Val 137	Leu 138
			Arg 139	Gly 140
			Pro 141	Ala 142
			Thr 143	
Leu 144	Leu 145	Tyr 146	Gly 147	Gly 148
			Gly 149	Ala 150
			Ile 151	Gly 152
			Gly 153	Val 154
			Val 155	Asn 156
			Val 157	Leu 158
			Asp 159	
Arg 160	Lys 161	Ile 162	Pro 163	Thr 164
			Ala 165	Val 166
			Pro 167	Gln 168
			Gln 169	Gly 170
			Ile 171	Glu 172
			Ala 173	Glu 174
			Ala 175	
Glu 176	Leu 177	Arg 178	Gly 179	Ala 180
			Thr 181	Gly 182
			Thr 183	Lys 184
			Glu 185	Arg 186
			Ala 187	Gly 188
			Ile 189	Gly 190
Ile 191	Thr 192	Ala 193	Gly 194	Ser 195
			Gly 196	Asn 197
			Phe 198	Ala 199
			Val 200	Arg 201
			Val 202	Glu 203
			Gly 204	Leu 205
			Lys 206	
Arg 207	Arg 208	Ser 209	Ser 210	Asp 211
			Tyr 212	Arg 213
			Val 214	Pro 215
			Asp 216	Trp 217
			Pro 218	Asp 219
			Gly 220	Lys 221
			Leu 222	
Ala 223	Gly 224	Ser 225	Tyr 226	Ser 227
			Glu 228	Ser 229
			Gly 230	Gln 231
			Gly 232	Thr 233
			Val 234	Gly 235
			Met 236	Ser 237
			Trp 238	
Ile 239	Thr 240	Pro 241	Arg 242	Gly 243
			Tyr 244	Val 245
			Gly 246	Val 247
			Ala 248	Phe 249
			Thr 250	His 251
			Leu 252	Glu 253
			Ser 254	
Lys 255	Tyr 256	Gly 257	Leu 258	Pro 259
			Gly 260	His 261
			Asn 262	His 263
			Glu 264	Tyr 265
			Glu 266	Gly 267
			Cys 268	His 269
			Pro 270	
His 271	Gly 272	Ser 273	His 274	Leu 275
			His 276	Cys 277
			Gly 278	Gly 279
			His 280	Asp 281
			Asp 282	His 283
			Gly 284	His 285
			Gly 286	His 287
			Glu 288	
His 289	Asp 290	Glu 291	His 292	Glu 293
			Glu 294	Gly 295
			Ala 296	Glu 297
			His 298	Asp 299
			His 300	Gly 301
			His 302	Glu 303
His 304	Gly 305	Ala 306	Gly 307	Asp 308
			Val 309	Pro 310
			Tyr 311	Val 312
			Lys 313	Leu 314
			Arg 315	Ser 316
			Asn 317	Arg 318
			Thr 319	

ES 2 663 872 T3

Asp	Leu	Arg	Ala	Glu	Tyr	Thr	Asp	Pro	Phe	Ala	Gly	Phe	Glu	Lys	Ile		
				325					330					335			
Arg	Phe	Arg	Gly	Gly	Leu	Thr	Asp	Tyr	Arg	His	Asp	Glu	Ile	Glu	Gly		
			340					345					350				
Gly	Gln	Leu	Gly	Thr	Arg	Phe	Gln	Asn	Arg	Gly	Tyr	Asp	Ala	Arg	Leu		
		355					360					365					
Glu	Leu	Thr	His	Arg	Pro	Leu	Tyr	Gly	Trp	His	Gly	Val	Val	Gly	Val		
	370					375					380						
Gln	Thr	Ser	Tyr	Ser	Asp	Phe	Arg	Ala	Thr	Gly	Glu	Glu	Ala	Phe	Leu		
385					390					395					400		
Pro	Arg	Ser	Lys	Thr	Arg	Ala	His	Gly	Leu	Phe	Leu	Leu	Glu	Glu	Tyr		
				405					410						415		
Arg	Trp	Ala	Asp	Trp	Arg	Phe	Glu	Leu	Gly	Ala	Arg	Gln	Asp	Trp	Gln		
			420					425					430				
Arg	Val	Ser	Pro	Gln	Ser	Gly	Ala	Pro	Ala	Ser	Arg	Thr	Ala	Gly	Thr		
		435					440					445					
Ser	Leu	Ser	Ala	Ala	Ala	Ile	Trp	Asp	Phe	Ala	Pro	Gln	Tyr	Ser	Leu		
	450					455					460						
Ala	Leu	Ser	Val	Ser	Arg	Ser	Gln	Arg	Leu	Pro	Ser	Ala	Gln	Glu	Leu		
465					470					475					480		
Tyr	Ala	Asp	Gly	Val	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Thr	Tyr	Glu	Ile	Gly	Asp		
				485					490					495			
Pro	Gly	Leu	Asp	Arg	Glu	Thr	Ser	Arg	Asn	Val	Asp	Leu	Thr	Leu	Arg		
			500					505					510				
Lys	His	Ser	Gly	Asp	Thr	Thr	Phe	Ser	Val	Ser	Ala	Phe	His	Asn	Arg		
		515					520					525					
Val	Lys	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Asn	Thr	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Asp	Phe		
	530					535					540						
Arg	Leu	Ile	Glu	Tyr	Thr	Gln	Arg	Asp	Ala	Glu	Phe	Thr	Gly	Val	Glu		
545					550					555					560		
Gly	Glu	Val	Arg	His	Arg	Phe	Gly	Lys	Val	Phe	Ser	Ala	Ala	Val	Phe		
				565					570					575			

ES 2 663 872 T3

Gly Asp Tyr Val Arg Gly Arg Leu Thr Gly Gly Gly Gly Asn Leu Pro
580 585 590

Arg Ile Pro Ala Ala Arg Leu Gly Val Arg Ala Asp Ala Gln Trp Gln
595 600 605

Asn Trp Ala Gly Gly Val Glu Tyr Phe His Val Tyr Arg Gln Asp Asp
610 615 620

Ile Ala Ala Tyr Glu Ser Ser Thr Pro Gly Tyr Asp Met Val Asn Ala
625 630 635 640

Thr Ile Arg Tyr Arg Gly Lys Leu Asp Arg Thr Ala Tyr Glu Ile Tyr
645 650 655

Leu Arg Gly Asn Asn Leu Leu Asn Lys Leu Ala Phe Asn His Ala Ser
660 665 670

Phe Ile Ser Thr Val Ala Pro Leu Pro Gly Arg Ser Val Leu Leu Gly
675 680 685

Val Arg Leu Thr Tyr
690

<210> 101
<211> 818
<212> PRT
<213> Moraxella catarrhalis
<400> 101

5

Met Lys Val Thr Met Ile Lys Lys Pro Leu Ala Cys Ala Ile Leu Ala
1 5 10 15

Thr Phe Ser Met Pro Met Leu Ala Glu Ala Asn Leu Lys Asp Lys Pro
20 25 30

Thr Val Ile Leu Asp Gly Val Ser Ile Thr Ser Leu Ala Asp Gln Asn
35 40 45

Thr Glu Phe Gly Val Asn His Ser Lys Thr Val Ser Gly Ile Thr Val
50 55 60

Ser Lys Glu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Thr Thr Leu Gly Asp Ala Leu
65 70 75 80

Ala Gly Glu Leu Gly Val His Ser Asn His Phe Gly Gly Gly Ala Ser
85 90 95

Ala Pro Ile Ile Arg Gly Gln Glu Gly Lys Arg Leu Lys Ile Leu Gln

ES 2 663 872 T3

	100				105				110						
Asn	Gly	Ser	Glu	Val	Val	Asp	Met	Ser	Gly	Leu	Ser	Pro	Asp	His	Ala
		115					120					125			
Ile	Ala	Val	Asp	Thr	Thr	Leu	Ala	Lys	Gln	Val	Glu	Ile	Val	Arg	Gly
	130					135					140				
Ser	Gly	Ala	Leu	Leu	Tyr	Ala	Ser	Gly	Asn	Ser	Ala	Gly	Val	Val	Asn
145					150					155					160
Val	Val	Asp	Asp	Lys	Ile	Pro	Ser	Lys	Leu	Pro	Ser	Lys	Leu	Gln	Gly
				165					170					175	
Asp	Val	Thr	Val	Arg	Leu	Ser	Ser	Ala	Asn	Arg	Glu	Lys	Leu	Ile	Thr
			180					185					190		
Ala	Ser	Ala	Glu	Ala	Pro	Leu	Gly	Glu	His	Val	Ala	Val	Arg	Val	Ala
		195					200					205			
Gly	Leu	Ser	Lys	Gln	Ala	Ala	Asp	Tyr	Lys	Thr	Pro	Arg	Phe	Asp	Arg
	210					215					220				
His	Val	Phe	Asn	Lys	Lys	His	Glu	Asp	Asp	Asn	Thr	Gln	Pro	Glu	Phe
225					230					235					240
Ile	Tyr	Lys	Asp	Thr	Leu	Lys	His	Leu	Pro	Asp	Ser	His	Ala	Lys	Ser
				245					250					255	
Asn	Ala	Gly	Thr	Leu	Gly	Val	Ser	Trp	Val	Gly	Asn	Gln	Gly	Phe	Leu
			260					265					270		
Gly	Ala	Ser	Val	Ser	Leu	Arg	Arg	Asp	Lys	Tyr	Gly	Leu	Pro	Asn	His
		275					280					285			
Ser	His	Glu	Tyr	Glu	Glu	Cys	Ser	Val	His	Gly	Ile	Ser	Gln	Ser	Ala
		290				295					300				
Leu	Gln	Tyr	Lys	Pro	Tyr	Leu	Arg	Leu	Tyr	Pro	Phe	Leu	Met	Glu	Asn
305					310					315					320
Asp	Asp	Leu	Glu	Phe	Asp	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	Cys	His	Thr	His	Asp
				325					330					335	
Asp	His	Asp	His	Glu	His	Asp	His	Ala	His	Asp	His	Glu	His	Asp	His
			340					345					350		
Glu	His	Asp	His	Gly	Lys	Pro	Trp	Ile	Asp	Leu	Lys	Met	Lys	Arg	Tyr
		355					360					365			

ES 2 663 872 T3

Asp	Val	Gln	Gly	Gln	Ile	Asn	Ala	Pro	Phe	Ala	Gly	Ile	Asp	Lys	Ile		
370						375					380						
Arg	Ala	Ser	Met	Gly	Lys	Val	Asp	Tyr	His	His	Asp	Glu	Ile	Asp	Gly		
385					390					395					400		
Gly	Glu	Lys	Thr	Ser	Phe	Phe	Asp	Asn	Gln	Ala	Asn	Val	Trp	Arg	Leu		
				405					410					415			
Glu	Ala	Ser	His	Thr	Pro	Ile	His	Thr	Pro	Met	Gly	Lys	Phe	Ser	Gly		
			420					425					430				
Val	Phe	Gly	Val	Gly	Tyr	Leu	Thr	Ser	Lys	Asn	Ser	Gly	Leu	Val	Pro		
		435					440					445					
Pro	Arg	Tyr	Glu	Asp	Gly	Asn	Lys	Gln	Asp	Thr	Gln	Asn	Ile	Leu	His		
	450					455					460						
Asn	Asn	Lys	Thr	Lys	Thr	Gly	Ser	Val	Phe	Trp	Phe	Glu	Glu	Tyr	Lys		
465					470					475					480		
Pro	Asn	Asp	Lys	Leu	Thr	Val	Asp	Ala	Ala	Ala	Arg	Ile	Glu	Lys	Gln		
				485					490					495			
Thr	Ile	Thr	Met	Asp	Tyr	Asp	Lys	Asp	Ala	Ile	Tyr	Gln	Ser	Leu	Asn		
			500					505					510				
Leu	Gly	Leu	Ala	Thr	Ala	His	Glu	Pro	Asp	Ile	Arg	Phe	Lys	Arg	Leu		
	515						520					525					
Leu	Asp	Ser	Gly	Thr	Leu	Asn	Pro	Lys	Lys	Gln	Thr	Ala	Arg	Ser	Tyr		
	530					535					540						
Ala	Val	Gly	Thr	His	Leu	Gln	Leu	Thr	Pro	Lys	His	Lys	Leu	Ser	Leu		
545					550					555					560		
Asn	Leu	Ser	His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala		
				565					570					575			
His	Gly	Met	His	Leu	Ala	Thr	Asn	Ser	Phe	Glu	Ile	Gly	Asn	Arg	Phe		
			580					585					590				
Leu	Asn	Lys	Glu	Lys	Ser	Asn	Asn	Ile	Asp	Leu	Gly	Leu	Thr	Phe	Gln		
		595					600					605					
Gly	Asp	Lys	Trp	Asp	Tyr	Arg	Leu	Gly	Gly	Tyr	His	Tyr	Asp	Phe	Asp		
	610					615					620						

ES 2 663 872 T3

Asn Tyr Val Phe Leu Gln Thr Leu Ser Gln Tyr Lys Gln Gly Leu Arg
625 630 635 640

Gly Met Arg His Asp Lys Asp Leu Lys Thr Ala Arg Tyr Glu Gln Ala
645 650 655

Ala Ala Lys Phe Tyr Gly Phe Asp Val Asn Ile Gly Tyr Gln Ile Asn
660 665 670

Asp Val Tyr His Val Ala Leu Phe Gly Asp Tyr Ile Arg Gly Lys Leu
675 680 685

Thr Asn Leu Pro Asp Lys Lys Gly Arg Thr Asp Ala Tyr Gly Asn Arg
690 695 700

Pro Leu Ile Lys Gln Pro Asp Ser His Thr Pro Arg Leu Pro Pro Lys
705 710 715 720

Arg Leu Gly Met Lys Leu Thr Ala Asn Val Asn Ala Asn Trp Ser Gly
725 730 735

Phe Leu Glu Tyr Arg His Thr Phe Lys Gln Asp Lys Leu Ala Asn Phe
740 745 750

Glu Arg Pro Thr Pro Ala His Asn Leu Val Asn Leu Gly Leu Asn Tyr
755 760 765

Gln His Lys Pro Ser His Gln Ala Gly Ser Val Gln Val Phe Phe Asn
770 775 780

Ala Asn Asn Leu Leu Asn Asp Lys Val Phe Ala His Glu Thr Phe Phe
785 790 795 800

Pro Asp Met Pro Gln Met Gly Arg Asn Phe Met Leu Gly Ala Asn Phe
805 810 815

Lys Phe

<210> 102

<211> 766

<212> PRT

<213> Mannheimia haemolytica

<400> 102

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

Gly Val Gly Tyr Ala Asn Glu Ile Ser Leu Glu Thr Ile Thr Val Asp

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Pro	His	Leu	Ala	Glu	Glu	Gly	Asp	Ile	Asp	Tyr	Asn	Asn	Pro	Gly	Ile
290						295					300				
Arg	Leu	Leu	His	Thr	His	Ile	Pro	Gly	Gly	Ser	His	Tyr	Gly	Gln	Asp
305					310					315					320
Thr	His	Glu	His	Gly	Lys	Pro	Trp	Ile	Asp	Met	His	Ser	Lys	Arg	Tyr
				325					330					335	
Asp	Ile	Asp	Gly	Ser	Leu	Gln	Asn	Pro	Leu	Pro	Gly	Phe	Glu	Glu	Ala
			340					345					350		
Lys	Ile	Ser	Ala	Asn	Tyr	Val	Asp	Tyr	Tyr	His	Asp	Glu	Lys	Asp	Gly
		355					360					365			
Lys	Arg	Val	Glu	Asn	Tyr	Phe	Lys	Asn	Lys	Gly	Lys	Asn	Leu	Arg	Phe
	370					375					380				
Glu	Leu	Val	His	Lys	Glu	Trp	Lys	Gly	Leu	Lys	Gly	Ala	Ile	Gly	Val
385					390					395					400
Gln	Tyr	Thr	Asn	Gln	Ser	Thr	Ser	Ala	Leu	Ala	Leu	Glu	Ala	Ser	Arg
			405						410					415	
Ala	Ala	Lys	Val	Phe	Asn	Lys	Gln	Pro	Leu	Leu	Asn	Asn	Pro	Lys	Thr
			420					425					430		
Lys	Leu	Trp	Ser	Leu	Phe	Ala	Ile	Glu	Arg	Leu	Asn	Leu	Gly	Asp	Phe
		435					440					445			
Thr	Phe	Glu	Leu	Ser	Gly	Arg	Ala	Glu	Arg	Gln	Lys	Ile	Ala	Met	Asp
	450					455					460				
Tyr	Asp	Val	Lys	Leu	Ile	Asp	Arg	Trp	Leu	Gly	Phe	Asn	Thr	Pro	Met
465					470					475					480
Pro	Asn	Leu	Asp	Pro	His	Lys	Asp	Lys	Gly	Tyr	Ser	Tyr	Ser	Phe	Ala
				485					490					495	
Thr	His	Trp	Tyr	Phe	Ala	Pro	Asn	His	Lys	Leu	Thr	Leu	Asn	Ala	Ala
			500					505					510		
His	Gln	Glu	Arg	Leu	Pro	Asn	Ala	Gln	Glu	Leu	Tyr	Ala	His	Gly	Lys
		515					520					525			
His	Ile	Ala	Leu	Asn	Ala	Phe	Glu	Ala	Gly	Asn	Lys	Asn	Leu	Lys	Lys
	530					535					540				

