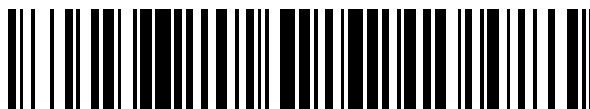


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 693 243**

51 Int. Cl.:

G01N 33/569 (2006.01)

C07K 14/195 (2006.01)

C12N 15/09 (2006.01)

G01N 33/53 (2006.01)

G01N 33/543 (2006.01)

G01N 33/68 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **18.10.2011** **E 16190674 (8)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **26.09.2018** **EP 3139167**

54 Título: **Kit de ensayo para la titulación de anticuerpos en plasma o suero contra bacterias que causan enfermedades periodontales**

30 Prioridad:

15.12.2010 JP 2010279268

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

10.12.2018

73 Titular/es:

**SUNSTAR INC. (100.0%)
3-1 Asahi-machi
Takatsuki-shi, Osaka 569-1195, JP**

72 Inventor/es:

NOZOE, MIKIO

74 Agente/Representante:

UNGRÍA LÓPEZ, Javier

ES 2 693 243 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

Kit de ensayo para la titulación de anticuerpos en plasma o suero contra bacterias que causan enfermedades periodontales

Campo técnico

La presente invención se refiere a: un kit de prueba para la titulación de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal, más específicamente *Porphyromonas gingivalis*, y más específicamente un kit de prueba para la titulación de anticuerpos en plasma o suero contra *Porphyromonas gingivalis* que es adecuado para una prueba automatizada utilizando un dispositivo y comprende una proteína antigénica específica de *Porphyromonas gingivalis*; un polipéptido para su uso en el kit; y un método para medir un título de anticuerpos contra *Porphyromonas gingivalis* en una muestra de sangre.

Antecedentes de la invención

Una enfermedad periodontal es una infección bacteriana que se desarrolla a través de una infección del tejido periodontal con una bacteria oral.

El diagnóstico de la enfermedad periodontal en un sitio clínico dental se lleva a cabo basándose en los resultados generales de las pruebas clínicas, tales como una afección clínica, una fotografía de la cavidad bucal, una imagen radiográfica o una prueba de tejido periodontal. Entre estas pruebas, la fotografía de la cavidad bucal y la exploración de imágenes radiográficas evalúan visualmente el cambio morfológico del tejido periodontal, y la prueba del tejido periodontal evalúa, midiendo diversos factores clínicos, tales como el estado de la formación de la placa, la profundidad de una bolsa periodontal, la presencia de sangrado durante el sondeo o el grado de movilidad dental. Por lo tanto, estas pruebas requieren operaciones complicadas y un profesional debe contar con una técnica avanzada para diagnosticar con precisión el estado patológico de la enfermedad periodontal de los pacientes.

En otras palabras, en algunos casos, el resultado de una prueba puede variar dependiendo del nivel de habilidad de los profesionales y, por lo tanto, se pueden dar diferentes diagnósticos a un paciente. Adicionalmente, en las pruebas clínicas dentales como se mencionó anteriormente, a pesar del hecho de que una enfermedad periodontal es una infección bacteriana, la enfermedad periodontal se evalúa no a "nivel de infección" con una bacteria causante de enfermedad periodontal sino a nivel de "cambio morfológico" del tejido periodontal; en otras palabras, la prueba se lleva a cabo por la subjetividad del profesional. Por lo tanto, ha habido una demanda de un método de prueba de enfermedad periodontal objetivo que sea razonable desde el punto de vista bacteriológico e inmunológico y en el que la diferencia en el resultado de una prueba no se produzca dependiendo del nivel de habilidad de los profesionales.

En estas situaciones, se lleva a cabo un sistema de prueba de enfermedad periodontal, en el que se emplea un título de anticuerpos séricos contra una bacteria causante de enfermedad periodontal como medida para la prueba de enfermedad periodontal (Chieko KUDO, Journal of Okayama Dental Society, vol. 28 (1) (2009), pág. 1-14). En este sistema de prueba de enfermedad periodontal, el estado de la infección con una bacteria causante de enfermedad periodontal o la gravedad de una enfermedad periodontal (el estado de inflamación) se evalúa mediante la detección/cuantificación de "un anticuerpo específico" contra la bacteria causante de enfermedad periodontal de una cantidad mínima de sangre que se extrae de la punta de un dedo de un paciente y después se separa. De acuerdo con este sistema, es posible evaluar objetiva y uniformemente el estado de la enfermedad de una enfermedad periodontal empleando una técnica inmunológica.

Adicionalmente, en este sistema de prueba de enfermedad periodontal, el plasma se separa de la sangre extraída de la punta de un dedo, una muestra del plasma se envía a un organismo de inspección, se mide el título de anticuerpos IgG contra una bacteria causante de enfermedad periodontal en el organismo de inspección, se evalúa la gravedad de la enfermedad periodontal y a continuación se notifica a cada paciente el resultado de la prueba de enfermedad periodontal (una prueba con un título de anticuerpos en plasma contra una bacteria causante de enfermedad periodontal). Por lo tanto, la prueba de la enfermedad periodontal puede ser aplicada por médicos generales o en el hogar. Además, dado que los datos de las pruebas se recopilan y analizan exhaustivamente, es posible correlacionar los datos de las pruebas con las condiciones de la enfermedad utilizando una enorme cantidad de datos.

Mientras tanto, en el sistema de prueba de enfermedad periodontal mencionado anteriormente, dado que se maneja una gran cantidad de muestras, se requiere tratar las muestras automáticamente y a alta velocidad.

En el sistema de prueba, la correlación entre los resultados de la prueba y una enfermedad periodontal se hace mayor con el aumento de tipos de anticuerpos contra un antígeno que se va a analizar en una muestra (de sangre) y, por lo tanto, la enfermedad periodontal se puede evaluar con mayor precisión. Además, en un ser humano que

sufre una enfermedad periodontal, el tipo de antígeno bacteriano causante de la enfermedad periodontal que se debe reconocer varía debido a las diferencias interindividuales entre las bacterias causantes de la enfermedad periodontal y el ser humano. También en este sentido, se puede analizar una enfermedad periodontal con mayor precisión con el aumento de tipos de anticuerpos que se van a analizar.

Sin embargo, si se deben medir los títulos de anticuerpos de una variedad de anticuerpos, es difícil tratar las muestras a alta velocidad, lo cual no es adecuado para pruebas automáticas utilizando un dispositivo.

El antígeno utilizado en las mediciones actuales de títulos de anticuerpos es una solución preparada mediante la desorganización de una bacteria causante de enfermedad periodontal, tal como *Porphyromonas gingivalis*, que es una mezcla que contiene una amplia variedad de proteínas bacterianas (incluidos LPS y lípidos de membrana). Por lo tanto, ha sido difícil tratar una gran cantidad de muestras de forma automática y a alta velocidad utilizando un dispositivo. El documento WO2006/032104 describe polipéptidos para el diagnóstico serológico de *Porphyromonas gingivalis*.

Descripción de la invención

El objeto de la presente invención es proporcionar: un kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal, que puede abarcar una variedad de reacciones antígeno-anticuerpo que ocurren debido al cambio de antigenicidad de la bacteria causante de enfermedad periodontal y varias de las reacciones inmunológicas de una sustancia que se va a someter a prueba, que pueden probar enfermedades periodontales en una amplia gama de pacientes que tienen varios inmunotipos con alta precisión, y que se pueden tratar a alta velocidad mediante un dispositivo automatizado; una proteína antigénica bacteriana causante de enfermedad periodontal que se puede utilizar adecuadamente en el kit; y un método para someter a prueba un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal en una muestra de sangre, que utiliza el kit.

En éste ámbito, los autores de la presente invención han estudiado la selección de proteínas bacterianas causantes de enfermedades periodontales, que pueden abarcar varias reacciones antígeno-anticuerpo incluso cuando el número de tipos de proteínas es pequeño y, por lo tanto, puede evaluar una enfermedad periodontal con alta precisión. Como resultado, se ha encontrado que una proteína bacteriana que causa una enfermedad periodontal específica puede reaccionar específicamente con el anticuerpo plasmático en una muestra de sangre separada de un paciente con enfermedad periodontal, se abarcan varias reacciones antígeno-anticuerpo y la muestra de sangre se puede someter a prueba con alta precisión mediante el uso selectivo de la proteína bacteriana, y la muestra de sangre se puede tratar utilizando un dispositivo automatizado a alta velocidad. Estos hallazgos llevaron a la realización de la presente invención.

[1] un kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra *Porphyromonas gingivalis*, que comprende un polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 151 adecuada para medir un título en suero o plasma o anticuerpo contra *Porphyromonas gingivalis*.

[2] el kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal de acuerdo con [1], en donde el polipéptido es un polipéptido codificado por la secuencia de polinucleótidos representada por SEQ ID NO: 152;

[3] un método para medir un título de anticuerpos contra *Porphyromonas gingivalis* en una muestra de sangre separada de un organismo humano, que comprende poner la muestra de sangre en contacto con un polipéptido antigénico de *Porphyromonas gingivalis*, caracterizándose dicho método porque el polipéptido antigénico de *Porphyromonas gingivalis* es un polipéptido que la tiene secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 151, adecuada para medir un título de anticuerpos en plasma o suero contra *Porphyromonas gingivalis*.

[4] Un método para determinar la presencia de una infección con la cepa SU63 de *Porphyromonas gingivalis*, comprendiendo dicho método poner en contacto una muestra de sangre separada de un organismo humano con un polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 151, en donde una reacción anticuerpo-antígeno indica la presencia de una infección con SU63.

[5] un polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 151; adecuado para medir un título en plasma o suero de anticuerpo agonista de *Porphyromonas gingivalis*.

[6] el polipéptido de acuerdo con [5], que comprende una secuencia de aminoácidos codificada por la secuencia de nucleótidos representada por SEQ ID NO: 152;

En un primer aspecto, la presente invención proporciona un kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal, que comprende una proteína antigénica específica como se establece en las reivindicaciones.

De acuerdo con el kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal de la presente invención, la proteína antigénica específica reacciona con una pequeña cantidad de sangre separada de un organismo humano y se mide el título de anticuerpos IgG contra una bacteria

causante de enfermedad periodontal en una muestra de sangre (plasma o suero), sometiendo a prueba de ese modo la infección con la bacteria causante de la enfermedad periodontal del sujeto. En general, se incluyen los siguientes ejemplos.

5 En un ejemplo, el kit de prueba comprende:

- (1) una lanceta para realizar un corte en el organismo del sujeto para hacer una pequeña herida y causar un ligero sangrado;
- (2) un capilar para recoger la sangre;
- (3) un frasco en el que se coloca una solución que contiene una proteína antigénica bacteriana periodontal
- 10 específica;
- (4) un cilindro para comprimir el interior de la frasco para separar el plasma de la sangre; y
- (5) una tapa para sellar herméticamente la frasco, en donde la sangre recolectada utilizando el capilar se mezcla con la solución en el frasco para causar una reacción antígeno-anticuerpo entre la proteína antigénica del frasco y un anticuerpo IgG contra una bacteria causante de enfermedad periodontal cuando el anticuerpo
- 15 IgG está presente en la muestra de sangre y se mide la inmunoprecipitación, sometiendo a prueba de ese modo la infección con la bacteria causante de la enfermedad periodontal.

En otro ejemplo, el kit de prueba se utiliza en un método ELISA, en el que:

- (1) se inmoviliza una proteína antigénica en una placa de 96 pocillos para su inmovilización;
- 20 (2) se añade una muestra de sangre (plasma o suero) a la placa de 96 pocillos para causar una reacción antígeno-anticuerpo;
- (3) la placa de 96 pocillos se lava y a continuación se añade un anticuerpo secundario anti-IgG humana para causar una reacción antígeno-anticuerpo; y
- 25 (4) la placa de 96 pocillos se lava, y a continuación se lleva a cabo una reacción luminosa o de desarrollo de luz causada por la presencia del anticuerpo secundario anti-IgG humana específicamente unido, detectando así una señal del mismo.

En otro ejemplo, el kit de prueba se utiliza en un método de filtro de inmovilización de antígeno, en el que:

- (1) se inmoviliza una proteína antigénica sobre un filtro (mediante biotinilación, etc.);
- 30 (2) se añade una muestra de sangre (plasma o suero) al filtro para causar una reacción antígeno-anticuerpo en el filtro;
- (3) se lava el filtro, y a continuación se añade un anticuerpo secundario anti-IgG humana para causar una reacción antígeno-anticuerpo;
- 35 (4) se lava el filtro, y a continuación se lleva a cabo una reacción luminosa o de desarrollo de luz causada por la presencia del anticuerpo secundario anti-IgG humana específicamente unido, detectando así una señal del mismo.

El rasgo característico de este aspecto de la presente invención reside en la proteína antigénica de la bacteria causante de enfermedad periodontal *Porphyromonas gingivalis* contenida en el kit de prueba, y la proteína antigénica reacciona específicamente con un anticuerpo contra una bacteria causante de enfermedad periodontal en un paciente con enfermedad periodontal y también reacciona con anticuerpos en un amplio espectro de pacientes con enfermedad periodontal.

De acuerdo con la presente invención, el polipéptido tiene una secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 151. La presente solicitud también describe un kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal que contiene un polipéptido que tiene al menos una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las secuencias de aminoácidos representadas por SEQ ID NO: 1, 3, 5, 9, 15, 17, 19, 23, 31, 35, 37, 41, 43, 47, 141, 143, 145, 147, 151, 153 y 155 que se muestran en la Lista de secuencias. Cuando se usa una de estas proteínas antigénicas o una combinación de dos o más de estas proteínas antigénicas, se puede evaluar el título de anticuerpos o el tipo de un anticuerpo en un paciente con enfermedad periodontal y también se puede evaluar el grado o tipo de infección con una bacteria causante de enfermedad periodontal. Adicionalmente, existe una variabilidad interindividual en las proteínas antigénicas bacterianas causantes de enfermedad periodontal y los inmunotipos de los pacientes con enfermedad periodontal individual (tipos de anticuerpos contra las bacterias causantes de la enfermedad periodontal). Sin embargo, cuando las proteínas antigénicas se utilizan combinadas, se pueden abarcar los pacientes con enfermedad periodontal que tienen un inmunotipo amplio. Además, se puede detectar una cepa SU63 de bacteria que causa la enfermedad periodontal, que es un factor de riesgo para enfermedades cardiovasculares o cerebrovasculares.

Preferiblemente, la proteína antigénica de la bacteria que causa la enfermedad periodontal es un polipéptido codificado por al menos una secuencia de nucleótidos seleccionada del grupo que consiste en secuencias de nucleótidos representadas por SEQ ID NO: 2, 4, 6, 10, 16, 18, 20, 24 32, 36, 38, 42, 44, 48, 142, 144, 146, 148, 152, 154 y 156 que se muestran en la Lista de secuencias.

En la presente memoria también se describe un polipéptido modificado para su uso en el kit de prueba mencionado

anteriormente para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal.

Durante el descubrimiento de proteínas antigénicas bacterianas causantes de enfermedad periodontal adecuadas para el kit de prueba del título de anticuerpos, los autores de la presente invención encuentran que algunas de las proteínas antigénicas tienen una actividad proteasa, a pesar del hecho de que las proteínas antigénicas pueden reaccionar con anticuerpos en un amplio espectro de pacientes con enfermedad periodontal, y por lo tanto a menudo afectan adversamente a la prueba debido a la actividad de autodigestión o la actividad de descomposición en otras proteínas antigénicas de los mismos. A continuación, los autores de la presente invención produjeron un polipéptido modificado en el que la actividad proteasa se eliminaba mientras se mantenía la antigenicidad de estas proteínas antigénicas mediante una técnica de ingeniería genética.

Es decir, la solicitud describe adicionalmente un polipéptido modificado para su uso en el kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal que tiene la secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 63, 65 o 67, y que incluye un polipéptido modificado producido mediante la eliminación de un residuo de cisteína en la posición 477 o la posición 488 en un polipéptido de tipo salvaje representado por SEQ ID NO: 51 o la sustitución del residuo de cisteína por otro residuo de aminoácido, preferiblemente un residuo de alanina (es decir, un polipéptido representado por SEQ ID NO: 63 y 65 respectivamente) y un polipéptido modificado producido por delección de un residuo de cisteína en la posición 471 en un polipéptido de tipo salvaje representado por SEQ ID NO: 57 o por sustitución del residuo de cisteína por otro residuo de aminoácido, preferiblemente un residuo de alanina (es decir, un polipéptido representado por SEQ ID NO: 67). Cuando se utiliza uno de estos polipéptidos modificados o una combinación de dos o más de estos polipéptidos modificados, se pueden someter a prueba anticuerpos contra tipos particularmente más amplios de bacterias causantes de enfermedad periodontal.

En la presente memoria también se describe un método para medir un título de anticuerpos contra una bacteria causante de enfermedad periodontal en una muestra de sangre separada de un organismo humano, que comprende poner la muestra de sangre en contacto con un polipéptido antigénico bacteriano causante de enfermedad periodontal, en donde la muestra de sangre que se va a utilizar en el método es preferiblemente sangre, suero o plasma recogidos de un capilar o una vena de la punta del dedo, el polipéptido antigénico de la bacteria que causa la enfermedad periodontal es un polipéptido que tiene al menos una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las secuencias de aminoácidos representadas por SEQ ID 1, 3, 5, 9, 15, 17, 19, 23, 31, 35, 37, 41, 43, 47, 63, 67, 141, 143, 145, 147, 151, 153 y 155. El polipéptido antigénico bacteriano causante de enfermedad periodontal es preferiblemente un polipéptido que tiene al menos una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las secuencias de aminoácidos representadas por SEQ ID 3, 5, 15, 19, 31, 41, 63 y 67. El método de la presente invención utiliza un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 151.

El método se puede llevar a cabo adecuadamente utilizando el kit de prueba para un título de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal del primer aspecto, preferiblemente la prueba de título de anticuerpos en plasma de bacteria causante de enfermedad periodontal.

Adicionalmente, también es posible someter a prueba el grado de progresión (gravedad) de una enfermedad periodontal basándose en el título de anticuerpos.

También se describe en la presente memoria un kit de tipificación para una cepa de *Porphyromonas gingivalis*. El kit permite la tipificación de cepas de *Porphyromonas gingivalis*, particularmente la cepa FDC381 y la cepa SU63, que existen en una muestra de sangre separada de un organismo humano para examinar si alguna de las cepas está presente o no en la muestra. El kit comprende un polipéptido que tiene al menos una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las secuencias de aminoácidos representadas por SEQ ID NO: 151, 153 y 155, y el polipéptido está codificado preferiblemente por al menos un polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en los polinucleótidos representados por SEQ ID NO: 152, 154 y 156.

Efecto de la invención

De acuerdo con la presente invención, es posible proporcionar un kit de prueba de enfermedad periodontal, que permita someter a prueba a alta velocidad y con una alta precisión una enfermedad periodontal. También es posible proporcionar un kit de prueba de enfermedad periodontal, que permita la prueba objetiva de una enfermedad periodontal sin depender del nivel de habilidad de los profesionales.

Adicionalmente, cuando el kit de prueba de enfermedad periodontal de la presente invención se utiliza ampliamente, se puede someter a prueba una enfermedad periodontal de manera unificada en clínicas dentales en todo el país. Adicionalmente, al elaborar una base de datos de los resultados de medición obtenidos en la prueba, es posible establecer o modificar los criterios de determinación o las pautas de tratamiento para las enfermedades

periodontales.

Además, el kit de prueba de enfermedad periodontal de la presente invención puede detectar un factor de riesgo para enfermedades cardiovasculares o cerebrovasculares.

Breve descripción de los dibujos.

La Fig. 1 ilustra las reacciones antígeno-anticuerpo entre las proteínas antigénicas bacterianas causantes de la enfermedad periodontal y los sueros humanos. A: una reacción antígeno-anticuerpo con sueros de sujetos sanos; y B y C: reacciones antígeno-anticuerpo con sueros de pacientes con enfermedad periodontal.

La Fig. 2 ilustra un patrón de electroforesis SDS-PAGE de una proteína antigénica de la cepa FDC381 de *Porphyromonas gingivalis* purificada groseramente utilizando una columna de anticuerpos. Calle A: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de sujeto sano; calle B: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de paciente 1, calle C: una proteína antigénica purificada groseramente de un suero de paciente 2.

La Fig. 3 ilustra las reacciones antígeno-anticuerpo entre una proteína antigénica de la cepa FDC381 purificada groseramente y los sueros. Calle A: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de sujeto sano, calle B: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de paciente 1, calle C: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de paciente 2.

La Fig. 4 ilustra un patrón de electroforesis SDS-PAGE de una proteína antigénica de la cepa SU63 de *Porphyromonas gingivalis* purificada groseramente utilizando una columna de anticuerpos. Calle A: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de sujeto sano, calle B: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de paciente 1, calle C: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de paciente 2.

La Fig. 5 ilustra las reacciones antígeno-anticuerpo entre una proteína antigénica de la cepa SU63 purificada groseramente y los sueros. Calle A: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de sujeto sano, calle B: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de paciente 1, calle C: una proteína antigénica purificada groseramente de una columna de suero de paciente 2.

La Fig. 6 ilustra los resultados de la búsqueda Mascot de proteínas antigénicas.

La Fig. 7 ilustra la información genética sobre proteínas antigénicas identificadas y los resultados de la selección de las mismas.

La Fig. 8 ilustra las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros y proteínas antigénicas sintéticas.

La Fig. 9 ilustra los valores de señal de las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros y proteínas antigénicas sintéticas.

La Fig. 10 ilustra los patrones de electroforesis de SDS-PAGE que muestran la estabilidad de las proteínas antigénicas sintéticas.

La Fig. 11 ilustra los valores de señal de las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros de sujetos sanos y proteínas antigénicas sintéticas.

La Fig. 12 ilustra los valores de señal de las reacciones antígeno-anticuerpo entre diversos sueros de pacientes y proteínas antigénicas.

La Fig. 13 ilustra el resumen de las reacciones antígeno-anticuerpo entre diversos sueros de pacientes y proteínas antigénicas.

La Fig. 14 ilustra la estabilidad y antigenicidad de los polipéptidos modificados.

La Fig. 15 ilustra las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros y proteínas antigénicas sintéticas.

La Fig. 16 ilustra los valores de señal de las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros y proteínas antigénicas sintéticas.

La Fig. 17 ilustra el resumen de las reacciones antígeno-anticuerpo entre diversos sueros y proteínas antigénicas.

La Fig. 18 ilustra valores promedio de señal y valores S/N de las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros de sujetos sanos y sueros de pacientes y proteínas antigénicas.

La Fig. 19 ilustra los valores de las curvas ROC y AUC determinados para valores de señal de sueros individuales contra diversas proteínas antigénicas.

La Fig. 20 ilustra las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros y diversas proteínas antigénicas (cepa SU63).

La Fig. 21 ilustra el resumen de las reacciones antígeno-anticuerpo entre sueros y proteínas antigénicas (cepa SU63).

Descripción detallada de las realizaciones preferidas

La presente invención se describe con más detalle con referencia a los ejemplos a continuación. Sin embargo, la presente invención no está limitada por los ejemplos.

A lo largo de todos los ejemplos, se utilizan la cepa FDC381 y la cepa SU63 de *Porphyromonas gingivalis* como

bacterias que causan enfermedades periodontales. La cepa FDC381 es comercializada por Summit Pharmaceuticals International Corporation, y la cepa SU63 está disponible en forma de cepa fimbriado tipo II o tipo IV.
Producción de una columna de anticuerpos

5 Cuando un ser humano se infecta con una bacteria periodontal, se produce en el organismo humano una variedad de anticuerpos contra el antígeno bacteriano causante de la enfermedad periodontal a través de una respuesta inmunitaria. Los antígenos reconocidos por los anticuerpos producidos varían dependiendo de la diferencia en las respuestas inmunitarias en los individuos.

10 Por lo tanto, se examina qué tipo de antígeno entre los componentes en una solución de preparación de antígenos bacterianos causantes de enfermedad periodontal es atacado por los anticuerpos, y se seleccionan los sueros para su uso en la purificación de más antígenos basándose en los resultados del examen.

Preparación de proteínas antigénicas

15 A una solución de preparación de antígeno (Institute of Immunology Co., Ltd., 200 µg de proteína equivalente), que se había preparado mediante la desorganización de las células de *Porphyromonas gingivalis* (cepa FDC381 y cepa SU63) con ondas ultrasónicas y sometiendo a continuación a ultracentrifugación para recoger una fracción sobrenadante, se le añadió solución salina tamponada con fosfato (PBS) para preparar una solución que tenía un
20 volumen de 270 µl. Se añadió ácido tricloroacético a la solución, la mezcla resultante se dejó reposar en hielo y a continuación se centrifugó a baja temperatura, y a continuación se retiró el sobrenadante de la misma. Se añadió etanol helado a un producto precipitado para lavarlo, la solución resultante se centrifugó nuevamente a baja temperatura y a continuación se retiró el sobrenadante de la misma. El procedimiento mencionado anteriormente se repitió dos veces. El producto precipitado se secó al aire y a continuación se añadieron 120 µl de PBS que contenía
25 dodecil sulfato de sodio (SDS) al 0,06% para disolver el producto precipitado. De esta manera, se preparó una solución de proteína antigénica para cada una de las cepas.

Cuantificación de proteínas antigénicas

30 En cada uno de los pocillos de una placa de 96 pocillos se le añadió a cada uno de los patrones preparados (concentraciones: 1.000, 500, 250, 125, 62,5 o 31,25 ng/µl) (25 µl), una solución de proteína antigénica diluida con PBS (25 µl) como control y a continuación se añadió a cada pocillo una solución de trabajo de proteína (una mezcla de Thermo scientific, Reactivo A:B = 50:1) (200 µl). Con posterioridad, la solución de reacción se agitó con un agitador orbital y a continuación se incubó en una unidad con temperatura-humedad constante a 37°C durante 30
35 minutos. Posteriormente, se midió una absorbancia a 577 nm utilizando un lector de placas (Intermed, NJ2000). De esta manera, se cuantificaron las proteínas antigénicas recogidas.

Electroforesis SDS-PAGE

40 Cada una de las proteínas antigénicas de la bacteria *P. gingivalis* (cepa FDC381 y cepa SU63) cuantificada se preparó en una solución con una concentración de proteína de 400 ng/µl utilizando un tampón de muestra (Invitrogen). La muestra preparada se desnaturizó térmicamente y a continuación se sometió a electroforesis SDS-PAGE (una solución de proteína: 5 µl).

45 Un gel que se había sometido a electroforesis en SDS-PAGE se sometió a transferencia sobre una membrana de poli(fluoruro de vinilideno) (una membrana de PVDF) utilizando un sistema de transferencia en seco iBlot (Invitrogen).

Después de transferirla sobre la membrana de PVDF, la disposición sometida a electroforesis (un marcador de peso molecular, cepa FDC381, cepa SU63) se escindió como un solo conjunto. Se sometió un conjunto de hendiduras escindidas a tinción de Ponceau para confirmar la aparición de transferencia de proteínas. Las hendiduras restantes se colocaron en un tubo Falcon y a continuación se sumergieron en una solución de bloqueo (solución salina tamponada con Tris (abreviada como "TBS", en adelante) que contenía 3% de leche desnatada y un 0,1% de Tween 20).

55 Reacción antígeno-anticuerpo utilizando suero

Después de retirar la solución de bloqueo de la hendidura bloqueada, se aplicó a la hendidura una solución de reacción de suero (una solución preparada añadiendo 8 µl de un suero recogido de un sujeto sano o un paciente con enfermedad periodontal a 20 ml de TBS que contenía un 3% de leche desnatada), y la solución resultante se agitó a temperatura ambiente. Posteriormente, la hendidura se lavó con TBS que contenía 0,05% de Tween 20. Después del lavado, se añadió a la hendidura una solución de reacción de anticuerpo anti-IgG humana de cabra conjugada con peroxidasa de rábano picante diluida 5.000 veces (una solución preparada añadiendo un anti-anticuerpo secundario humano (CHEMICON) a TBS que contenía 3% de leche desnatada), y el producto resultante se agitó a

temperatura ambiente. Posteriormente, la hendidura se lavó con TBS que contenía 0,05% de Tween 20. Después del lavado, la hendidura se sumergió en TBS que contenía 0,61 mg/mL de 4-metoxi-1-naftol y 0,018% de peróxido de hidrógeno acuoso, se confirmó el desarrollo de un color y la hendidura se lavó con agua purificada y a continuación se secó.

Los resultados de las reacciones entre las proteínas antigénicas y los sueros humanos se muestran en la Fig. 1.

Casi no se observó señal en la reacción antígeno-anticuerpo con los sueros de sujetos sanos (Fig. 1A: sueros de sujetos normales).

Por otro lado, se observaron señales claras en la reacción antígeno-anticuerpo con sueros de pacientes con enfermedad periodontal, y los patrones de las señales fueron diversos (Fig. 1B y 1C). Las diversas señales observadas en la reacción antígeno-anticuerpo con sueros de pacientes se podrían clasificar groseramente en dos grupos, es decir, señales que tienen bandas claras (Fig. 1B) y señales que muestran frotis totalmente extendidos (Fig. 1C). Los diversos patrones de reacción antígeno-anticuerpo se forman debido a la diferencia en los tamaños y la especificidad para las cepas.

Se observó que las señales que tenían los tamaños mencionados a continuación eran específicamente fuertes en muchos de los sueros de pacientes.

46 kDa (proteínas antigénicas de la cepa FDC381 y la cepa SU63)
25 a 37 kDa (proteínas antigénicas de la cepa FDC381 y la cepa SU63)
100 a 110 kDa (proteínas antigénicas de la cepa FDC381 y la cepa SU63)
57 kDa (una proteína antigénica de la cepa SU63)
150 a 250 kDa (una proteína antigénica de la cepa SU63)

Al revisar los resultados de las reacciones antígeno-anticuerpo utilizando sueros de pacientes con enfermedad periodontal, se observaron groseramente dos tipos de patrones de señal (bandas claras y frotis totalmente extendidos), y se formaron varios patrones de reacción antígeno-anticuerpo dependiendo de las combinaciones (tamaños, tipos de cepas) de los antígenos. Es decir, se demostró que los anticuerpos producidos en personas infectadas con bacterias *P. gingivalis* eran variados y hubo casos en los que algunas proteínas se reconocieron como proteínas antigénicas en algunos sueros, pero no se reconocieron en absoluto en los otros sueros. Este hecho coincide con un informe de que los anticuerpos contenidos en los sueros de pacientes con enfermedad periodontal variada utilizan una variedad de proteínas como antígeno de los mismos. Por lo tanto, se demostró que, para medir la infección con bacterias *P. gingivalis* empleando títulos de anticuerpos, se necesitaban varias proteínas antigénicas de prueba.

Adicionalmente, se considera que, cuando se utiliza en la prueba una proteína antigénica que es común entre la cepa FDC381 y la cepa SU63, es difícil identificar las cepas. Por otro lado, cuando solamente se utiliza una proteína antigénica específica para una cepa en la prueba, si se obtienen resultados positivos, se sospecha que se puede producir una infección con la cepa.

Aunque los patrones de reacción antígeno-anticuerpo observados en los sueros de los pacientes fueron diversos, no se observaron diferencias significativas en los patrones entre los sueros de los pacientes de primera visita (FV) y los sueros de los pacientes de mantenimiento (SPT). Por lo tanto, se identificaron proteínas antigénicas que mostraban señales fuertes en los sueros de pacientes y se hicieron candidatas para los antígenos que se iban a utilizar en la prueba.

Como se muestra en los resultados, se menciona un grupo de proteínas antigénicas de 46 kDa, 25 a 37 kDa, 100 a 110 kDa, 57 kDa y 150 a 250 kDa como la banda que muestra señales fuertes contra muchos sueros de pacientes. A continuación, se determinó la presencia de antigenicidad del grupo de proteínas contra sueros de varios pacientes. Los resultados se muestran en la Tabla 1.

Reacciones de los sueros de pacientes contra grupos de proteínas antigénicas,									
			Título de anticuerpos en plasma		Antígeno común			Antígeno específico de SU63	
		Número de suero del paciente	FDC381:	SU63:	46 kDa	25-37 kDa	100-110 kDa	57 kDa	150-250 kDa
		7056	7,36	0,1	○				
		7457	6,18	0,6	○	○	○		○
		6991	4,43	0,9				○	

ES 2 693 243 T3

Reacciones de los sueros de pacientes contra grupos de proteínas antigénicas,									
			Título de anticuerpos en plasma		Antígeno común			Antígeno específico de SU63	
		Número de suero del paciente	FDC381:	SU63:	46 kDa	25-37 kDa	100-110 kDa	57 kDa	150-250 kDa
		7492	3,76	0,59	○		○		○
	381 ≥ 1	6809	3,35	0,9		○	○	○	
	SU <1	6816	1,89	0,76	○				
		7125	1,89	0,09	○	○	○		○
		7500	1,87	0,93		○	○		○
		7107	1,8	0,06		○	○		○
		7835	1,64	0,19	○				
		7350	5,45	10,18	○				
		7523	15,11	9,08		○	○		○
		7524	44,9	7,35		○	○	○	○
		6921	7,55	5,07	○		○	○	
	381 ≥ 1	6896	4,36	4,37		○	○		○
FV	SU ≥ 1	6975	7,98	4,31	○	○	○	○	○
		6923	5,2	4,11	○	○	○	○	
		7393	15,2	4,07	○	○			○
		6926	5,63	3,61	○			○	
		7495	11,38	2,61			○	○	
		6817	0,11	1,32		○			
		6820	0,68	2,01	○		○		○
		6828	0,55	1,97					
		6855	0,58	1,03		○	○		
		6863	-0,32	2,2	○				
	381 < 1	6867	0,93	1,46	○			○	
	SU ≥ 1	6874	0,03	2,83	○		○	○	
		6881	0,66	1,4	○	○	○		
		6889	0,28	2,23	○	○	○		
		6904	0,88	1,51	○				
		6935	0,63	1,31	○				
		6968	0,08	1,93	○	○			○
		7082	133,77	39,79	○	○	○		
		6918	30,24	6,71	○	○	○	○	
		6870	13,32	5,85	○	○	○	○	
		6980	13,36	5,52	○	○	○		○
	381 ≥ 1	6872	6,19	4,66	○		○	○	
	SU ≥ 1	7001	3,77	3,32	○	○	○		○
		6802	1,16	3,05	○	○	○		

Reacciones de los sueros de pacientes contra grupos de proteínas antigénicas,									
			Título de anticuerpos en plasma		Antígeno común			Antígeno específico de SU63	
		Número de suero del paciente	FDC381:	SU63:	46 kDa	25-37 kDa	100-110 kDa	57 kDa	150-250 kDa
		7268	23,57	2,87	○	○	○	○	
SPT		7004	1,54	2,31		○	○		○
		6823	4,57	0,44		○	○		
		7234	3,25	0,63	○		○	○	
		7230	3,22	0,87	○		○		
	381 ≥ 1	7381	3,22	0,09	○	○	○	○	
	SU <1	7210	1,74	0,32	○	○	○	○	
		7253	1,57	-0,19	○				○
		7263	1,49	0,07				○	
		7135	1,49	0,14	○	○	○		

Como se desprende de la Tabla 1, se demostró que, cuando se utilizaban combinaciones de estos cinco tipos de grupos de proteínas antigénicas, era posible confirmar la presencia de un anticuerpo contra una bacteria *P. gingivalis* en todos los sueros de pacientes y se podían abarcar las pruebas de pacientes con enfermedad periodontal amplia.

Selección de sueros que se van a utilizar en la producción de la columna de inmunoafinidad

A continuación, con el fin de purificar los cinco tipos de grupos de proteínas antigénicas utilizando una columna de inmunoafinidad, se seleccionaron los sueros que se iban a utilizar para la producción de la columna. En esta selección, se utilizaron dos tipos de reservas de suero de pacientes para la producción de la columna de anticuerpos, teniendo en cuenta los patrones de reacción antígeno-anticuerpo y las mediciones de títulos de anticuerpos en plasma en sueros de pacientes. Es decir, las reservas de suero Núm. 7350, Núm. 6921 y Núm. 6870, que mostraban bandas claras contra los antígenos diana y tenían altos títulos de anticuerpos en plasma, se utilizaron para la producción de la columna de anticuerpos para la purificación de grupos de proteínas antigénicas de 46 kDa (cepa FDC381 y cepa SU63) y 57 kDa (cepa SU63). Por otro lado, las reservas de suero Núm. 7107, Núm. 7523 y Núm. 6980, que mostraban patrones de bandas similares a frotis totalmente dispersos, pero mostraban señales fuertes contra los antígenos diana y tenían títulos de anticuerpos en plasma elevados, se utilizaron para la producción de la columna de anticuerpos para purificar grupos de proteínas antigénicas de 25 a 37 kDa (cepa FDC381 y cepa SU63), 100 a 110 kDa (cepa FDC381 y cepa SU63) y 150 a 250 kDa (cepa SU63). Como controles con fines comparativos, se utilizaron reservas de suero de sujetos sanos NAI, TOM y KOB en la producción de la columna de anticuerpos para purificar proteínas antigénicas de sujetos sanos.

Por otro lado, en cuanto a las proteínas antigénicas que se van a utilizar en la prueba de titulación de anticuerpos en plasma, se seleccionaron cinco tipos de grupos de proteínas antigénicas (46 kDa, 25 a 37 kDa, de 100 a 110 kDa, 57 kDa y de 150 a 250 kDa). Con el fin de purificar los cinco tipos de grupos de proteínas antigénicas utilizando columnas de inmunoafinidad, se produjeron tres tipos de columnas. Es decir, se produjeron la columna A: una columna de suero de sujeto sano (ligandos de suero NAI, TOM y KOB), la columna B: una columna para purificar una banda clara (ligandos de suero Núm. 7350, Núm. 6921 y Núm. 6870) y la columna C: una columna para purificar una banda de tipo frotis (ligandos de suero Núm. 7107, Núm. 7523 y Núm. 6980).

Purificación de proteínas antigénicas mediante columnas de inmunoafinidad

Para identificar las proteínas antigénicas seleccionadas, es necesario purificar las proteínas antigénicas a partir de soluciones de preparación de antígenos. Después, se produjeron columnas de anticuerpos utilizando los sueros seleccionados y se purificaron las proteínas antigénicas.

Las columnas de inmunoafinidad se produjeron de acuerdo con el método mencionado a continuación, basado en Masato OKADA y Kaori MIYAZAKI ed., "Experiment note of proteins (segundo volumen)", Yodosha, pág. 131-136 (1990) y Kiyoshi TAKATSU et al., Ed., "Antibody experiment manual for study of proteins", Yodosha, pág. 53-61 (2005).

A suero de un paciente con enfermedad periodontal o suero de un sujeto sano (1,5 ml) (cada suero: 500 µl x 3 muestras) se le añadieron un tampón de unión de anticuerpo (un tampón de tartrato 50 mM, NaCl 3 M, pH 9,0) (2,5 ml) y cloruro de sodio (0,26 g), y a continuación se mezclaron, preparando de ese modo una solución de reacción de anticuerpos.