ES 2 663 872 T3

Glu Arg Ser Asn Gln Ile Glu Leu Ser Leu Ala Tyr Val Gly Asp Lys
545 550 555 560

Trp Asp Tyr Lys Leu Asn Leu Tyr His Thr Arg Tyr Gly Asn Tyr Ile
565 570 575

Tyr Pro Leu Thr Leu Asn Asp Asn Arg Gly Pro Lys Ser Phe Thr Asp
580 585 590

Glu Tyr Asn Leu Lys Val Asn Arg Tyr Tyr Gln Gly Glu Ala Arg Phe
595 600 605

Ser Gly Ala Glu Gly Glu Ile Gly Tyr Leu Phe Thr Pro Asn Tyr Arg
610 615 620

Leu Ala Val Phe Gly Asp Tyr Val Arg Gly Lys Leu Val Asn Leu Pro
625 630 635 640

Asn Ile Ala Met Ser Tyr Asn Ile Trp Thr Gly Glu Val Asp Lys Trp
645 650 655

Ala Ser Gln Pro Asp Ile Ser Ala Pro Arg Ile Pro Pro Leu Arg Leu
660 665 670

Gly Ala Arg Phe Asn Ala Asp Phe Asn Leu Asn Trp Ser Gly Met Leu
675 680 685

Glu Tyr Tyr Arg Val Phe Ala Gln Lys Lys Val Ser Lys Tyr Glu Gln
690 695 700

Val Thr Pro Gly His His Gln Val Asn Leu Gly Val Thr Tyr Ser Asn
705 710 715 720

His Phe Asn Gln Thr Glu Tyr Gln Val Phe Leu Lys Val Asp Asn Leu
725 730 735

Leu Asn Gln Lys Met Tyr Gln His Ala Ser Tyr Leu Pro His Ile Pro
740 745 750

Gln Met Gly Arg Asn Ala Met Leu Gly Met Asn Ile Ser Phe
755 760 765

<210> 103

<211> 797

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 103

ES 2 663 872 T3

Met Arg Lys Ile Ser Tyr Leu Ser Leu Cys Val Ile Ser Ala Leu Tyr

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

Ser Gly Leu Gly Leu Asn Val Gly Met Asn Phe Lys Phe
785 790 795

<210> 104
<211> 758
<212> PRT
<213> Neisseria meningitidis
<400> 104

Met Ala Gln Thr Thr Leu Lys Pro Ile Val Leu Ser Ile Leu Leu Ile
1 5 10 15

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

Leu Glu Thr Val Ser Val Val Gly Lys Ser Arg Pro Arg Ala Thr Ser
35 40 45

Gly Leu Leu His Thr Ser Thr Ala Ser Asp Lys Ile Ile Ser Gly Asp
50 55 60

Thr Leu Arg Gln Lys Ala Val Asn Leu Gly Asp Ala Leu Asp Gly Val
65 70 75 80

Pro Gly Ile His Ala Ser Gln Tyr Gly Gly Gly Ala Ser Ala Pro Val
85 90 95

Ile Arg Gly Gln Thr Gly Arg Arg Ile Lys Val Leu Asn His His Gly
100 105 110

Glu Thr Gly Asp Met Ala Asp Phe Ser Pro Asp His Ala Ile Met Val
115 120 125

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

Leu Leu Tyr Ser Ser Gly Asn Val Ala Gly Leu Val Asp Val Ala Asp
145 150 155 160

Gly Lys Ile Pro Glu Lys Met Pro Glu Asn Gly Val Ser Gly Glu Leu
165 170 175

Gly Leu Arg Leu Ser Ser Gly Asn Leu Glu Lys Leu Thr Ser Gly Gly
180 185 190

Ile Asn Ile Gly Leu Gly Lys Asn Phe Val Leu His Thr Glu Gly Leu
195 200 205

Tyr Arg Lys Ser Gly Asp Tyr Ala Val Pro Arg Tyr Arg Asn Leu Lys
210 215 220

ES 2 663 872 T3

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

ES 2 663 872 T3

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

Ser Ser Phe Leu Ser Asp Thr Pro Gln Met Gly Arg Ser Phe Thr Gly
740 745 750

Gly Val Asn Val Lys Phe
755

5 <210> 105
<211> 14
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

10 <220>
<223> motivo conservado

15 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (2)..(2)
<223> Xaa = Ser o Ala o Val

20 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (3)..(3)
<223> Xaa = Ser o Ala o Val o Gly

25 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (4)..(4)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

30 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (6)..(6)
<223> Xaa = Val o Ile o Met

35 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (7)..(7)
<223> Xaa = Val o Ile

40 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (10)..(10)
<223> Xaa = Gln o Met o Leu

45 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (11)..(11)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

50 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (12)..(12)
<223> Xaa = Gly o Ser o Ala

55 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (13)..(13)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

60 <400> 105

Gly Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Arg Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Arg

65 1 5 10

<210> 106

	<211> 11	
	<212> PRT	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
5	<223> motivo conservado	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (2)..(2)	
	<223> Xaa = Val o Ala o Met	
10	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (3)..(3)	
	<223> Xaa = Ser o Ala	
	<220>	
15	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (4)..(5)	
	<223> Xaa = cualquier aminoácido	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
20	<222> (6)..(6)	
	<223> Xaa = Ser o Gly	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (7)..(7)	
25	<223> Xaa = Pro o Ala	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (10)..(10)	
	<223> Xaa = Thr o Ala o Asn	
30	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (11)..(11)	
	<223> Xaa = Val o Ile	
	<400> 106	
		Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp His Xaa Xaa
35		1 5 10
	<210> 107	
	<211> 11	
	<212> PRT	
	<213> Secuencia artificial	
40	<220>	
	<223> motivo conservado	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (2)..(2)	
45	<223> Xaa = Leu o Val o Ala o Ile	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (3)..(3)	
	<223> Xaa = Val o Ile	
50	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (4)..(4)	
	<223> Xaa = Asn o Asp	

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa = Val o Ile o Leu
 5
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 10
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 15
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa = Lys o Arg
 20
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> Xaa = Ile o Leu o Val
 <400> 107
 Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Pro
 1 5 10
 25
 <210> 108
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> motivo conservado
 30
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 35
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa = Gly o Ser o Ala
 40
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = Tyr o Phe o Trp o Val
 45
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa = Gly o Ser o Thr o Asn
 50
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa = Gln o Arg o Leu
 <220>

<221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(10)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

5

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (13)..(13)
 <223> Xaa = Leu o Ile o Val

10

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (14)..(14)
 <223> Xaa = Leu o Ile o Pro

15

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (15)..(15)
 <223> Xaa = Gly o Ala

20

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (16)..(16)
 <223> Xaa = His o Asp

<400> 108

	Gly	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Tyr	Gly	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
	1				5					10					15	

<210> 109
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

25

<220>
 <223> motivo conservado

30

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

35

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa = Asp o Glu

40

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

45

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa = Arg o Lys o Gln o Asp

50

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)
 <223> Xaa = Gly o Thr o Ser o Ala

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa = Glu o Gln o Ser o Asp

<220>
 <221> MISC_FEATURE

```

<222> (8)..(10)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

<220>
<221> MISC_FEATURE
5 <222> (12)..(14)
   <223> Xaa = cualquier aminoácido

<220>
<221> MISC_FEATURE
10 <222> (15)..(15)
    <223> Xaa = Ile o Phe o Val o Leu

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (16)..(18)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

15 <220>
    <221> MISC_FEATURE
    <222> (19)..(19)
    <223> Xaa = Arg o Ala o Lys o Gln

<220>
20 <221> MISC_FEATURE
    <222> (20)..(24)
    <223> Xaa = cualquier aminoácido

<220>
25 <221> MISC_FEATURE
    <222> (25)..(25)
    <223> Xaa = Asp o Asn o Arg o Gly

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (27)..(27)
30 <223> Xaa = cualquier aminoácido

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (29)..(29)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

35 <400> 109

      Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
      1          5          10          15

      Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa His Xaa Glu
          20          25          30

<210> 110
<211> 35
<212> PRT
40 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> motivo conservado

<220>
45 <221> MISC_FEATURE
    <222> (2)..(2)
    <223> Xaa = cualquier aminoácido

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (4)..(4)

```

<223> Xaa = cualquier aminoácido
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 5 <223> Xaa = Ala o Pro o Val o Thr
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)
 <223> Xaa = Gln o Glu o Met
 10 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> Xaa = Leu o Met
 15 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa = Tyr o Phe
 20 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> Xaa = Ala o Ser o Tyr o Thr
 25 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (11)..(11)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 30 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (15)..(15)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 35 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (17)..(17)
 <223> Xaa = Thr o Leu o Ser
 40 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (18)..(18)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 45 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (19)..(19)
 <223> Xaa = Thr o Ser o Ala
 50 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (20)..(20)
 <223> Xaa = Phe o Tyr o Ile o Val
 50 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (21)..(21)
 <223> Xaa = Glu o Gln
 <220>

```

<221> MISC_FEATURE
<222> (22)..(22)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

5
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (23)..(23)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (24)..(24)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

10
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (25)..(25)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

15
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (26)..(26)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

20
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (27)..(27)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

25
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (28)..(28)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

30
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (29)..(29)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

35
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (30)..(30)
<223> (Opcional) Xaa = cualquier aminoácido

40
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (32)..(32)
<223> Xaa = Asp o Asn o Gln

45
<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (33)..(34)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 110

      Arg Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa His Xaa Ala
      1              5              10              15

      Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa
      20              25              30

      Xaa Xaa Leu
      35

<210> 111

```

<211> 34
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

5 <220>
 <223> motivo conservado

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

10 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa = Gln o Gly

15 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(5)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

20 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

25 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> Xaa = Phe o Tyr o Leu o Ile

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

30 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (11)..(11)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

35 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (12)..(12)
 <223> Xaa = Glu o Asp

40 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (13)..(13)
 <223> Xaa = Gly o Ala o Val

45 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (14)..(16)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (17)..(17)
 <223> Xaa = Tyr o Phe o His o Gln

50 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (18)..(25)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

<220>

<221> MISC_FEATURE
 <222> (26)..(26)
 <223> Xaa = Gly o Ser o Ala o Thr

 5 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (27)..(27)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

 10 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (28)..(28)
 <223> Xaa = Phe o Ser

 15 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (31)..(31)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (32)..(32)
 <223> Xaa = Val o Ile

 20 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (33)..(33)
 <223> Xaa = Arg o Lys o Asn

 25 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (34)..(34)
 <223> Xaa = Ala o Gly

 <400> 111

 Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Ala Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Asp Xaa Xaa
 20 25 30

 Xaa Xaa

 30 <210> 112
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

 35 <220>
 <223> motivo conservado

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 <223> Xaa = Pro o Ala

 40 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

 45 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = Pro o Ser o Ala

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa = Ala o Pro o Gly

5

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

10

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> Xaa = Leu o Val o Ala

15

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa = Ser o Gly

<400> 112

		Xaa	Arg	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Arg	Xaa	Xaa
		1				5				

20

<210> 113
 <211> 41
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> motivo conservado

25

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa = Ser o Thr

30

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa = Val o Ile

35

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa = Phe o Tyr

40

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa = Gln o Asn

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> Xaa = Gln o Val o Leu o Ile

45

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (12)..(12)
 <223> Xaa = Lys o Gln

50

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (13)..(13)
 <223> Xaa = Gly o Ala o Ser

	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (14)..(14)
	<223> Xaa = Ser o Gln
5	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (16)..(16)
	<223> Xaa = cualquier aminoácido
10	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (17)..(17)
	<223> Xaa = Val o Leu
15	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (19)..(19)
	<223> Xaa = Val o Leu
20	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (21)..(21)
	<223> Xaa = Val o Ile
25	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (24)..(24)
	<223> Xaa = cualquier aminoácido
30	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (25)..(25)
	<223> Xaa = Ser o Asn o Thr
35	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (27)..(27)
	<223> Xaa = Phe o Leu
40	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (30)..(30)
	<223> Xaa = Val o Ala
45	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (32)..(32)
	<223> Xaa = Ser o Thr
50	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (33)..(33)
	<223> Xaa = Met o Gln
55	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (34)..(34)
	<223> Xaa = Val o Ile
55	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (37)..(37)
	<223> Xaa = Val o Ile
55	<220>
	<221> MISC_FEATURE
	<222> (38)..(38)

<223> Xaa = Ser o Thr

<400> 113

Arg Xaa Xaa Pro Gly Ala Xaa Thr Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Gly Xaa
1 5 10 15

Xaa Ser Xaa Asn Xaa Arg Gly Xaa Xaa Gly Xaa Gly Arg Xaa Asn Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Asp Gly Xaa Xaa Gln Thr Phe
35 40

- 5 <210> 114
<211> 23
<212> PRT
<213> Secuencia artificial
- <220>
<223> motivo conservado
- 10 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (2)..(2)
<223> Xaa = Ser o Asn o Asp o Glu
- 15 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (4)..(4)
<223> Xaa = Ser o Thr o Ala o Lys
- 20 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (5)..(5)
<223> Xaa = Ala o Gly o Ser o Asn
- 25 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (7)..(7)
<223> Xaa = Ile o Leu o Val o Ala
- <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (9)..(9)
<223> Xaa = Ser o Thr o Ala
- 30 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (11)..(11)
<223> Xaa = cualquier aminoácido
- 35 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (16)..(16)
<223> Xaa = Leu o Phe
- 40 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (17)..(17)
<223> Xaa = Arg o Lys
- <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (19)..(19)
45 <223> Xaa = Leu o Ile

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (20)..(20)
 <223> Xaa = Gly o Asn o Ser

5

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (21)..(21)
 <223> Xaa = Val o Ala

10

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (22)..(22)
 <223> Xaa = Asp orAsn

<400> 114
 Phe Xaa Gly Xaa Xaa Gly Xaa Asn Xaa Leu Xaa Gly Ser Ala Asn Xaa
 1 5 10 15
 Xaa Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Asp
 20

15

<210> 115
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

20

<220>
 <223> motivo conservado

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

25

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa = Arg o Lys o Gln

30

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

35

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa = Val o Ile o Ser o Leu

40

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(6)
 <223> Xaa = Ser o Ala

45

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> Xaa = Asn o Asp

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa = Tyr o Phe

<220>

[illegible]

<222> (16)..(16)
 <223> Xaa = Gln o Asn o Ser

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 5 <222> (17)..(17)
 <223> Xaa = Phe o Leu o Ile o Tyr

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 10 <222> (19)..(19)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (20)..(20)
 <223> Xaa = Leu o Met o Tyr
 15
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (21)..(21)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 20
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (22)..(22)
 <223> Xaa = Thr o Asn
 25
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (23)..(23)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 30
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (24)..(24)
 <223> Xaa = Ile o Leu o Val
 35
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (25)..(25)
 <223> Xaa = Gly o Ala o Ser
 40
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (26)..(26)
 <223> Xaa = Ser o Thr o Gly
 45
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (27)..(27)
 <223> Xaa = Lys o Arg o Asn o Ser
 50
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (28)..(28)
 <223> Xaa = Ile o Leu
 55
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (29)..(29)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 60
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (30)..(30)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 65
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (31)..(31)
 <223> Xaa = Arg o Asp o Lys o Asn

	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (33)..(33)	
	<223> Xaa = Asn o Thr	
5	<400> 116	
	Leu Xaa Lys Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa	
	1 5 10 15	
	Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Asn Xaa	
	20 25 30	
	Xaa Tyr Gln	
	35	
	<210> 117	
	<211> 13	
	<212> PRT	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> motivo conservado	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
15	<222> (2)..(2)	
	<223> Xaa = cualquier aminoácido	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (4)..(4)	
20	<223> Xaa = Ser o Lys o Glu	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (6)..(6)	
	<223> Xaa = cualquier aminoácido	
25	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (7)..(7)	
	<223> Xaa = Phe o Ile	
	<220>	
30	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (8)..(8)	
	<223> Xaa = Asn o His o Lys o Ile	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
35	<222> (9)..(9)	
	<223> Xaa = Thr o Ser	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (10)..(10)	
40	<223> Xaa = Phe o Ile o Val o Leu	
	<220>	
	<221> MISC_FEATURE	
	<222> (12)..(12)	
	<223> Xaa = Phe o Leu o Ile	
45	<400> 117	

	Pro	Xaa	Gly	Xaa	Gln	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Tyr	Xaa	Asp
	1				5						10		
	<210> 118												
	<211> 35												
	<212> PRT												
5	<213> Secuencia artificial												
	<220>												
	<223> motivo conservado												
	<220>												
10	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (2)..(2)												
	<223> Xaa = His o Tyr												
	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
15	<222> (4)..(4)												
	<223> Xaa = Val o Ala o Leu o Met												
	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (5)..(5)												
	<223> Xaa = Ser o Thr o Ile o Met												
20	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (6)..(6)												
	<223> Xaa = Ile o Leu o Phe												
	<220>												
25	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (9)..(9)												
	<223> Xaa = cualquier aminoácido												
	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
30	<222> (10)..(10)												
	<223> Xaa = Phe o Tyr o Leu o Ile												
	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (11)..(11)												
35	<223> Xaa = Gly o Asp o Ser o His												
	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (12)..(12)												
	<223> Xaa = Asp o Thr o Pro												
40	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (13)..(13)												
	<223> Xaa = Tyr o Gly o Leu												
	<220>												
45	<221> MISC_FEATURE												
	<222> (15)..(15)												
	<223> Xaa = Met o Asn o Ser o Thr												
	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												
50	<222> (18)..(18)												
	<223> Xaa = cualquier aminoácido												
	<220>												
	<221> MISC_FEATURE												

<222> (19)..(19)
 <223> Xaa = Ser o Thr o Gly

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 5 <222> (20)..(20)
 <223> Xaa = Tyr o Phe

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 10 <222> (21)..(21)
 <223> Xaa = Ser o Ala

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (22)..(22)
 <223> Xaa = Arg o His o Lys
 15 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (23)..(23)
 <223> Xaa = Thr o Ser

 <220>
 20 <221> MISC_FEATURE
 <222> (26)..(26)
 <223> Xaa = Met o Ile o Val o Ala

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 25 <222> (29)..(29)
 <223> Xaa = Ile o Val

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (30)..(30)
 30 <223> Xaa = Gln o Lys o Arg

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (32)..(32)
 <223> Xaa = Met o Tyr o Val
 35 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (33)..(33)
 <223> Xaa = Tyr o Phe

 <220>
 40 <221> MISC_FEATURE
 <222> (35)..(35)
 <223> Xaa = Ser o Thr

 <400> 118

 Asn Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Ser Ala Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe Xaa Pro
 1 5 10 15

 Phe Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Arg Xaa Pro Asn Xaa Xaa Glu Xaa
 20 25 30

 Xaa Phe Xaa
 35
 45 <210> 119
 <211> 15

[illegible]

REIVINDICACIONES

1. Una vacuna para su uso en el tratamiento o prevención de una infección o enfermedad por bacterias gramnegativas que comprende:

(I) un primer antígeno que es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce una proteína de membrana externa de al menos una primera cepa bacteriana gramnegativa, en la que dicha proteína de membrana externa está involucrada en la absorción de zinc extracelular, en la que dicho primer antígeno comprende:

a. un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40%, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 1, o

b. un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 1, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de SEQ ID No. 1, y

(II) un segundo antígeno, en la que dicho segundo antígeno comprende:

a. un polipéptido que tiene al menos el 30 %, al menos el 40%, al menos el 50%, al menos el 60%, al menos el 70%, al menos el 80%, al menos el 90%, al menos el 95%, al menos el 99 % o al menos el 100 % de identidad con la secuencia de aminoácidos de SEQ ID No. 50; opcionalmente en la que dicho segundo antígeno es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50, o

b. un polipéptido que comprende un fragmento inmunogénico de la secuencia de SEQ ID No. 50, en el que dicho fragmento inmunogénico consiste en una secuencia de aminoácidos que tiene 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 20, 30, 40, 50 o más aminoácidos contiguos de la secuencia de SEQ ID No. 50, y en el que dicho fragmento inmunogénico es capaz de provocar una respuesta inmune, si es necesario cuando se acopla a una proteína transportadora, cuya respuesta inmune reconoce la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO. 50,

en la que dicha vacuna comprende una preparación de vesícula de membrana externa bacteriana que comprende dicho primer antígeno, opcionalmente en la que la expresión de dicho primer antígeno se regula positivamente en dicha preparación de vesícula de membrana externa.

2. La vacuna para su uso de acuerdo con la reivindicación 1, en la que la expresión de dicha proteína de membrana externa se regula positivamente en respuesta a una baja concentración de zinc extracelular, por ejemplo, en presencia de un quelante de zinc.

3. La vacuna para su uso de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, dicha primera cepa bacteriana gramnegativa pertenece a una especie o género bacteriano seleccionado a partir del grupo que consiste en *Acidovorax*; *Acinetobacter*; *Acinetobacter baumannii*; *Acinetobacter calcoaceticus*; *Acinetobacter johnsonii*; *Acinetobacter junii*; *Acinetobacter lwoffii*; *Acinetobacter radioresistens*; *Actinobacillus*; *Actinobacillus minor*; *Actinobacillus pleuropneumoniae*; *Aggregatibacter*; *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*; *Aggregatibacter aphrophilus*; *Alcanivorax*; *Alcanivorax borkumensis*; *Azoarcus*; *Azotobacter*; *Azotobacter vinelandii*; *Bordetella*; *Bordetella bronchiseptica*; *Bordetella parapertussis*; *Bordetella pertussis*; *Bordetella petrii*; *Campylobacter*; *Campylobacter coli*; *Campylobacter upsaliensis*; *Comamonas*; *Comamonas testosteroni*; *Delftia*; *Delftia acidovorans*; *Diaphorobacter*; *Haemophilus*; *Haemophilus influenzae*; *Haemophilus parasuis*; *Haemophilus somnus*; *Mannheimia*; *Mannheimia haemolytica*; *Moraxella*; *Moraxella catarrhalis*; *Neisseria*; *Neisseria gonorrhoeae*; *Neisseria meningitidis*; *Pasteurella*; *Pasteurella dagmatis*; *Pasteurella multocida*; *Proteus*; *Proteus mirabilis*; *Pseudomonas*; *Pseudomonas stutzeri*; y *Sphingomonas*.

4. La vacuna para su uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-3, que comprende al menos un antígeno adicional seleccionado a partir del grupo que consiste en polipéptido de fHbp, un polipéptido de Hsf, un polipéptido de Hap, un polipéptido de NadA y un polipéptido lipo28 o un fragmento inmunogénico de los mismos.

5. La vacuna para su uso de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-4, que comprende una sal de zinc.

Fig. 1A

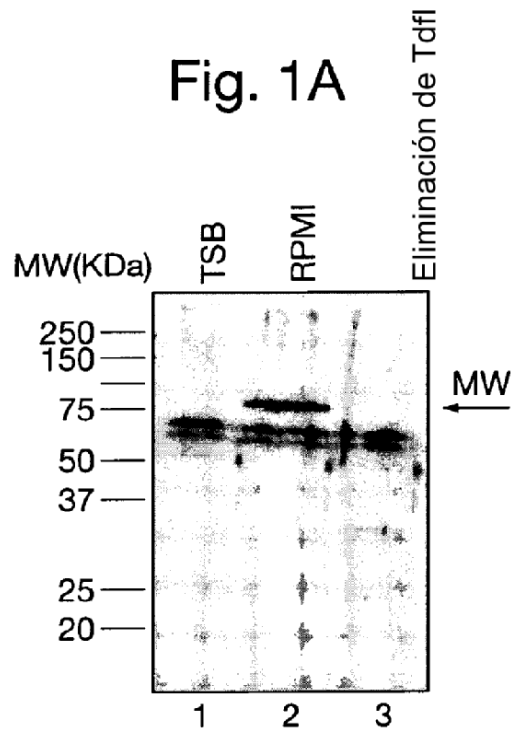


Fig. 1B

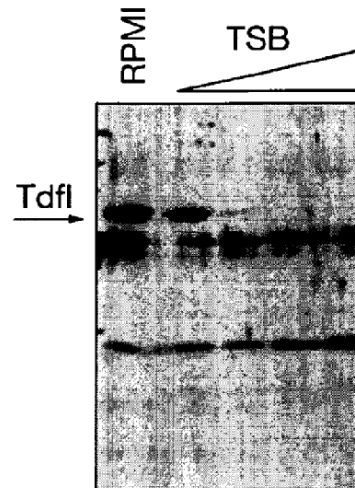


Fig. 1C

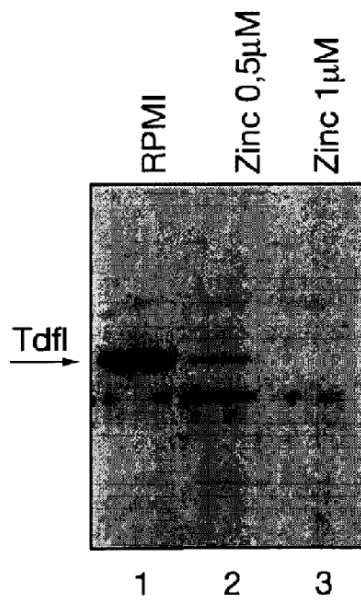


Fig. 1D

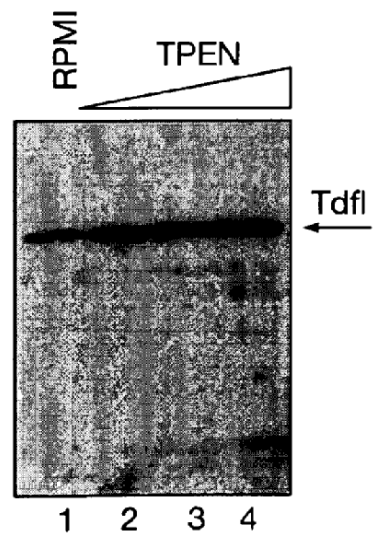
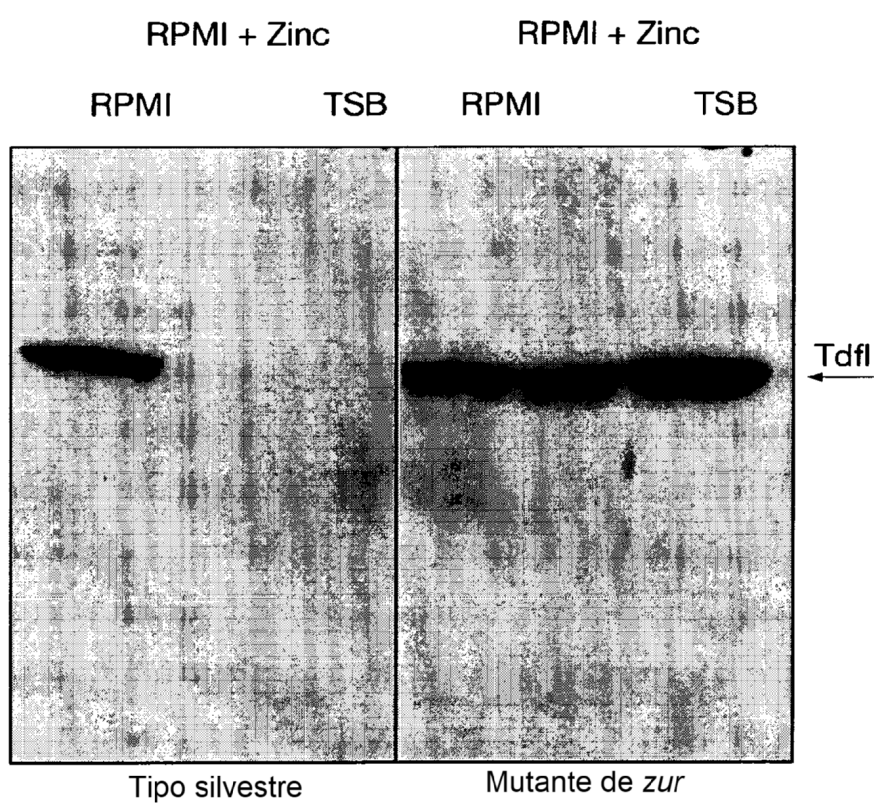


Fig. 2



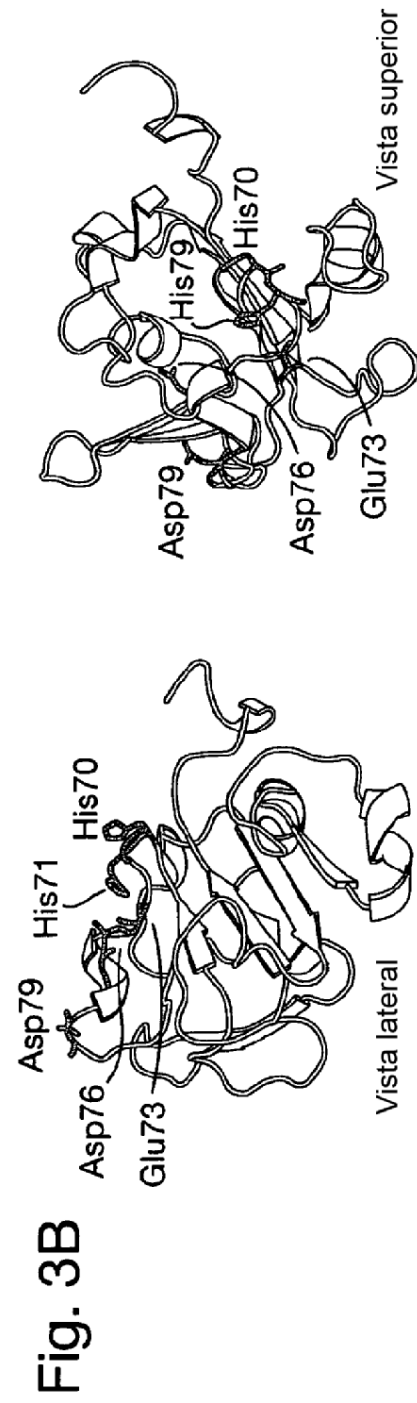
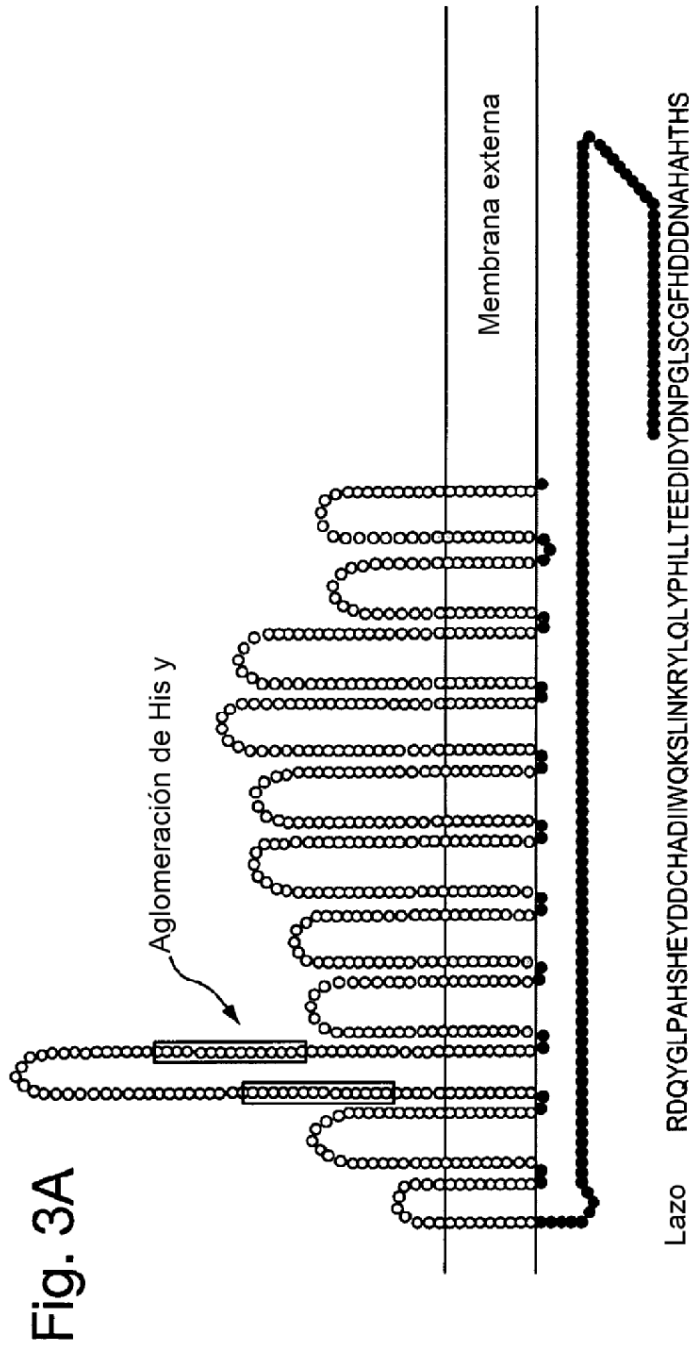