Por otro lado, la proteína G sefarosa (GE Healthcare) se añadió a una columna Econo-PACK (BIO-RAD) y se lavó con agua ultrapura y a continuación con un tampón de unión a anticuerpos. La totalidad de la solución de reacción de anticuerpo preparada se añadió a la columna, la columna se cerró herméticamente y a continuación la solución se agitó utilizando un rotor. Después de agitar, la solución de reacción de anticuerpo se eliminó, y a continuación la columna se lavó con un tampón de unión al anticuerpo (un tampón de tartrato 50 mM, NaCl 3 M, pH 9,0).

Se disolvió un entrecruzador BS3 (PIERCE) (100 mg) en una solución de entrecruzador (trietanolamina-HCl 0,2 M, pH 8,0) (6,8 ml) y la solución resultante se dispensó en tres columnas (una columna de suero de sujeto sano) y dos columnas de suero de paciente) y a continuación se agitó a temperatura ambiente utilizando un rotor.

Después de la eliminación de la solución de entrecruzador de la columna, la columna se lavó con una solución de bloqueo (etanolamina-HCl 0,2 M, pH 8,0). La columna se cerró herméticamente y a continuación se añadió la solución de bloqueo a la columna y se agitó a temperatura ambiente utilizando un rotor. Con posterioridad, se eliminó la solución de bloqueo, después se lavó la columna con una solución de elución (glicina-HCl 0,1 M, pH 2,8) y a continuación con Tris-HCl 50 mM (pH 7,5) y a continuación se añadió a la columna Tris-HCl 50 mM. (pH 7,5) y se almacenó (columnas de inmutafinidad A, B y C).

Preparación de muestras de proteínas antigénicas

Se preparó una solución (270 µl) añadiendo PBS a una solución de preparación de antígeno de la bacteria *P. gingivalis* (cepa FDC381 y cepa SU63) (Institute of Special Immunity Co. Ltd., 200 µg de proteína equivalente). Se añadió ácido tricloroacético a la solución, y la solución resultante se dejó reposar en hielo y a continuación se centrifugó a baja temperatura para eliminar el sobrenadante. Se añadió más etanol enfriado con hielo a la solución resultante para lavar el producto precipitado, y a continuación la solución resultante se centrifugó nuevamente a baja temperatura para eliminar el sobrenadante. El procedimiento mencionado anteriormente se repitió tres veces.

Después de secar al aire el producto precipitado, se añadió PBS (200 µl) que contenía 0,06% de SDS para disolver el producto precipitado. Posteriormente, se combinaron las soluciones de proteína para cada una de las cepas. Se añadió PBS (que contenía 0,01% de Brij-35 y 0,2% de CHAPS) en el mismo volumen que se añadió la solución de proteína combinada a la solución de proteína combinada para disolver el producto precipitado, preparando de ese modo muestras de proteína antigénica para cada una de las cepas.

Cuantificación de proteínas antigénicas

A cada pocillo de una placa de 96 pocillos se le añadieron cada uno de los patrones preparados (concentraciones: 1.000, 500, 250, 125, 62,5 y 31,25 ng/µl) (25 µl), una muestra de proteína antigénica diluida con PBS (25 µl) y PBS (25 µl) como control, y a continuación se le añadió a cada pocillo a una solución de trabajo de proteínas (una mezcla de Thermo scientific, Reactivo A:B = 50:1) (200 µl). Con posterioridad, la solución de reacción se agitó con un agitador orbital y a continuación se incubó en una unidad de temperatura-humedad constante a 37°C durante 30 minutos. Posteriormente, se midió la absorbancia a 577 nm utilizando un lector de placas (Intermed, NJ2000). De esta manera, se cuantificaron las proteínas antigénicas en las muestras.

Purificación de proteínas antigénicas mediante columnas de inmutafinidad

Se aplicó una muestra de proteína antigénica (aproximadamente 133 µg/1,5 ml) a cada una de las columnas de inmutafinidad equilibradas con PBS (A, B y C) (la composición del tampón para la muestra: PBS que contenía SDS al 0,03%, Brij-35 al 0,005% y CHAPS al 0,2% (Dojin Laboratories). La columna se agitó utilizando un rotor a temperatura ambiente, se recogió un flujo continuo y se almacenó como muestra. Se añadió a la columna un tampón de lavado (Brij-35 al 0,005%, CHAPS al 0,1%, Tris-HCl 20 mM y NaCl 500 mM, pH 7,5) a la columna y a continuación se agitó la columna utilizando un rotor a temperatura ambiente para lavar la columna. Después de agitar, se recogió un flujo continuo y se almacenó como muestra. Este procedimiento se repitió tres veces.

Después de lavar la columna con agua ultrapura, se añadió tampón de elución (ácido trifluoroacético al 0,05%) (5 ml) dos veces y se recogió una solución de proteína eluida y se liofilizó.

Electroforesis SDS-PAGE

Una porción de la muestra de proteína antigénica, un flujo continuo obtenido en cada etapa y la proteína eluida se separaron y a continuación se preparó en un tampón de muestra que contenía mercaptoetanol a una concentración

final de 5%.

La muestra preparada se desnaturalizó térmicamente y a continuación se sometió a electroforesis en SDS-PAGE (10 µl para la tinción de CBB, 5 µl para la reacción antígeno-anticuerpo).

Un gel que se había sometido a electroforesis en SDS-PAGE se lavó con agua destilada, después se sumergió en una solución de tinción de CBB y se agitó a temperatura ambiente. Posteriormente, el gel se lavó con agua destilada hasta que se pudieron observar claramente las bandas.

El gel que se había sometido a electroforesis en SDS-PAGE también se sometió a transferencia sobre una membrana de PVDF utilizando un sistema de transferencia en seco iBlot (Invitrogen).

Después de transferirla a la membrana de PVDF, se escindió la disposición como un conjunto y a continuación se sumergió en una solución de bloqueo (TBS que contenía 3% de leche desnatada y 0,1% de Tween 20).

Reacciones antígeno-anticuerpo utilizando sueros

Con respecto a la hendidura que se había sometido a bloqueo, la solución de bloqueo se eliminó de la misma, a continuación se añadió una solución de reacción sérica (una solución preparada añadiendo 8 µl de un suero a 20 ml de TBS que contenía 3% de leche desnatada) a la hendidura y el producto resultante se agitó a temperatura ambiente. Los conjuntos de sueros añadidos son los siguientes.

Conjunto A (sueros de sujetos sanos): NAI, TOM, KOB

Conjunto B (sueros de paciente 1): Núm. 7350, Núm. 6921

Conjunto C (sueros de paciente 2): Núm. 7107, Núm. 7523, Núm. 6980

La hendidura se lavó con TBS que contenía 0,05% de Tween 20, a esto se le añadió una solución de reacción de antianticuerpo secundario humano de oveja conjugado con peroxidasa de rábano picante diluida 5.000 veces (una solución preparada mediante la adición de un anticuerpo secundario humano (CHEMICON) a un TBS que contenía 3% de leche desnatada), y el producto resultante se agitó a temperatura ambiente.

Con posterioridad, la hendidura se lavó con TBS que contenía 0,05% de Tween 20, la hendidura se sumergió en una solución de desarrollo de color (TBS que contenía 0,61 mg/ml de 4-metoxi-1-naftol y 0,018% de peróxido de hidrógeno acuoso), y se confirmó el desarrollo de color en la hendidura y a continuación la hendidura se lavó con agua purificada y se secó.

Purificación de la proteína antigénica de la cepa FDC381

Los patrones de electroforesis en SDS-PAGE de las proteínas antigénicas purificadas de las columnas se muestran en la Fig. 2.

Se confirmó el flujo continuo obtenido después de la aplicación de las muestras de proteína antigénica sobre columnas de inmunoafinidad, y no se observó ninguna diferencia significativa entre una columna de suero del sujeto sano y las columnas de suero de los pacientes. Sin embargo, cuando se observaron las proteínas purificadas, las proteínas purificadas de las columnas de suero de los pacientes aparentemente mostraron señales más fuertes en la tinción de CBB (Fig. 2, calles B y C) en comparación con una proteína purificada de la columna de suero del sujeto sano (Fig. 2, calle A). Concretamente, una banda que tenía un tamaño de aproximadamente 50 kDa mostró una señal significativamente fuerte en las columnas de suero de los pacientes. Una banda que tenía un tamaño superior a 25 kDa también mostró una fuerte señal en los sueros de los pacientes (Fig. 2, calles B y C).

Purificación de la proteína antigénica de la cepa SU63

En la Fig. 4 se muestran los patrones de electroforesis en SDS-PAGE de las proteínas antigénicas purificadas de las columnas.

Cuando se observaron las proteínas purificadas después de la aplicación de las muestras de proteínas antigénicas en columnas de inmunoafinidad, las proteínas antigénicas purificadas de las columnas de suero de los pacientes aparentemente mostraron señales más fuertes en la tinción de CBB (Fig. 4, calles B y C) en comparación con una proteína antigénica purificada de la columna de suero del sujeto sano (Fig. 4, calle A), aunque no fue tan clara como en el caso de la cepa FDC381. Se observó una diferencia particularmente significativa entre una banda que tenía un tamaño ligeramente mayor de 25 kDa y una banda que tenía un tamaño ligeramente mayor de 50 kDa. Una señal fuerte observada en la purificación de la cepa FDC381 también tendió a mostrar una señal fuerte en la purificación de la cepa SU63 (Fig. 4).

Reacciones antígeno-anticuerpo de proteínas antigénicas.

Los resultados de las reacciones antígeno-anticuerpo de las proteínas antigénicas de la cepa FDC381 y la cepa SU63 que se sometieron a electroforesis en SDS-PAGE se muestran en la Fig. 3 y la Fig. 5, respectivamente.

El conjunto de suero A (sueros de sujetos sanos) reaccionó con proteínas que tenían cada una un elevado peso molecular, pero apenas con proteínas de 150 kDa o menos entre cualquiera de las proteínas antigénicas eluidas de la columna de suero del sujeto sano y las columnas de suero de los pacientes (Figs. 3 y 5).

Por otro lado, el conjunto de suero B (los sueros de paciente 1; un grupo de sueros utilizados en la producción de la columna B) reaccionó fuertemente con las proteínas antigénicas eluidas de las columnas de suero del paciente (Figs. 3 y 5, calles B y C de los "sueros de paciente 1"). Téngase en cuenta que se observaron señales más fuertes en las proteínas eluidas de la columna de suero del paciente (columna B).

De un modo similar al conjunto de suero B, el conjunto de suero C (los sueros de paciente 2; un grupo de sueros utilizados para la producción de la columna C) también reaccionaron fuertemente con las proteínas eluidas de las columnas de suero del paciente (Figs. 3 y 5, calles B y C de los "sueros de paciente 2"). Por otro lado, el conjunto de suero C reaccionó relativamente también con las proteínas eluidas de la columna de suero del sujeto sano (Figs. 3 y 5, calle A de los "sueros de paciente 2"). Téngase en cuenta que se observaron señales más fuertes en las proteínas eluidas de la columna de suero del paciente (columna C).

Cuando se observaron las proteínas eluidas de las columnas de inmunoafinidad, el número de proteínas eluidas de las columnas de suero del paciente fue aparentemente mayor en comparación con el de las proteínas eluidas de la columna de suero del sujeto sano. Se considera que esto se debe a que muchos anticuerpos contra la bacteria *P. gingivalis* se unieron a la proteína G seferosa en cada una de las columnas de suero del paciente, y un mayor número de anticuerpos se pudo unir a las proteínas antigénicas de la bacteria *P. gingivalis* durante el procedimiento de purificación utilizando las mismas para ser purificadas.

A partir de lo anterior, los candidatos para las proteínas antigénicas se seleccionaron comparando las proteínas purificadas utilizando la columna de suero del sujeto sano con las proteínas purificadas utilizando las columnas de suero de paciente.

Como resultado de la comparación entre las proteínas antigénicas purificadas, se encontró que las proteínas antigénicas mostradas en la Tabla 1 como candidatas, cada una de las cuales contenía un antígeno común (46 kDa, de 25 a 37 kDa y de 100 a 110 kDa), estaban contenidas en cantidades mayores en las proteínas purificadas de las columnas de suero de paciente que en las proteínas purificadas de la columna de suero del sujeto sano. Por lo tanto, es posible seleccionarlas como candidatos para proteínas antigénicas que se podrían utilizar en el kit de prueba dilucidando las constituciones completas de las proteínas purificadas y comparando ambas proteínas. A continuación, todas las proteínas que constituyen cada una de las proteínas purificadas se sometieron a espectrometría de masas y se identificaron.

Espectrometría de masas

De la misma manera que se mencionó anteriormente, se separó una proteína antigénica purificada groseramente sometiéndola a electroforesis en SDS-PAGE, las tres calles de cada una de las bandas de una proteína eluida teñida con CBB (columnas A, B y C) se escindieron en una masa. El gel escindido se colocó en un tubo Falcon, se añadió agua ultrapura (200 µl) y la solución resultante se sometió a espectrometría de masas como se menciona a continuación.

Preparación de muestras para espectrometría de masas

La muestra preparada se digirió con proteínas utilizando la estación de trabajo ProGest (Genomic Solutions), se redujo con ditioneitol a 60°C y a continuación se enfrió a temperatura ambiente. Con posterioridad, el producto resultante fue alquilado con yodoacetamida. El producto alquilado se incubó a 37°C durante 4 horas en presencia de tripsina, y se añadió ácido fórmico a la solución para terminar la reacción. Se utilizó un sobrenadante obtenido después de la terminación de la reacción como muestra para el análisis.

LC/MS/MS

La muestra preparada se sometió a un análisis nano-LC/MS/MS utilizando ThermoFisher LTQ Orbitrap XL.

Se aplicó un producto de hidrólisis (30 µl) sobre una columna purgada ID C12 (Jupiter Proteo, Phenomenex) con un tamaño de 5 mm x 75 µm. El gradiente de elución se llevó a cabo a 300 nl/min en una columna ID C12 con un tamaño de 15 cm x 75 µm.

Con respecto al MS/MS, el análisis se llevó a cabo utilizando un espectrómetro de masas que se hizo funcionar en

un modo dependiente de los datos, los seis iones más abundantes. El barrido Orbitrap MS se llevó a cabo a una resolución FWHM de 60000.

Los datos de MS/MS se buscaron utilizando una copia local de Mascot (www.matrixscience.com).

Los parámetros para la búsqueda de LC/MS/MS se establecieron de la siguiente manera.

Tipo de búsqueda: búsqueda de iones MS/MS

Clasificación: bacterias enteras o especies de organismos enteros.

Enzima: tripsina

Modificación por defecto: carbamidometilación

Modificación variable: oxidación, acetilación, piroglutamilación y desamidación.

Valor de masa: monoisotópico

Masa de proteína: no limitada

Tolerancia de masa del péptido: ± 10 ppm (Orbitrap)

Tolerancia de masa del fragmento: $\pm 0,5$ dalton (LTQ)

Valor máximo de corte de error: 2

Armazón

Se procesó una muestra en el algoritmo Scaffold (www.proteomesoftware.com) utilizando un archivo DAT creado por Mascot. El parámetro de datos LTQ Orbitrap XL había identificado una proteína que coincidía con dos o más péptidos.

Los resultados se muestran en la Fig. 6.

Cepa FDC381

Con respecto a las tres muestras analizadas (A a C; A: una columna de suero de sujeto sano, B: una columna de suero de paciente 1, C: una columna de suero de paciente 2), la búsqueda con Mascot se llevó a cabo en toda la bacteria. Como resultado, se identificaron 28 tipos en total de proteínas (Fig. 6, izquierda). Entre las proteínas identificadas, cada una de las proteínas de los Núm. 9, 17 y 18 era parte de un anticuerpo IgG. Entre los 28 tipos de proteínas, se identificaron 15 tipos solamente en los grupos de proteínas purificadas de las columnas de suero del paciente (B y C). Por otro lado, los otros 10 tipos de proteínas se observaron también en los grupos de proteínas purificadas de la columna de suero del sujeto sano (A), pero el número de recuentos espectrales fue alto en los grupos de proteínas purificadas de las columnas de suero del paciente (B y C).

Cepa SU63

Con respecto a las tres muestras analizadas (A a C), la búsqueda con Mascot se realizó en toda la bacteria. Como resultado, se identificaron 28 tipos en total de proteínas (Fig. 6, derecha). Entre las proteínas identificadas, cada una de las proteínas de los Núm. 8 y 12 era parte de un anticuerpo IgG. Entre los 28 tipos de proteínas, se identificaron 20 tipos solamente en los grupos de proteínas purificadas de las columnas de suero del paciente (B y C). Por otro lado, también se observaron 5 tipos de proteínas en los grupos de proteínas purificadas de la columna de suero del sujeto sano (A), pero el número de recuentos espectrales fue alto en los grupos de proteínas purificadas de las columnas de suero del paciente (B y C). La proteína del Núm. 22 se identificó solamente en la columna de suero del sujeto sano (A).

Al revisar los resultados obtenidos esta vez, tanto en la cepa FDC381 como en la cepa SU63, el número de tipos y la cantidad juntos fueron aparentemente mayores en los grupos de proteínas eluidas de las columnas de suero del paciente que en los grupos de proteínas eluidas de la columna de suero del sujeto sano. Este hecho sugiere que las proteínas antigénicas mantenidas en anticuerpos en los sueros de pacientes se purificaron mediante un método de columna de inmunoafinidad. Entre las proteínas identificadas, se incluyeron las proteínas que ya habían sido referidas como antígenos. A partir de este hecho, se sugiere que las proteínas producidas por la purificación empleando el método de la columna de inmunoafinidad en este tiempo también son muy probablemente proteínas antigénicas.

Selección de proteínas sintetizadas

Se organizaron las proteínas observadas en los dos momentos de identificación de la proteína antigénica y se seleccionaron las proteínas que se sintetizarían realmente.

Para las proteínas que se han identificado, las proteínas que se han identificado en ambas cepas basándose en los números de acceso se describieron como la misma línea, se examinó la información genética de las proteínas para determinar si la función era conocida o no y si la antigenicidad era conocida o no, y se clasificaron las proteínas (Fig.

7).

Con respecto a la cuestión de si las proteínas eran o no específicas para los pacientes, un caso en el que el recuento del espectro de una proteína que se había identificado en la columna del sujeto sano era aparentemente alto se determinó como "x", un caso en el que el recuento del espectro de una proteína que se había identificado en la columna del sujeto sano y el recuento del espectro de una proteína que se había identificado en la columna del paciente fueron casi iguales, se determinó como "Δ", y un caso en el que el recuento del espectro de una proteína que se había identificado en la columna del paciente aparentemente alto se determinó como "○" (selección primaria). Además, con el fin de determinar si las proteínas eran o no específicas para la bacteria *P. gingivalis*, se examinaron proteínas que tienen una alta homología basándose en las secuencias de nucleótidos. Una proteína con una ligera homología con otras especies bacterianas se identificó como "Δ", una proteína con una alta homología con otras especies bacterianas se determinó como "x" y una proteína con una baja homología y que era específica de la bacteria *P. gingivalis* se determinó como "○" (selección secundaria).

Se organizaron proteínas identificadas realizando espectrometría de masas dos veces. Como resultado, se identificaron 37 tipos en total de proteínas como proteínas antigénicas candidatas. Como resultado del solapamiento de secuencias de aminoácidos, la selección primaria y la selección secundaria, las proteínas que cumplían con todos los requisitos eran 13 tipos en total de proteínas, es decir, proteínas de los Núm. 3, 4, 6, 9, 10, 15, 16, 19, 24, 26, 37, 32 y 37.

Se pensó seleccionar proteínas específicas para los pacientes y específicas de las bacterias *P. gingivalis* a través de la selección primaria y la selección secundaria. Sin embargo, la selección de proteínas candidatas en esta fase podría causar la pérdida de proteínas antigénicas disponibles. Por ejemplo, en el caso de una proteína que no se selecciona debido a su no especificidad para el paciente, si la proteína tiene un título de anticuerpos satisfactoriamente más alto que contra los pacientes que contra sujetos sanos, la proteína es una proteína que se puede utilizar como antígeno de prueba. Por lo tanto, se consideró que la pérdida de proteínas antigénicas candidatas se podría evitar mejor cuando se evaluaba la antigenicidad de las proteínas realmente sintetizadas.

A continuación, se llevó a cabo la síntesis de proteínas utilizando, como candidatos, 31 tipos en total de proteínas, distintas de las proteínas Núm. 1, 17, 18, 25, 30 y 31, de las cuales las secuencias de aminoácidos se solapaban, entre 37 tipos en total de proteínas que habían sido identificadas por espectrometría de masas.+++

Síntesis de proteínas y evaluación de la antigenicidad de proteínas sintetizadas

Con el fin de evaluar si los 31 tipos de proteínas candidatas mostraban o no antigenicidad, se sintetizaron las proteínas y la antigenicidad de las proteínas sintetizadas se evaluó posteriormente utilizando sueros de sujetos sanos y sueros de pacientes.

La información genética sobre cada una de las proteínas de interés se obtuvo de una base de datos (información de proteínas antigénicas), los genes deseados se amplificaron a partir del ADN genómico de una cepa de la bacteria *P. gingivalis* utilizando los pares de cebadores sintetizados representados por SEQ ID NO: 71 a 132 en la Lista de secuencias y se clonaron en ADN plasmídico (un vector pDONR) utilizando un sistema Gateway (Invitrogen).

Con posterioridad, el ADN del vector pDONR en el que se había clonado cada uno de los genes se trató con un enzima de restricción y a continuación se ligó a un vector de expresión de proteínas (CellFree Sciences Co., Ltd.: un vector pEu) que se había tratado con la misma enzima de restricción. Se introdujo un producto de ligación en una célula de *Escherichia coli* (*E. coli*) por transformación. Posteriormente, se seleccionó un clon que tenía el gen introducido.

El ADN plasmídico se recogió del clon seleccionado y a continuación se sometió a análisis de secuencia. Con respecto a un clon en el que no se reconoció ninguna mutación significativa a partir de los resultados del análisis de secuencia, se preparó una gran cantidad de plásmido, se sintetizó una proteína utilizando un sistema de síntesis de proteínas libre de células de germen de trigo, y la proteína resultante se purificó utilizando una etiqueta GST.

Se intentó llevar a cabo una síntesis de proteínas in vitro con respecto a los 31 tipos de genes. Sin embargo, por lo que se refiere al Núm. 33, no se logró la clonación en el vector de expresión de proteínas; y por lo que se refiere al Núm. 5, no se logró la síntesis de proteínas o la cantidad de proteína sintetizada fue extremadamente pequeña. Por lo tanto, la antigenicidad se evaluó en los 29 tipos restantes de proteínas. Para la evaluación de la antigenicidad con respecto a las proteínas sintetizadas, se llevó a cabo un análisis de transferencia puntual.

Transferencia puntual

Se sometieron 29 tipos de proteínas antigénicas a transferencia puntual. La cantidad de cada una de las proteínas antigénicas se ajustó a 50 ng, se produjeron cuatro conjuntos de transferencias puntuales para cada una de las

proteínas antigénicas. Con respecto a las proteínas de los Núm. 32 y 35, fue imposible cuantificar las proteínas y, por lo tanto, una solución de la proteína sintetizada (4 µl) se sometió a transferencia puntual. Después de la transferencia puntual, la transferencia puntual se sumergió en una solución de bloqueo (una solución de TBS que contenía leche desnatada (3%) y Tween 20 (0,1%)).

Como anticuerpo primario, se utilizaron una porción (8 µl) de una reserva de suero de sujeto sano preparada mezclando entre sí sueros de sujetos normales NAI, TOM y KOB (3 µl para cada uno), una porción (8 µl) de una reserva de suero de paciente 1 preparada mezclando entre sí sueros de pacientes con enfermedad periodontal Núm. 7350 y 6921 (4 µl para cada uno), y una porción (8 µl) de una reserva de suero de paciente 2 preparada mezclando entre sí sueros de pacientes con enfermedad periodontal Núm. 7107, 7523 y 6980 (3 µl para cada uno). Cada una de las porciones se añadió a TBS (20 ml) que contenía 3% de leche desnatada. La hendidura de la transferencia puntual se añadió a cada uno de los tres tipos de soluciones de anticuerpos, llevando a cabo una reacción antígeno-anticuerpo.

Posteriormente, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, se añadió a la mezcla resultante una solución de reacción de anticuerpo anti-IgG humana de cabra conjugado con peroxidasa de rábano picante diluida 5.000 veces (una solución preparada agregando un anti-anticuerpo secundario humano (CHEMICON) a TBS que contenía leche desnatada (3%)) y a continuación se sacudió a temperatura ambiente. Después, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, la hendidura se sumergió en TBS que contenía 4-metoxi-1-naftol (0,61 mg/ml) y peróxido de hidrógeno (0,018%), se confirmó el desarrollo de color y a continuación se lavó la hendidura con agua purificada y se secó.

Las disposiciones de las proteínas sintetizadas que se había sometido a transferencia puntual y los resultados del análisis de transferencia puntual se muestran en la Fig. 8.

Como resultado del análisis de transferencia puntual, en la reacción con las reservas de suero de sujeto sano, se reconoció el desarrollo de color en las manchas en los Núm. 2, 6, 10, 26, 29, 32 y 35. Mientras que en la reacción con la reserva de suero de paciente 1, se observó desarrollo de color en las manchas en los Núm. 2, 3, 4, 6, 9, 10, 11, 13, 19, 21, 22, 24, 26, 28, 32 y 35. En la reacción con la reserva de suero de paciente 2, se observó desarrollo de color en las manchas en los Núm. 2, 3, 4, 6, 10, 11, 19, 24, 26, 32 y 35.

Cuando se confirmó con observaciones visuales, en cada uno de los puntos, el desarrollo de color en las reservas de suero de paciente fue más fuerte que en las reservas de suero de sujetos sanos. En las reservas de suero de paciente, se confirmó el desarrollo de color en las manchas, que no se observó en las reservas de suero de sujetos sanos.

Detección de valores de señal

Con posterioridad, los resultados del análisis de transferencia puntual se cuantificaron de la siguiente manera.

1. Utilizando ImageQuant LAS4000 (GE Healthcare), se tomó una imagen de la membrana. Después de ajustar el enfoque, la imagen se tomó en las siguientes condiciones.
Condiciones para la captura de imágenes.

Tipo de exposición: Precisión
Tiempo de exposición: 1/100 seg.
Sensibilidad/Resolución: Convencional

2. Utilizando ImageQuant TL (GE Healthcare), se determinaron los valores de la señal de la mancha en la imagen tomada.

Condiciones para la captura del valor de la señal.

En un modo de análisis de Matriz, se digitalizó un valor de señal junto con el tamaño del punto y la ubicación de los puntos. En cuanto a la configuración de fondo, se estableció una parte adyacente a la mancha.

3. Después de la digitalización, los valores de señal para las manchas individuales se resumieron en una tabla. Un valor de señal que es el valor más grande entre los valores de señal de las manchas en las que no se dispuso ninguna proteína antigénica (blanco), se empleó como valor de referencia, y un valor de señal que fue menor que el valor de referencia se consideró un ruido. Los valores de señal cuantificados se muestran en la Fig. 9.

Como resultado de la digitalización de las señales de las manchas, se obtuvieron casi los mismos resultados que los obtenidos por la confirmación con observaciones visuales. Téngase en cuenta que el Núm. 28 en la reserva de suero de paciente 1 tenía un valor de señal tan bajo como para ser determinado como un ruido. Por otro lado, con respecto al Núm. 34, aunque casi ningún punto se confirmó con observaciones visuales, se detectó un valor de señal. Con respecto al Núm. 19 en la reserva de suero de paciente 2, el valor de la señal fue tan pequeño que se determinó como un ruido.

Tomados en conjunto estos resultados, de entre los 29 tipos de proteínas sintetizadas, aquellas proteínas que reaccionaron solamente con los sueros de pacientes sin reaccionar con los sueros de sujetos sanos fueron 10 tipos de proteínas, es decir, proteínas de los Núm. 3, 4, 9, 11, 13, 19, 21, 22, 24 y 28. Por otro lado, aquellas proteínas que mostraron un mayor desarrollo de color en los sueros de pacientes que en los sueros de sujetos sanos fueron 16 tipos de proteínas, es decir, proteínas de los Núm. 2, 3, 4, 6, 9, 10, 11, 13, 19, 21, 22, 24, 26, 28, 32 y 35.

Estos resultados demostraron que las proteínas de los Núm. 2, 3, 4, 6, 9, 10, 11, 13, 19, 21, 22, 24, 26, 28, 32 y 35 eran adecuadas como proteínas antigénicas para ser utilizadas en el kit de prueba de titulación de anticuerpos.

Estabilidad de proteínas sintetizadas

Con el fin de confirmar si las proteínas antigénicas sintetizadas se podrían utilizar o no en el kit de prueba de titulación de anticuerpos, se llevó a cabo una SDS-PAGE para examinar los estados de las proteínas sintetizadas.

Se preparó una muestra de manera que la proteína antigénica estuviera contenida a una concentración de 50 ng/10 µl de tampón de muestra (+DTT). Con respecto a las proteínas de los Núm. 5, 32 y 35, no hubo valor cuantificado y, por lo tanto, se preparó una muestra mezclando una solución de la proteína sintetizada (4 µl) con un tampón de muestra (+DTT) (6 µl).

La muestra preparada se desnaturalizó térmicamente y la muestra (10 µl en total) se aplicó para llevar a cabo la electroforesis en SDS-PAGE. Con posterioridad, un gel que se había sometido a electroforesis se lavó con agua destilada, después se tiñó con CBB y a continuación se lavó con agua destilada hasta que se pudieron observar las bandas claramente. Los resultados se muestran en la Fig. 10.

Con respecto a las proteínas distintas de las proteínas de los Núm. 5, 32 y 35, se confirmó que se habían sintetizado proteínas que tenían los tamaños deseados. Por otro lado, con respecto a la proteína Núm. 5, no se observó ninguna banda; y con respecto a las proteínas de los Núm. 32 y 35, se observaron múltiples bandas.

Con respecto al Núm. 5, no obstante, aunque se pudo confirmar la síntesis de ARN mensajero, no se pudo confirmar la síntesis de una proteína. Por lo tanto, se asumió que la proteína era muy inestable o difícil de sintetizar.

Por otro lado, las proteínas de los Núm. 32 y 35 se conocen como proteasas y, por lo tanto, se consideró que las proteínas sintetizadas también tenían una actividad proteasa y se autodigerían. Si algunas de las proteínas antigénicas tienen una actividad proteasa, se puede producir la descomposición de las otras proteínas antigénicas contenidas en el kit de prueba de titulación de anticuerpos, y por lo tanto la estabilidad de las proteínas se puede deteriorar y las proteínas no se pueden utilizar para la prueba.

Como se mencionó anteriormente, se encontró que la proteína del Núm. 5 era difícil de sintetizar y, por lo tanto, no se podía utilizar, y las proteínas de los Núm. 32 y 35 tenían una actividad proteasa y, por lo tanto, no se podían utilizar sin ninguna modificación.

Reacciones antígeno-anticuerpo con sueros de pacientes

Como se desprende de la Tabla 1, se considera que las proteínas que pueden ser utilizadas como antígenos por los anticuerpos son diferentes entre los sueros individuales. Después, con el propósito de seleccionar proteínas antigénicas que tengan una alta reactividad con muchos sueros de pacientes, se examinaron las reacciones antígeno-anticuerpo de proteínas en las que se observó antigenicidad con sueros de pacientes variados.

En este experimento, 16 tipos de proteínas antigénicas mostraron un desarrollo de color más fuerte en los sueros de pacientes que en los sueros de sujetos sanos que se sometieron a transferencia puntual. La cantidad de proteína sometida a transferencia puntual fue de 50 ng. Con respecto a los Núm. 32 y 35, la concentración de proteína era desconocida y, por lo tanto, se aplicaron 4 µl de una solución de proteína sintetizada. Cada una de las proteínas antigénicas se hizo reaccionar con cada uno de los sueros de sujetos sanos para establecer un valor de referencia.

Detección de valores de señal

1. Utilizando ImageQuant LAS4000 (GE Healthcare), se tomó una imagen de la membrana. Después de ajustar el enfoque, la imagen se tomó en las siguientes condiciones.
Condiciones para la captura de imágenes.

Tipo de exposición: Precisión
Tiempo de exposición: 1/100 seg.
Sensibilidad/Resolución: Convencional

2. A continuación, utilizando ImageQuant TL (GE Healthcare), se determinaron los valores de la señal del punto en la imagen tomada.

Condiciones para la captura del valor de la señal.

En un modo de análisis de Matriz, se ajustó el tamaño de la mancha de los puntos, las manchas se colocaron en una disposición de 3 columnas x 8 filas para el diseño de 2 columnas x 8 filas (2×8), y los valores de señal se digitalizaron.

3. Después de la digitalización, a partir del valor de señal de cada mancha, se determinó una columna ubicada en el centro como fondo que estaba cerrada a las manchas, y las diferencias se organizaron como el valor de señal de cada mancha en una tabla. Un valor de señal de una mancha que no se pudo confirmar con observaciones visuales se trató como no detectable.

4. Como referencia del sujeto sano, se determinaron los valores de señal para NAI, TOM y KOB. Entre estos valores, se compararon los valores de señal de las manchas que podían confirmarse con observaciones visuales y se empleó el valor de señal más alto entre las tres muestras como una referencia de suero del sujeto sano (Fig. 11). En cuanto a la mancha en la que no se pudo confirmar el desarrollo del color en ninguna muestra, el valor de referencia se estableció como "0". Una mancha que mostró un valor de señal más alto que el valor de señal se marcó con un sello redondo y se organizó (Figs. 12 y 13).

Como resultado, se confirmó que el número de manchas con color desarrollado aparentemente era mayor en los sueros de pacientes en comparación con el de los sueros de sujetos sanos y sus valores de señal también eran más altos en comparación con los colores desarrollados en los sueros de sujetos sanos. Como era de esperar, había proteínas que no se podían utilizar como antígenos en algunos pacientes.

Aquí, se demostró que las enfermedades periodontales se podían determinar en todos los pacientes utilizando las proteínas antigénicas Núm. 32 o 35, cuyas reacciones con todos los anticuerpos de pacientes se reconocieron. Tomando en consideración la antigenicidad cambiante de las bacterias causantes de la enfermedad periodontal y las diversas respuestas inmunitarias del sujeto que se va a someter a prueba, se puede obtener la prueba sobre enfermedades periodontales en una amplia gama de bacterias causantes de la enfermedad periodontal y sujetos que se van a analizar utilizando una combinación seleccionada adecuadamente de al menos dos de las proteínas seleccionadas.

Un valor de señal de desarrollo de color refleja un título de anticuerpos contra las proteínas bacterianas que causan la enfermedad periodontal en el plasma o suero de un paciente. Por lo tanto, el grado de progresión (gravedad) de una enfermedad periodontal se puede evaluar basándose en los valores de señal obtenidos. También en este caso, se puede obtener la prueba de un amplio espectro de bacterias causantes de la enfermedad periodontal y el grado de progresión de la enfermedad periodontal en función de los sujetos que se van a analizar, utilizando una o una combinación correctamente seleccionadas de al menos dos de las proteínas seleccionadas.

Comparación del valor de la señal entre sueros de sujetos sanos y sueros de pacientes

Se organizaron proteínas antigénicas que mostraban valores de señal más altos contra los sueros de pacientes en comparación con la referencia del sujeto sano, y se encontró que las proteínas antigénicas de los Núm. 32 y 35 mostraron valores de señal más altos contra todos los sueros recogidos de 23 personas investigadas en comparación con la referencia, y por lo tanto, eran particularmente adecuadas como proteínas antigénicas para ser utilizadas en el kit de prueba de titulación de anticuerpos (Fig. 12 y 13). Además, las proteínas antigénicas de los Núm. 2, 3 y 26 mostraron valores de señal más altos contra los sueros de 19 personas, 16 personas y 12 personas, respectivamente, entre las 23 personas investigadas en comparación con la referencia, y por lo tanto se encontró que las tasas de cobertura que se analizaron fueron relativamente altas (Fig. 12 y 13).

Como se mencionó anteriormente, tanto los valores de señal como las tasas de cobertura de las proteínas antigénicas de los Núm. 32 y 35 fueron altos y, por lo tanto, se encontró que estas proteínas antigénicas eran adecuadas como antígenos para su uso en el kit de prueba de titulación de anticuerpos. Sin embargo, estas proteínas antigénicas tienen una actividad proteasa y, por lo tanto, no se pueden utilizar como antígeno de prueba sin modificaciones.

Por otro lado, para utilizar proteínas distintas de los Núm. 32 y 35 como antígenos para el kit de prueba de titulación de anticuerpos, es necesario combinar al menos dos de las proteínas antigénicas. Por ejemplo, se confirmó que, cuando las proteínas antigénicas de los Núm. 2 y 3 se utilizaban combinadas, la tasa de cobertura podría aumentar a 100%.

Como se mencionó anteriormente, las proteínas antigénicas de los Núm. 32 y 35 tenían excelentes propiedades. Sin embargo, las proteínas antigénicas son proteasas y, por lo tanto, no se pueden utilizar como antígenos de prueba.

Por lo tanto, se produjeron polipéptidos modificados en los que se eliminó la actividad proteasa mientras se mantenía la antigenicidad de estas proteínas antigénicas.

Las secuencias de aminoácidos para las proteínas de los Núm. 32 y 35 se analizaron utilizando una herramienta de búsqueda de homología Genetyx, y dos residuos de cisteína cuya existencia se había confirmado en las proteínas, se sustituyeron por un residuo de alanina de la siguiente manera. Las secuencias de aminoácidos para dos polipéptidos modificados (Núm. 32A y 32B) producidos para el Núm. 32 se muestran respectivamente en SEQ ID NO: 63 y 65, y las secuencias de polinucleótidos que codifican los polipéptidos modificados se muestran respectivamente en SEQ ID NO: 64 y 66. Las secuencias de aminoácidos para dos polipéptidos modificados (Núm. 35A y 35B) producidos para el Núm. 35 se muestran respectivamente en SEQ ID NO: 67 y 69, y las secuencias de polinucleótidos que codifican los polipéptidos modificados se muestran respectivamente en SEQ ID NO: 68 y 70.

Producción de plásmidos de expresión de proteínas.

Síntesis de cebadores

Se sintetizaron los pares de cebadores mencionados a continuación representados por SEQ ID NO: en la Lista de secuencias, cada uno de los cuales contiene un sitio introducido por mutación.

Polipéptido modificado Núm. 32A.

Cebador directo: SEQ ID NO: 133

Cebador inverso: SEQ ID NO: 134

Polipéptido modificado Núm. 32B

Cebador directo: SEQ ID NO: 135

Cebador inverso: SEQ ID NO: 136

Polipéptido modificado Núm. 35A

Cebador directo: SEQ ID NO: 137

Cebador inverso: SEQ ID NO: 138

Polipéptido modificado Núm. 35B

Cebador directo: SEQ ID NO: 139

Cebador inverso: SEQ ID NO: 140

Fosforilación de cebadores: polinucleótido quinasa T4 (Toyobo Co., Ltd.)

Composición de la solución de reacción para la preparación de	20 µl
Cebador sintético (50 µM)	14 µl
10 × Tampón de quinasa con extremo saliente	2 µl
ATP 10 mM	2 µl
Polinucleótido quinasa T4 (5 a 20 U/µl)	2 µl

Composición de reacción

Después de mantener a 37°C durante 60 minutos y a continuación a 95°C durante 5 minutos, se añadieron 50 µl de DW (10 pmoles/µl de ADN de cebador).