Fig.4A

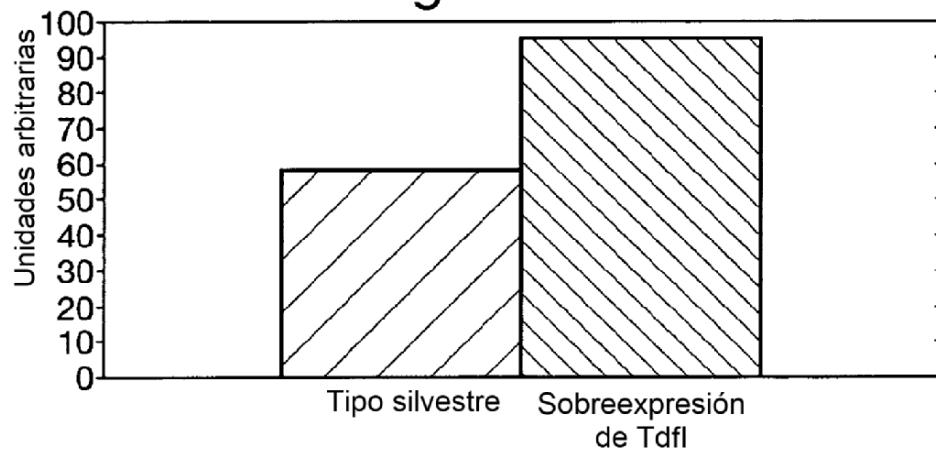


Fig. 4B

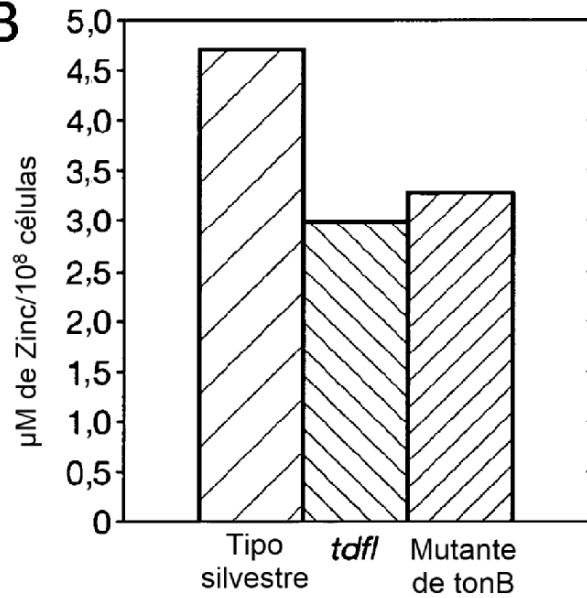


Fig. 4C

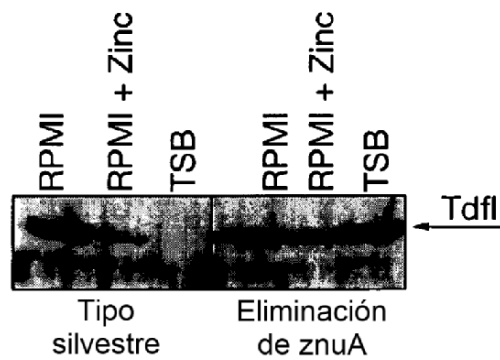


Fig. 5
Expresión de Tdfl en 32 cepas de *Neisseria meningitidis* distintas

Cepa	Serogrupo	Linaje clonal	Zinc +	Cepa	Serogrupo	Linaje clonal	Zinc +
Z2491	A	IV		MC51	C		
FAM18	C	ET-37		MC50	C		
MC58	B	ET-5		126E	C	-	
B40	A	I		2208	A		
Z6835	A	VI		BNCV	B	ET-37	
Z3524	A	III		6940	B	-	
Z6466	A			M981	B	ET-2	
ROU	W135	ET-37		M992	B	-	
BZ10	B	Aglomeración A4		881710	B		
BZ198	B	Linaje 3		881607	B		
NGG40	B	ET-57		2996	B	ST-8	
NG4/88	B	ET-67		S3446	B	ET-8	
BZ147	B	ET-164		13077	A	IV	
297-0	B	ET-69		B16B6	B	ET-37	
M990	B	-		H44/76	B	ET-5	
35E	C	-		8013	C	ST-18	

Fig. 6

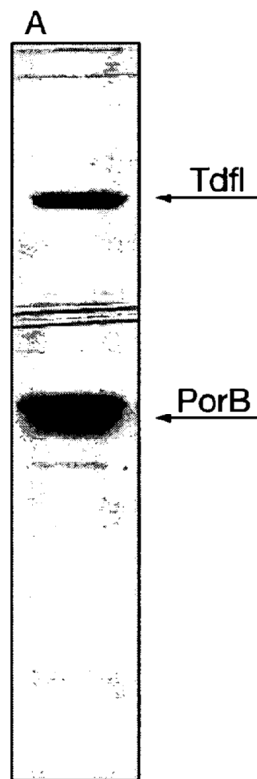


Fig. 7

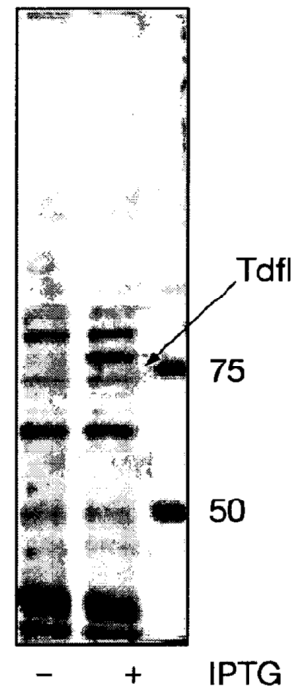


Fig. 8

	< Secuencia de señales >	<Tb > <	Dominio de tapón		
MC58	1	MAQTTLKPIVLSILLINTPLLAQA	HETEQSV	60	
O53322		G.....T.....			
Z2491		S...G....G.....			
FAM18					
α14					
α153		DR.....			
α275					
			Dominio de tapón		
MC58	61	ISGDTLRQKAVNLGDALDGVPGI	HASQYGGGASAPVIRGQTGRRIKVLNHHGETGDMADF	120	
O53422					
Z2491					
FAM18		L.....			
α14					
α153					
α275					
			Dominio de tapón		
MC58	121	SPDHAIMVDTALSQQVEILRG	PVTLLYSSGNVAGLVDVADGKIPEKMPENGVS	180	
O53422					
Z2491		S.....			
FAM18					
α14					
α153					
α275		S.....			
		< lazo1 >< Tm2	> < Tm3 ><	lazo2 >< Tm4	
MC58	181	SSGNLEKLTSGGINIGLGKNFVLHTEGLYRKSGDYAVPRYRN	LKRLPDSHAD	SQTGSIGL	240
O53422				K.....	
Z2491					
FAM18					
α14					
α153					
α275					
		> < Tm5 ><	lazo3		
MC58	241	SWVGEKGFIVGAYS	DRRDQYGLPAHSHE	YDDCHADIIWOKSLINKRYLOLYPHLLTEEDI	300
O53422		A.....		V	
Z2491		A.....			
FAM18					
α14				V	
α153		A.....			
α275		A.....			
			>< Tm6	> < Tm7	>
MC58	301	DYDNPGLSCGFHDDDNAHAHTH	SGRPWIDL	RNRYELRAEWKQFFPGFEALRVHLNRNDY	360
O53422		N.K.....		L.....	
Z2491		D...A.N.K.....			
FAM18		D.....			
α14		D...A.N.K.....			
α153		D...A.N.K.....			
α275		D...A.N.K.....			

Fig. 8(Cont.)

		< lazo4 >< Tm8 > < Tm9 >< lazo5	
MC58	361	RHDEKAGDAVENFFNNQTQNARIELRHQPIGRLKGSWGVQYLQQKSSALSASEAVKQPM	420
O53422		H.....K.....	
Z2491		G.....T.....	
FAM18			
α 14		T.....	
α 153		T.....	
α 275		H.....G.....T.....	
		>< Tm10 > < Tm11 >< lazo6	
MC58	421	LLDNKVQHYSFFGVQANWDNFTLEGGVRVEKQKASIQYDKALIDRENYYNHPLPDLGAH	480
O53422		E.....KQ.....	
Z2491		R.....	
FAM18		R.....	
α 14		R.....	
α 153		R.....	
α 275		R.....	
		>< Tm12 > < Tm13 >< loop7 >	
MC58	481	RQTARSFALSGNWYFTPQHKLSLTASHQERLPSTQELYAHGKHVATNTFEVGNKHLNKER	540
O53422			
Z2491			
FAM18			
α 14			
α 153			
α 275			
		< Tm14 > < Tm15 >< lazo8	
MC58	541	SNNIELALGYEGDRWQYNLALYRNRFGNYYIAQTLNDGRGPKSIEDDSEMKLVRYNQSGA	600
O53422			
Z2491			
FAM18			
α 14			
α 153			
α 275			
		>< Tm16 > < Tm17 >< lazo9	
MC58	601	DFYGAEGEIIYFKPTPRYRIGVSGDYVRGRKLNLPSPGREDAYGNRPFIAQDDQNAPRVP	660
O53422		L...A.....	
Z2491			
FAM18			
α 14			
α 153			
α 275			
		>< Tm18 > < Tm19 >< lazo10 >< Tm20 > <	
MC58	661	AARLGFHLKASLTDRIDANLDYYRVFAQNKLARYETRTPGHHMLNLGANYRRNTRYGEWN	720
O53422		V.....	
Z2491		V.....	
FAM18		V.....	
α 14		V.....	
α 153		V.....	
α 275		V.....	
		Tm21 >< lazo11 >< Tm22 >	
MC58	721	WYVKADNLLNQSVYAHSSFLSDTPQMGRSFTGGVNVKF	758
O53422			
Z2491			
FAM18			
α 14			
α 153			
α 275			

Fig. 9

FORMATO CLUSTAL para T-COFFEE Version_6.07 [http://www.tcoffee.org]

```

A. baumannii      MLNKS-----LFLAL-ITLGASK-ILL--AA---EGPVTTLNTI
A. pleuropneumoniae MFNKKL-----LAVL-ISAQFSP-LVW--AN---NNDVAVLDEV

H. parasuis      MINNRTTE-----QNNRTTA-FSLAFSL-LLCCLGI---NAEQLELDEI
B. pertussis      MICYIVSFNENGTSFYREGNMRFERHPLSAAL-ALALAWQGAHAQASADGTSEATLAPI
M. catarrhalis    MKVTMI-----KKPLACAI-LATFSM-PMLAEANLKD-KPTVILDGV
M. haemolytica    ML-----KKNYLTVSI-LLAISC-VGYA-----NEISLETI
P. multocida      MPLLTALKINM---F---F-MRKISYLSLCVISALYSQ-LAVAQSPKNTSEHIELEPI
N. meningitidis   MAQTTL-----KPIVLSI-LLINT--PLLAQAHE--TEQSVDLLETV
*                                     :                               *

A. baumannii      VLTAQSDDELGSSELLGKSLNVSNQFIDTSK-LKQRSTTLGDALGTGLIHSNQYGGGASAP
A. pleuropneumoniae SVVGSTPSISQGSSEVTLKVS DKIIAGKE-FKKRSATLGNALAE LGVHSNPFGGGASKP

H. parasuis      SVMGKVPE---GNSISFLKVS DAIIDGKE-FKNRSATLGNALSSELGVHSTPFGGGASAP
B. pertussis      TVSA--SPL-AG-DLDSMTAPAAVLEGDQLLLRRQGTGLDGLPGVHADTFGGGASRP
M. catarrhalis    SITSLADQNTTEFGVNHSTKTVSGITVSKEQ-LQQRATTLGDALAGELGVHSHFGGGASAP
M. haemolytica    TVDGNTPTSTKGKLLGGELNSNESVVDKDN-LKQGSITLGNALSSELGIHSSQFGGGASTP
P. multocida      FVNTLIESREGAPLGGRIMASEKII PAYS-LKQRGSNLGDALSSELGIHASQFGGGASAP
N. meningitidis   SVVGKSRPRATSGLLHTSTASDKIIISGDT-LRQKAVNLGDALDGVPGIHASQYGGGASAP
;                                     : . . . . . : * : * : * : * : *

A. baumannii      IIRGOEGKRIKVLQNNADVLDMNSMPDHAVTVEPSLAKSIEIIRGASTLLYSSNSAAGV
A. pleuropneumoniae IIRGOEGARIRILQNGSDVIDMSNLSPDHAVVADSLAKQVEILRGSSITLLYASSSPAGI

H. parasuis      IIRGOEGVRVKILQNNADVDMNSNISPDHAITADTLLANQVEILRGASTLLYASSSPAGI
B. pertussis      VIRGOTAPRVKVLSDGSELMASAI SPDHAVTTEPLLADKIEVLRGPATLLYGGGAIGGV
M. catarrhalis    IIRGOEGKRLKILQNGSEVVDMSGLSPDHAIADVTTLAKQVEIVRGSGALLYASGNSAGV
M. haemolytica    IIRGOESKRAKILQNNENLDMSGMSPDHAVTV DALLAKRIEILRGPTLLYSAGNTAGV
P. multocida      VIRGOEGKRIKVLSSGNETLDMSAMSPDHAVVADSLAKQVEILRGANTLLYSSGNAAGV
N. meningitidis   VIRGOTGRRIKVLNHHGETGDMADFSPDHAIMVDTALSQQVEILRGPTLLYSSGNVAGL
:**** . * :*. : * : :***** :. *. :*:*. :***... .*:

A. baumannii      VNVIDYKIPTQMPQDGLGNTTLRFNTGSNEKLTAGVTVGLSPRVALRAEGLYRNAGNY
A. pleuropneumoniae VNVVDKRIPTIEPEKGYEVELNSRFDTAAKEKVGALGATFGIGKHIARAEGLTRHSDNY

H. parasuis      VNIVDQRI PNKMPKKGYEVTLSRFDTASKEKVYALGTTIGIGKHLALRLEGLDRQSQNY
B. pertussis      VNVLDKRIPTAVPQQIEAEALRGATGTERAGAIGITAGSG-NFAVRVEGLKRRSSDY
M. catarrhalis    VNVVDKIPSKLP SK-LQGDVTVRLSSANREKLITASAEAPLGEHVAVRVAGLSKQAADY
M. haemolytica    INVVDNKIPTAIEPEKGYEQGFVRFSGASKERLTYAGSTFALGNHLALRVQGMYNKASEY
P. multocida      VNVVDNKIPTAE-VVGVEGEVGLRTGSADNERLVNVALDVGLSKHFALHLEGLHKKAGDY
N. meningitidis   VDVADGKIPEKMPENGVSSELGLRLSSGNLEKLTSGGINIGLGNFVLHTEGLYRKS GDY
::: * :** . * :. * : . . . . . : * :. :. :*

A. baumannii      KTPHYQSSSYNSLEDLEN---QNIYVKNLKYLPESWAESRLGLTGLSWIDDNTYLVGSYT
A. pleuropneumoniae RVPGINL-----GERLNYVPDYNKSKVGTGLGLSFVGEQGYIGASYS

H. parasuis      KVPQIKL-----GETLNYVPDTHQSKVGTIGLSFIGEKGYLGASYN
B. pertussis      RVPDWDPD-----GKLAGSYSESGQGTVMGMSWITPRGYVGVAFT
M. catarrhalis    KTRPFDHRHVFNKKHEDDNTQPEFIYKDTLKHLPDSHAKSNAGTLGVSWVGNQGF LGASVS
M. haemolytica    YAPHFTI-----EGKPYHRVPDSVQSGTGTVSLSWIGERHGLGIAYT
P. multocida      RTPSYQY-----QGSTHHKLANSFVDNRSGSVGLSWVGDKGYLGVAYS
N. meningitidis   AVPRYR-----NLKRLPDSHADSQTSGTISGLSWVGEKGF IGVAYS
*                                     :. : . . *::*: :. :* :.

A. baumannii      HRHDEYGLPAHSHLYEGCGAS AISINTRISGLKNYLLYPQLMEEQDINYVNPDPCH--
A. pleuropneumoniae KRRDNYGLPGHSHKFDFCIGHIYGN---KQGYAYTYLYPHLIGEENIG-SNPHFHCCTH

H. parasuis      QRKDRYGLPGHSHKFDTCIAHIYDM--RLQGHKSYTNLYPHLMSDEMVT-ENPHFHCCTH
B. pertussis      HLESKYGLPGHSHHEYGCHPHG-----SHLHCGGH
M. catarrhalis    LRRDKYGLPGHSHHEYECSEVHGISQ--SALQYKPYLRLYPFLMENDDLFDNAGLECHTH
M. haemolytica    DRDQYGLGHTHKYDHYTISIIRQ--AVMFAKGYLRFYPHLAEEGDIDYNNPGIRLL--
P. multocida      QRKDKYGLPAHSHLYDEYMHVLLS--DAHWRKPYLKHYPFLMEETDIDYNNPGIDCIKK
N. meningitidis   DRDQYGLPAHSHHEYDDCHADIIWQ--KSLINKRYLQLYPHLLTEEDIDYDNPGLSCGF-
...*** *.* :

```


Fig. 9(Cont. ii)

<i>A. baumannii</i>	LRINHYSQSAANFYGLEGNIGYQFNSVYHGSLFGDYVKGRLTNLPDAVIAYDIWNRE---
<i>A. pleuropneumoniae</i>	LFMRRYNQAKARFYGIEAEASYRFNDKYQATIFGDMVRGWLTLNLPPLTVNSDYSVFX---
<i>H. parasuis</i>	LFMRRYNQAKATFYGLEGIINYRFTPDYQFSVFGDMVKGKQLQLPDIKGLNDVYGEPILN
<i>B. pertussis</i>	FRLEIETQRDAEFTGVEGEVRHRFGKVFSAAVFGDYVRGRLTG-----
<i>M. catarrhalis</i>	LKTARYEQAAAFYGFVDNIGYQINDVYHVALFGDYIRGKLTNLPDKKGRDAYGN----
<i>M. haemolytica</i>	LKVNRYYQGEARFSGAEGEIGYLFTPNYRLAVFGDYVRGKLVNLPNIAMSNIWTGE---
<i>P. multocida</i>	LRLYRYNQAKAKIYGLEAEVSYQISSTHSVSI FGDYVRGKLDLPSPPIGYKYIYNE---
<i>N. meningitidis</i>	MKLVRYNQSGADFYGAEGEIIYFKPTPRYRIGVSGDYVRGRLKNLPSLPGREDAYGN----
	: . * * * : * : . : * * : * *
<i>A. baumannii</i>	-----PTLAPQKDRYTPRLPPARLGTRLKADEFDESLKGEIEYYRV
<i>A. pleuropneumoniae</i>	-DYLPKDAKPG-----EDYLIYRADQNTPRTPPVRLGFRFNAEFTPNWSGDLELIRT
<i>H. parasuis</i>	PDYDPEYDEPEDQYYRPLYGKEMIKQADRVSPRLPPIRLGARFNAQLTENLSGSVEWMKV
<i>B. pertussis</i>	-----GGGNLPRIPAARLGVRADAQWQ--NWAGGVEYFHV
<i>M. catarrhalis</i>	-----RP-----LIKQPDSTPRLPKRLGMLTANVNANWSGFLEYRHT
<i>M. haemolytica</i>	-----V-----DKWASQPDISAPRIPLRLGARFNADFNLNWSGMLEYRYV
<i>P. multocida</i>	-NYDMVGVP-----TGWEKQPDGNAPRMSPMRLGIKWNAYFDNGISFNTQLYRV
<i>N. meningitidis</i>	-----RP-----FIAQDDQONAPRVPAARLGPHLKASLTDRIDANLDYYRV
	. * * . * * : * : : . :
<i>A. baumannii</i>	FKQDNISKFEQVTSGYNMLNMTLAYKNKLSHT--EYDLFFKANNLLDQKVYAHETFLPYI
<i>A. pleuropneumoniae</i>	FTQRRTSQLEYITEGNTMLNIGVAYSNNKWKDL--DYKISLNGTNLLNQPVYIHTSYHQFV
<i>H. parasuis</i>	FTQNKVSKLESSTKGYQLLNASLNYYRRQIKGV--EYTVSLTGNNLLNQAVYIHNHYHPYV
<i>B. pertussis</i>	YRQDDIAAYESSTPGYDMVNATIRYRGKLDRT--AYEIIYLRGNLLNKLAFNHASFISTV
<i>M. catarrhalis</i>	EKQDKLANFERPTPAHNLVNLGLNYQHKSHPQAGSVQVFFNANNLLNDKVFAHETFFPDM
<i>M. haemolytica</i>	FAQKKVSKYEQVTPGHHQVNLGVTYSNHNQT--EYQVFLKVDNLLNQKMYQHASYLPHI
<i>P. multocida</i>	FAQNKVARLETPTKGHTMLNLGMSYDGKMGNN--EYTLFANVNNVLNSRVYNHTSFLSYI
<i>N. meningitidis</i>	FAQNKLYRYETRTPGHMLNLGANYRRNTRYG--EWNWYVKADNLLNQSVYAHSSFLSDT
	: * : * * . : * * : * * : * * : *
<i>A. baumannii</i>	-PQIGRNFSLGLNLNF
<i>A. pleuropneumoniae</i>	-PQTGRNFILVNVKFE
<i>H. parasuis</i>	-PQMGRNFILGLDLSF
<i>B. pertussis</i>	APLPGRSVLLGVRLTY
<i>M. catarrhalis</i>	-PQMGRNFMLGANFKE
<i>M. haemolytica</i>	-PQMGRNAMLGMNISE
<i>P. multocida</i>	-PQSGGLNLVGMNFKE
<i>N. meningitidis</i>	-PQMGRSFTGGVNVKFE
	* * . . :

Fig. 10

Conjunto de péptidos de ZnuD (Tdfl): Respuesta individual de suero humano obtenido para pacientes convalecientes o portadores sanos.

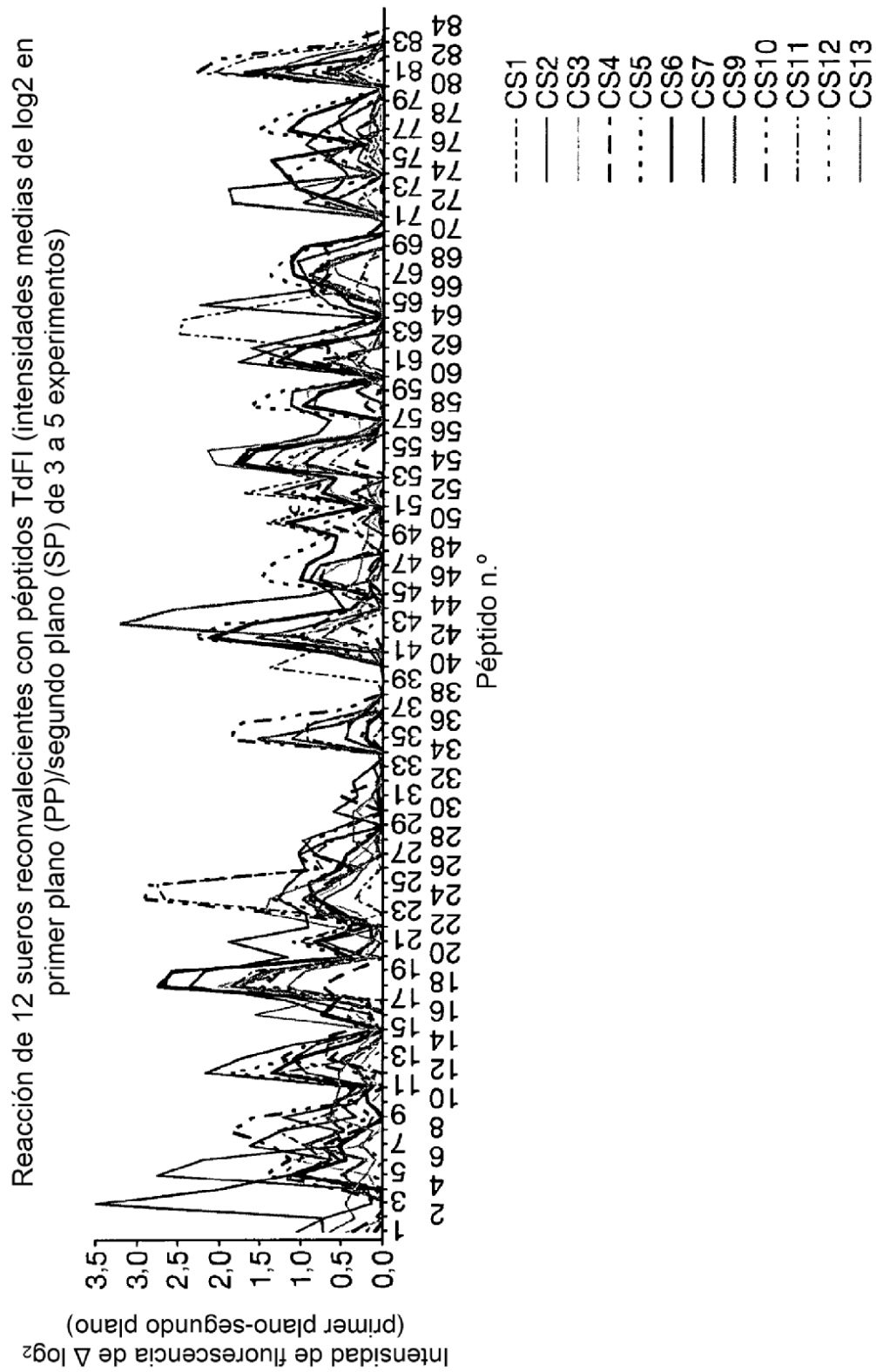


Fig. 10(Cont.)

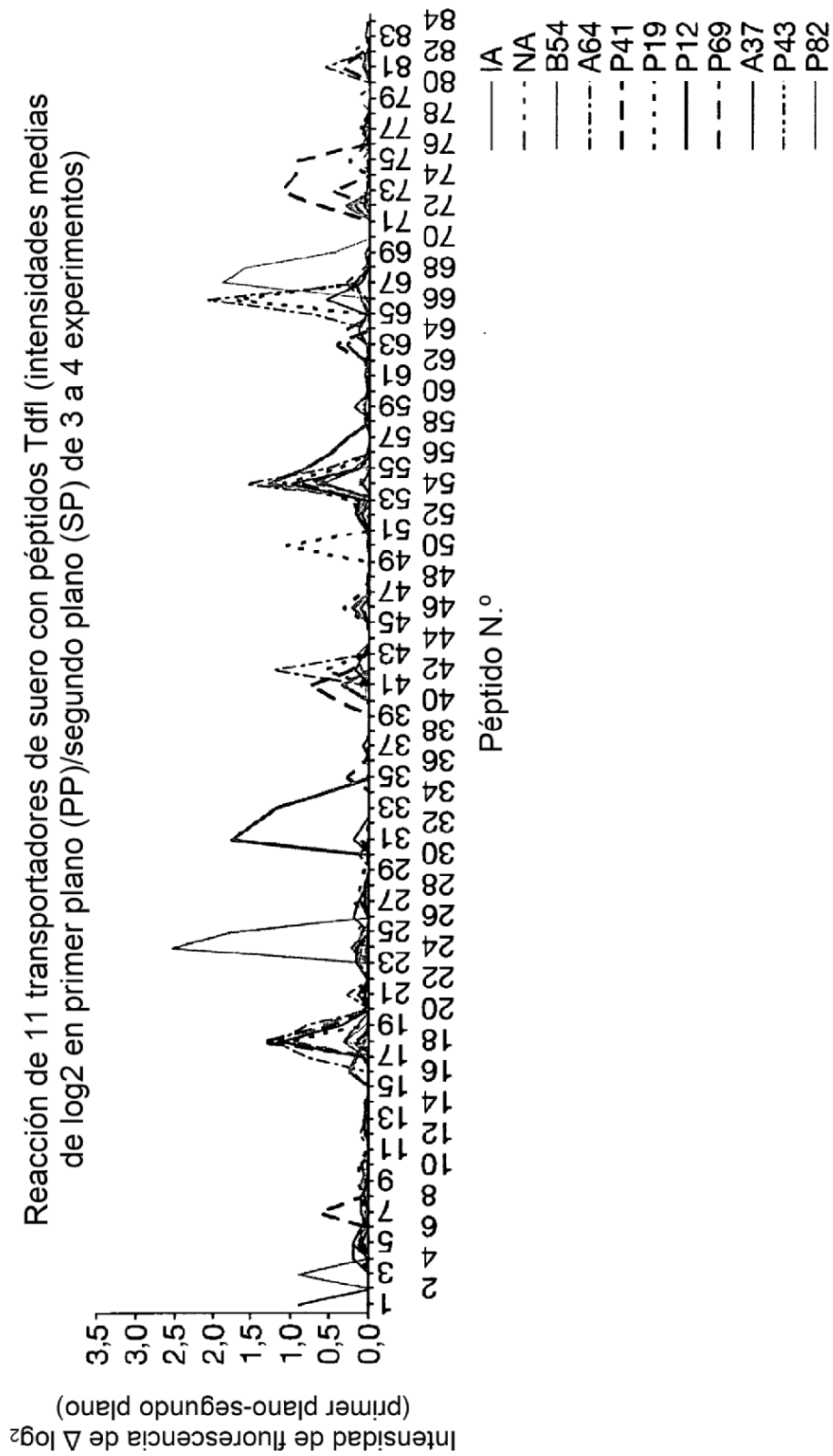
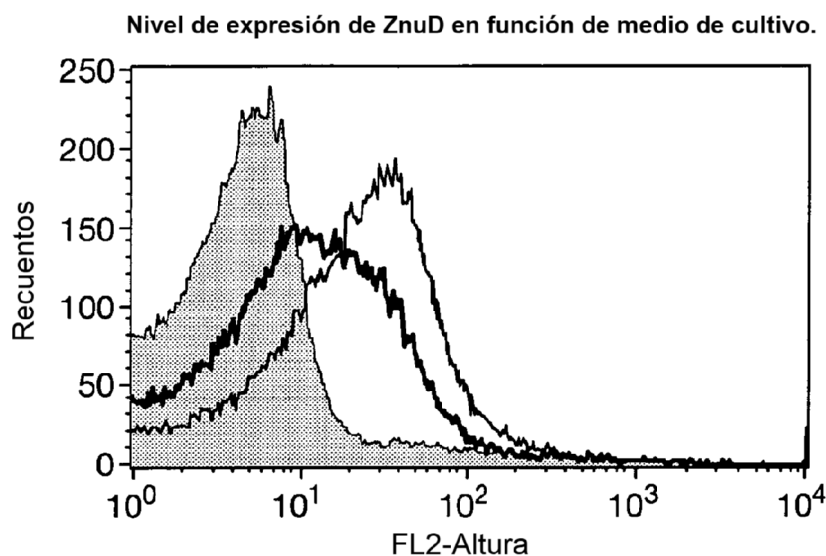


Fig. 11



Análisis de FAC usando anticuerpo monoclonal de anti-ZnuD sobre cepa H44/76 WT cultivada o en MH agar (perfil con sombra gris) o MH+20µM de TPEN agar (línea espesa) y sobre cepa Δ zur H44/76 cultivada sobre MH agar (línea fina).

Tabla 2

Nivel de anticuerpos de anti-fHbp y anti-ZnuD producidos en ratones y cobayas después de la inmunización con VME de control y VME de ZnuD

	Ratones		GP	
	Tdfl	fHbp	Tdfl	fHbp
VME de control	73°	1342	10	335
VME de ZnuD	15096	59314	5893	2733

^o Títulos medios geométricos (expresados en EU/ml) a partir de tres agrupaciones de suero por grupo.

Tabla 3

Títulos bactericidas de suero (GMT para 50 % de destrucción) realizados en presencia de complemento de conejo bebé sobre un panel de 14 cepas de serogrupo B cultivadas con o sin TPEN.

Especie animal	Tratamiento	Condiciones de cultivo	Títulos bactericidas de suero															
Ratón	fHbp B	MH agar	3383°	110	494	50	50	2293	3993	3804	50	50	50	50	50	50	50	
			3539	388	509	50	50	2104	5786	4373	169	50	50	50	50	50	50	50
Ratón	VME de control	MH agar	103	50	50	50	50	71	88	50	50	50	50	50	50	50	50	
			265	112	50	50	50	50	50	304	182	50	50	50	50	50	50	50
	VME de ZnuD	MH agar	3605	69	519	50	50	3116	1734	50	50	50	50	50	50	50	50	
			7903	1854	1733	3310	852	3374	17486	4872	937	197	286	50	50	50	50	143
		MH-TPEN agar																

Tabla 3 (Cont.)

GP VME de control	MH agar	55	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50
MH-TPEN agar	115	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50	50
VME de ZnuD	MH agar	331	50	50	50	50	50	94	240	234	50	50	50	94	122	50	50
MH-TPEN agar	1751	2592	2153	2497	3706	2961	1846	752	1781	2005	667	50	50	2021			

⁰ **Títulos medios geométricos (expresados en EU/ml) a partir de tres agrupaciones de suero por grupo. GMT por encima del límite para un resultado positivo (título >128) se muestra en negrita**

Tabla 4

Impacto de condiciones de cultivo (expresión o no de ZnuD) sobre la actividad bactericida de suero sobre la cepa H44/76 WT y las cepas H44/76 de fHbp delta o znuD delta					
Especie	Condiciones de SBA	Tratamiento	WT	cepas H44/76delta fHbp	delta Tdfl
Ratón	MH agar	VME de control	97°	50	50
		VME de ZnuD	5332	50	3925
	MH-TPEN agar	VME de control	304	50	216
		VME de ZnuD	13397	1581	9603
Cobaya	MH agar	VME de control	58	50	138
		VME de ZnuD	310	50	409
	MH-TPEN agar	VME de control	118	50	129
		VME de ZnuD	2402	3678	765

⁰ Títulos medios geométricos (expresados en EU/ml) a partir de tres agrupaciones de suero por grupo.