PCR inversa: Prime STAR MAX (Takara)

Composición de la solución de reacción para la reparación de 50 µl.

Takara PrimeSTAR MAX Premix (2 ×)	25 µl
Cebador directo (10 pmoles/µl)	1,5 µl
Cebador inverso (10 pmoles/µl)	1,5 µl

Molde de ADN (ADN plasmídico de proteína antigénica Núm. 32 o 35)

10 ng/µl)	1 µl
Agua esterilizada	21 µl

Condiciones de reacción

Después de tratar a 98°C durante 30 segundos, se repitió 30 veces un ciclo de 98°C durante 10 segundos, 55°C durante 5 segundos y 72°C durante 50 segundos.

Se purificó un producto de PCR usando un kit QIAGEN, y a continuación el producto purificado se trató con DpnI para descomponer el ADN molde (ADN plasmídico).

El producto de la PCR se purificó en la composición que se muestra a continuación utilizando un kit QIAGEN.

Tratamiento con dpnl

Producto de PCR purificado	30 µl
NEB4	5 µl
BSA	5 µl
Dpnl (20 unidades/µL)	0.5 µl
Agua esterilizada a 37°C, durante 1 hora.	9.5 µl

- 5 Purificación del producto de tratamiento con enzimas de restricción: se purificó un producto de ADN llevando a cabo el tratamiento con PCI.

Ligación

ADN purificado	5 µl
Ligation Mighty Mix 16°C, durante 1 hora	5 µl

10

Se introdujo un producto de ligación en una célula de *Escherichia coli* (*E. coli*) por transformación.

El ADN plasmídico en el que se había confirmado la introducción de un gen se sometió a análisis de secuencia.

15

Se preparó un plásmido en el que se había introducido una mutación deseada en una gran cantidad, y se sintetizó una proteína utilizando un sistema de síntesis de proteínas libre de células germinales de trigo y a continuación se purificó utilizando una etiqueta GST.

- 20 Confirmación de las proteínas sintetizadas

SDS-PAGE

- 25 Se mezcló una solución de proteína sintetizada (4 µl) con un tampón de muestra (+DTT) (6 µl) para preparar una muestra. La muestra preparada se desnaturalizó térmicamente y se aplicó una porción total de la muestra (10 µl) y se sometió a electroforesis en SDS-PAGE.

Tinción con CBB

- 30 Un gel que se había sometido a SDS-PAGE se lavó con agua destilada y a continuación se sumergió en una solución de tinción con CBB, y a continuación la solución se agitó.

El gel se lavó con agua destilada hasta que se pudieron observar claramente las bandas.

- 35 Transferencia puntual

Se sometieron a transferencia puntual cuatro tipos de polipéptidos modificados producidos (Núm. 32A, 32B, 35A y 35B). Cada uno de los polipéptidos modificados que iba a ser sometido a transferencia puntual se aplicó a un volumen de 4 µl a una concentración de proteína antigénica de 12,5 ng/µl, de modo que se pudieran aplicar 50 ng de la proteína antigénica. Se llevaron a cabo tres series de transferencias puntuales. Las transferencias puntuales se sumergieron en TBS que contenía 5% de leche desnatada durante la noche para provocar el bloqueo, y a continuación se hicieron reaccionar con soluciones de suero como se menciona a continuación a temperatura ambiente.

- 45 Soluciones de suero (anticuerpo primario)

A: una solución preparada mezclando una porción (8 µl) de una mezcla de sueros de NAI, TOM y KOB (3 µl para cada uno) con TBS que contiene 3% de leche desnatada (20 ml).

B: una solución preparada mezclando una porción (8 µl) de una mezcla de sueros de los Núm. 7350 y 6921 (4 µl para cada uno) con TBS que contiene un 3% de leche desnatada (20 ml).

C: una solución preparada mezclando una porción (8 µl) de una mezcla de sueros de los Núm. 7107, 7523 y

50

6980 (3 µl para cada uno) con TBS que contiene un 3% de leche desnatada (20 ml), 140 ml 1x TBS.

Posteriormente, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, se añadió una solución de reacción de anticuerpo anti-IgG humana de cabra conjugado con peroxidasa de rábano picante diluida 5.000 veces (una solución preparada añadiendo anti-anticuerpo secundario humano (CHEMICON) a TBS que contenía leche desnatada (3%)) (20 ml) a la hendidura y el producto resultante se sacudió a temperatura ambiente. Posteriormente, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, la hendidura se sumergió en TBS que contenía 4-metoxi-1-naftol (0,61 mg/ml) y peróxido de hidrógeno (0,018%), se confirmó la aparición de color y a continuación se lavó la hendidura con agua purificada y se secó.

Los resultados se muestran en la Fig. 14.

Con respecto al Núm. 32, la actividad proteasa se inhibió en ambos polipéptidos modificados. Por otro lado, con respecto al Núm. 35, la actividad proteasa no se inhibió completamente en el polipéptido modificado del Núm. 35B, pero se inhibió la actividad proteasa en el polipéptido modificado del Núm. 35A. Además, se examinó la antigenicidad y se confirmó que la antigenicidad se mantenía en todos los polipéptidos modificados.

Métodos de prueba

Análisis de transferencia puntual

De la misma manera que el experimento mencionado anteriormente, cada uno de los 16 tipos de proteínas antigénicas se sometió a transferencia puntual contra cada uno de los sueros de 10 sujetos sanos y los sueros de 20 pacientes con enfermedad periodontal (con respecto a las proteínas antigénicas de Núm. 32 y Núm. 35, se utilizaron polipéptidos modificados producidos del Núm. 32A y Núm. 35A). La cantidad de una proteína sometida a transferencia puntual fue de 50 ng (con respecto a la proteína antigénica del Núm. 4, la concentración de proteína fue baja y, por lo tanto, se aplicaron 37 ng, y el volumen de una solución de proteína se hizo insuficiente durante la prueba y por lo tanto, la transferencia no se llevó a cabo contra los Núm. de suero H9, H10, P10 y P20).

Después de la transferencia puntual, los puntos se sumergieron en una solución de bloqueo (una solución de TBS que contenía leche desnatada (5%)).

Como solución de anticuerpo primario, se utilizó una solución preparada mezclando cada uno de los sueros de sujetos sanos (H1 a H10) o cada uno de los sueros de pacientes con enfermedad periodontal (P1 a P20) (8 µL) con TBS (20 ml) que contenía 3% de leche desnatada. La hendidura bloqueada se sumergió en la solución y se llevó a cabo una reacción antígeno-anticuerpo a temperatura ambiente durante 2 horas.

Posteriormente, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, se añadió una solución de reacción de anticuerpo anti-IgG humana de cabra conjugado con peroxidasa de rábano picante diluida 5.000 veces (una solución preparada mediante la adición de un anti-anticuerpo humano secundario (MILLIPORE) a TBS que contiene leche desnatada (3%)) (20 ml) a la hendidura y se llevó a cabo una reacción antígeno-anticuerpo a temperatura ambiente durante 1 hora.

Con posterioridad, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, la hendidura se sumergió en TBS que contenía 4-metoxi-1-naftol (0,61 mg/ml) y peróxido de hidrógeno (0,018%), se confirmó la aparición de color y a continuación se lavó la hendidura con agua purificada y se secó. Los resultados se muestran en la Fig. 15.

Detección de valores de señal.

1. Utilizando ImageQuant LAS4000 (GE Healthcare), se tomó una imagen de la membrana. Después de ajustar el enfoque, la imagen se tomó en las siguientes condiciones.
Condiciones para la captura de imágenes.

Tipo de exposición: Precisión
Tiempo de exposición: 1/100 seg.
Sensibilidad/Resolución: Convencional

2. Utilizando ImageQuant TL (GE Healthcare), se determinaron los valores de la señal del punto en la imagen tomada.

Condiciones para la captura del valor de la señal

En un modo de análisis de Matriz, se movió un cursor de forma redonda para rodear toda el área de las manchas de puntos en donde las manchas de puntos se colocaron en la disposición de 2 columnas x 8 filas, y los valores de

señal se digitalizaron.

El fondo se configuró en modo Spot Edge Average, de modo que los valores de señal de las manchas pudieran reflejarse contra el fondo que los rodea.

5 Análisis de los valores de señal

1. Con respecto a los valores de señal de cada suero frente a proteínas antigénicas individuales, se calcularon los valores medios de señal para un grupo de suero de sujetos sanos y un grupo de suero de paciente (Figs. 16 y 17). Como resultado, se encontró que las proteínas antigénicas de los Núm. 13, 21, 22 y 28 no reaccionaban con ninguno de los sueros o reaccionaban a una velocidad de reacción baja.

Con posterioridad, se determinó una razón Señal/Ruido empleando el valor de la señal del grupo de suero de pacientes como valor de Señal y el valor de señal del grupo de suero de sujetos sanos como un valor de Ruido. En esta determinación, cuando un grupo de suero de sujetos sanos tenía un valor medio de señal de 0, el cálculo del valor calculado era imposible y, por lo tanto, el grupo de suero de sujetos sanos se determinó como "Ruido: 0" (Fig. 18). Como resultado, se demostró que, con respecto a las proteínas antigénicas de los Núm. 2, 6, 10 y 26, los valores medios de señal eran altos pero las razones S/N eran bajas, y por lo tanto las proteínas antigénicas no eran adecuadas para la prueba de una enfermedad periodontal en una amplia gama de pacientes que tienen diversos inmunotipos. Por otro lado, con respecto a las proteínas antigénicas de los Núm. 3, 4, 9, 11, 19, 24, 32A y 35A, las razones S/N fueron altas y, por lo tanto, se consideró que las proteínas antigénicas tenían una alta especificidad para los sueros de pacientes.

2. Con respecto a los valores de señal de cada suero frente a las proteínas antigénicas individuales, se determinó una curva ROC (característica operativa del receptor) y un área bajo la curva ROC (área bajo la curva, AUC) utilizando el soporte lógico estadístico Excel 2010 (Fig. 19).

La curva ROC era un gráfico que mostraba cómo se modifican la prevalencia positiva (sensibilidad) y la prevalencia falsa positiva (1 - grado de especificidad) cuando se altera un valor de límite (un valor de corte). Dada la prueba ideal, un estado en el que cada uno de la sensibilidad y el grado de especificidad es 1,0 (es decir, un estado en el que el valor de cada uno de la sensibilidad y el grado de especificidad se ubica en un punto final superior izquierdo) es el estado ideal. Por lo tanto, se considera que se puede lograr un alto rendimiento diagnóstico-predictivo de la prueba cuando el gráfico de la curva ROC se desplaza para acercarse al extremo superior izquierdo. De este modo, al medir el área bajo la curva ROC, es posible determinar el rendimiento predictivo - de diagnóstico de la prueba.

En general, la capacidad predictiva/de diagnóstico basada en los valores de AUC se puede determinar de la siguiente manera.

AUC 0,9 a 1,0: Alta precisión
AUC 0,7 a 0,9: Precisión moderada
AUC 0,5 a 0,7: Baja precisión

A partir de los resultados mostrados en la Fig. 19, se encontró que las proteínas antigénicas de los Núm. 3, 4, 9, 11, 19, 24, 32A y 35A tenían una capacidad de diagnóstico/predictiva de AUC de 0,6 o más.

Producción de proteínas antigénicas de alta expresión. Métodos de ensayo.

Síntesis de proteínas de los Núm. 32N, 32C, 35N y 35C

Se amplificó una secuencia génica deseada de modo que el tamaño del nucleótido se convirtiera en la mitad de la secuencia original basándose en cada una de las secuencias de nucleótidos para los Núm. 32A y Núm. 35A utilizando cada uno de los pares de cebadores sintetizados que se muestran en la lista de cebadores a continuación.

Producción de plásmidos que expresan proteínas.

Síntesis de cebadores

Se sintetizaron los pares de cebadores representados por SEQ ID NO que se muestran en la Lista de Secuencias.

Polipéptido modificado Núm. 32N
Cebador directo: SEQ ID NO: 157
Cebador inverso: SEQ ID NO: 158
Polipéptido modificado Núm. 32C
Cebador directo: SEQ ID NO: 159
Cebador inverso: SEQ ID NO: 160
Polipéptido modificado Núm. 35N
Cebador directo: SEQ ID NO: 161

Cebador inverso: SEQ ID NO: 162
 Polipéptido modificado Núm. 35C
 Cebador directo: SEQ ID NO: 163
 Cebador inverso: SEQ ID NO: 164

5

Con posterioridad, el producto de ADN amplificado se trató con una enzima de restricción y a continuación se ligó a un vector de expresión de proteínas (CellFree Sciences Co., Ltd.; Un vector pEu) que se había tratado con la misma enzima de restricción, de modo que coincidieran los marcos de lectura entre sí. Se introdujo un producto de ligación en una célula de *Escherichia coli* (*E. coli*) por transformación. Posteriormente, se seleccionó un clon que tenía el gen introducido en el mismo.

10

El ADN plasmídico se recogió del clon seleccionado y a continuación se sometió a análisis de secuencia. Las secuencias de aminoácidos para dos polipéptidos modificados (Núm. 32N y 32C) producidos para el Núm. 32A se muestran en SEQ ID NO: 141 y 143, y las secuencias de polinucleótidos que codifican respectivamente los polipéptidos modificados se muestran en SEQ ID NO: 142 y 144. Las secuencias de aminoácidos para dos polipéptidos modificados (Núm. 35N y 35C) producidos para el Núm. 35A se muestran en SEQ ID NO: 145 y 147, y las secuencias de polinucleótidos que codifican respectivamente los polipéptidos modificados se muestran en SEQ ID NO: 146 y 148.

15

20

Con respecto a un clon en el que no se reconoció ninguna mutación significativa a partir de los resultados del análisis de secuencia, se preparó una gran cantidad de un plásmido, se sintetizó una proteína utilizando un sistema de síntesis de proteínas libre de células de germen de trigo, y la proteína resultante fue purificada utilizando una etiqueta GST.

25

La síntesis de 4 tipos de proteínas, es decir, el extremo N-terminal y el extremo C-terminal del Núm. 32A y el extremo N-terminal y el extremo C-terminal del Núm. 35A, se logró con éxito, y estas proteínas se sometieron a análisis de transferencia puntual.

30

Como resultado, se demostró que estos péptidos modificados podían reaccionar con los grupos de suero de pacientes incluso cuando sus longitudes eran la mitad de sus secuencias originales, y se confirmó que se mantenía la antigenicidad de estos péptidos modificados.

Proteínas antigénicas capaces de reconocer la cepa SU63 de *Porphyromonas gingivalis*

35

Métodos de prueba

Confirmación de homología entre cepas

40

La búsqueda se llevó a cabo basándose en secuencias de aminoácidos para cada una de las proteínas de la cepa FDC381 usando un blastp de BLAST (Herramienta Básica de Búsqueda de Alineamiento Local) en el sitio de NCBI.

A partir de los resultados de la búsqueda, se confirmó la homología entre proteínas en las cepas de la bacteria *Porphyromonas gingivalis* W83, ATCC33277 y TDC60, que se han registrado en una base de datos.

45

Clonación del gen derivado de la cepa SU63 y síntesis de proteínas

La información genética sobre las proteínas seleccionadas se revisó a partir de una base de datos, y se amplificó un gen deseado a partir de ADN genómico derivado de la cepa SU63 de la bacteria *P. gingivalis* utilizando cada uno de los pares de cebadores representados por SEQ ID NO mostrados en la siguiente Lista de secuencias.

50

Cepa Su63: proteína antigénica Núm. 15 (Núm. 15Su)

Cebador directo: SEQ ID NO: 165

Cebador inverso: SEQ ID NO: 166

Cepa Su63: proteína antigénica Núm. 16 (Núm. 16Su)

55

Cebador directo: SEQ ID NO: 167

Cebador inverso: SEQ ID NO: 168

Cepa Su63: proteína antigénica Núm. 34 (Núm. 34Su)

Cebador directo: SEQ ID NO: 169

Cebador inverso: SEQ ID NO: 170

60

Cepa Su63: proteína antigénica Núm. 37 (Núm. 37Su)

Cebador directo: SEQ ID NO: 171

Cebador inverso: SEQ ID NO: 172

Posteriormente, el producto de ADN amplificado se trató con una enzima de restricción y a continuación se ligó a un

vector de expresión de proteínas (CellFree Sciences Co., Ltd.; un vector pEu) que se había tratado con la misma enzima de restricción. Se introdujo un producto de ligación en una célula de *Escherichia coli* (*E. coli*) por transformación. Con posterioridad, se seleccionó un clon que tenía el gen introducido en el mismo.

El ADN plasmídico se recogió del clon seleccionado y a continuación se sometió a análisis de secuencia. Las secuencias de aminoácidos para las proteínas antigénicas de Núm. 15Su, Núm. 16Su, Núm. 34Su y Núm. 37Su se muestran respectivamente en SEQ ID NO: 149, 151, 153 y 155, y las secuencias de polinucleótidos que codifican las proteínas antigénicas se muestran respectivamente en SEQ ID NO: 150, 152, 154 y 156. Como resultado, se demostró que la secuencia para el polinucleótido que codificaba la proteína antigénica de Núm. 15Su era diferente en un nucleótido de la secuencia para el polinucleótido correspondiente en la cepa W83, la secuencia para el polinucleótido que codificaba la proteína antigénica del Núm. 16Su tuvo una alta homología con las secuencias de polinucleótidos correspondientes en las cepas TDC60 y ATCC33277, y la secuencia para el polinucleótido que codificaba la proteína antigénica del Núm. 34Su tenía una alta homología con la secuencia del polinucleótido de la cepa ragA (cepa A011/9).

Con respecto a un clon en el que no se reconoció ninguna mutación significativa a partir de los resultados del análisis de secuencia, se preparó una gran cantidad de un plásmido, se sintetizó una proteína utilizando un sistema de síntesis de proteínas libre de células de germen de trigo, y la proteína resultante fue purificada utilizando una etiqueta GST.

Como resultado, se sintetizaron satisfactoriamente cuatro tipos de proteínas derivadas de la cepa SU63, es decir, las proteínas de los Núm. 15, 16, 34 y 37, y las proteínas se sometieron a análisis de transferencia puntual.

Análisis de transferencia puntual

Ocho tipos de proteínas antigénicas (cepa FDC381: Núm. 15, 16, 34 y 37, cepa SU63: Núm. 15Su, 16Su, 34Su y 37Su) se sometieron a transferencia puntual. La cantidad de proteína que se sometía a transferencia puntual era de 50 ng.

Después de la transferencia puntual, el punto se sumergió en una solución de bloqueo (una solución de TBS que contenía leche desnatada (5%)).

Como solución de anticuerpo primario, se utilizó una solución preparada mezclando cada uno de los sueros de sujetos sanos (H1 a H10) o cada uno de los sueros de pacientes con enfermedad periodontal (P1 a P20) (4 µL) con TBS (10 ml) que contenía 3% de leche desnatada. La hendidura bloqueada se sumergió en la solución y se llevó a cabo una reacción antígeno-anticuerpo a temperatura ambiente durante 2 horas.

Con posterioridad, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, se añadió una solución de reacción anti-anticuerpo IgG humano de cabra conjugado con peroxidasa de rábano picante diluido 5.000 (una solución preparada mediante la adición de un anti-anticuerpo secundario humano (MILLIPORE) a TBS que contenía leche desnatada (3%)) (10 ml) a la hendidura y se llevó a cabo una reacción antígeno-anticuerpo a temperatura ambiente durante 1 hora.

Posteriormente, la hendidura se lavó con TBS que contenía Tween 20 (0,05%). Después del lavado, la hendidura se sumergió en TBS que contenía 4-metoxi-1-naftol (0,61 mg/ml) y peróxido de hidrógeno (0,018%), se confirmó la aparición de color y a continuación se lavó la hendidura con agua purificada y se secó. Los resultados son visibles en las Fig. 24 y 25.

Como se desprende de estas figuras, la proteína antigénica del Núm. 15 era una proteína antigénica de ambas cepas FDC381 y SU63 y mostró antigenicidad contra el suero del paciente P19. Por otro lado, las proteínas antigénicas de los Núm. 16, 34 y 37, una de las proteínas antigénicas de la cepa FDC381 y la cepa SU63, tenían antigenicidad contra cualquiera de los sueros de sujetos sanos y los sueros de pacientes.

En consecuencia, se sugirió que las proteínas antigénicas de los Núm. 16, 34 y 37 permiten la discriminación y el reconocimiento entre la infección con la cepa FDC381 y la infección con la cepa SU63.

Resultados de la prueba

Se examinó la homología entre las cepas y la homología entre las proteínas de la cepa FDC381 y la proteína de la base de datos es la siguiente. Se confirmó que la homología entre cepas era baja.

Núm.	cepa W83	cepa ATCC33277	cepa TDC60
15	387/387 (100%)	202/398 (51%)	213/402 (53%)

Núm.	cepa W83	cepa ATCC33277	cepa TDC60
16	553/553 (100%)	242/566 (43%)	243/566 (43%)
34	1015/1016 (99%)	737/1039 (71%)	719/1022 (70%)
37	500/500 (100%)	249/511 (49%)	249/511 (49%)

Se llevó a cabo un análisis de secuencia y se demostró que la homología entre cada proteína derivada de la cepa FDC381 y las proteínas derivadas de la cepa SU63 era la siguiente.

5

Núm. 15:	99,7%
Núm. 16:	41,4%
Núm. 34:	65,2%
Núm. 37:	47,3%

Aplicabilidad industrial

El kit de prueba para la titulación de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal de la presente invención se puede utilizar adecuadamente en un sistema de prueba para la titulación de anticuerpos en plasma o suero contra una bacteria causante de enfermedad periodontal que trata una gran cantidad de muestras automáticamente y a gran velocidad.

10

Texto libre de la lista de secuencias

15

SEQ ID NO: 1 es una secuencia de aminoácidos para una proteína hipotética conservada que tiene un dominio de zinc-carboxipeptidasa.

SEQ ID NO: 2 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína hipotética conservada que tiene un dominio de zinc-carboxipeptidasa.

20

SEQ ID NO: 3 es una secuencia de aminoácidos para una proteína hipotética PG1881.

SEQ ID NO: 4 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína hipotética PG1881.

SEQ ID NO: 5 es una secuencia de aminoácidos para una proteína hipotética PGN_0291.

SEQ ID NO: 6 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína hipotética PGN_0291.

SEQ ID NO: 7 es una secuencia de aminoácidos para una proteína hipotética PG0491.

25

SEQ ID NO: 8 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína hipotética PG0491.

SEQ ID NO: 9 es una secuencia de aminoácidos para una proteína hipotética PGN_1611.

SEQ ID NO: 10 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína hipotética PGN_1611.

SEQ ID NO: 11 es una secuencia de aminoácidos para una proteína hipotética PGN_0477.

SEQ ID NO: 12 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína hipotética PGN_0477.

30

SEQ ID NO: 13 es una secuencia de aminoácidos para una proteína hipotética PGN_0860.

SEQ ID NO: 14 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína hipotética PGN_0860.

SEQ ID NO: 15 es una secuencia de aminoácidos para una proteína de la membrana externa principal de 53 kDa.

35

SEQ ID NO: 16 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína de la membrana externa principal de 53 kDa.

SEQ ID NO: 17 es una secuencia de aminoácidos para una proteína de unión a hemina de 35 kDa.

SEQ ID NO: 18 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína de unión a hemina de 35 kDa.

SEQ ID NO: 19 es una secuencia de aminoácidos para una proteína de unión a hemo FetB.

SEQ ID NO: 20 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína de unión a hemo FetB.

40

SEQ ID NO: 21 es una secuencia de aminoácidos para una glutamato deshidrogenasa dependiente de NAD.

SEQ ID NO: 22 es una secuencia de nucleótidos que codifica una glutamato deshidrogenasa dependiente de NAD.

SEQ ID NO: 23 es una secuencia de aminoácidos para una fosfoserina aminotransferasa.

SEQ ID NO: 24 es una secuencia de nucleótidos que codifica una fosfoserina aminotransferasa.

45

SEQ ID NO: 25 es una secuencia de aminoácidos para un receptor de unión a TonB Tlr.

SEQ ID NO: 26 es una secuencia de nucleótidos que codifica un receptor de unión a TonB Tlr.

SEQ ID NO: 27 es una secuencia de aminoácidos para fimbriolina (cepa FDC381).

SEQ ID NO: 28 es una secuencia de nucleótidos que codifica fimbriolina.

SEQ ID NO: 29 es una secuencia de aminoácidos para un componente vestigial FimE (cepa FDC381).

50

SEQ ID NO: 30 es una secuencia de nucleótidos que codifica un componente vestigial FimE.

SEQ ID NO: 31 es una secuencia de aminoácidos para HmuY'.

SEQ ID NO: 32 es una secuencia de nucleótidos que codifica HmuY'.

SEQ ID NO: 33 es una secuencia de aminoácidos para una peptidasa de la familia M24.

SEQ ID NO: 34 es una secuencia de nucleótidos que codifica una peptidasa de la familia M24.

SEQ ID NO: 35 es una secuencia de aminoácidos para gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa tipo 1.

5 SEQ ID NO: 36 es una secuencia de nucleótidos que codifica gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa tipo 1.

SEQ ID NO: 37 es una secuencia de aminoácidos para ferritina.

SEQ ID NO: 38 es una secuencia de nucleótidos que codifica ferritina.

SEQ ID NO: 39 es una secuencia de aminoácidos para una serina hidroximetil transferasa.

SEQ ID NO: 40 es una secuencia de nucleótidos que codifica una serina hidroximetil transferasa.

10 SEQ ID NO: 41 es una secuencia de aminoácidos para una lipoproteína de la membrana externa Omp28.

SEQ ID NO: 42 es una secuencia de nucleótidos que codifica una lipoproteína de la membrana externa Omp28.

SEQ ID NO: 43 es una secuencia de aminoácidos para un promotor precursor de la lisil endopeptidasa.

15 SEQ ID NO: 44 es una secuencia de nucleótidos que codifica un promotor precursor de la lisil endopeptidasa.

SEQ ID NO: 45 es una secuencia de aminoácidos para una NAD(P) deshidrogenasa de la familia de las quinonas.

SEQ ID NO: 46 es una secuencia de nucleótidos que codifica una NAD(P) deshidrogenasa de la familia de las quinonas.

20 SEQ ID NO: 47 es una secuencia de aminoácidos para una proteína de unión a ADN de células privadas de nutrientes Dps.

SEQ ID NO: 48 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína de unión a ADN de células privadas de nutrientes Dps.

SEQ ID NO: 49 es una secuencia de aminoácidos para un antígeno PG33 inmunosensible de 42 kDa.

25 SEQ ID NO: 50 es una secuencia de nucleótidos que codifica un antígeno PG33 inmunosensible de 42 kDa.

SEQ ID NO: 51 es una secuencia de aminoácidos para Lys-gingipaína.

SEQ ID NO: 52 es una secuencia de nucleótidos que codifica Lys-gingipaína.

SEQ ID NO: 53 es una secuencia de aminoácidos para una peptidil-arginina desiminasa.

SEQ ID NO: 54 es una secuencia de nucleótidos que codifica una peptidil-arginina desiminasa.

30 SEQ ID NO: 55 es una secuencia de aminoácidos para una proteína ragA (cepa FDC381).

SEQ ID NO: 56 es una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína ragA.

SEQ ID NO: 57 es una secuencia de aminoácidos para una cisteína proteinasa RgpA específica de arginina.

SEQ ID NO: 58 es una secuencia de nucleótidos que codifica una cisteína proteinasa RgpA específica de arginina.

35 SEQ ID NO: 59 es una secuencia de aminoácidos para un precursor de la proteína 41 de la membrana externa.

SEQ ID NO: 60 es una secuencia de nucleótidos que codifica un precursor de la proteína 41 de la membrana externa.

SEQ ID NO: 61 es una secuencia de aminoácidos para una lipoproteína RagB (cepa FDC381).

40 SEQ ID NO: 62 es una secuencia de nucleótidos que codifica una lipoproteína RagB.

SEQ ID NO: 63 es una secuencia de aminoácidos para una Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 64 es una secuencia de nucleótidos que codifica una Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 65 es una secuencia de aminoácidos para una Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 66 es una secuencia de nucleótidos que codifica una Lys-gingipaína introducida por mutación.

45 SEQ ID NO: 67 es una secuencia de aminoácidos para una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 68 es una secuencia de nucleótidos que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 69 es una secuencia de aminoácidos para una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

50 SEQ ID NO: 70 es una secuencia de nucleótidos que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 71 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética conservada que tiene un dominio de zinc-carboxipeptidasa.

55 SEQ ID NO: 72 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética conservada que tiene un dominio de zinc-carboxipeptidasa.

SEQ ID NO: 73 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PG1881.

SEQ ID NO: 74 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PG1881.

60 SEQ ID NO: 75 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_0291.

SEQ ID NO: 76 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_0291.

SEQ ID NO: 77 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PG0491.

SEQ ID NO: 78 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PG0491.

5 SEQ ID NO: 79 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_1611.

SEQ ID NO: 80 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_1611.

10 SEQ ID NO: 81 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_0477.

SEQ ID NO: 82 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_0477.

SEQ ID NO: 83 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_0860.

15 SEQ ID NO: 84 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína hipotética PGN_0860.

SEQ ID NO: 85 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de la membrana externa principal de 53 kDa.

20 SEQ ID NO: 86 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de la membrana externa principal de 53 kDa.

SEQ ID NO: 87 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de unión a hemina de 35 kDa.

SEQ ID NO: 88 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de unión a hemina de 35 kDa.

25 SEQ ID NO: 89 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de unión a hemo FetB.

SEQ ID NO: 90 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de unión a hemo FetB.

SEQ ID NO: 91 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una glutamato deshidrogenasa dependiente de NAD.

30 SEQ ID NO: 92 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una glutamato deshidrogenasa dependiente de NAD.

SEQ ID NO: 93 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una fosfoserina aminotransferasa.

35 SEQ ID NO: 94 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una fosfoserina aminotransferasa.

SEQ ID NO: 95 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un receptor de unión a TonB Tlr.

40 SEQ ID NO: 96 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un receptor de unión a TonB Tlr.

SEQ ID NO: 97 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica fimbriлина.

SEQ ID NO: 98 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica fimbriлина.

45 SEQ ID NO: 99 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un componente vestigial FimE.

SEQ ID NO: 100 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un componente vestigial FimE.

50 SEQ ID NO: 101 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica HmuY'.

SEQ ID NO: 102 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica HmuY'.

SEQ ID NO: 103 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una peptidasa de la familia M24.

55 SEQ ID NO: 104 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una peptidasa de la familia M24.

SEQ ID NO: 105 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa tipo-1.

60 SEQ ID NO: 106 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa tipo-1.

SEQ ID NO: 107 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica ferritina.

SEQ ID NO: 108 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica ferritina.

SEQ ID NO: 109 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una serina hidroximetil transferasa.

SEQ ID NO: 110 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una serina hidroximetil transferasa.

SEQ ID NO: 111 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una lipoproteína de la membrana externa Omp28.

SEQ ID NO: 112 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una lipoproteína de la membrana externa Omp28.

SEQ ID NO: 113 es un cebador avanzado utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un precursor prometedor de la lisil endopeptidasa.

SEQ ID NO: 114 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un precursor prometedor de la lisil endopeptidasa.

SEQ ID NO: 115 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una NAD(P) deshidrogenasa de la familia de las quinonas.

SEQ ID NO: 116 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una NAD(P) deshidrogenasa la familia de las quinonas.

SEQ ID NO: 117 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de unión a ADN de células privadas de nutrientes Dps.

SEQ ID NO: 118 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína de unión a ADN de células privadas de nutrientes Dps.

SEQ ID NO: 119 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un antígeno PG33 de 42 kDa inmunosensible.

SEQ ID NO: 120 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un antígeno PG33 de 42 kDa inmunosensible.

SEQ ID NO: 121 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica Lys-gingipaína.

SEQ ID NO: 122 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica Lys-gingipaína.

SEQ ID NO: 123 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una peptidil-arginina desiminasa.

SEQ ID NO: 124 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una peptidil-arginina desiminasa.

SEQ ID NO: 125 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína ragA.

SEQ ID NO: 126 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína ragA.

SEQ ID NO: 127 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina RgpA.

SEQ ID NO: 128 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina RgpA.

SEQ ID NO: 129 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un precursor de la proteína 41 de la membrana externa.

SEQ ID NO: 130 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un precursor de la proteína 41 de la membrana externa.

SEQ ID NO: 131 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una lipoproteína RagB.

SEQ ID NO: 132 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una lipoproteína RagB.

SEQ ID NO: 133 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 134 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 135 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 136 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 137 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 138 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 139 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación RgpA.

SEQ ID NO: 140 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación RgpA.

SEQ ID NO: 141 es una secuencia de aminoácidos para aproximadamente la mitad del lado N-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 142 es una secuencia de nucleótidos que codifica aproximadamente la mitad del lado N-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

5 SEQ ID NO: 143 es una secuencia de aminoácidos para aproximadamente la mitad del lado C-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 144 es una secuencia de nucleótidos que codifica aproximadamente la mitad del lado C-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

10 SEQ ID NO: 145 es una secuencia de aminoácidos para aproximadamente la mitad del lado N-terminal de una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 146 es una secuencia de nucleótidos que codifica aproximadamente la mitad del lado N-terminal de una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 147 es una secuencia de aminoácidos para aproximadamente la mitad del lado C-terminal de una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

15 SEQ ID NO: 148 es una secuencia de nucleótidos que codifica aproximadamente la mitad del lado C-terminal de una cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación RgpA.

SEQ ID NO: 149 es una secuencia de aminoácidos para fimbrilina (cepa SU63).

SEQ ID NO: 150 es una secuencia de nucleótidos que codifica fimbrilina (cepa SU63).

20 SEQ ID NO: 151 es una secuencia de aminoácidos para un componente vestigial FimE (cepa SU63).

SEQ ID NO: 152 es una secuencia de nucleótidos que codifica un componente vestigial FimE (cepa SU63).

SEQ ID NO: 153 es una secuencia de aminoácidos para una proteína ragA (cepa SU63).

SEQ ID NO: 154 es una secuencia de nucleótidos que codifica un ragA (cepa SU63).

SEQ ID NO: 155 es una secuencia de aminoácidos para una lipoproteína RagB (cepa SU63).

25 SEQ ID NO: 156 es una secuencia de nucleótidos que codifica una lipoproteína RagB (cepa SU63).

SEQ ID NO: 157 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado N-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 158 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado N-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

30 SEQ ID NO: 159 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado C-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 160 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado C-terminal de Lys-gingipaína introducida por mutación.

SEQ ID NO: 161 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado N-terminal de cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

35 SEQ ID NO: 162 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado N-terminal de cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

SEQ ID NO: 163 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado C-terminal de cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación, RgpA.

40 SEQ ID NO: 164 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica aproximadamente la mitad del lado C-terminal de cisteína proteinasa específica de arginina introducida por mutación RgpA.

45 SEQ ID NO: 165 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica fimbrilina de la cepa SU63.

SEQ ID NO: 166 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica fimbrilina de la cepa SU63.

50 SEQ ID NO: 167 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un componente vestigial FimE de la cepa SU63.

SEQ ID NO: 168 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica un componente vestigial FimE de la cepa SU63.

SEQ ID NO: 169 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína ragA de la cepa SU63.

55 SEQ ID NO: 170 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una proteína ragA de la cepa SU63.

SEQ ID NO: 171 es un cebador directo utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una lipoproteína RagB de la cepa SU63.

60 SEQ ID NO: 172 es un cebador inverso utilizado en la amplificación por PCR de un polinucleótido que codifica una lipoproteína RagB de la cepa SU63.

LISTA DE SECUENCIAS

<110> SUNSTAR INC.

5 <120> Kit de prueba para titulación de anticuerpos en plasma o suero contra bacterias que causan enfermedades periodontales

<130> TEK/FP7227168

10 <140> EP
<141> 18-10-2011

<150> EP 11848325.4
<151> 18-10-2011

15 <150> PCT/JP2011/073942
<151> 18-10-2011

20 <150> JP 2010-279268
<151> 15-12-2010

<160> 172

25 <170> PatentIn versión 3.2

<210> 1
<211> 820
<212> PRT
<213> Porphyromonas\201 @ gingivalis

30 <400> 1
Lys Lys Lys Asn Phe Leu Leu Leu Gly Ile Phe Val Ala Leu Leu Thr
1 5 10 15

Phe Ile Gly Ser Met Gln Ala Gln Gln Ala Lys Asp Tyr Phe Asn Phe
20 25 30

Asp Glu Arg Gly Glu Ala Tyr Phe Ser Phe Lys Val Pro Asp Arg Ala
35 40 45

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

Val Thr Asn Glu Ala Ile Ala Tyr Ala Ser Glu Glu Glu Phe Glu Ala
65 70 75 80

Phe Leu Arg Tyr Gly Leu Lys Pro Thr Phe Leu Thr Pro Pro Ser Met
85 90 95

Gln Arg Ala Val Glu Met Phe Asp Tyr Arg Ser Gly Glu Lys Tyr Glu
100 105 110

Trp Asn Ala Tyr Pro Thr Tyr Glu Ala Tyr Ile Ser Met Met Glu Glu
115 120 125

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

625				630				635				640			
Lys	Tyr	Ile	Thr	Val 645	Lys	Lys	Ala	Pro	Val 650	Pro	Ala	Pro	Val	Ala	Asp
Phe	Glu	Gly	Thr	Pro 660	Arg	Lys	Val	Lys 665	Lys	Gly	Glu	Thr	Val 670	Thr	Phe
Lys	Asp	Leu	Ser	Thr 675	Asn	Asn	Pro 680	Thr	Ser	Trp	Leu	Trp 685	Val	Phe	Glu
Gly	Gly	Ser	Pro	Ala	Thr	Ser 695	Thr	Glu	Gln	Asn	Pro 700	Val	Val	Thr	Tyr
Asn 705	Glu	Thr	Gly	Lys	Tyr 710	Asp	Val	Gln	Leu	Thr 715	Ala	Thr	Asn	Glu	Gly 720
Gly	Ser	Asn	Val	Lys 725	Lys	Ala	Glu	Asp	Tyr 730	Ile	Glu	Val	Ile	Leu	Asp 735
Asp	Ser	Val	Glu	Asp 740	Ile	Val	Ala	Gln	Thr 745	Gly	Ile	Val	Ile	Arg	Pro
Gln	Asn	Gly	Thr	Lys 755	Gln	Ile	Leu	Ile	Glu	Ala	Asn	Ala 765	Ala	Ile	Lys
Ala	Ile	Val	Leu	Tyr	Asp	Ile 775	Asn	Gly	Arg	Val	Val 780	Leu	Lys	Thr	Thr
Pro 785	Asn	Gln	Leu	Arg	Ser 790	Thr	Val	Asp	Leu	Ser 795	Ile	Leu	Pro	Glu	Gly 800
Ile	Tyr	Thr	Ile	Asn 805	Ile	Lys	Thr	Glu	Lys 810	Ser	Ala	Arg	Thr	Glu	Lys 815
Ile	His	Ile	Gly	820											

$\langle 210 \rangle$ 2

<211> 2463

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 2

aagaaaaaga attttttgct tcttggcatt ttcgttgctt tgctgacttt catcggcagc 60

atgcaggcac aacaggccaa agattatttc aactttgacg aacggggcga ggcctacttc 120

tcattcaaag tgcctgatag ggccgttcta caagagctgg ctctgatcat gtccatcgac 180

ES 2 693 243 T3

gagtttgacc ccgtaaccaa tgaagccatt gcctatgcc a gcgaagagga gttcgaggca 240
 ttctctgcgt atgggctcaa gcctacattc ttgactcctc catccatgca gcgcgctgtc 300
 gagatgttcg actaccgctc aggagaaaaa tacgaatgga atgcttacc caccctatgaa 360
 gcctatatca gcatgatgga agagttccaa acaaagtatc catcactttg tactacttcc 420
 gtcattggca agtccgtaaa ggatcgtaaa ctgatgattt gcaagctgac gtcctctgcc 480
 aatacaggg aaaaagcctcg cgtgctctat acttctacga tgcacggaga cgaaacgacc 540
 ggatagtgtg tactgctccg actcatagac catctgctgt cgaactacga atccgatccg 600
 aggattaaga acattctgga taaaacggaa gtatggatct gccctttgac caatccggac 660
 ggagcataca gagccggaaa ccacaccgta caaggagcta ctcgctacaa tgccaacaat 720
 gtcgatttga accgtaactt caaggatgat gtagccggtg atcaccocga tggaaaacct 780
 tggcagccgg aggcaactgc attcatggat ttggaaggaa acacctcttt cgtgctcgg 840
 gccaatatac atggaggaac agaggtggtg aactatccat gggataataa aaaagaaaga 900
 catgcagacg atgagtggta caaactgac agtcgcaact acgcagccgc ttgtcagagt 960
 atttccgcc gctacatgac ctccgaaacc aattcgggaa tcatcaacgg ttcagactgg 1020
 tatgtaattc gcggaagtgc tcaggacaat gcaaattatt tccatcgtct gcgagaaatt 1080
 acccttgaaa tcagcaacac gaagttggtg ccggcctctc aacttccaaa gtattggaat 1140
 ctgaacaaag aatctctgct tgctctgac gaagaatcct tatacggcat ccatggtaca 1200
 gtgacttccg ctgcgaacgg acagcctctc aaatgccaga tcttgataga aaaccatgac 1260
 aagcgcaact ccgatgttta ctccgatgct accacaggct actacgtacg tcctatcaaa 1320
 gccggcactt atacggtgaa atacaaagcc gagggttatc ctgaggcaac tcgtaccatt 1380
 acgatcaagg acaaagaaac cgtcatcatg gacattgcat tgggcaactc ggttcctctg 1440
 cctgtaccog atttcacagc ttctcctatg accatctcag taggcgaaag cgtccaattc 1500
 caagatcaaa cgacaaataa cccacgaat tgggagtgga cgttcgaagg cggacagcct 1560
 gccatgagta cagagcagaa tccgctcgt a tcctatagtc atcccggtca gtacgacgtt 1620
 acgctcaaag tgtggaatgc aagtgtgtcc aacacgatta cgaaagaaaa attcatcact 1680
 gtcaatgccg ttatgcctgt agctgaattc gtccgtaccc cgacggaaat agaagagggc 1740
 cagacggtat ctttccaaaa ccaatccacc aatgccacca actacgtatg gatattcgat 1800
 ggccggcactc ccgctaccag tgaagacgaa aaccgactg tgctttacag caaagccggc 1860
 caatacagtg tcacgctcaa ggcgatcagt gcttccggtg aaacggtgaa gacgaaagaa 1920
 aaatacatca ctgtcaagaa agctccggtc cctgctccgg tagccgactt cgaaggaaca 1980
 cctcgaaaag taaagaaagg cgagacagtt actttcaaag acttgtctac gaacaatccg 2040
 acttcatggc tttgggtgtt cgaaggcggc tctcctgcc ccagcacgga gcaaaaccgg 2100

ES 2 693 243 T3

```

gtgggtcacct acaatgaaac aggcaagtac gatgtccagc tgactgccac caacgagggc 2160
ggaagcaatg tgaagaaagc agaagactac attgagggtta tcctcgatga cagtgtcgag 2220
gacatagtgg cacagacggg tatcgtcatt cgtccgcaaa acggaacgaa gcagatcctc 2280
atagaagcca acgctgctat caaagcgatc gttctctatg acatcaatgg acgggtcgta 2340
ctcaaaacta ctccgaatca gctccgctcg accgtagatc tttccatcct gcccgaaagga 2400
atctacacca tcaatatcaa aacggaaaaa tccgctcgca cggaaaagat ccatatcggg 2460
taa 2463

```

<210> 3

<211> 479

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 3

```

Leu Thr Lys Leu Lys Thr Leu Leu Leu Gly Cys Ser Leu Ala Cys Ile
1          5          10          15

```

```

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

```

```

Glu Gln Pro Leu Asp Ser Gly Tyr Ile Thr Leu Asp Leu Arg Ser Asn
          35          40          45

```

```

Leu His Leu Ser Arg Lys Gly Gly Thr His Asp Pro Leu Gln Ser Val
50          55          60

```

```

Arg Arg Ile Thr Phe Leu Phe Phe His Glu Thr Asp Ser Lys Leu Leu
65          70          75          80

```

```

Leu Ser Arg Thr Val Glu Pro Thr Ser Asp Leu Ser Phe Asp Leu Lys
          85          90          95

```

```

Ile Pro Lys Gln Asn Tyr Arg Leu Ala Val Leu Val Asn Ser Gly Ser
100          105          110

```

```

Ser Tyr Ala Ala Ile Ile Pro Glu Ile Leu Leu Pro Thr Thr Ala Ile
115          120          125

```

```

Gln Ala Thr Ser Gln Thr Leu Phe Glu Ser Phe Ala Ala Tyr Glu Thr
130          135          140

```

```

Gly Asn Ile Thr Ser Glu Ser Glu His Ser Val Thr Met Ala Asn Asp
145          150          155          160

```

10

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Lys Asp Ser Tyr Gly Arg Phe Gly Leu Val Arg Asn Asn Glu Tyr Ile
420 425 430

Leu Ser Val Lys Ser Ile Thr Gly Ala Gly Ser Pro Ile Val Pro Pro
435 440 445

Val Ser Thr Thr Glu Ala Ile Glu Lys Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Ser
450 455 460

Ile Ala Val Asn Gln Thr Thr Ala His Glu Gln Asp Val Asp Leu
465 470 475

<210> 4

<211> 1440

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 4

```

cttacgaaac taaaaacact gctacttggc tgctcttttg cttgtattgg attttcttgc      60
tccaatcatc cggtagtgac gaatgccgat gatgttgaac aaccattgga ttcgggttat      120
atcacccctg atcttagatc caacctacac ctctccagaa aggggtgtac acatgatcca      180
cttcagtctg ttcgtcgcat taccttcttg ttctttcatg agactgattc aaaactgctg      240
ctaagtcgaa ccgttgaacc gacaagtgc ctctccttcg atctcaaaat accgaaacag      300
aactatcgtc tggccgtggt ggtcaatagt ggaagttcct atgcagcgat tattccggaa      360
atactattac ctacaacagc cattcaagct acgagtcaga cgctttttga gtcattcgct      420
gcatatgaga ccggtaatat tacatccgag tcggaacatt ccgttaccat ggccaacgat      480
caggggttga tcaaattgct gtctactcag atcgtagaca aaaagagcca gctttccgag      540
gcatcacggt tgtccgtaaa cgtggaaccg tgtctggcac gtgtattggt cgtagggaaa      600
ccgacaatat cgggcccaga gtacacaggc gatgtttcct gctatgtcat tgatgtagta      660
ccacaaagga tatacccctt gcgccatttg gccaaactct ccagtggcac taatgaagcc      720
tatggagaca attgcctctt tgctgaccgt tatgcctcaa gttgggcaga ggaatcgata      780
gccgccggtg tagcatacaa caacgtctat gggtagtca aggagacat gtttgacaat      840
cctgtggcag caaccaagat gcaggagaaa aagacggact tcaatctgaa ccaagtagcg      900
atctatacaa aagaatcgac cgtaaatcct aaaaactact ttacggctta tgtgccgaga      960
gtagtcttgc gtgcaaaata cgttcctcat ggcattcccg gcgtgaagcc ggatgaaggc     1020
tggatcgaat ttcagggtag aaagatgagt ctggagcagt tcaaaaaata cgtagacaat     1080
ccggtttctg ccggtatggc tctggccgac agcatcaaga aggcgaaagc tgacaattca     1140
ttggtctata caggtggatt cgtcagtcac ggaatacagt tctattacaa atcgcagaat     1200
tattatgcca tccctattcg ccatttcgat gatgaaaaag ctccatacaa agattcctac     1260
gggcgtttcg gcctcgtacg aaacaatgag tatatcctct cggtaaagtc cattacagga     1320
gccggttcac cgattgttcc gcctgtttcg accaccgaag caatcgaaaa ggagggtat     1380
ttacctgctt ctattgcagt caatcagaca acagctcacg agcaggacgt ggatctgtag     1440

```

ES 2 693 243 T3

<210> 5
 <211> 1140
 <212> **PRT**
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

5

<400> 5
 Met Lys Arg Tyr Thr Ile Ile Leu Ala Val Phe Leu Leu Phe Cys Thr
 1 5 10 15
 Val Phe Thr Phe Gln Ile Lys Ala Arg Pro Tyr Glu Arg Phe Ala Asp
 20 25 30
 Val Glu Lys Pro Trp Ile Gln Lys His Ser Met Asp Ser Lys Leu Val
 35 40 45
 Pro Ala Asn Lys Gly Asn Leu Ile Gln Ala Glu Ile Val Tyr Gln Ser
 50 55 60
 Val Ser Glu His Ser Asp Leu Val Ile Ser Pro Val Asn Glu Ile Arg
 65 70 75 80
 Pro Ala Asn Arg Phe Pro Ser His Arg Lys Ser Phe Phe Ala Glu Asn
 85 90 95
 Leu Arg Ala Ser Pro Pro Val Val Pro Val Ala Val Asp Lys Tyr Ala
 100 105 110
 Val Pro Val Ala Asn Pro Met Asp Pro Glu Asn Pro Asn Ala Trp Asp
 115 120 125
 Val Thr Leu Lys Ile Thr Thr Lys Ala Val Thr Val Pro Val Asp Val
 130 135 140
 Val Met Val Ile Asp Gln Ser Ser Ser Met Gly Gly Gln Asn Ile Ala
 145 150 155 160
 Arg Leu Lys Ser Ala Ile Ala Ser Gly Gln Arg Phe Val Lys Lys Met
 165 170 175
 Leu Pro Lys Gly Thr Ala Thr Glu Gly Val Arg Ile Ala Leu Val Ser
 180 185 190

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

690		695		700
Val Ala Asp Leu His	Val Pro Thr Thr	Asn Pro Lys Ile Ile	Gly Asn	
705	710	715	720	
Leu Ile Asn Asn Ser	Asp Lys Asp Leu Val	Val Thr Thr Ser Ser	Gln	
	725	730	735	
Leu Thr Ile Asn Gly	Val Val Glu Asp	Asn Asn Pro Asn	Val Gly Thr	
	740	745	750	
Ile Val Val Lys Ser	Ser Lys Asp Asn	Pro Thr Gly Thr	Leu Leu Phe	
	755	760	765	
Ala Asn Pro Gly Tyr	Asn Gln Asn Val	Gly Gly Thr Val	Glu Phe Tyr	
	770	775	780	
Asn Gln Gly Tyr Asp	Cys Ala Asp Cys	Gly Met Tyr Arg	Arg Ser Trp	
	785	790	795	800
Gln Tyr Phe Gly Ile	Pro Val Asn Glu	Ser Gly Phe Pro	Ile Asn Asp	
	805	810	815	
Val Gly Gly Asn Glu	Thr Val Asn Gln	Trp Val Glu Pro	Phe Asn Gly	
	820	825	830	
Asp Lys Trp Arg Pro	Ala Pro Tyr Ala	Pro Asp Thr Glu	Leu Gln Lys	
	835	840	845	
Phe Lys Gly Tyr Gln	Ile Thr Asn Asp	Val Gln Ala Gln	Pro Thr Gly	
	850	855	860	
Val Tyr Ser Phe Lys	Gly Met Ile Cys	Val Cys Asp Ala	Phe Leu Asn	
	865	870	875	880
Leu Thr Arg Thr Ser	Gly Val Asn Tyr	Ser Gly Ala Asn	Leu Ile Gly	
	885	890	895	
Asn Ser Tyr Thr Gly	Ala Ile Asp Ile	Lys Gln Gly Ile	Val Phe Pro	
	900	905	910	
Pro Glu Val Glu Gln	Thr Val Tyr Leu	Phe Asn Thr Gly	Thr Arg Asp	
	915	920	925	
Gln Trp Arg Lys Leu	Asn Gly Ser Thr	Val Ser Gly Tyr	Arg Ala Gly	
	930	935	940	

ES 2 693 243 T3

Gln Tyr Leu Ser Val Pro Lys Asn Thr Ala Gly Gln Asp Asn Leu Pro
945 950 955 960

Asp Arg Ile Pro Ser Met His Ser Phe Leu Val Lys Met Gln Asn Gly
965 970 975

Ala Ser Cys Thr Leu Gln Ile Leu Tyr Asp Lys Leu Leu Lys Asn Thr
980 985 990

Thr Val Asn Asn Gly Asn Gly Thr Gln Ile Thr Trp Arg Ser Gly Asn
995 1000 1005

Ser Gly Ser Ala Asn Met Pro Ser Leu Val Met Asp Val Leu Gly
1010 1015 1020

Asn Glu Ser Ala Asp Arg Leu Trp Ile Phe Thr Asp Gly Gly Leu
1025 1030 1035

Ser Phe Gly Phe Asp Asn Gly Trp Asp Gly Arg Lys Leu Thr Glu
1040 1045 1050

Lys Gly Leu Ser Gln Leu Tyr Ala Met Ser Asp Ile Gly Asn Asp
1055 1060 1065

Lys Phe Gln Val Ala Gly Val Pro Glu Leu Asn Asn Leu Leu Ile
1070 1075 1080

Gly Phe Asp Ala Asp Lys Asp Gly Gln Tyr Thr Leu Glu Phe Ala
1085 1090 1095

Leu Ser Asp His Phe Ala Lys Gly Ala Val Tyr Leu His Asp Leu
1100 1105 1110

Gln Ser Gly Ala Lys His Arg Ile Thr Asn Ser Thr Ser Tyr Ser
1115 1120 1125

Phe Asp Ala Lys Arg Gly Asp Ser Gly Ala Arg Phe
1130 1135 1140

<210> 6

<211> 3423

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 6

atgaaacgat atacaataat tcttgacggt tttcttttat tctgcacggt atttaccttt 60

caaataaaaag ctgcgcctta tgaaagatgt gcagatgtag agaagccttg gattcagaaa 120

cattcaatgg attctaaatt ggtgcctgca aataagggtg acttaattca agctgaaatt 180

ES 2 693 243 T3

gtataccaat ctgtttctga acatagtgac ttagttattht cacctgtgaa cgaaataagg	240
cctgcaaata gtttcccttc gcataggaag tctttttttg cagaaaatct acgggcatct	300
ccccccgtag ttcccgttgc cgtcgacaag tatgcggtac cggttgcca tccaatggat	360
cctgaaaata ccaatgcctg ggatgtgacg ctaaaaatca ctactaaagc ggtaacagta	420
cctgtcgatg tggatgatgg taticgaccag tcttcgtcaa tgggagggca aaacattgcc	480
agattaaagt ctgccattgc atcgggacag cgtttttgtga aaaaaatgtt gcctaagggg	540
acggctacag aaggggtgcg taticgtctt gtgagttatg accatgagcc tcatcgctta	600
tctgatttta ccaagacac tgcttttctc tgtcaaaaaa tccgggcttt gactcctatt	660
tggggaacac ataccaggg ggggcttaa atggcgagaa acattatggc cacttctact	720
gctgtggata agcatatcat attgatgtct gacgggttag cgacggagca gtatcctgtt	780
aaaaatgtaa ctactgcaga cttcattggc aaaactggaa atgcgaatga tcccattgat	840
ttggttatac aaggagcaat taatttccct acaaattatg tttccaacaa tccatctaca	900
cctcttacc caaattatcc aactcattct tctaaagttg gacggagaaa tctgccggaa	960
tccaaattcg attatagtaa tctgagtga aggattactt ttgatgggtg tgctggcgca	1020
ttggtctatg aaccgaggtt tcctcatccc tattattatt atttcccttg taacgctgct	1080
atcaatgagg ctacgtttgc gaaaaactct gggtatacaa tccatactat tggctatgac	1140
ctgggagatt ttgccttggc caacaattcg ttgaaactaa ccgctacaga cgagaatcac	1200
ttctttacgg cgacaccggc caatttagct gcagcgtttg ataattatgc ccaaactatt	1260
aatataggta tacagagggg ggaggtgacg gactttgtag ctctgtgttt catcgtaaa	1320
aatctgacgc aatcgggaga tgttactcat ttgctaaatg tttcaaattg aacggtgcac	1380
tatgatgtct ctactaaaa actgacatgg actactggtg ctatcctgag ctcatcagaa	1440
gctaccataa cttatcgat ttatgccgat ttggattata tacagaacaa tgatattccg	1500
gtaaatacta cttctgctat cggcccgat cttgggtgat tcgataccaa taccgaggca	1560
aaattgacct ataccaattc caatggcgaa ccgaatcagc agttaatttt cccacgtccg	1620
acggttaagt taggttatgg tgttattaag cggcactatg tattggtaaa taaagacgg	1680
caaccatac aggc aaatgg aacagttgtc agttccctaa gcgaggctca tgttctacag	1740
tcacaagatt tctttttgcc ctacggtgga ggtcatattg ttcccaaattg gataaagttg	1800
gacaaaacga ccgaagcatt acagtactat tccgtaccgc cgactaacac ggtcatcact	1860
actgccgatg gtaaacgtta tcgttttgtc gaagtcccag gctccacgcc gaatccgggc	1920
caaatcggtg tcagttggaa aaaaccggca ggaaacgctt acttcgctta caagctcctc	1980
aattattgga tgggaggaac aacagaccaa cagagtgaat gggatgtgac gtccaattgg	2040

ES 2 693 243 T3

```

acaggagccc aagtaccgct cacaggagaa gatgtagagt ttgcaacgac agaaaatttc 2100
ggttctccgg cggtagccga tttgcatgtc ccgacaacca accccaaaat tatcggtaac 2160
cttatcaata attccgacaa ggatttagtt gttaccacaa gcagtcaatt gacgatcaac 2220
ggcgtggttg aggataacaa tccgaatgtc ggtacgatcg tcgtgaagtc gtcgaaagac 2280
aatcctacgg ggacattgct ttttgccaat ccgggctata atcaaaatgt aggggggacc 2340
gtcagagtttt acaatcaggg atatgattgt gccgattgtg gtatgtatcg caggagctgg 2400
cagtatttcg gtatccctgt caatgaatca ggttttccaa ttaatgatgt gggcggaaac 2460
gagaccgtca accaatgggt tgagcctttc aatggcgata agtggcggcc agcaccttat 2520
gcacctgata cagagcttca aaaattcaag ggctaccaga tcacgaatga cgtgcaggca 2580
cagcctacgg gagtttacag cttcaagggt atgatttgtg tgtgcatgac cttcctgaat 2640
ctgacacgca cgtccggtgt caactactcg ggcgccaaact tgatcgcaa ctcatacact 2700
ggagccatcg acatcaagca gggattgtgc ttcccgccgg aagtcgagca gacggtgtat 2760
ctgttcaaca cgggaacacg cgaccagtgg cgtaagctta atggaagcac ggtttcaggc 2820
tatcgagccg gtcagtacct ctctgtacct aagaatacag cgggtcagga caatcttccg 2880
gatcgtattc catcgatgca ttccttcttg gtgaagatgc agaacggagc gtcttgtacg 2940
ttgcagatct tgtacgataa gctgctcaag aacacgactg taaacaacgg taatggtacg 3000
cagatcacat ggcgatccgg caactccgga tcggcggaata tgccgtcact tgtgatggat 3060
gttcttggtg acgagtcggc cgaccgtttg tggatcttta ccgatggggg tctttctttc 3120
ggattcgaca acggctggga tggtcgcaag ctgactgaaa aaggtttgtc acaactttat 3180
gcgatgtctg acatcggtaa tgataaattc caggttgacg gggttccgga gttgaataac 3240
ctgctgatcg gcttcgatgc ggataaggat ggtcaatata cgttggagtt tgctctttcg 3300
gatcattttg cgaaaggggc tgtttacctg cacgatcttc agtcaggagc caaacaccgt 3360
attacgaatt ctacgtcgta ttcattcgat gccaaagcggg gagattccgg ggctcgtttc 3420
taa 3423

```

<210> 7

<211> 711

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 7

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

Ala Ser Gly Val Ala Lys Ala Asp Lys Gly Met Trp Leu Leu Asn Glu
20 25 30

5

10

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

530

535

540

Gly Lys Arg Leu Phe Phe Ala Gly Leu Arg Glu Met Tyr Pro Gly Arg
545 550 555 560

Ala Leu Pro Ser Asp Ala Asn Phe Thr Met Arg Met Ser Tyr Gly Ser
565 570 575

Ile Lys Gly Tyr Glu Pro Gln Asp Gly Ala Trp Tyr Asn Tyr His Thr
580 585 590

Thr Gly Lys Gly Val Leu Glu Lys Gln Asp Pro Lys Ser Asp Glu Phe
595 600 605

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

Arg Tyr Ala Glu Asn Gly Gln Leu His Ile Ala Phe Leu Ser Asn Asn
625 630 635 640

Asp Ile Thr Gly Gly Asn Ser Gly Ser Pro Val Phe Asp Lys Asn Gly
645 650 655

Arg Leu Ile Gly Leu Ala Phe Asp Gly Asn Trp Glu Ala Met Ser Gly
660 665 670

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

Arg Tyr Val Leu Phe Met Ile Asp Lys Trp Gly Gln Cys Pro Arg Leu
690 695 700

Ile Gln Glu Leu Lys Leu Ile
705 710

<210> 8

<211> 2136

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 8

caaatgaaat taaaaagtat tcttctcgga gcagccctgc tgttgggtgc ttcaggggta 60

gccaaagccg acaaaggcat gtggctcctc aacgaactca atcaggagaa tctggatcga 120

atgcgtgagc tcggctttac gctcccgttg gattcgctct acagtttcga caagccgtcc 180

attgccaatg ccgtgggttat cttcgggtggc ggatgtaccg gtatcacagt gtccgatcag 240

ggcctgatct ttaccaacca ccactgcgga tacgggtgcta tccagagcca aagcacggtg 300

5

10

ES 2 693 243 T3

```

gatcacgact atctgcgcga tggtttcggt tctcgcacga tgggtgagga gcttccgatt 360
ccgggtcttt ccgtgaagta tctgcgcaag atcgtgaagg taacggacaa ggtagaagga 420
cagctcaagg gtatcactga cgagatggag cgtctgcgca aagctcagga ggtatgccaa 480
gaactggcca aaaaagaaaa tgcagacgag aaccaactct gcatcgtaga gcctttctat 540
tccaacaacg aatacttcct catcgtctac gatgtattca aggacgttcg tatggtattt 600
gctcctccca gctctgtagg taagttcgga ggcgatacgg acaactggat gtggccgcgt 660
cacacgggcg acttcagcgt attccgcgtg tatgccggtg ccgacaaccg gccggccgaa 720
tacagcaagg acaataaacc ctataagccc gtttacttcg ctgccgtatc catgcaaggc 780
tacaaggctg acgactatgc catgaccatc ggtttcccgg gcagtacgga tcgctacctc 840
acttcttggg gtgtggaaga tcgtatcgaa aacgagaaca atcctcgatc cgaagttcgc 900
ggatatcaagc aaggcatctg gaaggaagcc atgagcgcag atcaggctac ccgtatcaaa 960
tatgccagca agtatgctca gagtgcctaac tattggaaga attcgatcgg tatgaaccgc 1020
ggctctcgctc gtcttgacgt gataggctgt aagcgtgccg aggaaagagc attcgcagac 1080
tggatccgta agaacggcaa gagtgcgtgc tatggcgatg tattgtcttc tctcgaagag 1140
gcttataagg aaggagccaa ggccaaccgt gagatgactt atttgagcga gacgctcttc 1200
gggtgtaccg aggtgggttcg ttttgccacg tttgccaacg cattggctac aaatcctgat 1260
gctcatgccg gtatcctcaa atcgcttgac gacaagtaca aagactacct cccctcgctc 1320
gaccgtaagg tgctgcccgc catgctcgat attgtacgcc ggcgtatccc tgccgacaag 1380
ctccccgata tattcaagaa tgtaatcgac aagaaattca aaggcgacac gaagaagtat 1440
gcagacttcg tattcgacaa gagtgtggtt ccttatagcg acaagttcca tgccatgctc 1500
aagtccatgg acaaggaaaa gtttgccaag gctatcgaga aagatccggc agtagagctt 1560
tccaagagcg taatagctgc tgctcgcgct attcaggccg atgcgatggc caatgcctat 1620
gccattgaga agggcaagcg tcttttcttt gccggtttgc gtgagatgta ccccgacgt 1680
gctctgccga gcgatgcaa cttcaccatg cgtatgagct acggctccat caaggatat 1740
gaaccgcagg acggtgcctg gtacaactat catacgacag gcaagggcgt attggagaag 1800
caggatccta agagcgatga gtttgccgta caggagaata tcctcgacct cttccgcacc 1860
aaaaactatg gtcgctatgc cgagaacggc cagctccata tcgctttcct atcgaacaac 1920
gacatcacgg gcggtaactc cggtagcccc gtattcgata agaacggccg tctgatcggc 1980
cttgctttcg atggcaactg ggaagctatg agtggtgaca tcgagttcga acccgatctg 2040
cagcgacaaa tcagcgtgga catccgctac gttctcttca tgattgacaa atggggtcag 2100
tgcccccgctc tcatccaaga gctgaagttg atctaa 2136

```

<210> 9

<211> 483

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 9

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Ala Asn Thr Asn Leu Lys Ser Leu Tyr Cys Ile Asn Asn Lys Met Thr
225 230 235 240

Gly Leu Asp Val Ala Ala Asn Lys Glu Leu Lys Ile Leu His Cys Asn
245 250 255

Asn Asn Gln Leu Thr Ala Leu Asn Leu Ser Ala Asn Thr Lys Leu Thr
260 265 270

Thr Leu Ser Phe Phe Asn Asn Glu Leu Thr Asn Ile Asp Leu Ser Asp
275 280 285

Asn Thr Ala Leu Glu Trp Leu Phe Cys Asn Gly Asn Lys Leu Thr Lys
290 295 300

Leu Asp Val Ser Ala Asn Ala Asn Leu Ile Ala Leu Gln Cys Ser Asn
305 310 315 320

Asn Gln Leu Thr Ala Leu Asp Leu Ser Lys Thr Pro Lys Leu Thr Thr
325 330 335

Leu Asn Cys Tyr Ser Asn Arg Ile Lys Asp Thr Ala Met Arg Ala Leu
340 345 350

Ile Glu Ser Leu Pro Thr Ile Thr Glu Gly Glu Gly Arg Phe Val Pro
355 360 365

Tyr Asn Asp Asp Glu Gly Gly Glu Glu Glu Asn Val Cys Thr Thr Glu
370 375 380

His Val Glu Met Ala Lys Ala Lys Asn Trp Lys Val Leu Thr Ser Trp
385 390 395 400

Gly Glu Pro Phe Pro Gly Ile Thr Ala Leu Ile Ser Ile Glu Gly Glu
405 410 415

Ser Glu Tyr Ser Val Tyr Ala Gln Asp Gly Ile Leu Tyr Leu Ser Gly
420 425 430

Met Glu Gln Gly Leu Pro Val Gln Val Tyr Thr Val Gly Gly Ser Met
435 440 445

Met Tyr Ser Ser Val Ala Ser Gly Ser Ala Met Glu Ile Gln Leu Pro
450 455 460

Arg Gly Ala Ala Tyr Val Val Arg Ile Gly Ser His Ala Ile Lys Thr
465 470 475 480

Ala Met Pro

- 5 <210> 10
- <211> 1452
- <212> ADN
- <213> Porphyromonas\201@gingivalis

- 10 <400> 10

ES 2 693 243 T3

```

aaaagaaaac cgctattctc agcccttgta atcctttccg gcttcttcgg atcggttcac    60
ccggcctcag cacagaaagt tcctgcaccc gtcgatggcg agcgattat catggagcta    120
agtgaagccg atgtggagtg tacaatcaaa atagaagccg aggatggcta tgccaacgac    180
atttgggcag acctcaacgg aaacggcaag tacgattcgg gggagaggct cgattcaggt    240
gagtttcgtg atgttgagtt cagacaaaca aaggccatcg tctatggcaa aatggccaaa    300
ttcttgttta gaggttcttc tgcaggggac tatggtgcta cctttataga tattagcaat    360
tgtaccggcc tgactgcttt cgactgcttt gccaatctgc tgacagaact cgatctgtcc    420
aaagcaaacg gtctgacttt tgtaaaactgc ggcaaaaacc agctgaccaa gcttgacctg    480
cccgcaaatt cggaacattga gacgctgaac tgctccaaaa acaagataac gagtctcaac    540
ctatcgacct ataccaagct gaaagagctt tatgtggcg acaacgggct gacagccttg    600
gatctctccg ccaatacgt cctcgaagag ctggtgtatt ctaacaacga ggtgactacg    660
ataaacctgt ctgccaatc gaacttgaaa agcctgtatt gcataaaca taagatgacc    720
ggactcgatg tcgcagccaa caaagagctg aaaatactcc actgcaaca caatcagctg    780
accgccctca atctctcggc caataccaag ctgacgactc taagcttctt caacaacgag    840
ctgacaaata tcgatctctc cgacaacacg gctttggagt ggcttttctg caacggcaat    900
aagctgacga agttagatgt atctgccaac gccaatctga tagcactgca atgcagcaac    960
aaccagctga ctgctctgga tctgtcaaaa acgccgaaac tgacaacgtt gaattgctac   1020
tccaaccgga tcaaagatac cgccatgcgt gcattgatcg aaagcctgcc tacgatcact   1080
gaaggagaag gcaggttcgt tccttacaac gacgatgaag gaggagaaga ggagaacgtg   1140
tgtacaaccg aacacgtgga aatggccaag gccagaatt ggaaggtact tacctcgtgg   1200
ggagagcctt tccccggaat aacggctttg atttccatcg aaggtgagag cgaatattcc   1260
gtatatgctc aagatggcat cctctacctc tccggtatgg agcagggctt gcccgttcag   1320
gtatataccg tgggaggaag catgatgtac tcatctgtcg cttccggatc agccatggaa   1380
atacagctcc cgagaggtgc agcctatgta gtacgtatcg gcagccatgc gatcaaaacc   1440
gcgatgccgt aa                                         1452

```

<210> 11

<211> 553

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 11

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Ser Tyr Thr Val Thr Gly Gly Leu Gly Tyr Arg Phe Thr Arg Asn Leu
485 490 495

Ser Gly Asp Leu Ala Val Ile Tyr Arg Asn Glu Lys Ser Tyr Tyr Tyr
500 505 510

Thr Phe Gly Arg Met Val Ser Asp Asp Pro Asn Pro Ala Asn Val Leu
515 520 525

Glu Val Glu Ser Pro Ala Pro Ala Lys Leu Thr Arg Ser Asn Phe Arg
530 535 540

Leu Ala Met Thr Met Ser Tyr Arg Phe
545 550

<210> 12

<211> 1662

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 12

```
aggatcaagc cctctctgaa aacgatgaaa aagatatcag catatgttat tggcgcgga 60
ctttcggttg cttccggcgt gccgtcagtt tatgctcaag gcgaagccga tgctattcgt 120
tacagtcgca cagagcttgg aggttcggtt cgtttccgtt ccatggcagg tgctttcggg 180
gctttgggag gtgacttttc tgctatagga cagaatccgg ccggcctggg catttttcgc 240
tcttcggaag tctcggctac cattgatttc tcttccatat ccaatcaggc agcttggcag 300
ggatcaagtg agaccttcaa taaaaacaaa ttgcttttca cgggtatcgg ttatgtcgga 360
tcatggggca aagccaatga agatgtaagc gtcaatttcg ggctgggggc gaagcgagtg 420
ctggactacg agcgatcgtt tcggatagcc ggaggtgagc agaagttttc cgtggcggac 480
tatgtggcag ctcagactcc cggcaaagcc aatccgtctc atttcaatta taatggattg 540
gagagcagtt ggcttacgga cttagggtat aatgccggtt ggatagctca gcttcccggc 600
gggtatgggt ttgagtccat attcaagtat aaacagaatg gtgagtacca gatcttcggg 660
ccttcctcca cggctttcga cctgaaagag acggggcacg tatggaacta tgactttggc 720
ttgggcatta acatccaaga cacatggtat ttgggtgcga gcatgactta tagcgatctg 780
caatttgaca cgaacacttt ctatcaggag aatttttctt tcaacaatgg tgctatcaat 840
gactacctga aactcgaaaa tactctctct acatcaggaa gcggactgaa tatcgggtatc 900
ggagccatct atcgtccggc tgatgctggt cggatagggt tgtcctacta tacgcctaca 960
tggtactgga tgaagagtta ctatagggtt tatggctctt cttattattc ccaaggggta 1020
gactccaatg gtcagccgct tccggagaat ctctacttca tgagtagcca gactcccgaa 1080
tcgtataata cttatcaaat gagtagtccg ggacgatttg tggctagttt ggcagtcggt 1140
```

10

ES 2 693 243 T3

gctggcaaaa tcggccttct cagtatggat tatgaattgg aatcttacgg ccagatcaaa 1200
 ttaaaggatg agaacggtac ggcctacgtt gataataagt tcatttcaga ggattttggt 1260
 tcacgccaca ccatccgttt gggaggagaa ctgcgtccca tatcgcgtct gagtctgcgt 1320
 gccgggtatt cacacacttc caatcccatt aaaaatgaaa aattgaaagc tttcgacggc 1380
 tcggcacagg tgaccgtctt ccctatgggg gctatgcctc attacgaact tccgggcaat 1440
 tcctataccg tgacaggagg cttgggttac cgtttcacgc gtaatctttc gggcgatttg 1500
 gctgtgatct atcgtaatga gaagagttac tactatactt ttggccgaat ggtatcggac 1560
 gaccggaatc cggccaatgt gttggaagtg gaatctcctg caccggcaaa actcactcgc 1620
 tctaacttca gattagcaat gacaatgtcg tatcgcttct ga 1662

<210> 13

<211> 348

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 13

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

Asn Ile Cys Ala Gln Lys Ser Ala Asn Ser Ile Phe Asn Ala Ile Lys
 20 25 30

Glu Arg Val Ser Leu Ser Gly Tyr Ala Gln Ala Gly Phe Ser Ser Leu
 35 40 45

Trp Leu Pro Thr Ala Ser Ser Glu Lys Glu Asn Tyr Asn Thr Phe Asp
 50 55 60

Val Lys Arg Ile Thr Leu Arg Ala Asn Val Ala Ile Thr Asp Lys Trp
 65 70 75 80

Ser Val Thr Phe Ile Pro Asp Phe Ala Lys Arg Tyr Thr Asn Leu Glu
 85 90 95

Leu Tyr Thr Ser Phe Arg Thr Cys Ser Gly Phe Gly Ile Arg Leu Gly
 100 105 110

Gln Phe Lys Thr Ala Phe Ser Ile Glu Asn Gln Leu Ser Pro Thr Thr
 115 120 125

Ile Glu Thr Ile Ser Cys Gly Ser Met Ala Thr Asn Phe Leu Ala Ala
 130 135 140

ES 2 693 243 T3

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

<210> 14

<211> 1047

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 14

aaagtaaaac atctattagc tgcacacctg atgatgctag gaacagggaa tatttgcgcc 60

caaaagtccg caaacagtat tttcaatgca atcaagaac gggttagcct cagtggttat 120

gcgcaagcag gggttttcctc cttgtggctc cctacggcga gttccgaaaa ggagaactac 180

```

aacacattcg atgtaaagcg tatcaccctt cgtgccaatg tcgccatcac ggacaaatgg 240
tctgtaacct tcatctcctga ttttgcaaaa agatacacca atttagaact atacacttcc 300
ttccgcactt gttctgggtt tggaatacga ttgggacagt tcaagacagc attttcgatc 360
gaaaaccaac tgtctccaac taccatcgaa actatttcat gcggatcgat ggccaccaac 420
ttcctcgcag caggaaatgg ctccgatcct ctgatggggg ctcagagtgg ccgcgacgta 480
ggcttggaat tctacggtga tctcttcaat gatatactgg gctatcgtct cggagtgtct 540
aacggccaag gcataaatac actcgatggc agcaaacaca aaactttaga agggagtctt 600
acacttcgtc ccatacgagt tctatccttt accggtagtt tcatgagtgg caagaccgct 660
gccctgaatg atgctcccat caaaatcaat agcaaacaga ttatggccgg agatttatac 720
gacagatccc gctggagtgt aggaggtatg ttccgttcca aatacttga tctgcgtagt 780
gaatacctcg aaggcaaaga cgatgacatg attagtaagg gcttttacgt cacaggggta 840
ggacgattgt tcaaaaacct cgatatcatc ggatcatatg acttcatgga tttgtacgaa 900
aggcaacaag ttcataatat taccgccggc cttcagtact ggttcttccc aaagtgtcgt 960
ttgcaggcac agtatgtatt gagcaatccg aaaggcgagt acaacaacac acacgctctg 1020
ctaacacagg tgcaggtagc attctga 1047

```

<210> 15
 <211> 498
 <212> PRT
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 15
 Met Lys Leu Asn Lys Met Phe Leu Val Gly Ala Leu Leu Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Phe Ala Ser Cys Ser Lys Glu Gly Asn Gly Pro Ala Pro Asp Ser Ser
 20 25 30
 Ser Thr Ala Asp Thr His Met Ser Val Ser Met Ser Leu Pro Gln His
 35 40 45
 Asn Arg Ala Gly Asp Asn Asp Tyr Asn Pro Ile Gly Glu Tyr Gly Gly
 50 55 60
 Val Asp Lys Ile Asn Asp Leu Thr Val Tyr Val Val Gly Asp Gly Lys
 65 70 75 80
 Ile Asp Val Arg Lys Leu Ser Thr Ala Asp Leu Gln Val Asn Gln Gly
 85 90 95

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Glu Gly Gly Asp Leu Phe Leu Gly Leu Val Thr Gly Lys Phe Tyr Ala
355 360 365