Fig. 12A

VME usadas para la inmunización
de SDS-PAGE

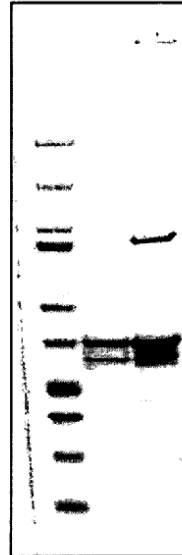


Fig. 12B

Presencia de fHbp en la preparación de VME (ELISA)

Contenido de fHbp en DOC 0,5 % de preparaciones de ampollas (2009)

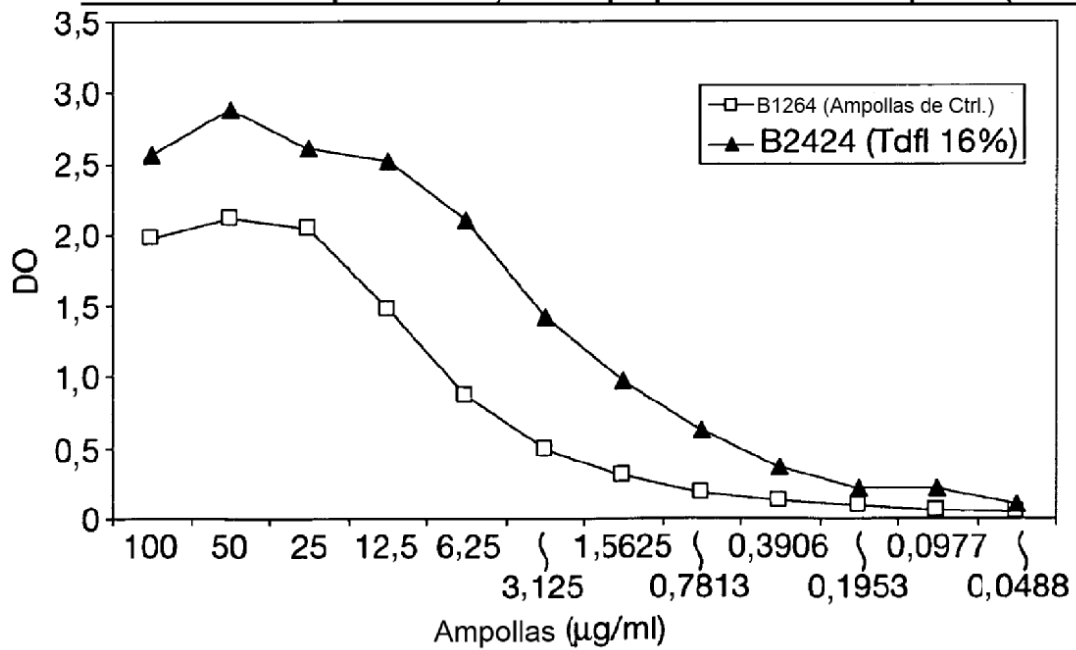


Tabla 5

Homólogos de Tdfl

Núm. de referencia	Nombre de la bacteria	Núm.de aminoácidos	Núm. de aminoácidos idénticos a SEQ ID No. 1	% de identidad sobre la longitud de SEQ ID No. 1	SEQ ID No.
AAF62323	<i>Neisseria meningitidis</i> MC58	758	758	100	1
YP_986285	<i>Acidovorax</i> sp. JS42	695	252	33	2
YP_002967458	<i>Acinetobacter baumannii</i>	803	325	43	3
YP_003208315	<i>Acinetobacter baumannii</i>	803	328	43	4
YP_001708692	<i>Acinetobacter baumannii</i>	803	325	43	5
ZP_04661004	<i>Acinetobacter baumannii</i> AB900	685	306	40	6
YP_001847801	<i>Acinetobacter baumannii</i> ACICU	685	306	40	7
YP_001083098	<i>Acinetobacter baumannii</i> ATCC 17978	803	327	43	8
YP_001706181	<i>Acinetobacter baumannii</i> SDF	685	306	40	9
ZP_06058868	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> RUH2202	691	309	41	10
ZP_06064377	<i>Acinetobacter johnsonii</i> SFI046	680	302	40	11
ZP_06064957	<i>Acinetobacter junii</i> SH205	685	304	40	12

Tabla 5 (Cont. i)

ZP_06068135	<i>Acinetobacter lwoffii</i> SH145	684	288	38	13
ZP_05362119	<i>Adnetobacter radioresistens</i> SK82	699	309	41	14
YP_045356	<i>Acinetobacter</i> sp. ADP1	693	296	39	15
ZP_03824903	<i>Acinetobacter</i> sp. ATCC 27244	696	303	40	16
ZP_05823027	<i>Acinetobacter</i> sp. RUH2624	670	277	37	17
ZP_03612144	<i>Actinobacillus minor</i> 202	823	339	45	18
ZP_04754640	<i>Actinobacillus minor</i> NM305	823	340	45	19
YP_001053620	<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> L20	782	317	42	20
ZP_00133885	<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> serovar 1 str. 4074	782	317	42	21
YP_001651932	<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> serovar 3 str. JL03	790	317	42	22
YP_693858	<i>Alcanivorax borkumensis</i> SK2	689	265	35	23
YP_931882	<i>Azoarcus</i> sp. BH72	691	271	36	24
YP_002798586	<i>Azotobacter vinelandii</i> DJ	682	256	34	25
NP_886739	<i>Bordetella bronchiseptica</i> RB50	713	264	35	26
NP_882547	<i>Bordetella parapertussis</i>	711	264	35	27
NP_881648	<i>Bordetella pertussis</i> Tohama I	713	263	35	28

Tabla 5 (Cont. ii)

YP_001633406	<i>Bordetella petrii</i>	684	274	36	29
YP_003278330	<i>Comamonas testosteroni</i> CNB-2	711	248	33	30
ZP_03543249	<i>Comamonas testosteroni</i> KF-1	711	250	33	31
YP_001564964	<i>Delftia acidovorans</i> SPH-1	730	257	34	32
YP_002553299	<i>Diaphorobacter</i> sp. TPSY	693	251	33	33
ZP_02478325	<i>Haemophilus parasuis</i> 29755	809	327	43	34
YP_002474986	<i>Haemophilus parasuis</i> SH0165	797	321	42	35
YP_718275	<i>Haemophilus somnus</i> 129PT	868	294	39	36
YP_001785276	<i>Haemophilus somnus</i> 2336	868	304	40	37
AAK29743	<i>Mannheimia haemolytica</i>	766	346	46	38
ZP_04977416	<i>Mannheimia haemolytica</i> PHL213	790	310	41	39
ZP_05988256	<i>Mannheimia haemolytica</i> serotype A2 str. BOVINE	654	311	41	40
ZP_05990414	<i>Mannheimia haemolytica</i> serotype A2 str. BOVINE	793	313	41	41
AAU94646	<i>Moraxella catarrhalis</i>	818	343	45	42
ZP_05920958	<i>Pasteurella dagmatis</i> ATCC 43325	796	340	45	43
NP_246018	<i>Pasteurella multocida</i> subsp. <i>multocida</i> str. Pm70	809	339	45	44

Tabla 5 (Cont.iii)

NP_246357	<i>Pasteurella multocida subsp. multocida str. Pm70</i>	805	301	40	45
NP_245682	<i>Pasteurella multocida subsp. multocida str. Pm70</i>	925	270	36	46
ZP_03841874	<i>Proteus mirabilis</i> ATCC 29906	697	224	30	47
YP_0011171782	<i>Pseudomonas stützen</i> A1501	672	251	33	48
ZP_01302207	<i>Sphingomonas</i> sp. SKA58	686	255	34	49

Tabla 6

Homólogos de Tdfl

Núm. de referencia	Nombre de la bacteria	Núm. de aminoácidos	Núm. de aminoácidos idénticos a SEQ ID No. 1	% de identidad sobre la longitud de SEQ ID No. 1	SEQ ID No.
AAF41853.1	<i>Neisseria meningitidis</i> MC58	921	921	100	50
YP_003254871	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i>	530	296	32	51
YP_003254872	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i> D11S-1	365	245	27	52
YP_003008699	<i>Aggregatibacter aphrophilus</i> NJ8700	924	520	56	53
ZP_00367782	<i>Campylobacter coli</i> RM2228	758	286	31	54
ZP_00371680	<i>Campylobacter upsaliensis</i> RM3195	758	290	31	55
ZP_01788784	<i>Haemophilus influenzae</i> 3655	921	478	52	56
ZP_04464966	<i>Haemophilus influenzae</i> 6P18H1	950	487	53	57
ZP_04466359	<i>Haemophilus influenzae</i> 7P49H1	915	499	54	58
YP_248875	<i>Haemophilus influenzae</i> 86-028NP	915	486	53	59
ZP_05849940	<i>Haemophilus influenzae</i> NT127	910	486	53	60
ZP_01790772	<i>Haemophilus influenzae</i> PittAA	921	482	52	61
ZP_01792691	<i>Haemophilus influenzae</i> PittHH	915	489	53	62

Table 6 (Cont.)

ZP_01794868	<i>Haemophilus influenzae</i> PittII	915	491	53	63
ZP_00154314	<i>Haemophilus influenzae</i> R2846	934	488	53	64
ZP_00157057	<i>Haemophilus influenzae</i> R2866	929	476	52	65
NP_439373	<i>Haemophilus influenzae</i> Rd KW20	913	486	53	66
ZP_05848904	<i>Haemophilus influenzae</i> RdAW	913	486	53	67
YP_718388	<i>Haemophilus somnus</i> 129PT	915	350	38	68
YP_001783402	<i>Haemophilus somnus</i> 2336	917	356	39	69
AAT76666	<i>Moraxella catarrhalis</i>	902	467	51	70
ZP_05921174	<i>Pasteurella dagmatis</i> ATCC 43325	860	326	35	71

Fig. 13

Tdfr NMB0964	MAQTTLKPIVLSIILINTPLAQAHEEQS--VDLETVSVGKSRPRATSGLLHTS---TA	100
B.parapertussis 12822	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	56
B.bronchiaseptica RB50	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	76
B.pertussis Tohamai	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	76
Bordetella petrii DSM12804	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	76
Acidovorax spJ542	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	57
Acidovorax ebreus TPSY	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	59
Comamonas testosteroni KP-1	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	59
Comamonas testosteroni CNB-2	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	81
Delftia acidovorans SPH-1	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	94
Azoarcus spBH72	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	59
Pseudomonas stutzeri A1501	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	48
Azotobacter vinelandii DJ	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	46
Shingomonas spSKA58	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	43
Alcanivorax borkumensis SK2	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	57
A.pleuropneumoniae str4	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	44
A.pleuropneumoniae L20	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	44
A.pleuropneumoniae 3 str	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	52
M.haemolytica PHL213	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	52
M.haemolytica A2strBOVINE	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	55
Haemophilus parausis 29755	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	57
Haemophilus parausis SH0165	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	45
Haemophilus somnus 129PT	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	55
Haemophilus somnus 2336	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	55
P.subspmultocida Pm70	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	97
P.subspmultocida Pm70	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	59
P.subspmultocida Pm70	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	70
P.dagmatis ATCC43325	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	58
M.haemolytica	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	49
M.haemolytica A2strBOVINEA	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	53
A.baumannii AYE	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	53
A.baumannii	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	53
A.baumannii	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	53
A.baumannii ATCC17978	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	53
A.minor 202	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	47
A.minor NM305	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	47
Moraxella catarhalis	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	51
Acinetobacter spADP1	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	50
A.radiosistens SK82	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	50
A.baumannii SDF	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	50
A.baumannii ACICU	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	50
A.baumannii AB900	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	50
A.calcoaceticeus RUH2202	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	50
Acinetobacter spATCC27244	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	50
A.junii SH205	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	44
A.johnsonii SH046	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	52
A.lwoffii SH145	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	44
Acinetobacter spRUH2624	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	48
Proteus mirabilis ATCC29906	---MVCYIVSENEGCTSFREGN	59

Tdafi NMB0964
B.parapertussis 12822
B.bronchiseptica RB50
B.pertussis Tohamai
Bordetella petrij DSM12804
Acidovorax spJ542
Acidovorax ebreus TFSY
Comamonas testosteroni KF-1
Comamonas testosteroni CNB-2
Dallia acidovorans SPH-1
Azococcus spBH72
Pseudomonas stutzeri A1501
Azotobacter vinelandii DJ
Shingomonas spSKA58
Alcaligenes eubutylicus SK2
A.pleuropneumoniae str4
A.pleuropneumoniae L20
A.pleuropneumoniae 3
A.pleuropneumoniae PH1213
M.M.haemolytica A2strBOVINE
Haemophilus parvus 29755
Haemophilus parvus SH0165
Haemophilus somnus 129PT
Haemophilus somnus 2336
P.subspmultocida Pm70
P.subspmultocida Pm70
P.subspmultocida Pm70
P.p.dagmatis ATCC4325
M.M.haemolytica
M.M.haemolytica A2strBOVINE
A.baumannii AYE
A.baumannii
A.baumannii
A.baumannii ATCC17978
A.minor 202
A.minor NK305
Moraxella catarrhalis
Acinetobacter spADP1
A.radioreisens SK82
A.baumannii SDF
A.baumannii ACICU
A.baumannii AB900
A.calcoaceticus RUH2202
Acinetobacter spATCC27244
A.junii SH205
A.johnsonii SH046
A.lwoffii SH145
Acinetobacter spRUH2624
Acinetobacter mirabilis ATCC29906

[illegible]

Fig. 13(Cont. ii)

Tdfr NMB0964	220	240	260	280	300								
B.paraptentus 12822	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	LKKNFVLHTE	LYKSSG	IAVRN	-----	LKRLPDS	229
B.bronchiseptica RB50	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
B.pertussis Tchamai	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Bordetella petrii DSM12804	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Acidovorax spJS42	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Acidovorax ebreus TFSY	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Comamonas testosteroni KF-1	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Comamonas testosteroni CNB-2	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Delfia acidovorans SPH-1	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Azoarcus spBH72	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Pseudomonas stutzeri A1501	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Azotobacter vinelandii DJ	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Sphingomonas spSKA58	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Alcanivorax borkumensis SK2	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. pleuropneumoniae str4	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. pleuropneumoniae L20	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. spleuropneumoniae 3	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
M.haemolytica PHL213	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
M.haemolytica A2strBOVINE	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Haemophilus parasuis 29755	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Haemophilus parasuis SH0165	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Haemophilus scmuus 129PT	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Haemophilus scmuus 2336	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
P. subspmultocida Pm70	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
P. subspmultocida Pm70	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
P. dagmatis ATCC43325	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
M.haemolytica	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
M.haemolytica A2strBOVINEA	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. baumannii	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. baumannii	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. baumannii ATCC17978	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. minor 202	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. minor NM305	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Moraxella catarrhalis	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Acinetobacter spADP1	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. radiobacteriens SK82	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. baumannii SDF	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. baumannii ACICU	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. baumannii AB900	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. calcoaceticus RUH2202	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Acinetobacter spATCC27244	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. junii SH205	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. johnsonii SH046	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
A. lwofii SH145	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Acinetobacter spRUH2624	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247
Proteus mirabilis ATCC29906	VLAV	PKII	TA	QOC	IAEAEIRGATGK	RAAGAGITAG	-----	SGNFAVR	LYKSSG	IAVRN	-----	KLKGS	247

Fig. 13(Cont. iii)

Tdfl NMB0964	320	340	360	380	400
B.parapertussis 12822	HADSGTSGISG	GLAASFEYDICHADLIW-QKS-LINKRYLOLYPHLLTTEEDIDYDPLGSCGF	HLFGGHDHGHDEHE		311
B.bronchiseptica RB50	YSESGQGTVA	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		311
B.pertussis Tohamai	YSESGQGTVA	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		311
Bordetella pertussis DSM12804	YSESGQGTVA	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		311
Acidovorax spJ542	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Acidovorax ebreus TPSY	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Comamonas testosteroni KF-1	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Comamonas testosteroni CNB-2	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Delftia acidovorans SPH-1	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Azoarcus spB72	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Pseudomonas stutzeri Al501	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Azotobacter vinelandii DJ	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Sphingomonas spSKA58	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Alcanivorax borkumensis SK2	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.pleuropneumonialesero 1str4	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.pleuropneumoniae L20	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.pleuropneumoniae 3 str	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
M.haemolytica PHL213	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
M.haemolytica A2strBOVINE	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Haemophilus parasuis 29755	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Haemophilus parasuis SH0165	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Haemophilus scarnus 129PT	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Haemophilus scarnus 2336	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
P.subspmultocida Pm70	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
P.subspmultocida Pm70	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
P.dagmatis ATCC43325	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
M.haemolytica	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
M.haemolytica A2strBOVINEA	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.baumannii AYE	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.baumannii	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.baumannii ATCC17978	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.minor 202	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Moraxella catarrhalis	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Acinetobacter spADP1	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.radiosietensis SK82	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.baumannii SDF	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.baumannii AC1C0	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.baumannii AB900	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.calcoaceticus RUH2202	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Acinetobacter spATCC27244	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.junii SH205	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.johnsonii SH046	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
A.lwoffii SH145	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Acinetobacter spRUH2624	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296
Proteus mirabilis ATCC29906	FNRTGTGSV	GLGNNIEYECCHPGS	HLFGGHDHGHDEHE		296