Asn Glu Ala Asn Ala Asn Ala Ala Asn Pro Ala Ser Gly Gly Ala Gly
370 375 380

Asn Pro Arg Val Val Thr Tyr Lys Ala Ala Val Tyr Tyr Tyr Ala
385 390 395 400

Trp Leu Asn Pro Asn Thr Leu Asp Pro Thr Thr Trp Thr Met Ser Pro
405 410 415

Ala Arg Arg Asn Asn Ile Tyr Asn Val Asn Ile Ser Lys Phe Arg Asn
420 425 430

Ile Gly Leu Ser Gly Asn Pro Phe Val Pro Thr Asp Pro Asp Pro Asn
435 440 445

Asn Pro Asp Thr Pro Asp Asn Pro Asp Thr Pro Asp Pro Glu Asp Pro
450 455 460

Asp Thr Pro Asn Pro Glu Glu Pro Leu Pro Val Gln Lys Thr Tyr Met
465 470 475 480

Val Val Asp Val Thr Val Thr Pro Trp Thr Leu His Asn Tyr Asp Ile
485 490 495

Glu Phe

<210> 16

<211> 1497

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 16

atgaagttaa acaaaatggt tttggtcgga gcattgctct cattgggctt tgcttcttgt 60

agtaaagagg gcaatgggcc tgctcccgat agctcttcta cagcagacac tcacatgtct 120

gtttctatgt cgttaccgca gcacaatcgt gctggtgaca acgactacaa tcccataggt 180

gagtatggtg gtgtagacaa aatcaacgac ttgactgttt atgttgctcg tgatggcaag 240

attgatgtga gaaaactttc tacagctgat ctgcaagtta atcagggagc ctctactact 300

tctattgtga cagctccttt ccaggtaaag agtggtgaaa agactgtcta tgccattgtc 360

aatatcactc ctaaggtaga ggcagctctt aatgcagcga ccaatgctgc tgacctaaag 420

gttgcatatg aagcagctta cgctgccttt tctgatgccg gcagtgagat tgctacgttg 480

ES 2 693 243 T3

```

gtaaatagcc aggatcagat gattatgtct ggtaagcctg tgggtgcagac tattttggct 540
aatgtgagtg ctgccaatgc ttctgtgcag aataagggtc ccataatcgt taaacgtgct 600
gcaatacgtg catcaatgac tattactcag cagcccgta atgggtgctta tgaaatcaag 660
gcgcttcgtc cgggtaatgt agagggtggc atcgctacgg tttctgatct gaagtgggct 720
gtagctcagt acgaaaagaa gtactacctc cagcagaaag acgatgctct ctctccagct 780
gcttctttcg tacctgcaag taccaacgac tacaatgggtg ctaatgggtgc catgaagtac 840
tatgactact cccagttggc caatagaatc actgttcacc agctgaatgg tgcttattct 900
gccgcagatg tacccaatgc gccttataag tatgtttctg ggactactca tgctgacaat 960
gattacagaa aaggtaatat gacttatatc ctctgtaaagg gtaagctgaa gcctgtcgct 1020
accatgtggg ctgatggaga gcaagctaca tatcaagagg gtggcgacct cttcttgggg 1080
cttgtagaccg gtaagttcta tgcaaatgaa gccaatgcaa acgctgctaa ccctgcttct 1140
ggcggtgccg gtaaccctcg agtagtgacg tacaagctg cagctgttta ttactatgct 1200
tggttgaatc cgaacacgtt ggatcctacg acatggacta tgtctcctgc acgtcgtaac 1260
aatatctaca acgtgaatat ctctaagttc cgcaacatcg gtctttctgg taatccattc 1320
gttcctacgg atcctgatcc gaacaaccog gatactcctg ataatcctga tactccggac 1380
cccgaagatc ctgatactcc caatcctgaa gagccgctgc cggttcagaa gacatacatg 1440
gttgtggacg tgacagtgac accttggacg ttgcataact atgatatcga attctaa 1497

```

<210> 17

<211> 343

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 17

```

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

```

```

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

```

```

Phe Lys Lys Asn Val Val Leu Glu Val Phe Thr Ala Glu Trp Cys Gly
35             40             45

```

```

Tyr Cys Pro Gly Gly Lys Glu Arg Ile Ala Lys Ala Ile Glu Met Leu
50             55             60

```

```

Asp Asp Glu Tyr Lys Glu Arg Val Phe Gln Thr Phe Val His Tyr Asn
65             70             75             80

```

```

Asp Gly Ile Ser Lys Lys Trp Pro Arg Val Gly Gln Leu Phe Ile Ala

```

10

ES 2 693 243 T3

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

5 <210> 18
 <211> 1032
 <212> ADN
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

ES 2 693 243 T3

```

<400> 18
aaaagattat tactctctgc tgctatccta agtagtatgg ctttgtttaa tgtcaatgca      60
caagagttga aaacctctgc tgacatgaaa ggttccttta agaagaatgt ggtattggag      120
gtatttactg ccgaatggtg cggttactgt ccagggtgga aagagcgcat tgcaaaagca      180
attgaaatgt tggatgatga atataaggag cgtgtttttc agacatttgt tcattataat      240
gatgggatct caaaaaaatg gcctcgtgtt ggccaacttt tcattgcatt ggatcaaaca      300
ttgggcattc cgggttttcc gactttttca gtttgccgta tggagaaaaa aggtgaaaat      360
ctttcaatag gtgctccaat agcaattaaa aataagatta tgaaaggttt tggatgatgt      420
acagcccctg cagaggtaaa ccttaaattg accaaagggtg caacaccgga agatgtatgt      480
acagctacat ttactggtaa agtcgatgct gacctcatag ggaaacctct tatgttgact      540
gcatatgtat tgaaaaacaa tatgaagcct attaatccgc aaaatggagc tggggatgga      600
tatctccacc aacatactgt gttaatgatt ctctccacag atgtaaaagg agacgcttta      660
aatattgcag ccgatggaag ttttaccatc aagaagaat ttaagttgga tggctttgaa      720
attaaagata cagatgttct tgctttcgta caccatccaa tgtccaatgc ggaaaacat      780
tctattatca atgccgggca agaaagcctt gataaagcag agcctacagc tacagaacaa      840
attgttgcta cccctctgt caaagcatat gttcagaatg gcaaaattgt tgtagaggaa      900
gagtattcca agatggaagt attcaatgca actggtcaac ttgtcaaaaa tgaatccctt      960
gtccccggtg tctatgttgt ccgtataacg gcaaacggtg taatgtattt ccttaaagtc     1020
ttagttcctt ga                                                                1032

```

5

```

<210> 19
<211> 292
<212> PRT
<213> Porphyromonas\201@gingivalis

```

```

<400> 19
Lys Lys Leu Ile Leu Ala Thr Leu Gly Leu Met Ala Ile Ala Met Leu
1           5           10           15

```

```

Ser Cys Ser Ser Asn Asn Lys Asp Leu Glu Asn Lys Gly Glu Ala Thr
20           25           30

```

10

```

Leu Leu Val Thr Phe Gly Ser Ser Tyr Lys Ala Pro Arg Glu Thr Tyr

```

ES 2 693 243 T3

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

5 <210> 20
 <211> 879
 <212> ADN
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

ES 2 693 243 T3

```

<400> 20
aaaaaactga ttttagcgac tttgggactt atggccattg ccatgctctc atgttcaagc      60
aacaacaagg atttgagaa caaaggggag gctactcttt tggtaacgtt tggtagctcc      120
tataaagctc cacgcgaaac ctatgcgaag attgagaaga cttttgccgc agcttatccc      180
gatcaaagga taagctggac atacacgtct tctattatcc gaaagaaact ggctcagcag      240
ggatattata tcgatgctcc ggatgaggct ttggagaaat tggctcgtct gggttataag      300
aagatcaatg tacagagtct tcatgtgatt cccggccgag aatatgatga gatgatcgac      360
tttgtcaata agtttaaggc agcacatagt gatattactg tgaaggtagg ggctccgctt      420
ttcgataccg atgaagatat gcgcgagggt gcagagatct tgcacaagcg ttttcagcaa      480
acgatagaga aaggtgaagc tattgtattc atgggacacg gcaccgagca tgctgccaat      540
gacaggatat cccgtatcaa taagatcatg aagaactata gcaagttcat gatcgtcgga      600
accgtcgagt ccgatccctc tatcaatgat gttattgccg aactgaaaga aaccggtgcc      660
acggccgtaa caatgatgcc gctgatgagt gtggcaggcg accatgctac gaatgatatg      720
gccggagatg aggacgatag ctggaagacg ttgctgacca atgccggcta cacagtttct      780
atagacaagc tggacaatgg caatttctca gctcttgag atatagaaga gatccggaat      840
atctggctca agcatatgaa agccacctct gctcgctaa      879

```

```

<210> 21
<211> 444
<212> PRT
<213> Porphyromonas\201@gingivalis

```

```

<400> 21
Lys Asn Gln Glu Ile Met Thr Met Leu Glu Ala Lys His Pro Gly Glu
1          5          10          15

Ser Glu Phe Leu Gln Ala Val Lys Glu Val Leu Leu Ser Val Glu Glu
          20          25          30

Val Tyr Asn Gln His Pro Glu Phe Glu Lys Asn Gly Ile Ile Glu Arg
          35          40          45

Ile Val Glu Pro Asp Arg Val Phe Thr Phe Arg Val Pro Trp Val Asp
          50          55          60

```

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Gln Asn Glu Met Asn Leu Glu Asp Ala Lys Thr Leu His Lys Asn Gly
325 330 335

Val Thr Leu Val Ala Glu Thr Ser Asn Met Gly Cys Thr Ala Glu Ala
340 345 350

Ser Glu Tyr Tyr Val Ala Asn Lys Met Leu Phe Ala Pro Gly Lys Ala
355 360 365

Val Asn Ala Gly Gly Val Ser Cys Ser Gly Leu Glu Met Thr Gln Asn
370 375 380

Ala Met His Leu Val Trp Thr Asn Glu Glu Val Asp Lys Trp Leu His
385 390 395 400

Gln Ile Met Gln Asp Ile His Glu Gln Cys Val Thr Tyr Gly Lys Asp
405 410 415

Gly Asn Tyr Ile Asp Tyr Val Lys Gly Ala Asn Ile Ala Gly Phe Met
420 425 430

Lys Val Ala Lys Ala Met Val Ala Gln Gly Val Cys
435 440

<210> 22

<211> 1335

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 22

aagaaccaag aaattatgac aatgctggag gctaagcacc cggcgaaaag cgaattcctc	60
caagcagtga aggaagttct tctctctgta gaagaagtgt acaaccaaca tcccagagttc	120
gaaaagaacg gtatcatcga gcgtatcgta gagccggatc gtgtattcac attccgtgta	180
ccctgggtag atgaccaagg taaggtacag gtaaaccatcg gctaccgcgt tcagttcaac	240
aatgccatcg gtccgtacaa gggcgggtatc cgtttccatc cttcagtga cctctctatc	300
ctgaagttcc tcgggtttcga acagatgttc aagaatgcac tcaactactct ccccatgggt	360
gggtggtaaag gtggtgccga cttctctccc aagggttaaga gcgaagccga aatcatgcgt	420
ttctgccaga gcttcatgac cgaattgtgg cgcaacatcg gccctgacac cgacattcct	480
gccggtgaca tcggcgtagg cggtcgcgaa gtaggttata tggttcggtat gtacaagaag	540
ctcgctcgcg agcacacagg tacgcttacc ggcaagggat tcgagttcgg cggttctcgt	600
ctgcgtcccg aatctaccgg ttctcgggtgt gtttacttcg tacagaacat gtgtaagcaa	660
aacggtgtag actacaaggg caaaactctt gctatctccg gattcggtaa cggttgcttg	720

10

ES 2 693 243 T3

```

gggtgtggctc agaaagctac cgagttgggc attaaggttg ttacgatctc cggtcctgac 780
ggctatgttt acgaccccgga cggtatcaac acaccggaga aattccgatg catgcttgac 840
ctccgtgaca gcggtaacga cgtagtatca gactatgtga agagattccc caatgctcag 900
ttcttccccg gcaagaagcc ttgggagcaa aaggtagact tcgctatgcc ttgcgctacg 960
cagaacgaga tgaacctcga agatgccaag acgttgacaca agaatggtgt tactcttgta 1020
gctgaaactt ctaacatggg ttgtacggcc gaagccagcg aatactatgt agcaaacaag 1080
atgctcttcg ctccgggtaa ggctgttaat gcaggtgggtg tttcttgctc aggtctcgaa 1140
atgacgcaga acgctatgca cctcgtttgg acgaatgaag aagtggacaa gtggctgcac 1200
cagatcatgc aagacatcca cgagcagtgc gttacatacg gtaaagacgg caactacatc 1260
gactatgtga agggtgccaa tatcgccggc ttcatagaag ttgccaaggc tatggtagct 1320
cagggcggtt gctaa 1335

```

<210> 23

<211> 359

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 23

```

Lys Lys His Asn Phe Thr Ala Gly Pro Cys Ile Leu Asn Asp Leu Val
1          5          10          15

```

```

Leu Lys Asp Ala Ala Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Gly Thr Gly Leu
20          25          30

```

```

Ser Val Leu Glu Val Ser His Arg Asp Lys Glu Phe Asp Ala Val Met
35          40          45

```

```

Leu Glu Ala Arg Asn Leu Phe Lys Glu Leu Leu Asp Val Pro Glu Gly
50          55          60

```

```

Tyr Glu Val Leu Phe Leu Gly Gly Gly Ala Ser Leu Gln Phe Tyr Gln
65          70          75          80

```

```

Val Pro Leu Asn Leu Leu Lys Lys Lys Ala Ala Phe Ile Asn Thr Gly
85          90          95

```

```

Thr Trp Ala Thr Asn Ala Ile Lys Gln Ala Lys Ile Met Thr Gln Val
100         105         110

```

```

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

```

10

ES 2 693 243 T3

Ser Tyr Ile Pro Lys Asp Phe Val Ile Pro Glu Asp Val Asp Tyr Phe
130 135 140

His Phe Thr Thr Asn Asn Thr Ile Tyr Gly Thr Glu Ile Arg Lys Asp
145 150 155 160

Phe Asp Thr Lys Thr Arg Leu Val Ala Asp Met Ser Ser Asp Ile Phe
165 170 175

Ser Arg Pro Ile Asp Val Ser Lys Tyr Asp Leu Ile Tyr Gly Gly Ala
180 185 190

Gln Lys Asn Ile Gly Pro Ala Gly Ala Thr Phe Val Leu Val Lys Thr
195 200 205

Asp Val Leu Gly Gln Val Asp Arg Pro Leu Pro Asp Met Leu Asn Tyr
210 215 220

Gln Ile His Ile Lys Lys Asp Ser Met Phe Asn Thr Pro Pro Val Phe
225 230 235 240

Pro Val Tyr Val Ala Leu Gln Thr Met Lys Trp Tyr Lys Glu Leu Gly
245 250 255

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

Tyr Asp Ala Ile Asp Ser Ser Lys Ile Phe Arg Gly Thr Val Asn Pro
275 280 285

Glu Asp Arg Ser Ile Met Asn Ala Cys Phe Val Met Lys Asp Glu Tyr
290 295 300

Lys Glu Leu Glu Lys Glu Phe Ala Thr Phe Ala Ala Ser Arg Gly Met
305 310 315 320

Val Gly Ile Lys Gly His Arg Ser Val Gly Gly Phe Arg Ala Ser Leu
325 330 335

Tyr Asn Ala Leu Pro Ile Glu Ser Val Gln Ser Leu Val Ser Val Met
340 345 350

Lys Glu Phe Glu Ala Lys His
355

<210> 24

<211> 1080

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 24

ES 2 693 243 T3

```

aagaagcaca atttcaccgc aggaccctgt atcctcaatg acttagtttt gaaagatgct 60
gcatcagcat gtctcaattt tgcaggaacg ggtctttctg ttcttgaagt ttctcaccgc 120
gacaaagagt tcgatgctgt aatgctcgaa gctcgcaatc tcttcaaaga acttcttgat 180
gtgcccgag gctatgaagt acttttcctc ggtggtggcg ccagcctcca attctaccaa 240
gtaccgctga acctgctaaa gaagaaagca gcctttatca acaccggtac atgggcaacc 300
aacgccatca agcaggccaa gatcatgacg cagggtatatg gtggagaagt agaggttttg 360
gcttcatctg aagacaagaa cttctcatac atccccaagg atttcgttat tcctgaggac 420
gtagattatt tccacttcac gacaaacaac acgatctacg gtactgaaat tcgtaaggac 480
ttcgacacga agactcgcct tgtagcagac atgtcttccg acattttctc tcgtccgata 540
gacgtttcca agtatgacct catctacggt ggtgctcaga agaacatcgg tccggccgga 600
gctactttcg tattggtaaa aacggatgtg ctcggaacag tagatcgtcc tctaccgat 660
atgctgaact atcagatcca catcaagaaa gactctatgt tcaacactcc tcccgtattc 720
cccgtttatg tagcactcca gacgatgaag tggtaaaaag aactcggcgg tgtgaagggtg 780
ttgaaaaga tgaatctgga caaggcagcc cttatctacg atgccatcga cagcagcaag 840
atcttccgcg gcacgggtaa tcctgaagac cgctctatca tgaacgcttg cttcgtgatg 900
aaggatgagt acaaagaact ggagaaagag ttcgctacgt ttgcagcttc acgcggcatg 960
gtaggtatca agggacaccg ctctgtaggc ggtttccgcg cttctctcta caacgcattg 1020
cctatcgaaa gcgtacaatc tttggttagc gtaatgaagg aattcgaagc taagcactaa 1080

```

<210> 25

<211> 705

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 25

```

Lys Lys Phe Phe Phe Ala Leu Leu Ser Ile Gly Ile Ser Ala Gln Ala
1           5           10           15

```

```

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

```

```

Leu Gln Thr Val Thr Val Tyr Ser Thr Arg Thr Ala Val Pro Leu Lys
35                40                45

```

```

Lys Ile Pro Ala Lys Met Glu Leu Ile Ser Ser Arg Asn Ile Lys Gln
50                55                60

```

10

ES 2 693 243 T3

Ser Gly Phe Asn Asn Met Thr Asp Ile Leu Lys Thr Gln Ser Ser Leu
 65 70 75 80

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

Phe Lys Pro Ser Gly Lys Tyr Val Thr Val Leu Val Asn Gly Ile Pro
 100 105 110

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

Ile Glu Ile Leu Lys Gly Pro Phe Ser Ser Ile Tyr Gly Thr Asn Ala
 130 135 140

Met Gly Gly Val Val Asn Ile Ile Thr His Lys Ser Lys Asp Lys Ile
 145 150 155 160

His Gly Asn Val Ser Leu Phe Gly Gly Ser Tyr Gln Thr Met Ala Gly
 165 170 175

Ser Phe Asn Leu Gly Gly Arg Phe Glu Asp Ile Phe Ser Phe Asp Leu
 180 185 190

Ser Leu Gly Leu Asp Lys Gln Asn Lys Asp Tyr Lys Thr Gly Ser Asn
 195 200 205

Asn Phe Leu Ser Leu Ser Lys Leu Glu Glu Ala Ile Val Asp Val Asn
 210 215 220

Ala Thr Lys Asn Lys Lys Met Lys Gly Ser Asp Tyr Thr Val Ala Thr
 225 230 235 240

Gly Arg Leu Arg Phe Gly Ile Asp Phe Thr Pro Glu Trp Ser Leu Asn
 245 250 255

Leu Tyr Gln Asn Val Phe Leu Gly Asp Ala Ile Pro Val Gly Gly Ser
 260 265 270

Ile Trp Gly Val Tyr Gly Glu Ser Lys Lys Asn Leu Asn Arg Ser Ser
 275 280 285

Thr Ser Phe Glu Leu Leu Gly Lys His Gly Cys His Thr Leu Gln Phe
 290 295 300

Ser Pro Tyr Phe Asn Ile Glu Lys Ser Glu Asn Tyr Asn Asn Ala Asp
 305 310 315 320

ES 2 693 243 T3

Pro Thr Gly Phe Ile Asn Tyr Lys Ser Asp Tyr Tyr Thr Tyr Gly Ala
 325 330 335
 Leu Leu Gln Asp Lys Ile Ser Phe Gly Gly Gln Asn Ile Val Leu Gly
 340 345 350
 Val Asp Ser Arg Asn Met Thr Met Glu Ser Glu Arg Phe Glu Gln Ala
 355 360 365
 Gly Val Asn Thr Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Ala Thr Asn Asn Ile
 370 375 380
 Gly Leu Phe Gly Gln Ala Asn Phe Tyr Leu Leu Asn Asp Ala Leu Ser
 385 390 395 400
 Ile Ser Ala Gly Ala Arg Ala Asp Phe Met Phe Phe Asp Leu Lys Ala
 405 410 415
 Asn Glu Tyr Leu Asn Asn Glu Ala Lys Gln Glu Thr His Asn Val Ile
 420 425 430
 Asn Pro Asn Val Gly Ile Lys Tyr Glu Phe Val Lys Gly Leu Thr Ala
 435 440 445
 His Gly Thr Phe Gly Ser Ala Phe Ser Ala Pro Asp Ala Phe Gln Lys
 450 455 460
 Ala Gly Gln Tyr Val Gly Pro Phe Gly Thr Thr Ile Gly Asn Pro Asp
 465 470 475 480
 Leu Lys Pro Glu Lys Ser Met Thr Trp Asp Phe Gly Ile Gly Tyr Ser
 485 490 495
 Asn Ala Arg Cys Gly Ile Gln Ala Asp Val Thr Tyr Phe His Thr Asp
 500 505 510
 His Lys Asp Leu Ile Leu Ser Ser Pro Asp Tyr Ala Asn Asn Ile Thr
 515 520 525
 Thr Tyr Ile Asn Ala Asp Lys Ala Arg Met Ser Gly Ile Glu Ala Leu
 530 535 540
 Leu Ser Tyr Asp Phe Gly Ser Leu Phe Ala Asn Lys Phe Ser Leu Arg
 545 550 555 560
 Ala Phe Ala Asn Ala Thr Ile Met Leu Asn Ser Glu Met Lys Lys Ser
 565 570 575

ES 2 693 243 T3

Gln Thr Asp Ala Pro Trp Ser Glu Met Tyr Tyr Val Arg Lys Gln Asn
580 585 590

Ile Thr Phe Gly Ile Glu Tyr Arg Gly Lys Glu Gly Leu Glu Val Met
595 600 605

Leu Asn Gly Arg Phe Met Gly Arg Arg Ile Glu Gln Asn Trp Tyr Ala
610 615 620

Tyr Tyr Pro Glu Val Arg Pro Glu Leu Gln Gln Leu Leu Ala Ala Glu
625 630 635 640

Glu Pro Glu Leu Ala Ala Gln Gly Leu Leu Arg His Pro Gln Ala Met
645 650 655

Val Phe Asn Ala Ser Ala Tyr Tyr His Met Asn Lys Tyr Leu Thr Phe
660 665 670

Gly Val Asn Leu Asn Asn Ile Leu Asp Glu Leu Tyr Thr Glu Lys Asp
675 680 685

Gly Tyr His Met Pro Gly Arg Asn Ile Met Gly Lys Val Met Val Asn
690 695 700

Phe
705

<210> 26

<211> 2118

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 26

```

aaaaagtttt tcttcgcgct actatcgatt ggtatttcag cgcaggcttt tgccaagacg      60
gacaacgtcc cgacagattc gctacgagta cacaatcttc agaccgtcac ggtctattct      120
acacgcacgg ccgtacctct gaaaaagata ccggccaaga tggaactcat ctcatcgcg      180
aacatcaagc agtccggcct taacaacatg accgacatcc tcaagacgca aagttcgctc      240
gatgtcatat aatacccggg ctttagttcg aacatcggtg tccgcggttt caagccctcc      300
ggcaagtatg taaccgtatt ggtaaacggc atccctgcgg gaacggacaa tatctctacg      360
ctcaaacaga gcaacatcga acaaatcgag atcctcaaag gcccggttctc ttccatctac      420
ggcaccaatg ccatgggcgg tgtggtgaac atcatcacc acaaatccaa ggacaagatc      480
catggcaacg tttctctctt cggcggtagc taccagacca tggccggatc attcaacttg      540
ggtggccgct tcgaggatat tttctcatc gatcttagtc tgggcttgga caagcagaac      600

```

ES 2 693 243 T3

```

aaggactata agaccggatc aaacaatttc ctatccctga gcaaactgga agaagctata 660
gtagatgtaa atgctaccaa aaacaagaaa atgaagggga gcgactatac tgtagcaacg 720
ggacgtctgc gtttcggtat cgacttcacg cccgaatggt cgctgaatct gtatcaaaac 780
gtattcctcg gagatgcatg ccccgtagga ggatctatat ggggcgttta cggagaatcc 840
aaaaaaaaatc tgaatcgttc ttcgacctct ttcgagctgc tcggcaaaca tggctgccac 900
acgcttcaat tctcccccta cttcaacata gagaaatcgg agaactataa caatgccgat 960
cccaccggtt tcatcaacta caaaagcgac tactacacct atggtgccct actccaggac 1020
aagatttcct ttggaggaca aaatatcgta ctcggtgtcg acagccgaaa catgacgatg 1080
gagtcagaaa gattcgagca ggcaggagtg aatacaaac catacaacc cggatatgcc 1140
acgaacaata tcggtttgtt cggacaggcc aatttctacc tgctgaacga tgctctatcg 1200
atatctgccg gtgcacgtgc cgacttcatg ttctttgacc tgaaagcgaa cgagtatctc 1260
aacaatgaag ccaaacagga aactcataac gtaatcaatc cgaatgtcgg aatcaaatat 1320
gagtttgtga aaggccttac agctcatggt acattcggta gtgcattcag tgctcccgat 1380
gctttccaaa aagcaggcca atacgtaggc ccgttcggca cgaccatagg caatcctgac 1440
ctgaaacccg aaaagtccat gacctgggac ttcggtatcg gatacagcaa tgcacgctgc 1500
gggatccaag ccgacgtaac ctatttccac accgaccaca aagatctgat cttgtccagc 1560
cctgactatg ctaataatat caccacatac atcaatgccg acaaggctcg tatgagcggg 1620
atcgaggccc ttttgtctta tgacttcggc agcctctttg ccaacaagtt ctctctccgc 1680
gcatttgoga atgccacgat catgctcaat tccgagatga agaaaagcca gaccgatgcc 1740
ccttgagcgc aaatgtacta cgttcgcaag cagaacatca ccttcggtat cgaatatcgt 1800
ggcaaagaag gacttgaagt gatgctcaac ggtcgcttca tgggacgcag gatcgagcaa 1860
aactggtatg cttactaccc cgaagttcgc cccgaactcc agcaactgct tgcagcagaa 1920
gagcctgaat tggctgctca gggactgctc cgtcatccgc aagcaatggt gttcaatgcc 1980
tctgcttact accacatgaa caagtatctc accttcggtg tgaactgaa caacatcttg 2040
gatgagcttt atacggagaa agacggctac cacatgcccg gacgtaacat catgggtaag 2100
gttatggtca acttctaa 2118

```

<210> 27

<211> 387

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 27

Lys Lys Thr Lys Phe Phe Leu Leu Gly Leu Ala Ala Leu Ala Met Thr

1

5

10

15

10

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

260	265	270
Glu Leu Arg Pro Thr Ile Leu Cys Ile Tyr Gly Lys Leu Leu Asp Lys		
275	280	285
Asp Gly Asn Pro Leu Thr Glu Pro Ala Leu Thr Asp Ala Ile Asn Ala		
290	295	300
Gly Phe Cys Asp Gly Asp Gly Thr Thr Tyr Tyr Pro Val Leu Val Asn		
305	310	315
Tyr Asp Gly Asn Gly Tyr Ile Tyr Ser Gly Ala Ile Thr Gln Gly Gln		
320	325	330
Asn Lys Ile Val Arg Asn Asn His Tyr Lys Ile Ser Leu Asn Ile Thr		
335	340	345
Gly Pro Gly Thr Asn Thr Pro Glu Asn Pro Gln Pro Val Gln Ala Asn		
350	355	360
Leu Asn Val Thr Cys Gln Val Thr Pro Trp Val Val Val Asn Gln Ala		
365	370	375
Ala Thr Trp		
380		

<210> 28
 <211> 1164
 <212> ADN
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 28
 aaaaaaacia agtttttctt gttgggactt gctgctcttg ctatgacagc ttgtaacaaa 60
 gacaacgagg cagaacccgt tgtagaaact aacgctactg ttagtttcat aattaagagc 120
 ggtgagagcc gcgctgtagg cgatgacctt acagatgcta agatcacaaa gctcacggcc 180
 atggtctatg caggtcaagt tcaagaaggt attaagacag tggaagagga cggcggagtc 240
 cttaaagtag aaggaattcc gtgtaaatct ggagccaacc gtgtcctcgt cgttgtagcc 300
 aatcacaatt atgagcttac cggtaaaagt ttgaatgagg ttgaggcctt gacgacttct 360
 ttgacagctg aaaacaaaa tgccaaaaac ttgatcatga caggtaagtc agcagctttt 420
 acaatcaaac cgggctccaa ccactatggc tatcctgggtg ggactgcatc cgacaacctt 480
 gtttctgctg gaactcctct tgccgttact cgcgtgcatg ccggtatctc attcgcagga 540
 gtagaggtaa atatggctac acagtatcaa aactactatt cttttaaac agctgacgct 600
 aaaatcgcag cccttgctgc aaagaaagat tctaagattt tcggcaattc tttggtctca 660

ES 2 693 243 T3

```

aacactaatg catatttgta tggagtccaa acgcctgccg gtctttacac tccggatgct 720
gcaggagaaa catacgaatt ggaggcgtct ttgaatacga attatgctgt aggtgccggc 780
ttctatgtgc tggaaagtaa atatgatgca agcaacgagc ttcgtccgac gatcctttgt 840
atctatggaa agctgctcga taaggacggc aaccctctca cggaaccagc cttgacggat 900
gctataaatg ccggattctg cgacggagat ggcacgactt actatccggt attggtgaac 960
tatgatggca atggctacat ctattcaggt gctattaccc aaggacaaaa caaaatcggt 1020
cgcaacaacc actacaagat ttcgtgaac atcacgggcc ccggtacgaa tactcctgaa 1080
aatcctcaac cggtaacaag caacctgaat gttacttgcc aagttacacc ttgggttgtt 1140
gttaatcagg ctgctacttg gtaa 1164

```

<210> 29

<211> 553

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 29

```

Lys Lys Leu Leu Tyr Ile Leu Leu Leu Pro Leu Leu Ile Leu Ser Cys
1          5          10          15

```

```

Val Lys Glu Gln Asn Met Ser Val Pro Gly Asp Glu Ala Val Val Arg
          20          25          30

```

```

Phe Ser Leu Asp Gln Ser Asp Phe Ser Ser Leu Arg Ser Arg Ser Tyr
          35          40          45

```

```

Glu Asp Leu Ile Gln Thr Leu Glu Leu Trp Val Phe Asp Glu Gln Gly
          50          55          60

```

```

Leu Phe Val Glu Lys Ala Lys Glu Val Gln Tyr Asn Pro Phe Ala Asn
          65          70          75          80

```

```

Ser Phe Thr Ala Lys Val Ser Lys Ser Met Ser Pro Arg Ile Ile His
          85          90          95

```

```

Phe Ile Val Asn Tyr Thr Leu Ala Asn Glu Ala Asn Trp Val Gly His
          100          105          110

```

```

Asp Glu Lys Glu Met Val Pro Ser Leu Ser Val Gly Thr Gln Pro Thr
          115          120          125

```

```

Tyr Leu His Met Trp Ala Arg Lys Arg Tyr Glu Lys Ile Glu Gly Asn
          130          135          140

```

```

Asp Asn Leu Gln Thr Ile Thr Val Arg Arg Asn Met Ala Lys Phe Ser

```

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Ile Val Gly Ala Gln Asp Asn Pro Asp Leu Lys Arg Leu Val Arg Val
405 410 415

Val Val Arg Lys Pro Tyr Val Tyr Asn Pro Phe Ala Val Arg Thr Gln
420 425 430

Lys Gly Ala Gly Asp Ala Phe Thr Glu Tyr Thr Ala Thr Ser Asn Ala
435 440 445

Val Ser Cys Gln Val His Lys Thr Gln Asp Lys Ala Leu Asn Ile Val
450 455 460

Met Asn Ile Pro Ala Asp Phe Asn Pro Ala Leu Leu Pro Thr Thr Phe
465 470 475 480

Arg Ile Lys Thr Asn Asn Phe Tyr Pro Ser Gly Gly Gln Gly Leu Ile
485 490 495

Phe Gly Asn Glu Ala Glu Lys Pro Phe Tyr Asp Tyr Ile Leu Thr Ala
500 505 510

Ile Pro Thr Asp Arg Lys Val Glu Leu Met Phe Lys Ser Asn Lys Ser
515 520 525

Ala Ser Ala Glu Thr Ile Thr Val Ser Ser Arg Ser Lys Tyr Phe His
530 535 540

Thr Gln Thr Ile Thr Val Ala Asn Pro
545 550

<210> 30

<211> 1662

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 30

```

aaaaaattgc tatatatact gttgctaccc ctgctaatac tttcgtgtgt caaggaacag      60
aatatgtctg ttccggggga cgaggcagta gtgcgtttta gtttggatca atccgatttc      120
agttctttgc gcagcagaag ctatgaagat ctgatacaga ctttagagct atgggttttc      180
gatgagcaag gtcttttcgt ggaaaaagcc aaagaagtgc agtacaatcc cttcgctaata      240
tcttttacgg cgaagggttc gaaatcgatg tcgcctcgta tcattcatth cattgtgaat      300
tatacgttgg ccaacgaggc aaactgggtc ggacacgatg agaaagaaat ggtaccgtca      360
ttgtcagtcg gcacacaacc tacttactta catatgtggg ctcgaaagag atacgagaaa      420
attgagggca atgacaatth gcaaacgata acagtgcgtc gcaatatggc caaatcagc      480
ttggccatga ataccgcaa gctgacagag gtggagtact ctctttataa cacctttgac      540

```

10

ES 2 693 243 T3

```

aaaggcacct tggtccatt cgaccctcc gaaacgaatc cagacttagc attcaaaaaa 600
gattttgtga ccgagccggc cggagctgat tttgataatc agaaaggggtt caaacctgtc 660
ggctctgaga atttctttta tggtttcgag cgtaaaaatt cagttattgc tgcgggagaa 720
caaatctctt gcctgatcat aaaaggcaaa tatcaaggta gtaatgcctt ttcttactac 780
aagatagact ttgtccatca ggacgacaag accaagcgtt acgacatcat acgcaatcac 840
ttctataagg tgacgatcaa tgatgtatth aaagccggat ttcccacaat cgaggcggct 900
ctttcaggtg ctgctgcaa caacatagct ctctccgagg agctgcaaat gtacccgtct 960
ttctctgacg ggaaggtaa gatcgaagtg gatcatactt acttggcctt taccgatggg 1020
cagacaacgg gcacaatcaa agcggcttat tatccgaatg ttggcaacgt aacacagcag 1080
aacaatctga tcaccgtcac atatagcggg gatgcagtaa ccggtgctac taacaacaac 1140
ggtagcattt cgttgtcatt ggctgcaaca cccggttcag gctcatgtac gtcagacatc 1200
attgtgggag cacaagataa tcctgacctc aaacgtctgg tgcgtgtggt agtgaggaag 1260
ccctacgttt acaatccatt tgcagtccgc acacaaaagg gtgcaggaga tgcattcaca 1320
gaatacacag ccacttcgaa cgcagtctct tgtcaggtag ataagacgca ggataaagca 1380
ctgaacatcg tcatgaatat cccggccgat ttcaatccgg ctttgcttcc tactactttc 1440
cgaatcaaga cgaacaactt ttatccctcc ggtggctcagg ggcttatctt tggcaacgag 1500
gccgaaaagc ctttttacga ctatatcctg acggcaatcc cgaccgatcg caaggtggaa 1560
ctgatgttca aatcgaataa atctgcttcg gctgagacga tcacagtttc ttctcgttca 1620
aaatacttcc acacacagac gataacggtg gcgaatccgt aa 1662

```

<210> 31
 <211> 215
 <212> PRT
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 31
 Lys Lys Ile Ile Phe Ser Ala Leu Cys Ala Leu Pro Leu Ile Val Ser
 1 5 10 15
 Leu Thr Ser Cys Gly Lys Lys Lys Asp Glu Pro Asn Gln Pro Ser Thr
 20 25 30
 Pro Glu Ala Val Thr Lys Thr Val Thr Ile Asp Ala Ser Lys Tyr Glu
 35 40 45
 Thr Trp Gln Tyr Phe Ser Phe Ser Lys Gly Glu Val Val Asn Val Thr
 50 55 60

ES 2 693 243 T3

Asp Tyr Lys Asn Asp Leu Asn Trp Asp Met Ala Leu His Arg Tyr Asp
 65 70 75 80
 Val Arg Leu Asn Cys Gly Glu Ser Gly Lys Gly Lys Gly Gly Ala Val
 85 90 95
 Phe Ser Gly Lys Thr Glu Met Asp Gln Ala Thr Thr Val Pro Thr Asp
 100 105 110
 Gly Tyr Thr Val Asp Val Leu Gly Arg Ile Thr Val Lys Tyr Glu Met
 115 120 125
 Gly Pro Asp Gly His Gln Met Glu Tyr Glu Glu Gln Gly Phe Ser Glu
 130 135 140
 Val Ile Thr Gly Lys Lys Asn Ala Gln Gly Phe Ala Ser Gly Gly Trp
 145 150 155 160
 Leu Glu Phe Ser His Gly Pro Ala Gly Pro Thr Tyr Lys Leu Ser Lys
 165 170 175
 Arg Val Phe Phe Val Arg Gly Ala Asp Gly Asn Ile Ala Lys Val Gln
 180 185 190
 Phe Thr Asp Tyr Gln Asp Ala Glu Leu Lys Lys Gly Val Ile Thr Phe
 195 200 205
 Thr Tyr Thr Tyr Pro Val Lys
 210 215

<210> 32
 <211> 648
 <212> ADN
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 32
 aaaaaaatca ttttctccgc actctgtgca ttgccattga ttgtgtctct aacttcttgt 60
 gggaagaaga aagacgagcc gaaccaaccc tccacacccg aagcagtaac caaaaccgta 120
 actatcgatg cttcgaaata cgaaacgtgg cagtatttct ctttttccaa aggtgaagtc 180
 gtaaatgtta ccgactataa gaacgatttg aactgggaca tggctcttca ccgctatgac 240
 gttcgtctca attgtggcga aagtggtaag ggaaaagggtg gtgccgtatt ctccggcaag 300
 acagaaatgg atcaggctac taccgttccg acagacggat atactgtaga tgttctcggc 360
 cgtattacag tcaagtacga aatgggacct gatgggtcatc agatggaata tgaagaacag 420
 ggcttcagcg aagtgattac cggcaagaag aacgcacagg gatttgcttc aggtgggttg 480
 ctggaattct ctcacggtcc tgccggtccc acttacaagc tgagcaaaaag agtcttcttc 540
 gttcgtggtg ctgatggtaa tattgccaaa gtgcagttca ctgactatca ggatgcagaa 600
 ctcaaaaaag gagtcatcac tttcacttat acataccccc ttaaataa 648

<210> 33
 <211> 598

ES 2 693 243 T3

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 33

```

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

His Glu His Ile Asp Ala Tyr Ile Ile Pro Ser Ser Asp Ala His Leu
          20          25          30

Ser Glu Tyr Thr Pro Glu His Trp Lys Gly Arg Arg Trp Ile Ser Gly
          35          40          45

Phe Thr Gly Ser Ala Gly Thr Val Val Val Thr Ala Asn Lys Ala Gly
          50          55          60

Leu Trp Thr Asp Gly Arg Tyr Phe Leu Gln Ala Gly Gln Gln Leu Glu
65          70          75          80

Gly Thr Ser Ile Asp Leu Tyr Lys Glu Gly Ile Pro Gly Thr Pro Ser
          85          90          95

Ile Glu Gln Phe Leu Ala Ala Glu Leu Lys Ala Gly Gln Thr Val Gly
          100          105          110

Ile Asp Gly Arg Cys Phe Pro Ala Gly Ala Ala Ser Ala Thr Glu Ser
          115          120          125

Ala Leu Asp Ile Tyr Gly Ile Lys Leu Arg Thr Asp Lys Asp Leu Phe
          130          135          140

Asp Glu Ala Trp Arg Asp Arg Pro Glu Ile Pro Arg Gly Glu Leu Phe
145          150          155          160

Val Gln Pro Val Lys Tyr Ala Gly Glu Ser Val Lys Asp Lys Ile Ala
          165          170          175

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

Thr Met Leu Asp Glu Leu Ala Trp Ile Phe Asn Leu Arg Gly Arg Asp
          195          200          205

```

5

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

450 455 460

Asn Tyr Ala His Gly Thr Gly His Gly Val Gly Cys Phe Leu Asn Val
465 470 475 480

His Glu Gly Pro Gln Asn Ile Arg Met Asp Glu Asn Pro Thr Glu Met
 485 490 495

Lys Ile Gly Met Ile Thr Ser Asn Glu Pro Gly Leu Tyr Arg Ser Gly
 500 505 510

Lys Tyr Gly Ile Arg Ile Glu Asn Leu Val Val Thr Lys Leu Asn Val
 515 520 525

Glu Thr Glu Phe Gly Arg Phe Phe Gly Phe Glu Thr Leu Thr Ala Phe
 530 535 540

Tyr Phe Asp Asn Glu Leu Ile Glu Lys Ser Leu Leu Thr Ala Asp Glu
545 550 555 560

Leu Lys Trp Tyr Asn Asp Tyr Gln Gln Trp Val Tyr Lys Thr Leu Ala
 565 570 575

Pro Glu Leu Thr Thr Glu Glu Arg Ala Trp Leu Lys Glu Lys Thr Gln
 580 585 590

Thr Ser Lys Arg Pro His
 595

<210> 34
<211> 1797
<212> ADN
<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 34
acaaacgata tcttgcagcg tcttgcgtct ttgcgcaaag tcatgagtca tgagcatatc 60
gatgcttata tcatcccagc ttcggtatgcc cacctaagcg aatacacacc ggaacactgg 120
aaaggtcgcc gttggatttc cggtttcacc ggatcggccg gcacagtagt ggtcacagca 180
aataaggccg gactatggac ggacggacgc tacttctctc aagcaggcca acagctcgaa 240
ggcacttcta tcgacctcta caaagaaggc atccccggaa ctccctccat cgaacagttt 300
cttgccgccg agctgaaagc cgggcaaaca gtgggtatag atggacgttg ctttccggca 360
ggtgctgcct ctgcaaccga atcggctttg gatatatatc gcatcaaaact aaggactgac 420
aaggatcttt tcgatgaagc atggcgagat cgtccagaaa tccctcgtgg agagcttttc 480
gttcagccccg tgaagtatgc aggagaaagc gtgaaagaca agatcgcacg tgtcaataaa 540

ES 2 693 243 T3

```

gaactggcga cacaaggtgc caatgccact attatcacca tgttgacga attggcttgg 600
atattcaatc ttcgtggtag agatgtggag tgcaaccccg taggagttgc ttttggttat 660
gtatcggctc gagaatctgt cctctttgct ttccctgaga agattactaa ggaggttcgc 720
tcagctatgg aagaaggcgg ggtcaagatt atgccctacg aagccatata tgaatatatc 780
ccagcactac ctgccgaaga aaggctgctt atcgacaaga aacgcattac acgcgcactt 840
tatgacctta taccggctgc ttgtcggaaa atagacgggtg tcagcacaat tacagcgttg 900
aaagctatca agaacgagca agagctatcc ggtgttcgtg ccgctatggt acgtgatggc 960
gttgccctta cccgattctt tatgtggttg gaacaggagt ggggaagccgg tcgcaaccat 1020
gacgaagtgg tattgggtga aaagctcaca gcattccgta ctgctcagcc cctctatttc 1080
ggagatagtt tcgatacgat atgcggctat caggatcatg gtgctatcat ccattaccgc 1140
gccacacccg aatccgccca cgtagtcaaa cgagaagggtg tactcctcct cgatagcgga 1200
gcacagtatc atgatggcac tacagacatc acacgtactg tcgctttgag tactccatcg 1260
gccgaactca aacggaacta tacccttggt atgaaagggc atatcgctat tgccacggca 1320
caatatctgg aggggtacgcg cggtagtcag atcgatgtat tggcacgcaa agccctttgg 1380
gacaatggaa tgaactatgc tcatggcacg ggacatggcg tcggttgctt cctcaacgtc 1440
catgaagggc cgcagaatat tcgcatggat gagaatccta ccgaaatgaa gattggaatg 1500
attacgagca atgaaccggg tctttatcgt tccggcaa atggatatccg aatcgaaaac 1560
ctcgtagtga ccaagttgaa tgtagagact gaattcggcc gattcttcgg attcgaaacg 1620
ctgacggctt tctatttcga caacgaactc atcgaaaaaa gcttgctcac agcagatgaa 1680
ttgaagtggg acaatgacta ccagcagtgg gtgtacaaga cgcttgctcc cgaactgact 1740
accgagggaa gagcttggct caaagagaaa actcagactt ctaagcggcc gcactag 1797

```

<210> 35

<211> 335

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 35

Thr Lys Val Gly Ile Asn Gly Phe Gly Arg Ile Gly Arg Leu Val Phe
1 5 10 15

Arg Ala Ala Gln Thr Gln Asn Arg Ser Asp Ile Glu Ile Val Ala Ile
20 25 30

Asn Asp Leu Ile Asp Val Glu Tyr Met Ala Tyr Met Leu Lys Tyr Asp
35 40 45

Ser Val His Gly Arg Phe Asn Gly Thr Val Glu Val Lys Asp Gly Gln

ES 2 693 243 T3

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

5 <210> 36
<211> 1008

ES 2 693 243 T3

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 36

```

acgaaagtag gtattaacgg ctttggccgt atcggccgct tggattccg cgcagcacia 60
acacaaaaca gaagcgacat tgaaattgta gccatcaacg acctgatcga tgtggaatat 120
atggcgtaga tgctcaagta cgacagtgtg cacggctcgtt tcaatgggac agtcgaagtc 180
aaagatgggtc agctgatagt aaacgggaaa gccattcgag ttacagctga gaagaaccct 240
gccgatctga aatgggatca agtcggagtg gaatacgtag tggaatccac cggctctttc 300
ctcacgaaag aaaaatccga agcacacctt gctgccggtg ccaagtatgt agttatgtcg 360
gctccctcta aagacgacac gcctatgttc gtatgaggag tgaatacggg taagtacgta 420
aaaggcacga agatcggttc caacgcttct tgtaccacca actgtctggc acccattgcc 480
aaggtagtga atgacaactg gggcatggta ggaggtctca tgaccacggt acatgccacc 540
acagctacgc agaagacagt ggacggcccc tctgcaaaag actggcgcgg cggtagagca 600
gcaggcgaggc atatcatccc ctcttcacc ggtgcagcca aagcagtagg caagtgatc 660
cccgaactga acggcaaaact gacgggtatg tcattccgtg tgccgacact ggacgtatcg 720
gtagtagacc tgacatgccg gttggcgaaa ccggctaaat acgaagatat ttgtgctgcc 780
atgaagaaag cttcggaagg cgaactcaaa ggcatcttgg gctacacgga cgaagaagtg 840
gtttcctccg acttcatcgg cgaaaccggt acttccgtat tcgatgcaa ggccgggtatc 900
gcacttacgg atacttttgt gaagatcgtt tcatggtagc acaacgaaat cggatactcc 960
5 aacaaagtac tcgatctcat cgcctacatg gctaaggtaa acgcataa 1008

```

<210> 37

<211> 159

<212> PRT

10 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 37

```

Lys Ile Ser Glu Asn Val Thr Lys Ala Ile Asn Asp Gln Ile Lys Ala
1           5           10           15

```

```

Glu Met Trp Ser Ser Asn Leu Tyr Leu Ser Met Ser Val His Phe Ala
20           25           30

```

ES 2 693 243 T3

Gln Val Gly Tyr Asn Gly Phe Ala His Trp Leu Lys Lys Gln Ser Leu
35 40 45

Glu Glu Met Glu His Ala Tyr Asp Met Met Asp Tyr Leu Leu Lys Arg
50 55 60

Gly Gly Glu Val Lys Ile Glu Ala Ile Asp Ala Val Pro Gln Lys Phe
65 70 75 80

Gly Ser Val Leu Glu Val Phe Gln Gln Val Tyr Glu His Glu Cys Lys
85 90 95

Val Thr Glu Met Ile Glu Ala Val Val Arg Ala Ala Ser Glu Ala Gly
100 105 110

Asp Met Ala Ser Gln Asp Phe Phe Trp Lys Tyr Ile Arg Glu Gln Val
115 120 125

Glu Glu Glu Ala Thr Ala Ala Glu Ile Val Glu Thr Ile Arg Leu Ser
130 135 140

Gln Glu Gln Asn Leu Ile Phe Ile Asp His Gln Leu Ala Arg Arg
145 150 155

<210> 38

<211> 480

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 38

aaaataagcg aaaacgtaac taaagcgatc aatgaccaa tcaaggccga aatgtggtct 60

tcaaacctct atttgtccat gtctgtgcat ttgcgagc tagggtacaa cggctttgct 120

cattggctca aaaagcagag cctcgaggaa atggaacatg cctacgatat gatggactac 180

ctcctgaagc gtggcggcga ggtgaagata gaagctatcg atgccgtgcc ccagaagttc 240

ggctctgtat tggaggtatt ccaacagggtg tacgaacacg agtgcaaagt gaccgaaatg 300

atcgaggctg tcgtaagggc tgcttccgaa gccggagata tggcatcaca ggacttcttc 360

tggaagtata tccgcgagca ggtagaagag gaagccactg ctgccgaaat cgtcgaaacg 420

atccgtctct ctcaggagca gaatctgatc ttcacgatc atcagctcgc ccggagataa 480

<210> 39

<211> 425

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 39

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Leu Asp Ser Ala Val Phe Pro Gly Val Gln Gly Gly Pro Leu Glu His
260 265 270

Val Ile Ala Ala Lys Ala Val Ala Phe Gly Glu Ala Leu Asp Pro Ser
275 280 285

Phe Lys Glu Tyr Gln Thr Gln Val Lys Lys Asn Ala Ala Val Leu Ala
290 295 300

Gln Ala Phe Met Asp Lys Gly Tyr Lys Val Ile Ser Gly Gly Thr Asp
305 310 315 320

Asn His Ser Met Leu Ile Asp Leu Arg Pro Lys Phe Pro Glu Leu Thr
325 330 335

Gly Lys Val Ala Glu Lys Ala Leu Val Ala Ala Asp Ile Thr Val Asn
340 345 350

Lys Asn Met Val Pro Phe Asp Ser Arg Ser Ala Phe Gln Thr Ser Gly
355 360 365

Phe Arg Val Gly Thr Pro Ala Ile Thr Thr Arg Gly Val Lys Glu Asp
370 375 380

Lys Met Gly Tyr Ile Val Glu Leu Ile Asp Arg Val Leu Ser Ala Pro
385 390 395 400

Glu Asp Glu Ala Val Ile Ala Ser Val Arg Thr Glu Val Asn Arg Met
405 410 415

Met Ala Asp Tyr Pro Leu Phe Ala Trp
420 425

<210> 40

<211> 1278

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 40

aaaaaagaca gcgtaatttt cgatctgatac gaaaaagaac atcagcgcca gctcaaaggc 60

atcgagctga tcgcatcgga aaactttgta agcgaacaag ttatgcaggc tatgggtagc 120

tgtatgacca ataagtatgc cgaaggttat cccggcaaac gctattacgg tggttgtgaa 180

gtggttagacc aaagcgagca aatcgccatc gaccgtatca aacaactcta cggagccgaa 240

tgggccaacg tacagcctca ctccggagca caggccaata tggccgttct tctggcttgc 300

ctcgaagcag gcgatacgtt catgggactg aacctcgaac acggcggcca cctatcgcac 360

ES 2 693 243 T3

```

ggctcactcg tcaatagctc gggatccctc taccgtccca tcggctacaa tctgagcgaa 420
gagacgggaa tggtaggatta cgaccacatg gagaaaatgg ccatcgagca caaacccaag 480
ctgatcatcg gcggtgggtc ggcctattct cgtgagtgagg actacaagcg tatgcgtgag 540
atcgctgaca aggtgggtgc cttgttgatg atcgatatgg cacaccctgc cggctctgac 600
gctgccggtc tgctggagaa ccccggaag tatgctcata tcgttacttc tacgactcac 660
aagacactgc gtggcccccg tggcgggtatc atccttatgg gcaaggactt cgacaatcct 720
tggggcaaga aaaccccga gggcgagatc aagaagatga gcgcactcct cgactctgcc 780
gtattccccg gtgtacaggg tggcccgctc gagcacgtta tagctgctaa ggctgtagct 840
ttcggaaga cactggatcc ttcgttcaag gaatacaaaa cgcaggtgaa aaagaatgct 900
gccgttttgg ctcaggcttt catggacaaa ggctataaag tgatttccgg tggtagcgac 960
aaccacagta tgctgatcga tcttcgtccg aagttccccg aactgacagg taaagtggca 1020
gagaaagccc tcgtggcagc ggatattacc gtcaataaga acatggtacc gttcgattct 1080
cgctctgcat tccagacatc gggcttccgc gtgggtactc cggccatcac cactcgtggc 1140
gtaaaagaag ataagatggg ctatatcgtg gaggtagatg accgtgtgct ctccgcaccg 1200
gaggacgaag ccgtaatagc atcggttcgt accgaagtca accggatgat ggccgattat 1260
cctctctttg cttggtaa 1278

```

<210> 41

<211> 289

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 41

```

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

```

```

Ala Ser Cys Asp Ile Ile Asp Lys Asp Gln Thr Leu Leu Pro Ala Pro
20          25          30

```

```

Thr Asn Val Thr Pro Asp Asn Pro Asp Asp Asn Pro Ser Glu Ile Asp
35          40          45

```

```

Ile Thr Gln Thr His Thr Glu Lys Tyr Val Leu Ala Glu Glu Phe Thr
50          55          60

```

```

Gly Gln Lys Cys Leu Asn Cys Pro Lys Gly His Arg Lys Leu Ala Ala
65          70          75          80

```

```

Leu Lys Glu Gln Tyr Gly Lys Arg Leu Thr Val Val Gly Ile His Ala
85          90          95

```

ES 2 693 243 T3

Gly Pro Gly Ser Leu Val Pro Pro Leu Phe Arg Thr Glu Ala Gly Asp
100 105 110

Ala Tyr Tyr Ser Lys Phe Ala Asn Asn Thr Pro Leu Pro Ala Leu Met
115 120 125

Val Ser Arg Lys Lys Phe Gly Ser Ser Tyr Val Tyr Asp Lys Ser Tyr
130 135 140

Lys Thr Trp Asp Val Pro Ile Ala Glu Gln Met Glu Gln Lys Ala Lys
145 150 155 160

Ile Asn Ile Phe Ala Val Ala Glu Tyr Thr Asp Thr Gln Lys Ile Lys
165 170 175

Val Thr Val Lys Gly Lys Ile Leu Glu Gly Asn Thr Leu Pro Lys Ser
180 185 190

Met Val Gln Val Tyr Leu Leu Glu Asp Lys Leu Ile Ala Pro Gln Val
195 200 205

Asp Gly Asn Thr Thr Val Glu Asn Tyr Glu His Asn His Val Leu Arg
210 215 220

Gly Ala Val Asn Gly Ile Trp Gly Glu Glu Phe Val Asn Leu Lys Asp
225 230 235 240

Tyr Leu Tyr Thr Tyr Ala Val Glu Pro Leu Ser Gly Met Ser Phe Val
245 250 255

Ala Glu Asn Tyr Ser Ile Val Ala Phe Val Tyr Asp Val Gln Thr Phe
260 265 270

Glu Val Tyr Asp Val Val His Val Lys Ile Asn Pro Gln Ser Asp Gly
275 280 285

Lys

<210> 42

<211> 870

5 <212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 42

aaaaagctat ttctctcgct cactgagctt gtaatggtct tcgctgttgc aagttgcgat 60

ataatcgaca aggatcaaac cctcttgccg gctccgacca atgtgacacc cgataatccg 120

10

ES 2 693 243 T3

```

gatgacaatc cttcggagat cgacattacg cagacgcaca cagaaaaata tgttttggct 180
gaagaattta ccggccaaaa atgtctcaac tgtccgaaag gtcacgcgaa actggcggct 240
ctcaaggagc aatacggtaa gagattgact gttgtcggta tacatgccgg ccctggatct 300
ctcgtgccac ctcttttccg tacagaagcc ggagacgcat attatagcaa gttcgccaat 360
aatacccctc tccctgcgct gatggtttcg cgaaaaagt tcggctcttc ctacgtttat 420
gataagagct acaaaacgtg ggacgtgcct attgccgagc agatggagca aaaggcgaag 480
atcaatatct ttgccgtggc cgaatacacc gatacccaaa agatcaaggt gactgtaaag 540
ggtaaaatac tggaggggaa tacactcccg aagtccatgg ttcaggtgta tctgttgag 600
gataagctga tcgctccgca ggtggatggc aatacgacag tcgagaatta cgagcacaat 660
cacgtgttgc gtggagccgt taatggtatt tggggcgaag aatttgtgaa tctcaaagat 720
tatttgtata cttacgccgt tgaaccgctc tcgggtatgt ccttcgtagc cgagaattat 780
tcgattgtgg cttttgtata cgatgtgcag acgttcgaag tgtatgacgt tgtgcatgta 840
aagatcaatc cgcaatccga tggcaaataa 870

```

```

<210> 43
<211> 939
<212> PRT
<213> Porphyromonas\201@gingivalis

```

```

<400> 43
Asn Lys Phe Tyr Lys Ser Leu Leu Gln Ser Gly Leu Ala Ala Phe Val
1          5          10          15

Ser Met Ala Thr Ala Leu Thr Ala Ser Ala Gln Ile Ser Phe Gly Gly
          20          25          30

Glu Pro Leu Ser Phe Ser Ser Arg Ser Ala Gly Thr His Ser Phe Asp
          35          40          45

Asp Ala Met Thr Ile Arg Leu Thr Pro Asp Phe Asn Pro Glu Asp Leu
          50          55          60

Ile Ala Gln Ser Arg Trp Gln Ser Gln Arg Asp Gly Arg Pro Val Arg
          65          70          75          80

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

His Ile Ser Ser Ile Gly Asp Val Asp Val Tyr Arg Leu Gln Phe Lys
          100          105          110

Leu Glu Gly Ala Lys Ala Ile Thr Leu Tyr Tyr Asp Ala Phe Asn Ile

```

ES 2 693 243 T3

115		120		125											
Pro	Glu	Gly	Gly	Arg	Leu	Tyr	Ile	Tyr	Thr	Pro	Asp	His	Glu	Ile	Val
130						135					140				
Leu	Gly	Ala	Tyr	Thr	Asn	Ala	Thr	His	Arg	Arg	Asn	Gly	Ala	Phe	Ala
145					150					155					160
Thr	Glu	Pro	Val	Pro	Gly	Ser	Glu	Leu	Ile	Met	Asp	Tyr	Glu	Val	Ser
				165					170					175	
Arg	Gly	Gly	Thr	Leu	Pro	Asp	Ile	Lys	Ile	Ser	Gly	Ala	Gly	Tyr	Ile
			180					185						190	
Phe	Asp	Lys	Val	Gly	Gly	Arg	Pro	Val	Thr	Asp	Asn	His	Tyr	Gly	Ile
	195						200					205			
Gly	Glu	Asp	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Cys	Glu	Ile	Asn	Ile	Asn	Cys	Pro
210						215					220				
Glu	Gly	Ala	Asp	Trp	Gln	Ala	Glu	Lys	Asn	Gly	Val	Val	Gln	Met	Ile
225					230					235					240
Met	Val	Lys	Gly	Gln	Tyr	Ile	Ser	Met	Cys	Ser	Gly	Asn	Leu	Leu	Asn
				245					250					255	
Asn	Thr	Lys	Gly	Asp	Phe	Thr	Pro	Leu	Ile	Ile	Ser	Ala	Gly	His	Cys
			260					265					270		
Ala	Ser	Ile	Thr	Thr	Asn	Phe	Gly	Val	Thr	Gln	Ser	Glu	Leu	Asp	Lys
		275					280					285			
Trp	Ile	Phe	Thr	Phe	His	Tyr	Glu	Lys	Arg	Gly	Cys	Ser	Asn	Gly	Thr
290						295					300				
Leu	Ala	Ile	Phe	Arg	Gly	Asn	Ser	Ile	Ile	Gly	Ala	Ser	Met	Lys	Ala
305					310					315					320
Phe	Leu	Pro	Ile	Lys	Gly	Lys	Ser	Asp	Gly	Leu	Leu	Leu	Gln	Leu	Asn
				325					330					335	
Asp	Glu	Val	Pro	Leu	Arg	Tyr	Arg	Val	Tyr	Tyr	Asn	Gly	Trp	Asp	Ser
			340					345					350		
Thr	Pro	Asp	Ile	Pro	Ser	Ser	Gly	Ala	Gly	Ile	His	His	Pro	Ala	Gly
		355					360					365			

ES 2 693 243 T3

Asp Ala Met Lys Ile Ser Ile Leu Lys Lys Thr Pro Ala Leu Asn Thr
 370 375 380
 Trp Ile Ser Ser Ser Gly Ser Gly Gly Thr Asp Asp His Phe Tyr Phe
 385 390 395 400
 Lys Tyr Asp Gln Gly Gly Thr Glu Gly Gly Ser Ser Gly Ser Ser Leu
 405 410 415
 Phe Asn Gln Asn Lys His Val Val Gly Thr Leu Thr Gly Gly Ala Gly
 420 425 430
 Asn Cys Gly Gly Thr Glu Phe Tyr Gly Arg Leu Asn Ser His Trp Asn
 435 440 445
 Glu Tyr Ala Ser Asp Gly Asn Thr Ser Arg Met Asp Ile Tyr Leu Asp
 450 455 460
 Pro Gln Asn Asn Gly Gln Thr Thr Ile Leu Asn Gly Thr Tyr Arg Asp
 465 470 475 480
 Gly Tyr Lys Pro Leu Pro Ser Val Pro Arg Leu Leu Leu Gln Ser Thr
 485 490 495
 Gly Asp Gln Val Glu Leu Asn Trp Thr Ala Val Pro Ala Asp Gln Tyr
 500 505 510
 Pro Ser Ser Tyr Gln Val Glu Tyr His Ile Phe Arg Asn Gly Lys Glu
 515 520 525
 Ile Ala Thr Thr Lys Glu Leu Ser Tyr Ser Asp Ala Ile Asp Glu Ser
 530 535 540
 Ile Ile Gly Ser Gly Ile Ile Arg Tyr Glu Val Ser Ala Arg Phe Ile
 545 550 555 560
 Tyr Pro Ser Pro Leu Asp Gly Val Glu Ser Tyr Lys Asp Thr Asp Lys
 565 570 575
 Thr Ser Ala Asp Leu Ala Ile Gly Asp Ile Gln Thr Lys Leu Lys Pro
 580 585 590
 Asp Val Thr Pro Leu Pro Gly Gly Gly Val Ser Leu Ser Trp Lys Val
 595 600 605
 Pro Phe Leu Ser Gln Leu Val Ser Arg Phe Gly Glu Ser Pro Asn Pro
 610 615 620

ES 2 693 243 T3

Val	Phe	Lys	Thr	Phe	Glu	Val	Pro	Tyr	Val	Ser	Ala	Ala	Ala	Ala	Gln	625	630	635	640
Thr	Pro	Asn	Pro	Pro	Val	Gly	Val	Val	Ile	Ala	Asp	Lys	Phe	Met	Ala	645	650	655	
Gly	Thr	Tyr	Pro	Glu	Lys	Ala	Ala	Ile	Ala	Ala	Val	Tyr	Val	Met	Pro	660	665	670	
Ser	Ala	Pro	Asp	Ser	Thr	Phe	His	Leu	Phe	Leu	Lys	Ser	Asn	Thr	Asn	675	680	685	
Arg	Arg	Leu	Gln	Lys	Val	Thr	Thr	Pro	Ser	Asp	Trp	Gln	Ala	Gly	Thr	690	695	700	
Trp	Leu	Arg	Ile	Asn	Leu	Asp	Lys	Pro	Phe	Pro	Val	Asn	Asn	Asp	His	705	710	715	720
Met	Leu	Phe	Ala	Gly	Ile	Arg	Met	Pro	Asn	Lys	Tyr	Lys	Leu	Asn	Arg	725	730	735	
Ala	Ile	Arg	Tyr	Val	Arg	Asn	Pro	Asp	Asn	Leu	Phe	Ser	Ile	Thr	Gly	740	745	750	
Lys	Lys	Ile	Ser	Tyr	Asn	Asn	Gly	Val	Ser	Phe	Glu	Gly	Tyr	Gly	Ile	755	760	765	
Pro	Ser	Leu	Leu	Gly	Tyr	Met	Ala	Ile	Lys	Tyr	Leu	Val	Val	Asn	Thr	770	775	780	
Asp	Ala	Pro	Lys	Ile	Asp	Met	Ser	Leu	Val	Gln	Glu	Pro	Tyr	Ala	Lys	785	790	795	800
Gly	Thr	Asn	Val	Ala	Pro	Phe	Pro	Glu	Leu	Val	Gly	Ile	Tyr	Val	Tyr	805	810	815	
Lys	Asn	Gly	Thr	Phe	Ile	Gly	Thr	Gln	Asp	Pro	Ser	Val	Thr	Thr	Tyr	820	825	830	
Ser	Val	Ser	Asp	Gly	Thr	Glu	Ser	Asp	Glu	Tyr	Glu	Ile	Lys	Leu	Val	835	840	845	
Tyr	Lys	Gly	Ser	Gly	Ile	Ser	Asn	Gly	Val	Ala	Gln	Ile	Glu	Asn	Asn	850	855	860	
Asn	Ala	Val	Val	Ala	Tyr	Pro	Ser	Val	Val	Thr	Asp	Arg	Phe	Ser	Ile	865	870	875	880

ES 2 693 243 T3

Lys Asn Ala His Met Val His Ala Ala Ala Leu Tyr Ser Leu Asp Gly
885 890 895

Lys Gln Val Arg Ser Trp Asn Asn Leu Arg Asn Gly Val Thr Phe Ser
900 905 910

Val Gln Gly Leu Thr Ala Gly Thr Tyr Met Leu Val Met Gln Thr Ala
915 920 925

Asn Gly Pro Val Ser Gln Lys Ile Val Lys Gln
930 935

<210> 44

<211> 2820

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 44

aacaaat	ttt	gca	gct	gca	ggact	ggctg	ccttc	gctg	gatgg	caact	60	
gcactg	accg	cttct	gcaca	gatttc	gcttc	ggaggg	gaac	ccttg	agttt	ctctt	caaga	120
tccgcc	ggaa	cgcatt	catt	cgacg	atg	actat	cc	gcctt	actcc	ggattt	caat	180
ccgga	agacc	tgatc	gcaca	gagcc	gttg	caatc	gcaa	gagat	ggccg	gcccgt	ccgg	240
atagg	acaag	taata	accggt	ggatg	tggac	tttgc	atcca	aggctt	cgc	catct	cttcc	300
atcgg	agacg	tagat	gtata	tgcct	gcaa	ttca	agttg	aagg	agccaa	agccatt	acg	360
ctttat	tacg	atgc	attcaa	tattc	cgag	ggcgg	acgcc	tctat	atcta	taccccc	gcac	420
catg	aaattg	tgtt	gggagc	atata	cgaac	gccact	catc	gccg	caacgg	agctttt	ggc	480
acag	agccgg	taccg	gggag	tgag	cttatt	atgg	attatg	aagt	gtctcg	cggagg	gact	540
ttgc	ctgaca	tcaag	atctc	cgg	gcgggt	tatat	attcg	acaa	agtcgg	cggac	gcccc	600
gta	acggata	accatt	acgg	gatc	ggtgag	gacg	attccg	attc	ggattg	cgag	atcaac	660
atca	attgtc	ctga	aggtgc	agact	ggcag	gcag	agaaga	acggt	gtggt	gcaaat	gac	720
atgg	taaaag	gacag	tatat	ctca	atgtgc	tcagg	caacc	tgct	caataa	tacg	aaagga	780
gact	ttactc	cgtg	atcat	ttct	gccgga	cact	gtgctt	ccata	acaac	caattt	cgg	840
gta	acgcaat	ccgag	ttgga	taag	tggatc	ttcact	tttcc	actat	gaaaa	aagagg	atgc	900
agca	atggta	cattg	gccat	cttcc	gtggc	aacag	tatca	tcgg	agcttc	catga	aggct	960
ttc	ctccga	tcaa	aggtaa	atcc	gatggt	ctctt	gctgc	aact	caacga	tgaag	tcct	1020
ctgc	gctatc	gtgt	ctatta	caat	ggatgg	gacag	tacgc	ccg	atattcc	ctcg	agcgg	1080
gcc	gtattc	atcat	ccggc	cgg	agatgcc	atga	agattt	ccat	cctaaa	gaag	actccg	1140
gct	ctgaata	catg	gatctc	ctcc	agtgg	tccg	gaggga	ctg	acgatca	cttct	atttc	1200

ES 2 693 243 T3

```

aaatacgatc aaggtggtac ggaaggagga tcgtccggtt cttctctctt caatcagaat 1260
aagcacgtgg tcggcacact gaccggaggt gccggcaatt gtggcgggac ggagttctac 1320
ggcagactga acagtcattg gaacgagtat gcatccgatg gcaatacgag ccgcatggac 1380
atctatctgg atccccaaaa caatggccag acgaccatcc tcaacggaac gtatcgtgac 1440
ggttataagc ctttgccttc tgtgccccgg ctattgttgc agtctacagg cgatcaggtc 1500
gaattgaatt ggacggctgt tcctgccgat caatatccat catcttatca ggtcgaatac 1560
cacatattcc gaaatggaaa ggaaatagct acgacaaagg agttgtccta ttcggatgcc 1620
atcgacgaaa gtattatcgg tagcggtatc attcgatacg aagtaagcgc acgcttcatt 1680
tatccctcgc cgttggatgg agtggaatct tataaggata cggacaagac ttctgccgac 1740
cttgccatag gagacattca gaccaagctg aagccggacg taacacctct ccccgaggga 1800
ggagtatcat taagctggaa agttcctttc ttaagccagt tggtttcccg attcggagaa 1860
agccccaatc ctgtgttcaa aacctttgaa gtgccctatg tttctgccgc agccgcacaa 1920
acccccaatc ctcccggttg cgtagtcatt gcagacaagt ttatggccgg tacatatccc 1980
gaaaaggctg ctatcgctgc cgtttatgta atgccatccg ctccggactc tactttccac 2040
ctcttctca agagcaacac aaacagaaga ttgcagaagg tgacaactcc ctccgattgg 2100
caggccggaa catggttgag gatcaatttg gataagccgt tcccggtgaa taatgaccat 2160
atgctttttg ccggtatcag aatgcctaata agtacaagc tcaatcgtgc tatccgttat 2220
gtaagaaatc cggataacct tttctccatt accggtaaga agatttcata taacaacgga 2280
gtctctttcg aaggctacgg aataccctcg ctcttgggct atatggctat caaatatctg 2340
gtggtaaata ccgatgctcc gaagatcgat atgtcgcttg tacaggagcc ttatgctaag 2400
ggaacgaatg tggctccatt ccccgaaattg gtcggcatat atgtctataa gaacggaaca 2460
tttatcggca cacaggatcc atccgtcaca acttatcgg tttcagacgg aacagagagc 2520
gatgaatacg aaataaaaact ggtatataag ggatcgggca tttcgaatgg cgttgctcag 2580
attgagaata acaatgctgt cgttgcatat ccgtctgttg taacagatcg tttcagcatt 2640
aagaacgctc atatggttca cgctgccgcc ctctactcat tggatggcaa gcaggttcgt 2700
tcttgaaca acctccgcaa tggcgtgaca ttcagtgttc aaggacttac ggccggtact 2760
tatatgctcg ttatgcagac ggcaaacggc cctgtgagcc aaaagatcgt gaagcagtag 2820

```

<210> 45

<211> 172

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 45

ES 2 693 243 T3

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

<210> 46
 <211> 519
 <212> ADN
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 46
 aaaaaaacgc tcgtaatagt cgttcacccc gatttgacca aatccgttat caacaaggct 60
 tgggccaaag ccatacgaag tgcagccact atccaccatc tctacgaaca gtatccgaac 120
 ggacaaatcg atctagcaca tgaacaagcc ctgctggagg ctcatgaccg catcgtcttc 180
 caattccccc tctattggtg tgcagctccc tatctgctga agaagtggat ggacgaggtc 240
 ttactgagg gctgggccta tgggtgccggt ggagacaaga tggagggtaa agaaatctgt 300
 gcagcagtct cctgcggatc acccaaatca gcttttgccg aaggagcaca gcaatgccac 360
 acgctgcgaa gctacttgaa tgtattcgac gggatagctg ctttcctgcg cgctcgattc 420
 accggctacc atgcctgcta cgattcctac aatcctcgcc tgccggaat gctgccggcc 480
 aactgcgaag cctatctccg ctttatcaaa ggagaatga 519

<210> 47
 <211> 158

ES 2 693 243 T3

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 47

Lys Lys Ile Leu Glu Val Thr Gly Leu Lys Glu Gln Gln Val Ala Pro
1 5 10 15

Val Val Lys Gly Leu Ser Gly Leu Leu Ala Asp Leu Gln Val Tyr Tyr
20 25 30

Ser Asn Leu Arg Gly Phe His Trp Asn Ile Arg Gly Ala Glu Phe Phe
35 40 45

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

Ile Asp Glu Val Ala Glu Arg Ile Leu Gln Leu Gly Gly Lys Pro Glu
65 70 75 80

Asn Arg Phe Ser Glu Tyr Leu Lys Val Ala Glu Val Lys Glu Glu His
85 90 95

Glu Leu Val Cys Ala Ala Ser Thr Leu Lys Asn Val Thr Asp Thr Leu
100 105 110

Gln Ile Ile Met Ala Lys Glu Arg Ala Ile Ala Glu Val Ala Gly Glu
115 120 125

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

5 Gln Glu Lys Leu Val Trp Met Leu Ser Ala Tyr Ala Thr Lys
145 150 155

<210> 48

<211> 477

<212> ADN

10 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 48

aaaaagattc ttgaagtaac gggtttgaaa gagcagcaag ttgctcccgt agtgaaaggt 60

ttgtccgggt ttgtggccga cctccaagtg tattactcca accttcgcgg gttccactgg 120

aatatccgtg gcgcagagtt cttcgttctg catgagcagt acgagaagat gtacgatgac 180

ctcgcaggga aaatcgacga ggtagctgag cgtatcctcc aacttggtgg caagcctgag 240

aaccgcttca gcgagtacct gaaagtagca gaagtgaagg aagagcacga actcgtttgc 300

gctgcaagta cgctgaagaa tgtgaccgat acgctgcaga tcatcatggc gaaggagcgt 360

gccatcgcag aagttgccgg tgaggcaggc gatgaggtaa cggtggattt gatgatcggt 420

15 ttctctccg agcaagagaa gctcgtttgg atgctgtctg cctacgctac caagtaa 477

<210> 49

<211> 379

<212> PRT

ES 2 693 243 T3

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 49

Lys Ala Lys Ser Leu Leu Leu Ala Leu Ala Gly Leu Ala Cys Thr Phe
1 5 10 15

Ser Ala Thr Ala Gln Glu Ala Thr Thr Gln Asn Lys Ala Gly Met His
20 25 30

Thr Ala Phe Gln Arg Asp Lys Ala Ser Asp His Trp Phe Ile Asp Ile
35 40 45

Ala Gly Gly Ala Gly Met Ala Leu Ser Gly Trp Asn Asn Asp Val Asp
50 55 60

Phe Val Asp Arg Leu Ser Ile Val Pro Thr Phe Gly Ile Gly Lys Trp
65 70 75 80

His Glu Pro Tyr Phe Gly Thr Arg Leu Gln Phe Thr Gly Phe Asp Ile
85 90 95

Tyr Gly Phe Pro Gln Gly Ser Lys Glu Arg Asn His Asn Tyr Phe Gly
100 105 110

Asn Ala His Leu Asp Phe Met Phe Asp Leu Thr Asn Tyr Phe Gly Val
115 120 125

Tyr Arg Pro Asn Arg Val Phe His Ile Ile Pro Trp Ala Gly Ile Gly
130 135 140

Phe Gly Tyr Lys Phe His Ser Glu Asn Ala Asn Gly Glu Lys Val Gly
145 150 155 160

Ser Lys Asp Asp Met Thr Gly Thr Val Asn Val Gly Leu Met Leu Lys
165 170 175

ES 2 693 243 T3

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

<210> 50

<211> 1140

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 50

aaagctaaat ctttattatt agcacttgcg ggtctcgcat gcacattcag tgcaacagcc 60

caagaagcta ctacacagaa caaagcaggg atgcacaccg cattccaacg tgataaggcc 120

ES 2 693 243 T3

```
tccgatcatt ggttcattga cattgcaggt ggagcaggta tggctctctc gggatggaat 180
aatgatgtag actttgtaga tcgtctaagt atcgctccta ctttcggtat cggtaaatgg 240
catgagcctt atttcggtac tcgtctccaa ttcacaggat tcgacatcta tggattcccg 300
caagggagca aggagcgtaa ccacaattac tttggaaacg cccaccttga cttcatgttc 360
gatctgacga actatttcg tgtataccgt cccaatcgtg tcttccatat catcccatgg 420
gcaggtatag gatttggtta taaattccat agcgaaaacg ccaatggtga aaaagtagga 480
agtaaagatg atatgaccgg aacagttaat gtcggtttga tgctgaaatt cgcctatca 540
agagtcgtag acttcaatat tgaaggacaa gcttttgccg gaaagatgaa ctttatcggg 600
acaaagagag gaaaagcaga cttccctgta atggctacag caggtctaac gttcaacctt 660
ggcaagacag agtggacaga aattgttcct atggactatg ctttgggtcaa tgacctgaac 720
aaccaaatca actcacttcg cggccaagtga gaagagttga gccgtcgtcc tgtttcatgc 780
cctgaatgcc ctgagcctac acagcctaca gttactcgtg tagtcgttga caatgtgggt 840
tacttccgta tcaatagtgc aaagattgat cgtaatcaag aaatcaatgt ttacaatata 900
gctgaatatg cgaagaccaa caacgcaccg atcaaggtag taggttacgc tgacgaaaaa 960
accggtactg cggcctataa catgaagctt tcagagcgtc gtgcaaaagc ggtagccaag 1020
atgcttgaaa agtatgggtg ttctgcggat cgcattacaa ttgaatggaa gggctcatca 1080
gagcaaatct atgaagagaa cgcttggaat cgtattgtag taatgactgc agcgaataa 1140
```