Tdfl NMB0364

B.parapertussis 12822

B.bronchiseptica RB50

B.B.pertussis Tohamal

Bordetella petrii DSM12804

Acidovorax spJ542

Acidovorax ebreus TPSY

Comamonas testosteroni CNB-2

Comamonas testosteroni CNB-2

Delifia acidovorans SPH-1

Azoarcus spBH72

Pseudomonas stutzeri A1501

Azotobacter vinelandii DJ

Sphingomonas spSKA58

Alcanivorax borkumensis SK2

A.pleuropneumoniae 1str4

A.pleuropneumoniae L20

A.pleuropneumoniae 3 str

M.haemolytica APL213

M.haemolytica APL213

M.haemolytica APL213

Haemophilus parvus 29755

Haemophilus parvus SH0165

Haemophilus somnus 129PT

Haemophilus somnus 2336

P.p.submultocida Pm70

P.p.submultocida Pm70

P.p.submultocida Pm70

P.p.dagmatis ATCC43325

M.haemolytica

M.haemolytica

A.baumannii AYE

A.baumannii

A.baumannii

A.baumannii ATCC17978

A.minor 202

A.minor NW305

Moraxella catarrhalis

Acinetobacter spADP1

A.radiosistens SK82

A.baumannii SDF

A.baumannii ACICU

A.baumannii AB900

A.alcalcoeticus RUH2202

Acinetobacter spATCC27244

A.junii SH205

A.johnsonii SH046

A.lwoffii SH145

Acinetobacter spRUH2624

Proteus mirabilis ATCC29906

Fig. 13(Cont.v)

Tdfr NMB0964	520	540	560	580	600
B. paraperitussis 12822	TONARIELRHO	GYLQKSSALS	---AIS---	---EAVKOPMLLDNKKVQHTSFGVEQA---	NWDN-ETLE
B. bronchiseptica RB50	GYDARIELLR	GYLQKSSALS	---AIS---	---EAVKOPMLLDNKKVQHTSFGVEQA---	NWDN-ETLE
B. pertussis Tohama1	GYDARIELLR	GYLQKSSALS	---AIS---	---EAVKOPMLLDNKKVQHTSFGVEQA---	NWDN-ETLE
Bordetella petrii DSM12804	GYDARIELLR	GYLQKSSALS	---AIS---	---EAVKOPMLLDNKKVQHTSFGVEQA---	NWDN-ETLE
Acidovorax spS42	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Acidovorax ebreus TPSY	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Comamonas testosteroni KF-1	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Comamonas testosteroni CNB-2	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Delftia acidovorans SPH-1	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Ascaris spBH72	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Pseudomonas stutzeri A1501	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Azotobacter vinelandii DJ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Shingomonas spSKA58	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Alcanivorax borkumensis SK2	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. pleuropneumoniae sero 1str4	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. pleuropneumoniae L20	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. spleuropneumoniae 3 str	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
M. haemolytica PH1213	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
M. haemolytica A2strBOVINE	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Haemophilus parasuis 29755	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Haemophilus parasuis SH0165	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Haemophilus somnus 129PT	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Haemophilus somnus 2336	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
P. subspmultocida Pm70	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
P. subspmultocida Pm70	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
P. daquatis ATCC43325	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
M. haemolytica	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
M. haemolytica A2strBOVINEA	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. baumannii AYE	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. baumannii	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. baumannii ATCC17978	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. minor 282	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. minor NH305	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Moraxella catarrhalis	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Acinetobacter spADP1	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. radiorresistens SK82	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. baumannii SDF	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. baumannii ACICU	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. baumannii AB900	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. calcoaceticus RUH2202	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Acinetobacter spATCC27244	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. junii SH205	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. johnsonii SH046	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
A. lwofii SH145	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Acinetobacter spRUH2624	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ
Proteus mirabilis ATCC29906	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ	ADIRVLELQ

Fig. 13(Cont. vi)

Tdfr NME0964	GGV VEGK KASIQDKALID	620	+	660	+	680	+	700
B.parapertussis 12822	LGA QDM RVSPQG	621	+	661	+	681	+	701
B.bronchiseptica R50	LGA QDM RVSPQG	622	+	662	+	682	+	702
B.pertussis Tohamai	LGA QDM RVSPQG	623	+	663	+	683	+	703
Bordetella petrii DSM12804	VGA QDM RVSPQG	624	+	664	+	684	+	704
Acidovorax spJ542	TAL HDM SAEQD	625	+	665	+	685	+	705
Acidovorax spJ542	TAL HDM SAEQD	626	+	666	+	686	+	706
Comamonas testosteroni KF-1	GAI HDR RVEAEL	627	+	667	+	687	+	707
Comamonas testosteroni CNB-2	GAI HDR RVEAEL	628	+	668	+	688	+	708
Delftia acidovorans SPH-1	AAI HEM TVDAQ	629	+	669	+	689	+	709
Azoarcus spBH72	AGL HEM QVEYDA	630	+	670	+	690	+	710
pseudomonas stutzeri A1501	LGI HEM QVEYDA	631	+	671	+	691	+	711
Azotobacter vinelandii DJ	LGI HEM QVEYDA	632	+	672	+	692	+	712
Spingomonas spSKA58	AAI QEM TVKSLI	633	+	673	+	693	+	713
Alcanivorax borkumensis SK2	LGA QEM TVKSLI	634	+	674	+	694	+	714
A.pleuropneumoniae sero 1str4	FAC VEM KIEIYDRNEIKRLQ	635	+	675	+	695	+	715
A.pleuropneumoniae L20	FAC VEM KIEIYDRNEIKRLQ	636	+	676	+	696	+	716
A.spleuropneumoniae 3 str	FAC VEM KIEIYDRNEIKRLQ	637	+	677	+	697	+	717
M.haemolytica PHL213	LAC MEM KIEIYDRNEIKRLQ	638	+	678	+	698	+	718
M.haemolytica A2strBOVINE	LAC MEM KIEIYDRNEIKRLQ	639	+	679	+	699	+	719
Haemophilus parasuis 29755	LGI TEM NTHIDYDLAKIQKQ	640	+	680	+	700	+	720
Haemophilus parasuis SH0165	LGI TEM NTHIDYDLAKIQKQ	641	+	681	+	701	+	721
Haemophilus somnus 129PT	VGA WEM RIPIKYDPKRL	642	+	682	+	702	+	722
Haemophilus somnus 2336	VGA WEM RIPIKYDPKRL	643	+	683	+	703	+	723
P.subspmultocida Pm70	VGA WEM RIPIKYDPKRL	644	+	684	+	704	+	724
P.subspmultocida Pm70	VGA WEM RIPIKYDPKRL	645	+	685	+	705	+	725
P.dagmatis ATCC43325	IGG MEM RRAMKYHFNVEA	646	+	686	+	706	+	726
M.haemolytica	LSC AEM KRAMDYDKLLID	647	+	687	+	707	+	727
M.haemolytica A2strBOVINEA	LSC AEM KRAMDYDKLLID	648	+	688	+	708	+	728
A.baumannii AYE	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	649	+	689	+	709	+	729
A.baumannii	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	650	+	690	+	710	+	730
A.baumannii	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	651	+	691	+	711	+	731
A.minor 202	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	652	+	692	+	712	+	732
Moraxella catarrhalis	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	653	+	693	+	713	+	733
Acinetobacter spADP1	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	654	+	694	+	714	+	734
A.radioresistens SK02	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	655	+	695	+	715	+	735
A.baumannii SDF	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	656	+	696	+	716	+	736
A.baumannii AC1CU	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	657	+	697	+	717	+	737
A.baumannii AB900	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	658	+	698	+	718	+	738
A.calcoaceticus RUH2202	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	659	+	699	+	719	+	739
Acinetobacter spATCC27244	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	660	+	700	+	720	+	740
A.johnsonii SH046	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	661	+	701	+	721	+	741
A.lwoffii SH145	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	662	+	702	+	722	+	742
Acinetobacter spRUH2624	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	663	+	703	+	723	+	743
Proteus mirabilis ATCC29906	LGA IEM KVSMDYDIKIDSKMPWPNKYN	664	+	704	+	724	+	744

Fig. 13(Cont. vii)

Tdfi NMB0964	ATSTFEV	720	+	740	+	760	+	780	+	800
B.parapertussis 12822	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
B.bronchiseptica RB50	DPGDRTER	---	---	---	---	---	---	---	---	---
B.pertussis Tohamai	DPGDRTER	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Bordetella petrii DSM12804	DPGDRTER	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Acidovorax spJ542	DPGDRTER	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Acidovorax spJ542	DPGDRTER	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Comamonas testosteroni KF-1	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Comamonas testosteroni CNB-2	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Deftia acidovorans SPH-1	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Azoarcus spBH72	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Pseudomonas stutzeri AL501	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Azotobacter vinelandii DJ	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Spingomonas spSKA58	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Alcanivorax borkumensis SK2	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.pleuropneumoniae sero 1str4	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.pleuropneumoniae L20	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.pleuropneumoniae 3 str	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
M.haemolytica PHL213	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
M.haemolytica A2strBOVINE	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Haemophilus parvus 29755	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Haemophilus parvus SH0165	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Haemophilus somnus 129PT	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Haemophilus somnus 2336	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
P.subspmultocida Pm70	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
P.subspmultocida Pm70	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
P.subspmultocida Pm70	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
P.dagmatis ATCC43325	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
M.haemolytica	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
M.haemolytica A2strBOVINEA	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.baumannii AYE	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.baumannii	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.baumannii	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.baumannii ATCC17978	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.minor 202	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Moraxella catarrhalis	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Acinetobacter spADP1	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Acinetobacter sensu SK82	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.baumannii SDF	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.baumannii ACICU	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.baumannii AB900	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.calcoaceticus RUH2202	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Acinetobacter spATCC27244	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.junii SH205	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.johnsonii SH046	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
A.lwoffii SH145	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Acinetobacter spRUH2624	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---
Proteus mirabilis ATCC29906	ATSTFEV	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Fig. 13(Cont. viii)

Tdfl NMB0964	ET	ACGEIYFPTPRIGVS	820	+	840	+	860	+	880	+	900
B. paraptus 12822	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN					LPSP-LGREDAYGN		RPFLAQ
B. bronchiseptica RB50	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
B. pertussis Tohamai	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Bordetella petrii DSM12804	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Acidovorax spS42	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Acidovorax ebreus TFSY	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Comamonas testosteroni CNB-2	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Delftia acidovorans SPH-1	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Azoarcus spBH72	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Pseudomonas stutzeri A1501	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Azotobacter vinelandii DJ	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Shingomonas spSKA58	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Alcanivorax borkumensis SK2	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. pleuropneumoniae sero 1str4	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. pleuropneumoniae L20	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. pleuropneumoniae 3 str	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
M. haemolytica PHL213	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
M. haemolytica A2strBOVINE	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Haemophilus paraus 29755	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Haemophilus paraus SH0165	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Haemophilus somnus 129PT	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Haemophilus somnus 2336	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
P. subspmultocida Pm70	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
P. subspmultocida Pm70	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
P. subspmultocida Pm70	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
P. daematis ATCC43325	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
M. haemolytica	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
M. haemolytica A2strBOVINEA	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. baumannii AYE	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. baumannii	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. baumannii ATCC17978	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. minor 202	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. minor NK305	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Moraxella catarrhalis	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Acinetobacter spADP1	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. radiorensiens SK82	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. baumannii SDF	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. baumannii ACICU	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. baumannii AB900	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. calcoaceticus RUH2202	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Acinetobacter spATCC27244	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. junii SH205	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. johnsonii SH046	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
A. lwoffi SH145	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Acinetobacter sprUH2624	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							
Proteus mirabilis ATCC29906	ET	VEGIRHRFGKVSAAVE	11	VRGRUTGGGN							

Fig. 13(Cont. ix)

Tdfl NMB0964	---DQNAE	VEAA	ELG	FLH	KSL	SLDR	DAN	LE	YR	VEA	---NK	LA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	693	
B.parapertussis 12822	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	645
B.bronchiseptica RB50	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	647
B.pertussis Tohamai	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	617
Bordetella petrii DSM12804	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	628
Acidovorax spJS42	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	626
Acidovorax ebreus TPSY	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	645
Comamonas testosteroni KT-1	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	645
Comamonas testosteroni CNB-2	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	663
Delftia acidovorans SPH-1	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	625
Azoarcus spBH72	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	606
Pseudomonas stutzeri A1501	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	616
Azotobacter vinelandii DJ	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	619
Sphingomonas spSKA58	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	624
Alcanivorax borkumensis SK2	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	717
A.pleuropneumoniae sero 1str4	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	717
A.pleuropneumoniae L20	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	725
A.spleroeumoniae 3 str	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	725
M.haemolytica PHL213	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	728
M.haemolytica A2strBOVINE	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	744
Haemophilus parasuis 29755	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	732
Haemophilus parasuis SH0165	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	798
Haemophilus somnus 129PT	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	798
Haemophilus somnus 2336	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	843
P. subspmultocida Pm70	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	740
P. subspmultocida Pm70	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	744
P. daqmatia ATCC4325	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	731
M.haemolytica	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	701
M.haemolytica A2strBOVINEA	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	589
A.baumannii AYE	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	738
A.baumannii	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	738
A.baumannii ATCC17978	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	738
A.minor 202	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	758
A.minor NM305	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	758
Moraxella catarrhalis	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	751
Acinetobacter spADP1	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	627
A.radiorensiens SK82	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	633
A.baumannii SDF	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	619
A.baumannii ACICU	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	619
A.baumannii AB900	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	625
A.calcoaceticus RUH2202	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	630
Acinetobacter spATCC27244	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	619
A.junii SH205	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	630
A.johnsonii SH046	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	614
A.lwoffii SH145	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	618
Acinetobacter spRUH2624	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	604
Proteus mirabilis ATCC29906	---	IPAA	LC	VR	ADA	OWO	---NW	AG	VE	YR	---	DD	IA	---	920	+	940	---	960	+	980	+	1000	---	631

Fig. 13(Cont. x)

Tdfr NMB0964	1020	1040	1060	1080	758
B.parapertussis 12822	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	711
B.bronchiseptica RB50	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	713
B.pertussis Tohamai	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	713
Bordetella pertussis DSM12804	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	684
Acidovorax spJ342	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	695
Acidovorax ebreus TFSY	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	693
Comamonas testosteroni KF-1	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	711
Comamonas testosteroni CNB-2	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	730
Delftia acidovorans SPH-1	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	691
Azoarcus spBH72	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	672
Pseudomonas stutzeri A1501	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	682
Azotobacter vinelandii DJ	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	686
Sphingomonas spKAS9	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	689
Alcanivorax borkumensis SK2	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	782
A.pleuropneumoniae sero 1str4	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	790
A.pleuropneumoniae L20	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	793
A.pleuropneumoniae 3 str	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	797
M.haemolytica PHL213	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	868
M.haemolytica A2str:BOVINE	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	925
Haemophilus parvus 29755	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	805
Haemophilus parvus SH0165	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	809
Haemophilus somnus 129PT	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	796
Haemophilus somnus 2336	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	766
P.subspmultocida Pm70	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	654
P.subspmultocida Pm70	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	803
P.dagmatis ATCC43325	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	803
M.haemolytica	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	803
M.haemolytica A2str:BOVINEA	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	803
A.baumannii AYE	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	803
A.baumannii	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	803
A.baumannii ATCC17978	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	803
A.minor 202	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	823
A.minor NM305	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	818
Moraxella catarrhalis	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	693
Acinetobacter spADP1	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	699
A.radioresistens SK82	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	685
A.baumannii SDF	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	685
A.baumannii ACICU	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	685
A.baumannii AB900	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	685
A.calcoaceticus RUH2202	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	691
Acinetobacter spATCC27244	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	685
A.junii SH205	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	685
A.johnsonii SH046	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	680
A.lwoffii SH145	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	684
Acinetobacter spRUH2624	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	670
Proteus mirabilis ATCC29906	YSSS	YSSS	YSSS	YSSS	697

[illegible]

Fig. 14(Cont. i)