<210> 51

<211> 1731

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 51

Arg Lys Leu Leu Leu Ile Ala Ala Ser Leu Leu Gly Val Gly Leu
1 5 10 15

Tyr Ala Gln Ser Ala Lys Ile Lys Leu Asp Ala Pro Thr Thr Arg Thr
20 25 30

Thr Cys Thr Asn Asn Ser Phe Lys Gln Phe Asp Ala Ser Phe Ser Phe
35 40 45

Asn Glu Val Glu Leu Thr Lys Val Glu Thr Lys Gly Gly Thr Phe Ala
50 55 60

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

Glu Val Pro Ala Val Arg Lys Leu Ile Ala Val Pro Val Gly Ala Thr

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Met Pro Tyr Arg Ala Met Pro Lys Thr Asn Thr Tyr Thr Leu Pro Ala
595 600 605

Ser Leu Pro Gln Asn Gln Ala Ser Tyr Ser Ile Gln Ala Ser Ala Gly
610 615 620

Ser Tyr Val Ala Ile Ser Lys Asp Gly Val Leu Tyr Gly Thr Gly Val
625 630 635 640

Ala Asn Ala Ser Gly Val Ala Thr Val Ser Met Thr Lys Gln Ile Thr
645 650 655

Glu Asn Gly Asn Tyr Asp Val Val Ile Thr Arg Ser Asn Tyr Leu Pro
660 665 670

Val Ile Lys Gln Ile Gln Val Gly Glu Pro Ser Pro Tyr Gln Pro Val
675 680 685

Ser Asn Leu Thr Ala Thr Thr Gln Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp
690 695 700

Glu Ala Pro Ser Ala Lys Lys Ala Glu Gly Ser Arg Glu Val Lys Arg
705 710 715 720

Ile Gly Asp Gly Leu Phe Val Thr Ile Glu Pro Ala Asn Asp Val Arg
725 730 735

Ala Asn Glu Ala Lys Val Val Leu Ala Ala Asp Asn Val Trp Gly Asp
740 745 750

Asn Thr Gly Tyr Gln Phe Leu Leu Asp Ala Asp His Asn Thr Phe Gly
755 760 765

Ser Val Ile Pro Ala Thr Gly Pro Leu Phe Thr Gly Thr Ala Ser Ser
770 775 780

Asn Leu Tyr Ser Ala Asn Phe Glu Tyr Leu Ile Pro Ala Asn Ala Asp
785 790 795 800

Pro Val Val Thr Thr Gln Asn Ile Ile Val Thr Gly Gln Gly Glu Val
805 810 815

Val Ile Pro Gly Gly Val Tyr Asp Tyr Cys Ile Thr Asn Pro Glu Pro
820 825 830

Ala Ser Gly Lys Met Trp Ile Ala Gly Asp Gly Gly Asn Gln Pro Ala
835 840 845

ES 2 693 243 T3

Arg Tyr Asp Asp Phe Thr Phe Glu Ala Gly Lys Lys Tyr Thr Phe Thr
 850 855 860

Met Arg Arg Ala Gly Met Gly Asp Gly Thr Asp Met Glu Val Glu Asp
 865 870 875 880

Asp Ser Pro Ala Ser Tyr Thr Tyr Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys
 885 890 895

Ile Lys Glu Gly Leu Thr Ala Thr Thr Phe Glu Glu Asp Gly Val Ala
 900 905 910

Ala Gly Asn His Glu Tyr Cys Val Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val
 915 920 925

Ser Pro Lys Val Cys Lys Asp Val Thr Val Glu Gly Ser Asn Glu Phe
 930 935 940

Ala Pro Val Gln Asn Leu Thr Gly Ser Ser Val Gly Gln Lys Val Thr
 945 950 955 960

Leu Lys Trp Asp Ala Pro Asn Gly Thr Pro Asn Pro Asn Pro Asn Pro
 965 970 975

Asn Pro Asn Pro Gly Thr Thr Leu Ser Glu Ser Phe Glu Asn Gly Ile
 980 985 990

Pro Ala Ser Trp Lys Thr Ile Asp Ala Asp Gly Asp Gly His Gly Trp
 995 1000 1005

Lys Pro Gly Asn Ala Pro Gly Ile Ala Gly Tyr Asn Ser Asn Gly
 1010 1015 1020

Cys Val Tyr Ser Glu Ser Phe Gly Leu Gly Gly Ile Gly Val Leu
 1025 1030 1035

Thr Pro Asp Asn Tyr Leu Ile Thr Pro Ala Leu Asp Leu Pro Asn
 1040 1045 1050

Gly Gly Lys Leu Thr Phe Trp Val Cys Ala Gln Asp Ala Asn Tyr
 1055 1060 1065

Ala Ser Glu His Tyr Ala Val Tyr Ala Ser Ser Thr Gly Asn Asp
 1070 1075 1080

Ala Ser Asn Phe Thr Asn Ala Leu Leu Glu Glu Thr Ile Thr Ala

ES 2 693 243 T3

1085		1090		1095
Lys Gly Val Arg Ser Pro	Lys Ala Ile Arg Gly Arg	Ile Gln Gly		
1100	1105	1110		
Thr Trp Arg Gln Lys Thr	Val Asp Leu Pro Ala Gly	Thr Lys Tyr		
1115	1120	1125		
Val Ala Phe Arg His Phe	Gln Ser Thr Asp Met Phe	Tyr Ile Asp		
1130	1135	1140		
Leu Asp Glu Val Glu Ile	Lys Ala Asn Gly Lys Arg	Ala Asp Phe		
1145	1150	1155		
Thr Glu Thr Phe Glu Ser	Ser Thr His Gly Glu Ala	Pro Ala Glu		
1160	1165	1170		
Trp Thr Thr Ile Asp Ala	Asp Gly Asp Gly Gln Gly	Trp Leu Cys		
1175	1180	1185		
Leu Ser Ser Gly Gln Leu	Asp Trp Leu Thr Ala His	Gly Gly Ser		
1190	1195	1200		
Asn Val Val Ser Ser Phe	Ser Trp Asn Gly Met Ala	Leu Asn Pro		
1205	1210	1215		
Asp Asn Tyr Leu Ile Ser	Lys Asp Val Thr Gly Ala	Thr Lys Val		
1220	1225	1230		
Lys Tyr Tyr Tyr Ala Val	Asn Asp Gly Phe Pro Gly	Asp His Tyr		
1235	1240	1245		
Ala Val Met Ile Ser Lys	Thr Gly Thr Asn Ala Gly	Asp Phe Thr		
1250	1255	1260		
Val Val Phe Glu Glu Thr	Pro Asn Gly Ile Asn Lys	Gly Gly Ala		
1265	1270	1275		
Arg Phe Gly Leu Ser Thr	Glu Ala Asn Gly Ala Lys	Pro Gln Ser		
1280	1285	1290		
Val Trp Ile Glu Arg Thr	Val Asp Leu Pro Ala Gly	Thr Lys Tyr		
1295	1300	1305		
Val Ala Phe Arg His Tyr	Asn Cys Ser Asp Leu Asn	Tyr Ile Leu		
1310	1315	1320		

ES 2 693 243 T3

Leu	Asp	Asp	Ile	Gln	Phe	Thr	Met	Gly	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Thr
1325						1330					1335			
Asp	Tyr	Thr	Tyr	Thr	Val	Tyr	Arg	Asp	Gly	Thr	Lys	Ile	Lys	Glu
1340						1345					1350			
Gly	Leu	Thr	Glu	Thr	Thr	Phe	Glu	Glu	Asp	Gly	Val	Ala	Thr	Gly
1355						1360					1365			
Asn	His	Glu	Tyr	Cys	Val	Glu	Val	Lys	Tyr	Thr	Ala	Gly	Val	Ser
1370						1375					1380			
Pro	Lys	Lys	Cys	Val	Asn	Val	Thr	Val	Asn	Ser	Thr	Gln	Phe	Asn
1385						1390					1395			
Pro	Val	Gln	Asn	Leu	Thr	Ala	Glu	Gln	Ala	Pro	Asn	Ser	Met	Asp
1400						1405					1410			
Ala	Ile	Leu	Lys	Trp	Asn	Ala	Pro	Ala	Ser	Lys	Arg	Ala	Glu	Val
1415						1420					1425			
Leu	Asn	Glu	Asp	Phe	Glu	Asn	Gly	Ile	Pro	Ala	Ser	Trp	Lys	Thr
1430						1435					1440			
Ile	Asp	Ala	Asp	Gly	Asp	Gly	Asn	Asn	Trp	Thr	Thr	Thr	Pro	Pro
1445						1450					1455			
Pro	Gly	Gly	Ser	Ser	Phe	Ala	Gly	His	Asn	Ser	Ala	Ile	Cys	Val
1460						1465					1470			
Ser	Ser	Ala	Ser	Tyr	Ile	Asn	Phe	Glu	Gly	Pro	Gln	Asn	Pro	Asp
1475						1480					1485			
Asn	Tyr	Leu	Val	Thr	Pro	Glu	Leu	Ser	Leu	Pro	Gly	Gly	Gly	Thr
1490						1495					1500			
Leu	Thr	Phe	Trp	Val	Cys	Ala	Gln	Asp	Ala	Asn	Tyr	Ala	Ser	Glu
1505						1510					1515			
His	Tyr	Ala	Val	Tyr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gly	Asn	Asp	Ala	Ser	Asn
1520						1525					1530			
Phe	Ala	Asn	Ala	Leu	Leu	Glu	Glu	Val	Leu	Thr	Ala	Lys	Thr	Val
1535						1540					1545			
Val	Thr	Ala	Pro	Glu	Ala	Ile	Arg	Gly	Thr	Arg	Ala	Gln	Gly	Thr
1550						1555					1560			

ES 2 693 243 T3

Trp Tyr Gln Lys Thr Val Gln Leu Pro Ala Gly Thr Lys Tyr Val
1565 1570 1575

Ala Phe Arg His Phe Gly Cys Thr Asp Phe Phe Trp Ile Asn Leu
1580 1585 1590

Asp Asp Val Val Ile Thr Ser Gly Asn Ala Pro Ser Tyr Thr Tyr
1595 1600 1605

Thr Ile Tyr Arg Asn Asn Thr Gln Ile Ala Ser Gly Val Thr Glu
1610 1615 1620

Thr Thr Tyr Arg Asp Pro Asp Leu Ala Thr Gly Phe Tyr Thr Tyr
1625 1630 1635

Gly Val Lys Val Val Tyr Pro Asn Gly Glu Ser Ala Ile Glu Thr
1640 1645 1650

Ala Thr Leu Asn Ile Thr Ser Leu Ala Asp Val Thr Ala Gln Lys
1655 1660 1665

Pro Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Lys Thr Ile Thr Val Thr Cys
1670 1675 1680

Gln Gly Glu Ala Met Ile Tyr Asp Met Asn Gly Arg Arg Leu Ala
1685 1690 1695

Ala Gly Arg Asn Thr Val Val Tyr Thr Ala Gln Gly Gly His Tyr
1700 1705 1710

Ala Val Met Val Val Val Asp Gly Lys Ser Tyr Val Glu Lys Leu
1715 1720 1725

Ala Ile Lys
1730

<210> 52

<211> 5196

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 52

aggaaattat tattgctgat cgcggcgtcc cttttgggag ttggtcttta cgcccaaagc 60

gccaagatta agcttgatgc tccgactact cgaacgacat gtacgaacaa tagcttcaag 120

cagttc gatg caagcttttc gttcaatgaa gtcgagctga caaaggtgga gaccaaaggt 180

ggtactttcg cctcagtgtc aattccgggt gcattcccga cgggtgaggt tggttctccc 240

10

ES 2 693 243 T3

gaagtgccag cagttaggaa gttgattgct gtgcctgtcg gagccacacc tgttgttcgc	300
gtgaaaagtt ttaccgagca agtttactct ctgaaccaat acggttccga aaaactcatg	360
ccacatcaac cctctatgag caagagtgat gatcccgaaa aggttccctt cgtttacaat	420
gctgctgctt atgcacgcaa aggttttgtc ggacaagaac tgacccaagt agaaatgttg	480
gggacaatgc gtggtgttcg cattgcagct cttaccatta atcctgttca gtatgatgtg	540
gttgcaaacc aattgaaggt tagaaacaac atcgaaattg aagtaagctt tcaaggagct	600
gatgaagtag ctacacaacg tttgtatgat gcttctttta gcccttattt cgaaacagct	660
tataaacagc tcttcaatag agatgtttat acagatcatg gcgacttgta taatacgccg	720
gttcgtatgc ttgttggttc aggtgcaaaa ttcaaagaag ctctcaagcc ttggctcact	780
tggaaggctc aaaagggtt ctatctggat gtgcattaca cagacgaagc tgaagtagga	840
acgacaaaac cctctatcaa ggcatattt cacaagaaat acaatgatgg attggcagct	900
agtgtgtctc cgggtcttct ggctttggtt ggtgacactg acgttattag cggagaaaaa	960
ggaaagaaaa caaaaaagtt taccgacttg tattacagtg cagtcgatgg cgactatttc	1020
cctgaaatgt atactttccg tatgtctgct tcttccccag aagaactgac gaacatcatt	1080
gataaggtag tgatgtatga aaaggctact atgccagata agagttattt ggagaaagtt	1140
ctcttgattg caggtgcaga ttatagctgg aattcccagg taggtcagcc aaccattaaa	1200
tacggtatgc agtactacta caaccaagag catggttata ccgacgtgta caactatctc	1260
aaagcccctt atacaggttg ctacagtcac ttgaataccg gagtcagctt tgcaaaactat	1320
acagcgcagc gatctgagac cgcgtgggtt gatccacttc tgactacttc tcaactgaaa	1380
gcactcacta ataaggacaa atacttctta gctattggca actgctgtat tacagctcaa	1440
ttcgattatg tacagccttg cttcggagag gtaataactc gcgttaagga gaaaggggtt	1500
tatgcctata tcggttcac tccaaattct tattggggcg aggactacta ttggagtgtg	1560
ggtgctaagt ccgtatttgg tgttcagcct acttttgaag gtacgtctat gggttcttat	1620
gatgtacat tcttgagga ttctgacaac acagtgaatt ctattatgtg ggcaggtaat	1680
cttgccgcta ctcatgctgg aaatatcggc aatattaccc atattggtgc tcattactat	1740
tggaagctt atcatgtcct tggcgatggt tcggttatgc cttatcgtgc aatgcctaag	1800
accaatactt atacgcttcc tgctctttg cctcagaatc aggttcttca tagcattcag	1860
gcttctgccg gttcttacgt agctatttct aaagatggag ttttgtatgg aacagggtgtt	1920
gctaatagcc gcggtgttgc gactgtgagt atgactaagc agattacgga aaatggtaat	1980
tatgatgtag ttatcactcg ctctaattat cttcctgtga tcaagcaaat tcaggtaggt	2040
gagcctagcc cctaccagcc cgtttccaac ttgacagcta caacgcaggg tcagaaagta	2100
acgctcaagt gggaagcacc gagcgcaaag aaggcagaag gttcccgtga agtaaaacgg	2160

ES 2 693 243 T3

atcggagacg gtcttttcgt tacgatcgaa cctgcaaacg atgtacgtgc caacgaagcc	2220
aaggttggtc ttgcggcaga caacgtatgg ggagacaata cgggttacca gttcttggtg	2280
gatgccgatc acaatacatt cggaagtgtc attccggcaa ccggtcctct ctttaccgga	2340
acagcttctt ccaatcttta cagtgcgaac ttcgagtatt tgatcccggc caatgccgat	2400
cctgttggtt ctacacagaa tattatcggt acaggacagg gtgaagttgt aatccccggt	2460
ggtgtttacg actattgcat tacgaacccg gaacctgcat ccggaagat gtggatcgca	2520
ggagatggag gcaaccagcc tgcacgttat gacgatttca cattcgaagc aggcaagaag	2580
tacaccttca cgatgcgtcg cgccggaatg ggagatggaa ctgatatgga agtcgaagac	2640
gattcacctg caagctatac ctacacgggt tatcgtgacg gcacgaagat caaggaaggt	2700
ctgacagcta cgacattcga agaagacgggt gtagctgcag gcaatcatga gtattgcgtg	2760
gaagttaagt acacagccgg cgtatctccg aaggatatgta aagacgttac ggtagaagga	2820
tccaatgaat ttgctcctgt acagaacctg accggtagtt cagtaggtca gaaagtaacg	2880
cttaagtggg atgcacctaa tggtagcccg aatccgaatc caaatccgaa tccgaatccg	2940
ggaacaacac tttccgaatc attcgaaaat ggtattccgg catcttgga gacgatcgat	3000
gcagacgggtg acgggcatgg ctggaaacct ggaaatgctc ccggaatcgc tggctacaat	3060
agcaatgggt gtgtatatc agagtcattc ggtcttggtg gtataggagt tcttaccct	3120
gacaactatc tgataacacc ggcattggat ttgcctaacg gaggtaatg gactttcttg	3180
gtatgcgcac aggatgctaa ttatgcatcc gagcactatg ccgtgtatgc atcttcgacc	3240
ggtaacgatg catccaactt cacgaatgct ttgttggaag agacgattac ggcaaaaggt	3300
gttcgctcgc cgaaagctat tcgtggctgt atacagggtt cttggcgcca gaagacggta	3360
gaccttcccg caggtagcaa atatgttgct ttccgtcact tccaaagcac ggatatgttc	3420
tacatcgacc ttgatgaggt tgagatcaag gccaatggca agcgcgcaga cttcacggaa	3480
acgttcgagt cttctactca tggagaggca ccagcggaat ggactactat cgatgccgat	3540
ggcgtaggtc agggttggct ctgtctgtct tccggacaat tggactggct gacagctcat	3600
ggcggcagca acgtagtaag ctctttctca tggaatggaa tggctttgaa tcctgataac	3660
tatctcatct caaaggatgt tacaggcgca acgaaggtaa agtactacta tgcagtcaac	3720
gacggttttc ccggggatca ctatgcggtg atgatctcca agacgggcac gaacgccgga	3780
gacttcacgg ttgttttcga agaaacgcct aacggaataa ataagggcg agcaagattc	3840
ggtctttcca cggaagccaa tggcgccaaa cctcaaagtg tatggatcga gcgtacggta	3900
gatttgcttg caggcacgaa gtatgttgct ttccgtcact acaattgctc ggatttgaac	3960
tacattcttt tggtatgat tcatgtcacc atgggtggca gccccacccc gaccgattat	4020

ES 2 693 243 T3

```

acctacacgg tgtatcgtga tggtaggaag atcaaggaag gtttgaccga aacgaccttc 4080
gaagaagacg gcgtagctac gggcaatcat gagtattgcg tggaagtgaa gtacacagcc 4140
ggcgtatctc cgaagaaatg tgtaaacgta actgttaatt cgacacagtt caatcctgta 4200
cagaacctga cggcagaaca agctcctaac agcatggatg caatccttaa atggaatgca 4260
ccggcatcta agcgtgcgga agttctgaac gaagacttcg aaaatggtat tcctgcctca 4320
tggaagacga tcgatgcaga cggtagcggc aacaattgga cgacgacccc tcctcccgga 4380
ggctcctctt ttgcaggta caacagtgcg atctgtgtct cttcagcttc ttatatcaac 4440
tttgaaggta ctcagaaccc tgataactat ctggttacac cggagctttc tcttcctggc 4500
ggaggaaacg ttactttctg ggtatgtgca caagatgcca attatgcac agagcactat 4560
gccgtgtacg catcttctac gggtaacgac gcttccaact tcgccaacgc tttgttgaa 4620
gaagtgtgta cggccaagac agttgttacg gcacctgaag ccattcgtgg tactcgtgct 4680
cagggcacct ggtatcaaaa gacggtacag ttgcctgcgg gtactaagta tgttgccttc 4740
cgtcacttcg gctgtacgga cttcttctgg atcaaccttg atgatgttgt aatcacttca 4800
gggaacgctc cgtcttacac ctatacgatc tatcgtaata atacacagat agcatcaggc 4860
gtaacggaga ctacttacg agatccggac ttggctaccg gtttttacac gtacggtgta 4920
aaggttgttt acccgaacg agaatcagct atcgaaactg ctacgttgaa tatcacttcg 4980
ttggcagacg taacggctca gaagccttac acgctgacag ttgtaggaaa gacgatcacg 5040
gtaacttgcc aaggcgaagc tatgatctac gacatgaacg gtcgtcgtct ggcagcgggt 5100
cgcaacacgg ttgtttacac ggctcagggc ggccactatg cagtcatggt tgcgttgac 5160
ggcaagtctt acgtagagaa actcgctatc aagtaa 5196

```

<210> 53

<211> 555

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 53

Lys Lys Leu Leu Gln Ala Lys Ala Leu Ile Leu Ala Leu Gly Leu Phe
1 5 10 15

Gln Leu Pro Ala Ile Ala Gln Thr Gln Met Gln Ala Asp Arg Thr Asn
20 25 30

Gly Gln Phe Ala Thr Glu Glu Met Gln Arg Ala Phe Gln Glu Thr Asn
35 40 45

Pro Pro Ala Gly Pro Val Arg Ala Ile Ala Glu Tyr Glu Arg Ser Ala
50 55 60

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Val Tyr Lys Thr Ala Met Pro Gly Tyr Glu Ile Ile Gly Val Lys Gly
325 330 335

Ala Ser Gly Thr Pro Trp Leu Gly Thr Asp Ala Leu His Cys Arg Thr
340 345 350

His Glu Val Ala Asp Lys Gly Tyr Leu Tyr Ile Lys His Tyr Pro Ile
355 360 365

Leu Gly Glu Gln Ala Gly Pro Asp Tyr Lys Ile Glu Ala Asp Val Val
370 375 380

Ser Cys Ala Asn Ala Thr Ile Ser Pro Val Gln Cys Tyr Tyr Arg Ile
385 390 395 400

Asn Gly Ser Gly Ser Phe Lys Ala Ala Asp Met Thr Met Glu Ser Thr
405 410 415

Gly His Tyr Thr Tyr Ser Phe Thr Gly Leu Asn Lys Asn Asp Lys Val
420 425 430

Glu Tyr Tyr Ile Ser Ala Ala Asp Asn Ser Gly Arg Lys Glu Thr Tyr
435 440 445

Pro Phe Ile Gly Glu Pro Asp Pro Phe Lys Phe Thr Cys Met Asn Glu
450 455 460

Thr Asn Thr Cys Thr Val Thr Gly Ala Ala Lys Ala Leu Arg Ala Trp
465 470 475 480

Phe Asn Ala Gly Arg Ser Glu Leu Ala Val Ser Val Ser Leu Asn Ile
485 490 495

Ala Gly Thr Tyr Arg Ile Lys Leu Tyr Asn Thr Ala Gly Glu Glu Val
500 505 510

Ala Ala Met Thr Lys Glu Leu Val Ala Gly Thr Ser Val Phe Ser Met
515 520 525

Asp Val Tyr Ser Gln Ala Pro Gly Thr Tyr Val Leu Val Val Glu Gly
530 535 540

Asn Gly Ile Arg Glu Thr Met Lys Ile Leu Lys
545 550 555

<210> 54

<211> 1668

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 54

ES 2 693 243 T3

```

aaaaagcttt tacaggctaa agccttgatt ctggcattgg gactcttcca actgcccga 60
atcgcccaaa cgcaaagca agcagaccga acaaacggtc aatttgcaac agaagagatg 120
caacgagcat tccaggaaac gaatccccct gcaggctcctg tgcgtgctat cgctgagtac 180
gaacgctctg cagccgtttt ggtacgctac ccgttcggta tcccgatgga attgatcaaa 240
gagctggcca agaacgacaa ggtgattacc attgtggcga gtgaaagcca aaaaaacacc 300
gttataaacc agtacacca aagcgggtg aatctctcta attgcgattt catcattgcg 360
aaaactgact cttactggac acgcgactat accggttggg tcgcaatgta cgatacgaac 420
aaagtaggtc tcgtggactt tatttataac cgccctcgtc ctaacgatga tgaattcccc 480
aaatacgaag cacaatatct gggcatcgag atgttcggga tgaagctcaa gcagaccggt 540
ggcaactaca tgacggacgg atatggatcc gctgtgcagt cacatatcgc atatacggag 600
aactcctctc tgtctcaagc tcaagtaa ataaaagatga aagactatct cggcatcaca 660
catcatgatg tggtaacaaga tccgaacggc gaatatatca accatgtgga ctgttggggc 720
aagtatttgg caccgaacaa aatcctcatc aggaagtgct ctgacaatca ccctcagcac 780
caagccctgg aagatatggc agcctacttc gcagcacaga cctgcgcatg gggaacgaag 840
tacgagggat atcgcgcttt ggccaccaat gaacaaccgt acacgaactc tctgattctg 900
aacaacaggg tattttgttc tgtcaatggc cccgcctccg tggacaacga tgctctgaac 960
gtctataaga cggcaatgcc cggttacgaa attataggtg tcaaaggggc ttcaggaaca 1020
ccttggttag gaacagatgc cctgcattgt cgtactcacg aggtagcggg taagggtat 1080
ctctatatca agcactaccc gatactgggc gaacaggcag gccctgatta taagatcgaa 1140
gcagatgtcg tctcatgcgc caatgctact atctcgccgg tacaatgtta ctatcgatc 1200
aatggttccg gtagctttaa ggctgctgat atgacgatgg aatcaacagg tcactatact 1260
tatagcttta caggtcttaa caagaatgat aaggtagaat actatatctc tgccgctgac 1320
aatagtggtc gcaaagagac ttatcccttt atcggcgaac ctgatccttt caagtttacg 1380
tgtatgaacg aaaccaatac atgtactgtg accggagctg ccaaagctct tcgtgcatgg 1440
ttcaacgccg gtcgttcaga actggctgtt tcggtaagtt tgaatattgc cggcacatat 1500
cggataaagc ttataaacac cgcaggagaa gaagtgcgtg caatgaccaa ggaattagta 1560
gcagggacga gtgtcttcag tatggatgtg tattctcagg ctccgggcac atatgttctg 1620
gttgttgaag gaaatggaat ccgtgagaca atgaaaattc tcaaataa 1668

```

<210> 55

<211> 1016

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 55

5

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Ala Gly Val Asp Ile Thr Asn Thr Arg Thr Ser Ser Lys Arg Met Pro
485 490 495

Asn Asn Pro Tyr Asp Ser Thr Pro Leu Gly Glu Arg Arg Glu Arg Ala
500 505 510

Tyr Arg Asp Val Ser Lys Ser Phe Thr Asn Thr Ala Glu Tyr Lys Phe
515 520 525

Ser Ile Asp Glu Lys His Asp Leu Thr Ala Leu Met Gly His Glu Tyr
530 535 540

Ile Glu Tyr Glu Gly Asp Val Ile Gly Ala Ser Ser Lys Gly Phe Glu
545 550 555 560

Ser Asp Lys Leu Met Leu Leu Ser Gln Gly Lys Thr Gly Asn Ser Leu
565 570 575

Ser Leu Pro Glu His Arg Val Ala Glu Tyr Ala Tyr Leu Ser Phe Phe
580 585 590

Ser Arg Phe Asn Tyr Gly Phe Asp Lys Trp Met Tyr Ile Asp Phe Ser
595 600 605

Val Arg Asn Asp Gln Ser Ser Arg Phe Gly Ser Asn Asn Arg Ser Ala
610 615 620

Trp Phe Tyr Ser Val Gly Gly Met Phe Asp Ile Tyr Asn Lys Phe Ile
625 630 635 640

Gln Glu Ser Asn Trp Leu Ser Asp Leu Arg Leu Lys Met Ser Tyr Gly
645 650 655

Thr Thr Gly Asn Ser Glu Ile Gly Asn Tyr Asn His Gln Ala Leu Val
660 665 670

Thr Val Asn Asn Tyr Thr Glu Asp Ala Met Gly Leu Ser Ile Ser Thr
675 680 685

Ala Gly Asn Pro Asp Leu Ser Trp Glu Lys Gln Ser Gln Phe Asn Phe
690 695 700

Gly Leu Ala Ala Gly Ala Phe Asn Asn Arg Leu Ser Ala Glu Val Asp
705 710 715 720

Phe Tyr Val Arg Thr Thr Asn Asp Met Leu Ile Asp Val Pro Met Pro
725 730 735

ES 2 693 243 T3

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

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 56

aaaagaatga cgctattctt cctttgcttg ctgacgagca ttgggtgggc tatggcccag	60
aatagaaccg tgaagggtag agttatctcc tccgaggata atgagcccct gatcggcgcg	120
aatgtcgtgg ttgtcggaaa caccactatc ggtgctgcaa ccgacttga tggcaacttc	180
acgcttagcg tgcttgccaa tgccaaaatg ttgagagtgt cctattccgg tatgactacc	240
aaagaggtcg ccctcgctaa tgtgatgaag atcgtactgg atccggactc taaggttctg	300
gagcaggtag ttgtattggg ttacggtacg ggacagaaac tcagcactgt ttccggttct	360
gtggccaaag tgtccagcga aaagctcgcg gaaaagcccg ttgccaatat catggatgcc	420
ctccaaggtc aggtagccgg tatgcaggtt atgactacat ccggtgaccc tactgccgtc	480
gcttctgtgg agatccatgg tacagggtcg ttgggggcaa gctctgcacc attgtatatc	540
gtggatggta tgcaaacttc tttggatgtt gtggctacga tgaatccgaa tgattttgaa	600
tctatgtccg ttttgaaaga tgcttctgca acatctattt atggagctcg tgctgcaaac	660
ggagtcgttt tcattcaaac gaagaaaggt aaaatgagcg agagaggtcg tattaccctt	720
aatgccagtt acgggatttc tcaaactctg aataactaagc cccttgataa tatgatgact	780
ggagatgaat tgctggattt tcaggtgaag gcaggttttt gggggaacaa tcaaaccgtt	840
cagaaggtta aagatatgat ccttgccgga gctgaagatt tgtatggcaa ttatgattct	900
ttgaaagatg agtatggtaa gacattgttc ccagtggatt ttaatcatga tgcagactgg	960
ctcaaggctt tgtttaaaac agcaccacc agtcaaggtg atatttcttt ctccggaggg	1020
tctcagggaa cttcatatta tgcctctata ggctacttcg atcaggaagg tatggctcgt	1080
gaaccggcaa attttaagcg ctatagtggc cggctcaact tcgaaagtcg tatcaatgaa	1140
tggtctgaaag ttggtgcaaa tttgtctggt gcgatagcga atagacgac tgccgactat	1200
tttgaaagt attatatggg gtcaggtact ttcggtgtgt taacgatgcc tcgttattat	1260
aacccttttg atgtgaatgg ggatttagca gatgtctatt acatgtatgg agctaccaga	1320
ccttctatga cagaaccgta cttcgcaaaa atgagaccgt tcagttccga atcacatcag	1380
gccaatgtaa atgggttcgc ccagattact ccgatcaaag gccttacttt aaaggcacag	1440

5

ES 2 693 243 T3

gctggtggtg atattactaa tactcgcaact tcttctaaga gaatgcccaa taatccgtat 1500
gattctactc ctcttgggga aagaagagaa agagcttatac gagatgtag caagtctttt 1560
acaaatacgg ctgaatataa gttttcaatt gatgaaaaac atgatcttac agcattgatg 1620
gggcatgaat atattgaata tgaaggggat gttattgggg catcttctaa aggatttgaa 1680
agtgataagt tgatgttact gagccaggga aaaaccggaa atagtttgtc tttgcctgaa 1740
cacagagtcg ctgaatatgc ctatttgtct tcttttagtc gttttaatta cggttttgac 1800
aatggatgt atatagattt ctctgttcgt aatgaccaat cctctcgatt cggatccaat 1860
aatagaagcg cgtggttcta ttctgtcggg ggaatgtttg acatatataa taaattcatt 1920
caagaaagta attggctcag tgatcttcga ctgaaaatga gttatgttac aacgggtaac 1980
tcggagattg gtaattacaa ccaccaagca ctcgttactg tgaacaatta tactgaagat 2040
gctatggggc tttagcatttc tacagcaggc aatcccgacc tctcgtggga aaagcagtct 2100
cagttcaact tcggtttggc tgcaggggct ttcaataatc gcttatctgc agaggtagat 2160
ttctatgtcc gcactacgaa tgatatgttg attgatgtcc cgatgcctta tatcagtggg 2220
ttcttctcac agtatcagaa tgtaggctct atgaaaaata cgggtgtaga cctttctctt 2280
aaggggacga tctacaaaa taaggactgg aatgtatatg cttctgcgaa tttcaactac 2340
aatagacagg aaataacaaa gcttttcttc ggtctcaata agtacatgtt gcctaatacc 2400
ggtactatat gggaaattgg gtacccaat tcgttctata tggctgaata tgctggaatc 2460
gacaaaaaaa ccggtgaagca gttgtggtat gttcctggtc aagtcgatgc ggatggtaat 2520
aaagttacaa caagccagta ctcagctgac ttggagacac gaattgataa gtctgttact 2580
cctcctatta cagggtggtt ctccttaggt gcttcttgga aaggactttc tttagatgct 2640
gattttgcct acatcgttgg taaatggatg atcaataatg accgttactt tacagagaat 2700
ggaggtggat tgatgcaatt aaataaagat aaaatgctat tgaatgcctg gacagaggat 2760
aataaagaaa cagatgttcc aaaattggga cagtctcctc agtttgatac gcatttggtg 2820
gagaatgctt ctttctgcg tttgaagaat ctcaaactca cctatgtact cccaatagt 2880
ctttttgctg ggcagaatgt gattggtgga gctcgtgtct atttgatggc gcgcaatctg 2940
ttaactgtta cgaagtataa aggctttgac cctgaagcag gggggaatgt gggaaaaaat 3000
caatatccta attctaagca gtacgttgcg ggtattcaga tttctttcta a 3051

<210> 57

<211> 1703

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 57

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

755		760		765
Phe Ala Pro Phe Glu Tyr Thr Val Pro Glu Asn Ala Asp Pro Ser Cys				
770		775		780
Ser Pro Thr Asn Met Ile Met Asp Gly Thr Ala Ser Val Asn Ile Pro				
785		790		795
Ala Gly Thr Tyr Asp Phe Ala Ile Ala Ala Pro Gln Ala Asn Ala Lys				
		805		810
				815
Ile Trp Ile Ala Gly Gln Gly Pro Thr Lys Glu Asp Asp Tyr Val Phe				
		820		825
				830
Glu Ala Gly Lys Lys Tyr His Phe Leu Met Lys Lys Met Gly Ser Gly				
		835		840
				845
Asp Gly Thr Glu Leu Thr Ile Ser Glu Gly Gly Gly Ser Asp Tyr Thr				
		850		855
				860
Tyr Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys Ile Lys Glu Gly Leu Thr Ala				
		865		870
				875
Thr Thr Phe Glu Glu Asp Gly Val Ala Ala Gly Asn His Glu Tyr Cys				
		885		890
				895
Val Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val Ser Pro Lys Val Cys Lys Asp				
		900		905
				910
Val Thr Val Glu Gly Ser Asn Glu Phe Ala Pro Val Gln Asn Leu Thr				
		915		920
				925
Gly Ser Ala Val Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp Asp Ala Pro Asn				
		930		935
				940
Gly Thr Pro Asn Pro Asn Pro Asn Pro Asn Pro Asn Pro Asn Pro Gly				
		945		950
				955
Thr Thr Thr Leu Ser Glu Ser Phe Glu Asn Gly Ile Pro Ala Ser Trp				
		965		970
				975
Lys Thr Ile Asp Ala Asp Gly Asp Gly His Gly Trp Lys Pro Gly Asn				
		980		985
				990
Ala Pro Gly Ile Ala Gly Tyr Asn Ser Asn Gly Cys Val Tyr Ser Glu				
		995		1000
				1005

ES 2 693 243 T3

Ser	Phe	Gly	Leu	Gly	Gly	Ile	Gly	Val	Leu	Thr	Pro	Asp	Asn	Tyr
1010						1015					1020			
Leu	Ile	Thr	Pro	Ala	Leu	Asp	Leu	Pro	Asn	Gly	Gly	Lys	Leu	Thr
1025						1030					1035			
Phe	Trp	Val	Cys	Ala	Gln	Asp	Ala	Asn	Tyr	Ala	Ser	Glu	His	Tyr
1040						1045					1050			
Ala	Val	Tyr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gly	Asn	Asp	Ala	Ser	Asn	Phe	Thr
1055						1060					1065			
Asn	Ala	Leu	Leu	Glu	Glu	Thr	Ile	Thr	Ala	Lys	Gly	Val	Arg	Ser
1070						1075					1080			
Pro	Glu	Ala	Ile	Arg	Gly	Arg	Ile	Gln	Gly	Thr	Trp	Arg	Gln	Lys
1085						1090					1095			
Thr	Val	Asp	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Lys	Tyr	Val	Ala	Phe	Arg	His
1100						1105					1110			
Phe	Gln	Ser	Thr	Asp	Met	Phe	Tyr	Ile	Asp	Leu	Asp	Glu	Val	Glu
1115						1120					1125			
Ile	Lys	Ala	Asn	Gly	Lys	Arg	Ala	Asp	Phe	Thr	Glu	Thr	Phe	Glu
1130						1135					1140			
Ser	Ser	Thr	His	Gly	Glu	Ala	Pro	Ala	Glu	Trp	Thr	Thr	Ile	Asp
1145						1150					1155			
Ala	Asp	Gly	Asp	Gly	Gln	Gly	Trp	Leu	Cys	Leu	Ser	Ser	Gly	Gln
1160						1165					1170			
Leu	Asp	Trp	Leu	Thr	Ala	His	Gly	Gly	Thr	Asn	Val	Val	Ser	Ser
1175						1180					1185			
Phe	Ser	Trp	Asn	Gly	Met	Ala	Leu	Asn	Pro	Asp	Asn	Tyr	Leu	Ile
1190						1195					1200			
Ser	Lys	Asp	Val	Thr	Gly	Ala	Thr	Lys	Val	Lys	Tyr	Tyr	Tyr	Ala
1205						1210					1215			
Val	Asn	Asp	Gly	Phe	Pro	Gly	Asp	His	Tyr	Ala	Val	Met	Ile	Ser
1220						1225					1230			
Lys	Thr	Gly	Thr	Asn	Ala	Gly	Asp	Phe	Thr	Val	Val	Phe	Glu	Glu
1235						1240					1245			