TdHf NM31497	220	240	260	280	300
A. actinomycetemcomitans D11S	CGDDVQGNNTYGLLGGTETSTKKAAGAAICAGKATKESGASGVVGHSHESVAENRNVGGEGCOHNGFAGDYIERKQ	+	+	+	RYFVQEGALKENS
Moraxella catarrhalis	NADVTKDKNRSTFGLTKRMAIDKNTENLAAGRGKWDNGS-ISAIAVAYSHKDISSNKKVGGGTHIGNVGGDILISKQK	+	+	+	OVFAKEHALTYNEA
Haemophilus influenzae RdKW20	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae RdAW	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae PittHH	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae R2846	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae NT127	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae 86-028NP	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae 6P18H1	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae PittII	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae 7P49H1	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae PittAA	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Haemophilus influenzae R2866	CGNDVITDDKPRITLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Aggregatibacter aphrophilus NJ	CGNDVILGDKNIEFTLIGMTESMAKSNFTVAARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
A. actinomycetemcomitans D11S	CGNDVLOGKNYFLGLGSEDETKNYNMGARSKWTDNGGYGVWAGYSREVSODRIAGG	+	+	+	ERLASIGQDILAKEKE
Campylobacter coli RM2228	CGDDIVQGRVVEFLGYSYSGNAIGENGAIAKTYDENANILGILFASCONVSCNKLGGG-GYIGDO	+	+	+	KPPEDTD
Campylobacter upsaliensis RM31	CGDDIISGRNVCALINAGGCTNAGNRYNGAVAYFESDRTILGFAVSEKSKQDFVAGG	+	+	+	KPPEDTD
Haemophilus somnus 129PT	CGDDIISGRNVCALINAGGCTNAGNRYNGAVAYFESDRTILGFAVSEKSKQDFVAGG	+	+	+	RSIKDVADEEVGRAIVEACKGEALCK
Haemophilus somnus 2336	CGDDIISGRNVCALINAGGCTNAGNRYNGAVAYFESDRTILGFAVSEKSKQDFVAGG	+	+	+	RSIKDVADEEVGRAIVEACKGEALCK
Pasteurella dagmatis ATCC43325	CGGCLVTEGRQTEFGVGLWESNAIKRQILGAVAFKRFDEKERMILIGFSEHLSODRIAGG	+	+	+	SIDLITGL
TdHf NM31497	320	340	360	380	400
A. actinomycetemcomitans D11S	SGKWERDILQROQMKY-----KEYKN	+	+	+	-----
Moraxella catarrhalis	SRSWOKDITRLDKETCKPMDRKQYFGGCKYGLG	+	+	+	-----
Haemophilus influenzae RdKW20	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae RdAW	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae PittHH	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae R2846	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae NT127	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae 86-028NP	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae 6P18H1	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae PittII	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae 7P49H1	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae 3655	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae PittAA	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus influenzae R2866	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Aggregatibacter aphrophilus NJ	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
A. actinomycetemcomitans D11S	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Campylobacter coli RM2228	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Campylobacter upsaliensis RM31	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus somnus 129PT	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Haemophilus somnus 2336	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE
Pasteurella dagmatis ATCC43325	CGWTPDLSKNWSON-KPDYQ-----KNGDCSY	+	+	+	YRIGSAKTRRE

Fig. 14(Cont. ii)

Tdfl	NMB1497	420	440	460	480	500	
A. actinomycetemcomitans	D11S	YNNCELQKY	EEHDI	SWRENLAPO	DIIT	EDSS	420
Moraxella catarrhalis		---	---	---	---	---	440
Haemophilus influenzae	RdKW20	---	---	---	---	---	460
Haemophilus influenzae	RdAW	---	---	---	---	---	480
Haemophilus influenzae	PittHH	---	---	---	---	---	500
Haemophilus influenzae	R2846	---	---	---	---	---	520
Haemophilus influenzae	NT127	---	---	---	---	---	540
Haemophilus influenzae	86-028NP	---	---	---	---	---	560
Haemophilus influenzae	6P18H1	---	---	---	---	---	580
Haemophilus influenzae	PittII	---	---	---	---	---	600
Haemophilus influenzae	7P49H1	---	---	---	---	---	620
Haemophilus influenzae	3655	---	---	---	---	---	640
Haemophilus influenzae	PittAA	---	---	---	---	---	660
Haemophilus influenzae	R2866	---	---	---	---	---	680
Aggregatibacter aphrophilus	NJ	---	---	---	---	---	700
A. actinomycetemcomitans	D11S	---	---	---	---	---	720
Campylobacter coli	RM2228	---	---	---	---	---	740
Campylobacter upsaliensis	RM31	---	---	---	---	---	760
Haemophilus somnus	129P	---	---	---	---	---	780
Haemophilus somnus	2336	---	---	---	---	---	800
Pasteurella dagmatis	ATCC43325	---	---	---	---	---	820
		---	---	---	---	---	840
		---	---	---	---	---	860
		---	---	---	---	---	880
		---	---	---	---	---	900
		---	---	---	---	---	920
		---	---	---	---	---	940
		---	---	---	---	---	960
		---	---	---	---	---	980
		---	---	---	---	---	1000
		---	---	---	---	---	1020
		---	---	---	---	---	1040
		---	---	---	---	---	1060
		---	---	---	---	---	1080
		---	---	---	---	---	1100
		---	---	---	---	---	1120
		---	---	---	---	---	1140
		---	---	---	---	---	1160
		---	---	---	---	---	1180
		---	---	---	---	---	1200
		---	---	---	---	---	1220
		---	---	---	---	---	1240
		---	---	---	---	---	1260
		---	---	---	---	---	1280
		---	---	---	---	---	1300
		---	---	---	---	---	1320
		---	---	---	---	---	1340
		---	---	---	---	---	1360
		---	---	---	---	---	1380
		---	---	---	---	---	1400
		---	---	---	---	---	1420
		---	---	---	---	---	1440
		---	---	---	---	---	1460
		---	---	---	---	---	1480
		---	---	---	---	---	1500
		---	---	---	---	---	1520
		---	---	---	---	---	1540
		---	---	---	---	---	1560
		---	---	---	---	---	1580
		---	---	---	---	---	1600
		---	---	---	---	---	1620
		---	---	---	---	---	1640
		---	---	---	---	---	1660
		---	---	---	---	---	1680
		---	---	---	---	---	1700
		---	---	---	---	---	1720
		---	---	---	---	---	1740
		---	---	---	---	---	1760
		---	---	---	---	---	1780
		---	---	---	---	---	1800
		---	---	---	---	---	1820
		---	---	---	---	---	1840
		---	---	---	---	---	1860
		---	---	---	---	---	1880
		---	---	---	---	---	1900
		---	---	---	---	---	1920
		---	---	---	---	---	1940
		---	---	---	---	---	1960
		---	---	---	---	---	1980
		---	---	---	---	---	2000
		---	---	---	---	---	2020
		---	---	---	---	---	2040
		---	---	---	---	---	2060
		---	---	---	---	---	2080
		---	---	---	---	---	2100
		---	---	---	---	---	2120
		---	---	---	---	---	2140
		---	---	---	---	---	2160
		---	---	---	---	---	2180
		---	---	---	---	---	2200
		---	---	---	---	---	2220
		---	---	---	---	---	2240
		---	---	---	---	---	2260
		---	---	---	---	---	2280
		---	---	---	---	---	2300
		---	---	---	---	---	2320
		---	---	---	---	---	2340
		---	---	---	---	---	2360
		---	---	---	---	---	2380
		---	---	---	---	---	2400
		---	---	---	---	---	2420
		---	---	---	---	---	2440
		---	---	---	---	---	2460
		---	---	---	---	---	2480
		---	---	---	---	---	2500
		---	---	---	---	---	2520
		---	---	---	---	---	2540
		---	---	---	---	---	2560
		---	---	---	---	---	2580
		---	---	---	---	---	2600
		---	---	---	---	---	2620
		---	---	---	---	---	2640
		---	---	---	---	---	2660
		---	---	---	---	---	2680
		---	---	---	---	---	2700
		---	---	---	---	---	2720
		---	---	---	---	---	2740
		---	---	---	---	---	2760
		---	---	---	---	---	2780
		---	---	---	---	---	2800
		---	---	---	---	---	2820
		---	---	---	---	---	2840
		---	---	---	---	---	2860
		---	---	---	---	---	2880
		---	---	---	---	---	2900
		---	---	---	---	---	2920
		---	---	---	---	---	2940
		---	---	---	---	---	2960
		---	---	---	---	---	2980
		---	---	---	---	---	3000
		---	---	---	---	---	3020
		---	---	---	---	---	3040
		---	---	---	---	---	3060
		---	---	---	---	---	3080
		---	---	---	---	---	3100
		---	---	---	---	---	3120
		---	---	---	---	---	3140
		---	---	---	---	---	3160
		---	---	---	---	---	3180
		---	---	---	---	---	3200
		---	---	---	---	---	3220
		---	---	---	---	---	3240
		---	---	---	---	---	3260
		---	---	---	---	---	3280
		---	---	---	---	---	3300
		---	---	---	---	---	3320
		---	---	---	---	---	3340
		---	---	---	---	---	3360
		---	---	---	---	---	3380
		---	---	---	---	---	3400
		---	---	---	---	---	3420
		---	---	---	---	---	3440
		---	---	---	---	---	3460
		---	---	---	---	---	3480
		---	---	---	---	---	3500
		---	---	---	---	---	3520
		---	---	---	---	---	3540
		---	---	---	---	---	3560
		---	---	---	---	---	3580
		---	---	---	---	---	3600
		---	---	---	---	---	3620
		---	---	---	---	---	3640
		---	---	---	---	---	3660
		---	---	---	---	---	3680
		---	---	---	---	---	3700
		---	---	---	---	---	3720
		---	---	---	---	---	3740
		---	---	---	---	---	3760
		---	---	---	---	---	3780
		---	---	---	---	---	3800
		---	---	---	---	---	3820
		---	---	---	---	---	3840
		---	---	---	---	---	3860
		---	---	---	---	---	3880
		---	---	---	---	---	3900
		---	---	---	---	---	3920
		---	---	---	---	---	3940
		---	---	---	---	---	3960
		---	---	---	---	---	3980
		---	---	---	---	---	4000
		---	---	---	---	---	4020
		---	---	---	---	---	4040
		---	---	---	---	---	4060
		---	---	---	---	---	4080
		---	---	---	---	---	4100
		---	---	---	---	---	4120
		---	---	---	---	---	4140
		---	---	---	---	---	4160
		---	---	---	---	---	4180
		---	---	---	---	---	4200
		---	---	---	---	---	4220
		---	---	---	---	---	4240
		---	---	---	---	---	4260
		---	---	---	---	---	4280
		---	---	---	---	---	4300
		---	---	---	---	---	4320
		---	---	---	---	---	4340
		---	---	---	---	---	4360
		---	---	---	---	---	4380
		---	---	---	---	---	4400
		---	---	---	---	---	4420
		---	---	---	---	---	4440
		---	---	---	---	---	4460
		---	---	---	---	---	4480
		---	---	---	---	---	4500
		---	---	---	---	---	4520
		---	---	---	---	---	4540
		---	---	---	---	---	4560
		---	---	---	---	---	4580
		---	---	---	---	---	4600
		---	---	---	---	---	4620
		---	---	---	---	---	4640
		---	---	---	---	---	4660
		---	---	---	---	---	4680
		---	---	---	---	---	4700
		---	---	---	---	---	4720
		---	---	---	---	---	4740
		---	---	---	---	---	4760
		---	---	---	---	---	4780
		---	---	---	---	---	4800
		---	---	---	---	---	4820
		---	---	---	---	---	4840
		---	---	---	---	---	4860
		---	---	---	---	---	4880
		---	---	---	---	---	4900
		---	---	---	---	---	4920
		---	---	---	---	---	4940
		---	---	---	---	---	4960
		---	---	---	---	---	4980
		---	---	---	---	---	5000
		---	---	---	---	---	5020
		---	---	---	---	---	5040
		---	---	---	---	---	5060
		---	---	---	---	---	5080
		---	---	---	---	---	5100
		---	---	---	---	---	5120
		---	---	---	---	---	5140
		---	---	---	---	---	5160
		---	---	---	---	---	5180
		---	---	---	---	---	5200
		---	---	---	---	---	5220
		---	---	---	---	---	5240
		---	---	---	---	---	5260
		---	---	---	---	---	5280
		---	---	---	---	---	5300
		---	---	---	---	---	5320
		---	---	---	---	---	5340
		---	---	---	---	---	5360
		---	---	---	---	---	5380

TdFH_NMB1497	A.actinomycescomitans D11s	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Moraxella catarrhalis	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae R6KW20	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae RA6W	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae PittHH	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae R2846	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae Nt127	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 86-028NP	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 6P18H1	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae PittII	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 7P49H1	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 3655	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae PittAA	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae R2866	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Aggregatibacter aphrophilus NJ	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	A.actinomycescomitans D11s	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Campylobacter coli RM2228	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Campylobacter upsaliensis RM31	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus somnus 129PT	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus somnus 2336	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Pasteurella dagmatis ATCC4325	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
TdFH_NMB1497	A.actinomycescomitans D11s	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Moraxella catarrhalis	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae R6KW20	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae RA6W	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae PittHH	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae R2846	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae Nt127	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 86-028NP	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 6P18H1	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae PittII	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 7P49H1	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae 3655	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae PittAA	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus influenzae R2866	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Aggregatibacter aphrophilus NJ	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	A.actinomycescomitans D11s	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Campylobacter coli RM2228	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Campylobacter upsaliensis RM31	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus somnus 129PT	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Haemophilus somnus 2336	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607
	Pasteurella dagmatis ATCC4325	LEKSVIAGSEKGRPHSIVLITSEKQKAVCHDYSWNASCARRESEHASVSSQKE---	607

Fig. 14(Cont. iv)

TdHf NMB1497	820	840	860	880	900
A.actinomycescomitans D115	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 708
Moraxella catarrhalis	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 151
Haemophilus influenzae Rdkw20	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 748
Haemophilus influenzae Rdkw	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 710
Haemophilus influenzae PittHH	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 710
Haemophilus influenzae R2846	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 712
Haemophilus influenzae N7127	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 732
Haemophilus influenzae 86-028NP	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 706
Haemophilus influenzae 6P18H1	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 712
Haemophilus influenzae PittII	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 746
Haemophilus influenzae 7P49H1	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 711
Haemophilus influenzae 3655	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 717
Haemophilus influenzae PittAA	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 717
Haemophilus influenzae R2866	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 723
Aggregatibacter aphrophilus NJ	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 716
A.actinomycescomitans D115	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 585
Campylobacter coli RM2228	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 585
Campylobacter upsaliensis RM31	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 719
Haemophilus somnus 129PT	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 721
Haemophilus somnus 2336	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 674
Pasteurella dagmatis ATCC43325	QDDVLELAVGSRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 674
TdHf NMB1497	920	940	960	980	1000
A.actinomycescomitans D115	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 808
Moraxella catarrhalis	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 251
Haemophilus influenzae Rdkw20	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 848
Haemophilus influenzae Rdkw	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 810
Haemophilus influenzae PittHH	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 812
Haemophilus influenzae R2846	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 832
Haemophilus influenzae N7127	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 806
Haemophilus influenzae 86-028N	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 812
Haemophilus influenzae 6P18H1	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 846
Haemophilus influenzae PittII	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 811
Haemophilus influenzae 7P49H1	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 811
Haemophilus influenzae 3655	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 817
Haemophilus influenzae PittAA	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 817
Haemophilus influenzae R2866	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 823
Aggregatibacter aphrophilus NJ	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 816
A.actinomycescomitans D115	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 676
Campylobacter coli RM2228	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 676
Campylobacter upsaliensis RM31	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 818
Haemophilus somnus 129PT	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 820
Haemophilus somnus 2336	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 820
Pasteurella dagmatis ATCC43325	YERETNLSVAVGRSTKNTKTHVYV	KQWDLNGD	IP-SWVSSTGLA	YTIORNEFKDKQHKISFELSINYL	: 774

Fig. 14(Cont. v)

[illegible]

Fig. 15

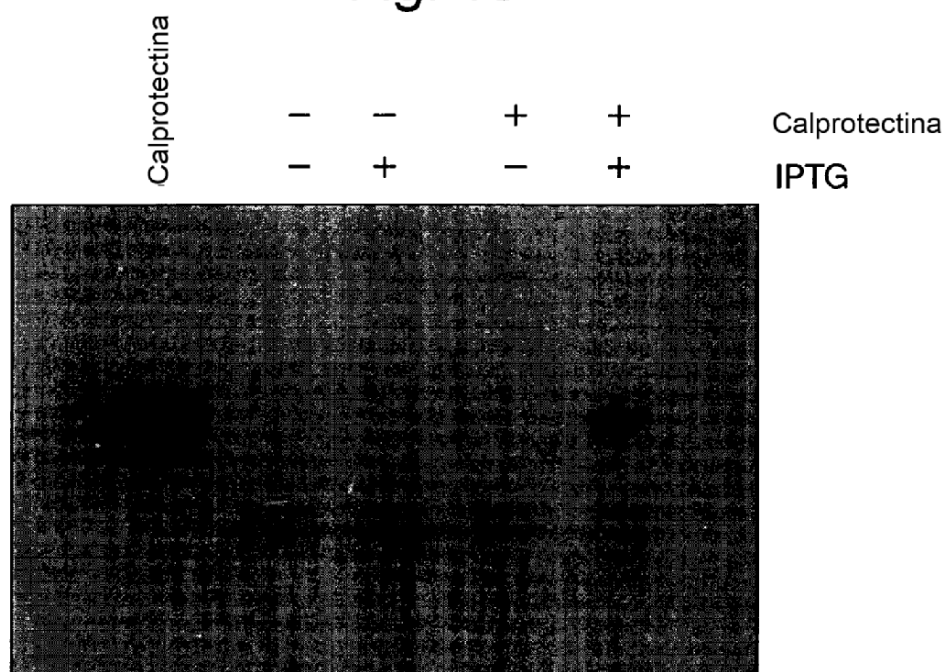


Fig. 16