ES 2 693 243 T3

Thr	Pro	Asn	Gly	Ile	Asn	Lys	Gly	Gly	Ala	Arg	Phe	Gly	Leu	Ser
1250						1255					1260			
Thr	Glu	Ala	Asp	Gly	Ala	Lys	Pro	Gln	Ser	Val	Trp	Ile	Glu	Arg
1265						1270					1275			
Thr	Val	Asp	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Lys	Tyr	Val	Ala	Phe	Arg	His
1280						1285					1290			
Tyr	Asn	Cys	Ser	Asp	Leu	Asn	Tyr	Ile	Leu	Leu	Asp	Asp	Ile	Gln
1295						1300					1305			
Phe	Thr	Met	Gly	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Thr	Asp	Tyr	Thr	Tyr	Thr
1310						1315					1320			
Val	Tyr	Arg	Asp	Gly	Thr	Lys	Ile	Lys	Glu	Gly	Leu	Thr	Glu	Thr
1325						1330					1335			
Thr	Phe	Glu	Glu	Asp	Gly	Val	Ala	Thr	Gly	Asn	His	Glu	Tyr	Cys
1340						1345					1350			
Val	Glu	Val	Lys	Tyr	Thr	Ala	Gly	Val	Ser	Pro	Lys	Lys	Cys	Val
1355						1360					1365			
Asn	Val	Thr	Val	Asn	Ser	Thr	Gln	Phe	Asn	Pro	Val	Lys	Asn	Leu
1370						1375					1380			
Lys	Ala	Gln	Pro	Asp	Gly	Gly	Asp	Val	Val	Leu	Lys	Trp	Glu	Ala
1385						1390					1395			
Pro	Ser	Ala	Lys	Lys	Thr	Glu	Gly	Ser	Arg	Glu	Val	Lys	Arg	Ile
1400						1405					1410			
Gly	Asp	Gly	Leu	Phe	Val	Thr	Ile	Glu	Pro	Ala	Asn	Asp	Val	Arg
1415						1420					1425			
Ala	Asn	Glu	Ala	Lys	Val	Val	Leu	Ala	Ala	Asp	Asn	Val	Trp	Gly
1430						1435					1440			
Asp	Asn	Thr	Gly	Tyr	Gln	Phe	Leu	Leu	Asp	Ala	Asp	His	Asn	Thr
1445						1450					1455			
Phe	Gly	Ser	Val	Ile	Pro	Ala	Thr	Gly	Pro	Leu	Phe	Thr	Gly	Thr
1460						1465					1470			
Ala	Ser	Ser	Asp	Leu	Tyr	Ser	Ala	Asn	Phe	Glu	Tyr	Leu	Ile	Pro
1475						1480					1485			

ES 2 693 243 T3

Ala Asn	Ala Asp Pro Val Val	Thr Thr Gln Asn Ile	Ile Val Thr
1490	1495	1500	
Gly Gln	Gly Glu Val Val Ile	Pro Gly Gly Val Tyr	Asp Tyr Cys
1505	1510	1515	
Ile Thr	Asn Pro Glu Pro Ala	Ser Gly Lys Met Trp	Ile Ala Gly
1520	1525	1530	
Asp Gly	Gly Asn Gln Pro Ala	Arg Tyr Asp Asp Phe	Thr Phe Glu
1535	1540	1545	
Ala Gly	Lys Lys Tyr Thr Phe	Thr Met Arg Arg Ala	Gly Met Gly
1550	1555	1560	
Asp Gly	Thr Asp Met Glu Val	Glu Asp Asp Ser Pro	Ala Ser Tyr
1565	1570	1575	
Thr Tyr	Thr Val Tyr Arg Asp	Gly Thr Lys Ile Lys	Glu Gly Leu
1580	1585	1590	
Thr Glu	Thr Thr Tyr Arg Asp	Ala Gly Met Ser Ala	Gln Ser His
1595	1600	1605	
Glu Tyr	Cys Val Glu Val Lys	Tyr Thr Ala Gly Val	Ser Pro Lys
1610	1615	1620	
Val Cys	Val Asp Tyr Ile Pro	Asp Gly Val Ala Asp	Val Thr Ala
1625	1630	1635	
Gln Lys	Pro Tyr Thr Leu Thr	Val Val Gly Lys Thr	Ile Thr Val
1640	1645	1650	
Thr Cys	Gln Gly Glu Ala Met	Ile Tyr Asp Met Asn	Gly Arg Arg
1655	1660	1665	
Leu Ala	Ala Gly Arg Asn Thr	Val Val Tyr Thr Ala	Gln Gly Gly
1670	1675	1680	
Tyr Tyr	Ala Val Met Val Val	Val Asp Gly Lys Ser	Tyr Val Glu
1685	1690	1695	
Lys Leu	Ala Val Lys		
1700			

<210> 58

<211> 5112

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 58

ES 2 693 243 T3

ttgcacaagt ttgtttcgat tgctctttgc tcttccttat taggaggaat ggcatttgcg	60
cagcagacag agttgggacg caatccgaat gtgagattgc tcgaatccac tcagcaatcg	120
gtgacaaaagg ttcagttccg tatggacaac ctcaagttca ccgaagttca aacccttaag	180
ggaatggcac aagtgccgac ctatacagaa ggggttaatc tttctgaaa agggatgcct	240
acgcttccca ttctatcacg ctctttggcg gtttcagaca ctctgtgagat gaaggtagag	300
gttgtttcct caaagtccat cgaaaagaaa aatgtcctga ttgcaccctc caagggcag	360
attatgcgta acgaagatcc gaaaaagatc ccttacgttt atggaaagag ctactcgcaa	420
aacaaattct tcccgggaga gatcgccacg cttgatgatc cttttatcct tcgtgatgtg	480
cgtggacagg ttgtaaactt tgcgcctttg cagtataacc ctgtgacaaa gacgttgcgc	540
atctatacgg aaatcactgt ggcagtgagc gaaacttcgg agcaaggcaa aaatattctg	600
aacaagaaag gtacatttgc cggccttgaa gacacataca agcgcatgtt catgaactac	660
gagccagggc gttacacacc ggtagaggaa aaacaaaatg gtcgtatgat cgtcatcgta	720
gccaaaaagt atgagggaga tattaaagat ttcgttgatt ggaaaaacca acgcggtctc	780
cgtaccgagg tgaaagtggc agaagatatt gcttctcccg ttacagctaa tgctattcag	840
caattcgtta agcaagaata cgagaaagaa ggtaatgatt tgacctatgt tcttttgatt	900
ggcgatcaca aagatattcc tgccaaaatt actccgggga tcaaaccga ccaggatat	960
ggacaaatag taggtaatga ccactacaac gaagtcttca tcggtcgttt ctcattgtgag	1020
agcaaagagg atctgaagac acaaatcgat cggactattc actatgagcg caatataacc	1080
acggaagaca aatggctcgg tcaggctctt tgtattgctt cggtgaagg aggcccatcc	1140
gcagacaatg gtgaaagtga tatccagcat gagaatgtaa tcgccaatct gcttaccag	1200
tatgggtata ccaagattat caaatgttat gatccgggag taactcctaa aaacattatt	1260
gatgctttca acggaggaat ctctgtggcc aactatacgg gccacggtag cgaaacagct	1320
tggggtacgt ctcaacttcg caccactcat gtgaagcagc ttaccaacag caaccagcta	1380
ccgtttatct tcgacgtagc ttgtgtgaat ggcgatttcc tattcagcat gccttgtttc	1440
gcagaagcat tgatgcgtgc aaaaaagat ggtaagccga caggtagtgt tgctatcata	1500
gcgtctacga tcaaccagtc ttgggcttct cctatgcgcg ggcaggatga gatgaacgaa	1560
attctgtgcg aaaaacaccc gaacaacatc aagcgtactt tcgggtggtgt caccatgaac	1620
ggatgtttg ctatggtgga aaagtataaa aaggatggtg agaagatgct cgacacatgg	1680
actgtattcg gcgaccctc gctgctcgtt cgtacacttg tcccgaccaa aatgcagggt	1740

ES 2 693 243 T3

acggctccgg	ctcagattaa	tttgacggat	gcttcagtca	acgtatcttg	cgattataat	1800
ggtgctattg	ctaccatttc	agccaatgga	aagatgttcg	gttctgcagt	tgtcgaaaat	1860
ggaacagcta	caatcaatct	gacaggtctg	acaaatgaaa	gcacgcttac	ccttacagta	1920
gttggttaca	acaaagagac	ggttattaag	accatcaaca	ctaattggtga	gcctaacccc	1980
taccagcctg	tttccaactt	gactgctaca	acgcagggtc	agaaagtaac	gctcaagtgg	2040
gatgcaccga	gcacgaaaac	caatgcaacc	actaataccg	ctcgcagcgt	ggatggcata	2100
cgagaactgg	ttcttctgtc	agtcacggat	gccccggaac	ttcttcgcag	cggtcaggcc	2160
gagattgttc	ttgaagctca	cgatgtttgg	aatgatggat	ccggttatca	gattcttttg	2220
gatgcagacc	atgatcaata	tggacagggt	ataccagtg	ataccatac	tctttggccg	2280
aactgtagtg	tcccggccaa	tctgttcgct	ccgttcgaat	atacggttcc	ggaaaatgca	2340
gatccttctt	gttcccttac	caatatgata	atggatggta	ctgcatccgt	taatataccg	2400
gccggaactt	atgactttgc	aattgctgct	cctcaagcaa	atgcaaagat	ttggattgcc	2460
ggacaaggac	cgacgaaaga	agatgattat	gtatttgaag	ccggtaaaaa	ataccatttc	2520
cttatgaaga	agatgggtag	cggtgatgga	actgaattga	ctataagcga	aggtgggtga	2580
agcgattaca	cctatactgt	ctatcgtgac	ggcacgaaga	tcaagggaag	tctgacggct	2640
acgacattcg	aagaagacgg	tgtagctgca	ggcaatcatg	agtattgcgt	ggaagttaag	2700
tacacagccg	gcgtatctcc	gaaggtatgt	aaagacgtta	cggtagaagg	atccaatgaa	2760
tttgctcctg	tacagaacct	gaccggtagt	gcagtcggcc	agaaagtaac	gcttaagtgg	2820
gatgcaccta	atggtacccc	gaatccaaat	ccaaatccga	atccaaatcc	gaatcccgga	2880
acaactacac	tttccgaatc	attcgaaaat	ggtattcctg	cctcatggaa	gacgatcgat	2940
gcagacgggt	acgggcatgg	ctggaagcct	ggaaatgctc	ccggaatcgc	tggctacaat	3000
agcaatgggt	gtgtatattc	agagtcattc	ggtccttggtg	gtataggagt	tcttaccctt	3060
gacaactatc	tgataaacacc	ggcattggat	ttgcctaacg	gaggtaagtt	gactttcttg	3120
gtatgcgcac	aggatgctaa	ttatgcatcc	gagcactatg	cggtgtatgc	atcttcgacc	3180
ggtaacgatg	catccaactt	cacgaatgct	ttgttggaag	agacgattac	ggcaaaaggt	3240
gttcgctcgc	cggaagctat	tcgtggtcgt	atacagggtg	cttggcgcca	gaagacggta	3300
gaccttcccg	caggtagcaa	atatgttgct	ttccgtcact	tccaaagcac	ggatatgttc	3360
tacatcgacc	ttgatgaggt	tgagatcaag	gccaatggca	agcgcgcaga	cttcacggaa	3420
acgttcgagt	cttctactca	tggagaggca	ccagcggaat	ggactactat	cgatgccgat	3480
ggcgtatggt	agggttggct	ctgtctgtct	tccggacaat	tggactggct	gacagctcat	3540
ggcggcacca	acgtagtaag	ctctttctca	tggaatggaa	tggctttgaa	tcctgataac	3600
tatctcatct	caaaggatgt	tacaggcgca	acgaaggtaa	agtactacta	tgcagtcaac	3660

ES 2 693 243 T3

```

gacggttttc ccgggggatca ctatgcggtg atgatctcca agacgggcac gaacgccgga 3720
gacttcacgg ttgttttcga agaaacgcct aacggaataa ataagggcgg agcaagattc 3780
gggtctttcca cggaagccga tggcgccaaa cctcaaagtg tatggatcga gcgtacggta 3840
gatttgctcg cgggcacgaa gtatgttgct ttccgtcact acaattgctc ggatttgaac 3900
tacattcttt tggatgatat tcagttcacc atgggtggca gccccacccc gaccgattat 3960
acctacacgg tgtatcgtga tggtagcaag atcaaggaag gtttgaccga aacgaccttc 4020
gaagaagacg gcgtagctac gggcaatcat gagtattgcg tggaagtga gtacacagcc 4080
ggcgtatctc cgaagaaatg tgtaaacgta actgttaatt cgacacagtt caatcctgta 4140
aagaacctga aggcacaacc ggatggcggc gacgtgggtc tcaagtggga agccccgagc 4200
gcaaagaaga cagaaggttc tcgtgaagta aaacggatcg gagacggtct tttcgttacg 4260
atcgaacctg caaacgatgt acgtgccaac gaagccaagg ttgtgctcgc agcagacaac 4320
gtatggggag acaatacggg ttaccagttc ttgttgatg ccgatcaca tacattcgga 4380
agtgtcattc cggaaccgg tcctctcttt accggaacag cttcttccga tctttacagt 4440
gcgaacttcg agtatttgat cccggccaat gccgatcctg ttgttactac acagaatatt 4500
atcgttacag gacaggggta agttgtaatc cccggtgggtg tttacgacta ttgcattacg 4560
aaccgcgaac ctgcatccgg aaagatgtgg atcgaggag atggaggcaa ccagcctgca 4620
cgttatgacg atttcacatt cgaagcaggc aagaagtaca ccttcacgat gcgtcgcggc 4680
ggaatgggag atggaactga tatggaagtc gaagacgatt cacctgcaag ctataacctat 4740
acagtctatc gtgacggcac gaagatcaag gaaggtctga ccgaaacgac ctaccgcgat 4800
gcaggaatga gtgcacaatc tcatgagtat tgcgtggaag ttaagtacac agccggcgta 4860
tctccgaagg tttgtgtgga ttatattcct gacggagtgg cagacgtaac ggctcagaag 4920
ccttacacgc tgacagttgt aggaaagacg atcacggtaa cttgccaaagg cgaagctatg 4980
atctacgaca tgaacggtcg tcgtctggca gccggtcgca acacggttgt ttacacggct 5040
cagggcggct actatgcagt tatggttgct gttgacggca agtcttacgt agagaaactc 5100
gctgtaaagt aa 5112

```

<210> 59

<211> 390

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 59

Lys Val Lys Tyr Leu Met Leu Thr Leu Val Gly Ala Ile Ala Leu Asn

1

5

10

15

10

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Glu Cys Pro Glu Val Thr Pro Val Thr Lys Thr Glu Asn Ile Leu Thr
275 280 285

Glu Lys Ala Val Leu Phe Arg Phe Asp Ser His Val Val Asp Lys Asp
290 295 300

Gln Leu Ile Asn Leu Tyr Asp Val Ala Gln Phe Val Lys Glu Thr Asn
305 310 315 320

Glu Pro Ile Thr Val Val Gly Tyr Ala Asp Pro Thr Gly Asn Thr Gln
325 330 335

Tyr Asn Glu Lys Leu Ser Glu Arg Arg Ala Lys Ala Val Val Asp Val
340 345 350

Leu Thr Gly Lys Tyr Gly Val Pro Ser Glu Leu Ile Ser Val Glu Trp
355 360 365

Lys Gly Asp Ser Thr Gln Pro Phe Ser Lys Lys Ala Trp Asn Arg Val
370 375 380

Val Ile Val Arg Ser Lys
385 390

<210> 60

<211> 1173

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 60

aaggtaaagt acttaatgct cacattgggt ggagcaattg cactgaacgc aagtgcacag	60
gagaatactg taccgggaac gggtcagtta cccgctaaga atgttgcttt tgctcgcaat	120
aaagcaggca gcaattgggt tgtaacactg caaggcgggt ttgcagcgca gttcctcaat	180
gacaacaaca acaaagacct catggaccgc ttaggagcca taggttctct ttctgtcgga	240
aagtatcaca gccctttctt tgcaactcgt ttgcaaatta acggaggtca agcccacact	300
ttcctcggaa aaaatggcga acaagaaatc aacaccaatt ttggtgcagc tcacttcgac	360
tttatgtttg atgtgggtta ctactttgca ccatatcgcg aaaatcgttt cttccattta	420
attccatggg taggtgttgg ctaccaacac aaattcatcg gtagcgaatg gagcaaagac	480
aatgtggaat cactgacggc gaatgtagga gttatgatgg ctttcagatt aggaaagcga	540
gtagactttg tgatcgaagc acaagcagct cactccaatc tcaatctaag tcgcgcatac	600
aatgccaaga aaactcccgat attcgaagat cccgcaggac gttattacaa tggattccag	660
gggatggcta cagcaggtct taatttccgc ctgggagccg taggcttcaa tgccattgaa	720

ES 2 693 243 T3

```

ccaatggact acgcacttat caatgatctg aatgggtcaga ttaaccgttt gcgcagcgag 780
gtcgaagaac tctcaaaacg tcctgtatca tgccccgaat gtcctgaagt aactcctggt 840
actaagacag aaaatatact gacggaaaaa gctgtactgt tccgtttcga cagccacggt 900
gtggacaaag atcaattgat caacctgtat gacgtagctc agtttgtaaa agaaactaac 960
gagccgatta ccgttggttg ttatgctgat cctacgggta atactcaata caacgagaaa 1020
ttgtctgagc gtcgggctaa agccgttggt gatgttctga caggtaaata tgggtgcct 1080
tccgaattaa tctctgtaga atggaagggc gactctacgc aaccgttcag caagaaagct 1140
tggaatcgtg ttgtaatcgt tcgctccaag taa 1173

```

<210> 61

<211> 500

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 61

```

Lys Lys Ile Ile Tyr Trp Val Ala Thr Val Phe Leu Ala Ala Ser Val
1           5           10           15

```

```

Ser Ser Cys Glu Leu Asp Arg Asp Pro Glu Gly Lys Asp Phe Gln Gln
20           25           30

```

```

Pro Tyr Thr Ser Phe Val Gln Thr Lys Gln Asn Arg Asp Gly Leu Tyr
35           40           45

```

```

Ala Leu Leu Arg Asn Thr Glu Asn Pro Arg Met His Phe Tyr Gln Glu
50           55           60

```

```

Leu Gln Ser Asp Met Tyr Cys Thr Thr Ile Thr Asp Gly Asn Ser Leu
65           70           75           80

```

```

Ala Pro Phe Val Asn Trp Asp Leu Gly Ile Leu Asn Asp His Gly Arg
85           90           95

```

```

Ala Asp Glu Asp Glu Val Ser Gly Ile Ala Gly Tyr Tyr Phe Val Tyr
100           105           110

```

```

Asn Arg Leu Asn Gln Gln Ala Asn Ala Phe Val Asn Asn Thr Glu Ala
115           120           125

```

```

Ala Leu Gln Asn Gln Val Tyr Lys Asn Ser Thr Glu Ile Ala Asn Ala
130           135           140

```

```

Lys Ser Phe Leu Ala Glu Gly Lys Val Leu Gln Ala Leu Ala Ile Trp
145           150           155           160

```

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Val Val Asn Met Glu Ala Leu Gln Ala Glu Arg Thr Arg Glu Leu Ile
420 425 430

Gly Glu Gly Ser Arg Leu Arg Asp Met Val Arg Trp Ser Ile Pro Asn
435 440 445

Asn His Asp Ala Phe Glu Thr Gln Pro Gly Leu Glu Gly Phe Ala Asn
450 455 460

Thr Thr Pro Leu Lys Ala Gln Ala Pro Val Gly Phe Tyr Ala Tyr Thr
465 470 475 480

Trp Glu Phe Pro Gln Arg Asp Arg Gln Thr Asn Pro Gln Leu Ile Lys
485 490 495

Asn Trp Pro Ile
500

<210> 62

<211> 1503

<212> ADN

5 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 62

aaaaaaataa tttattgggt tgcgacagtt ttcttagcag cgagcgtatc ctcttgcgag	60
cttgaccgag accccaagga aaaagatttc caacagccat atacttcttt cgtgcagacg	120
aaacaaaaca gagatgggtt ttacgcactt ttgcgtaata ctgaaaatcc acgaatgcat	180
ttttatcagg aacttcaatc cgatatgtat tgcactacca ttactgatgg taactcctta	240
gctccggttcg tgaattggga tttaggcata cttaacgacc atggacgtgc tgatgaggac	300
gaagtctccg gtatagctgg ctactatttc gtatacaatc gactaaatca gcaagcgaat	360
gcttttggtta acaatacggg agctgcgttg cagaatcaag tgtataaaaa ttccaccgag	420
atcgccaatg ctaagagctt tttggcggaa ggaaaagttt tacaagcatt ggctatttgg	480
cgactgatgg atcggttttag cttccatgaa agcgtgacag aagttaattc cgggtgcgaaa	540
gatcttggtc ttattctggt gaaagaatat aatcctgggt atatcggtcc ccgtgcaacg	600
aaggcacaat gttatgatta ctttttgtca cgtttgtctg aggctattga agttttgccc	660
gaaaacaggg aaagcggttct ttatgtgagc cgtgattacg cctatgccct ccgagcaaga	720
atttacctcg cggtgggtga atatggaaaa gctgcagcag atgctaagat ggttggtgat	780
aagtatcctt tgattgggtc agcagatgct tctgagtttg agaataattt tcgatcagat	840
gctaataatc ccgaaattat ttttcgtggt ttgcttctg cgactcttgg ctcgtttact	900
gctacgacac taaatggtgc tgccgcagca ggtaaggata taaaatataa tccgagcgca	960

ES 2 693 243 T3

```
gtccctttcc aatgggtagt ggatctttat gaaaacgaag atttccgcaa atccgtatat 1020
atcgcgaaag ttgtgaaaaa ggataagggg tatttagtaa ataaattcct tgaggacaag 1080
gcttatcgtg atgttcagga taagccaaac cttaaagtcg gagctcgta ttttagcggt 1140
gctgaggtct acttaatttt ggtagagtct gctcttcaga ctggagatac cccaacagcc 1200
gaaaaaatatc tcaaggcttt gagtaaagct cgtggagcag aagtttcagt cgttaatatg 1260
gaagcactgc aagcagagcg tacgcgtgag cttatagggtg agggtagtcg tttgcgtgat 1320
atggtccgct ggagtatccc taataatcat gatgcttttg agactcagcc tggtttagaa 1380
ggttttgcaa atactactcc tttgaaagct caagctcctg taggctttta tgcataact 1440
tgggagttcc cacagcgaga tcgacaaact aatccgcagt taataaagaa ctggccgata 1500
taa 1503
```

<210> 63

<211> 1731

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 63

Arg Lys Leu Leu Leu Leu Ile Ala Ala Ser Leu Leu Gly Val Gly Leu
1 5 10 15

Tyr Ala Gln Ser Ala Lys Ile Lys Leu Asp Ala Pro Thr Thr Arg Thr
20 25 30

Thr Cys Thr Asn Asn Ser Phe Lys Gln Phe Asp Ala Ser Phe Ser Phe
35 40 45

Asn Glu Val Glu Leu Thr Lys Val Glu Thr Lys Gly Gly Thr Phe Ala
50 55 60

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

Glu Val Pro Ala Val Arg Lys Leu Ile Ala Val Pro Val Gly Ala Thr
85 90 95

Pro Val Val Arg Val Lys Ser Phe Thr Glu Gln Val Tyr Ser Leu Asn
100 105 110

Gln Tyr Gly Ser Glu Lys Leu Met Pro His Gln Pro Ser Met Ser Lys
115 120 125

Ser Asp Asp Pro Glu Lys Val Pro Phe Val Tyr Asn Ala Ala Ala Tyr
130 135 140

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Ala Asn Ala Ser Gly Val Ala Thr Val Ser Met Thr Lys Gln Ile Thr
645 650 655

Glu Asn Gly Asn Tyr Asp Val Val Ile Thr Arg Ser Asn Tyr Leu Pro
660 665 670

Val Ile Lys Gln Ile Gln Val Gly Glu Pro Ser Pro Tyr Gln Pro Val
675 680 685

Ser Asn Leu Thr Ala Thr Thr Gln Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp
690 695 700

Glu Ala Pro Ser Ala Lys Lys Ala Glu Gly Ser Arg Glu Val Lys Arg
705 710 715 720

Ile Gly Asp Gly Leu Phe Val Thr Ile Glu Pro Ala Asn Asp Val Arg
725 730 735

Ala Asn Glu Ala Lys Val Val Leu Ala Ala Asp Asn Val Trp Gly Asp
740 745 750

Asn Thr Gly Tyr Gln Phe Leu Leu Asp Ala Asp His Asn Thr Phe Gly
755 760 765

Ser Val Ile Pro Ala Thr Gly Pro Leu Phe Thr Gly Thr Ala Ser Ser
770 775 780

Asn Leu Tyr Ser Ala Asn Phe Glu Tyr Leu Ile Pro Ala Asn Ala Asp
785 790 795 800

Pro Val Val Thr Thr Gln Asn Ile Ile Val Thr Gly Gln Gly Glu Val
805 810 815

Val Ile Pro Gly Gly Val Tyr Asp Tyr Cys Ile Thr Asn Pro Glu Pro
820 825 830

Ala Ser Gly Lys Met Trp Ile Ala Gly Asp Gly Gly Asn Gln Pro Ala
835 840 845

Arg Tyr Asp Asp Phe Thr Phe Glu Ala Gly Lys Lys Tyr Thr Phe Thr
850 855 860

Met Arg Arg Ala Gly Met Gly Asp Gly Thr Asp Met Glu Val Glu Asp
865 870 875 880

Asp Ser Pro Ala Ser Tyr Thr Tyr Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys
885 890 895

ES 2 693 243 T3

Ile Lys Glu Gly Leu Thr Ala Thr Thr Phe Glu Glu Asp Gly Val Ala
 900 905 910
 Ala Gly Asn His Glu Tyr Cys Val Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val
 915 920 925
 Ser Pro Lys Val Cys Lys Asp Val Thr Val Glu Gly Ser Asn Glu Phe
 930 935 940
 Ala Pro Val Gln Asn Leu Thr Gly Ser Ser Val Gly Gln Lys Val Thr
 945 950 955 960
 Leu Lys Trp Asp Ala Pro Asn Gly Thr Pro Asn Pro Asn Pro Asn Pro
 965 970 975
 Asn Pro Asn Pro Gly Thr Thr Leu Ser Glu Ser Phe Glu Asn Gly Ile
 980 985 990
 Pro Ala Ser Trp Lys Thr Ile Asp Ala Asp Gly Asp Gly His Gly Trp
 995 1000 1005
 Lys Pro Gly Asn Ala Pro Gly Ile Ala Gly Tyr Asn Ser Asn Gly
 1010 1015 1020
 Cys Val Tyr Ser Glu Ser Phe Gly Leu Gly Gly Ile Gly Val Leu
 1025 1030 1035
 Thr Pro Asp Asn Tyr Leu Ile Thr Pro Ala Leu Asp Leu Pro Asn
 1040 1045 1050
 Gly Gly Lys Leu Thr Phe Trp Val Cys Ala Gln Asp Ala Asn Tyr
 1055 1060 1065
 Ala Ser Glu His Tyr Ala Val Tyr Ala Ser Ser Thr Gly Asn Asp
 1070 1075 1080
 Ala Ser Asn Phe Thr Asn Ala Leu Leu Glu Glu Thr Ile Thr Ala
 1085 1090 1095
 Lys Gly Val Arg Ser Pro Lys Ala Ile Arg Gly Arg Ile Gln Gly
 1100 1105 1110
 Thr Trp Arg Gln Lys Thr Val Asp Leu Pro Ala Gly Thr Lys Tyr
 1115 1120 1125
 Val Ala Phe Arg His Phe Gln Ser Thr Asp Met Phe Tyr Ile Asp
 1130 1135 1140

ES 2 693 243 T3

Leu Asp	Glu Val	Glu Ile	Lys	Ala Asn	Gly Lys	Arg	Ala Asp	Phe
1145			1150			1155		
Thr Glu	Thr Phe	Glu Ser	Ser	Thr His	Gly Glu	Ala	Pro Ala	Glu
1160			1165			1170		
Trp Thr	Thr Ile	Asp Ala	Asp	Gly Asp	Gly Gln	Gly	Trp Leu	Cys
1175			1180			1185		
Leu Ser	Ser Gly	Gln Leu	Asp	Trp Leu	Thr Ala	His	Gly Gly	Ser
1190			1195			1200		
Asn Val	Val Ser	Ser Phe	Ser	Trp Asn	Gly Met	Ala	Leu Asn	Pro
1205			1210			1215		
Asp Asn	Tyr Leu	Ile Ser	Lys	Asp Val	Thr Gly	Ala	Thr Lys	Val
1220			1225			1230		
Lys Tyr	Tyr Tyr	Ala Val	Asn	Asp Gly	Phe Pro	Gly	Asp His	Tyr
1235			1240			1245		
Ala Val	Met Ile	Ser Lys	Thr	Gly Thr	Asn Ala	Gly	Asp Phe	Thr
1250			1255			1260		
Val Val	Phe Glu	Glu Thr	Pro	Asn Gly	Ile Asn	Lys	Gly Gly	Ala
1265			1270			1275		
Arg Phe	Gly Leu	Ser Thr	Glu	Ala Asn	Gly Ala	Lys	Pro Gln	Ser
1280			1285			1290		
Val Trp	Ile Glu	Arg Thr	Val	Asp Leu	Pro Ala	Gly	Thr Lys	Tyr
1295			1300			1305		
Val Ala	Phe Arg	His Tyr	Asn	Cys Ser	Asp Leu	Asn	Tyr Ile	Leu
1310			1315			1320		
Leu Asp	Asp Ile	Gln Phe	Thr	Met Gly	Gly Ser	Pro	Thr Pro	Thr
1325			1330			1335		
Asp Tyr	Thr Tyr	Thr Val	Tyr	Arg Asp	Gly Thr	Lys	Ile Lys	Glu
1340			1345			1350		
Gly Leu	Thr Glu	Thr Thr	Phe	Glu Glu	Asp Gly	Val	Ala Thr	Gly
1355			1360			1365		
Asn His	Glu Tyr	Cys Val	Glu	Val Lys	Tyr Thr	Ala	Gly Val	Ser

ES 2 693 243 T3

1370		1375		1380
Pro Lys 1385	Lys Cys Val Asn	Val 1390	Thr Val Asn Ser	Thr 1395
Pro Val 1400	Gln Asn Leu Thr	Ala 1405	Glu Gln Ala Pro	Asn 1410
Ala Ile 1415	Leu Lys Trp Asn	Ala 1420	Pro Ala Ser Lys	Arg 1425
Leu Asn 1430	Glu Asp Phe Glu	Asn 1435	Gly Ile Pro Ala	Ser 1440
Ile Asp 1445	Ala Asp Gly Asp	Gly 1450	Asn Asn Trp Thr	Thr 1455
Pro Gly 1460	Gly Ser Ser Phe	Ala 1465	Gly His Asn Ser	Ala 1470
Ser Ser 1475	Ala Ser Tyr Ile	Asn 1480	Phe Glu Gly Pro	Gln 1485
Asn Tyr 1490	Leu Val Thr Pro	Glu 1495	Leu Ser Leu Pro	Gly 1500
Leu Thr 1505	Phe Trp Val Cys	Ala 1510	Gln Asp Ala Asn	Tyr 1515
His Tyr 1520	Ala Val Tyr Ala	Ser 1525	Ser Thr Gly Asn	Asp 1530
Phe Ala 1535	Asn Ala Leu Leu	Glu 1540	Glu Val Leu Thr	Ala 1545
Val Thr 1550	Ala Pro Glu Ala	Ile 1555	Arg Gly Thr Arg	Ala 1560
Trp Tyr 1565	Gln Lys Thr Val	Gln 1570	Leu Pro Ala Gly	Thr 1575
Ala Phe 1580	Arg His Phe Gly	Cys 1585	Thr Asp Phe Phe	Trp 1590
Asp Asp 1595	Val Val Ile Thr	Ser 1600	Gly Asn Ala Pro	Ser 1605

ES 2 693 243 T3

Thr Ile Tyr Arg Asn Asn Thr Gln Ile Ala Ser Gly Val Thr Glu
1610 1615 1620

Thr Thr Tyr Arg Asp Pro Asp Leu Ala Thr Gly Phe Tyr Thr Tyr
1625 1630 1635

Gly Val Lys Val Val Tyr Pro Asn Gly Glu Ser Ala Ile Glu Thr
1640 1645 1650

Ala Thr Leu Asn Ile Thr Ser Leu Ala Asp Val Thr Ala Gln Lys
1655 1660 1665

Pro Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Lys Thr Ile Thr Val Thr Cys
1670 1675 1680

Gln Gly Glu Ala Met Ile Tyr Asp Met Asn Gly Arg Arg Leu Ala
1685 1690 1695

Ala Gly Arg Asn Thr Val Val Tyr Thr Ala Gln Gly Gly His Tyr
1700 1705 1710

Ala Val Met Val Val Val Asp Gly Lys Ser Tyr Val Glu Lys Leu
1715 1720 1725

Ala Ile Lys
1730

<210> 64

<211> 5196

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 64

```
aggaaattat tattgctgat cgcggcgtcc cttttgggag ttggtcttta cgcccaaagc 60
gccaagatta agcttgatgc tccgactact cgaacgacat gtacgaacaa tagcttcaag 120
cagttcgatg caagcttttc gttcaatgaa gtcgagctga caaaggtgga gaccaaaggt 180
ggctactttcg cctcagtgtc aattccgggt gcattcccga ccggtgaggt tggttctccc 240
gaagtgccag cagttaggaa gttgattgct gtgcctgtcg gagccacacc tgttgttcgc 300
gtgaaaagtt ttaccgagca agtttactct ctgaaccaat acggttccga aaaactcatg 360
ccacatcaac cctctatgag caagagtgat gatcccgaaa aggttccctt cgtttacaat 420
gctgctgctt atgcacgcaa aggttttgtc ggacaagaac tgaccaagt agaaatgttg 480
gggacaatgc gtggtgttcg cattgcagct cttaccatta atcctgttca gtatgatgtg 540
gttgcaaacc aattgaaggt tagaaacaac atcgaaattg aagtaagctt tcaaggagct 600
gatgaagtag ctacacaacg tttgtatgat gcttctttta gcccttattt cgaaacagct 660
```

ES 2 693 243 T3

tataaacagc tcttcaatag agatgtttat acagatcatg gcgacttgta taatacgccg	720
gttcgtatgc ttgttggtgc aggtgcaaaa ttcaaagaag ctctcaagcc ttggctcact	780
tggaaggctc aaaagggtct ctatctggat gtgcattaca cagacgaagc tgaagtagga	840
acgacaaacg cctctatcaa ggcattttatt cacaagaaat acaatgatgg attggcagct	900
agtgtctgctc cggctcttct ggctttgggt ggtgacactg acgttattag cggagaaaaa	960
ggaaagaaaa caaaaaaagt taccgacttg tattacagtg cagtcgatgg cgactatttc	1020
cctgaaatgt atactttccg tatgtctgct tcttcccag aagaactgac gaacatcatt	1080
gataaggatg tgatgtatga aaaggctact atgccagata agagttattt ggagaaagtt	1140
ctcttgattg caggtgcaga ttatagctgg aattcccagg taggtcagcc aaccattaaa	1200
tacggtatgc agtactacta caaccaagag catggttata ccgacgtgta caactatctc	1260
aaagcccctt atacaggttg ctacagtcac ttgaataccg gagtcagctt tgcaaactat	1320
acagcgcacg gatctgagac cgcatgggct gatccacttc tgactacttc tcaactgaaa	1380
gcactcacta ataaggacaa atacttctta gctattggca actgcgctat tacagctcaa	1440
ttcgattatg tacagccttg cttcggagag gtaataactc gcgttaagga gaaaggggct	1500
tatgcctata tcggttcac tccaaattct tattggggcg aggactacta ttggagtgtg	1560
ggtgctaata cgttatttgg tggtcagcct acttttgaag gtacgtctat gggttcttat	1620
gatgtacatc tcttgagga ttcgtacaac acagtgaatt ctattatgtg ggcaggtaat	1680
cttgccgcta ctcatgctgg aaatatcggc aatattaccc atattggtgc tcattactat	1740
tgggaagctt atcatgtcct tggcgatggc tcgggttatgc cttatcgtgc aatgcctaag	1800
accaatactt atacgcttcc tgcctctttg cctcagaatc aggccttctta tagcattcag	1860
gcttctgccg gttcttacgt agctatttct aaagatggag ttttgtatgg aacaggtgtt	1920
gctaatagcca gcggtgttgc gactgtgagt atgactaagc agattacgga aaatggtaat	1980
tatgatgtag ttatcactcg ctctaattat cttcctgtga tcaagcaaata tcaggtaggt	2040
gagcctagcc cctaccagcc cgtttccaac ttgacagcta caacgcaggg tcagaaagta	2100
acgctcaagt gggaagcacc gagcgcaaag aaggcagaag gttcccgtga agtaaaacgg	2160
atcgagagac gtcttttctg tacgatcgaa cctgcaaacg atgtacgtgc caacgaagcc	2220
aaggttgtgc ttgcggcaga caacgtatgg ggagacaata cgggttacca gttcttgttg	2280
gatgccgacg acaatacatt cggaagtgtc attccggcaa ccggtcctct ctttaccgga	2340
acagcttctt ccaatcttta cagtgcgaac ttcgagtatt tgatcccggc caatgccgat	2400
cctgttgcta ctacacagaa tattatcggt acaggacagg gtgaagttgt aatccccggt	2460
ggtgtttacg actattgcat tacgaacccg gaacctgcat ccggaaagat gtggatcgca	2520

ES 2 693 243 T3

ggagatggag gcaaccagcc tgcacgttat gacgatttca cattcgaagc aggcaagaag 2580
 tacaccttca cgatgcgtcg cgccggaatg ggagatggaa ctgatatgga agtcgaagac 2640
 gattcacctg caagctatac ctacacggtg tatcgtgacg gcacgaagat caaggaaggt 2700
 ctgacagcta cgacattcga agaagacggt gtagctgcag gcaatcatga gtattgcgtg 2760
 gaagttaagt acacagccgg cgtatctccg aaggatatga aagacgttac ggtagaagga 2820
 tccaatgaat ttgctcctgt acagaacctg accggtagtt cagtaggtca gaaagtaacg 2880
 cttaatggg atgcacctaa tggtaacccg aatccgaatc caaatccgaa tccgaatccg 2940
 ggaacaacac tttccgaatc attcgaaaat ggtattccgg catcttgga gacgatcgat 3000
 gcagacggtg acgggcatgg ctggaaacct ggaaatgctc ccggaatcgc tggctacaat 3060
 agcaatggtt gtgtatattc agagtcattc ggtcttggtg gtataggagt tcttaccct 3120
 gacaactatc tgataacacc ggcatcggat ttgcctaacg gaggttaagt gactttctgg 3180
 gtatgcgcac aggatgctaa ttatgcattc gagcactatg cgggtgatgc atcttcgacc 3240
 ggtaacgatg catccaactt cacgaatgct ttgttggaag agacgattac ggcaaaaggt 3300
 gttcgctcgc cgaaaagctat tcgtggtcgt atacagggtg cttggcgcca gaagacggtg 3360
 gaccttcccg caggtagcga atattgttct ttccgtcact tccaaagcac ggatatgttc 3420
 tacatcgacc ttgatgaggt tgagatcaag gccaatggca agcgcgcaga cttcacggaa 3480
 acgttcgagt cttctactca tggagaggca ccagcggaaat ggactactat cgatgccgat 3540
 ggcgatggtc aggggtggct ctgtctgtct tccggacaat tggactggct gacagctcat 3600
 ggcgcgacga acgtagtaag ctctttctca tggaaatgga tggctttgaa tcctgataac 3660
 tatctcatct caaaggatgt tacagcgcca acgaaggtaa agtactacta tgcagtcaac 3720
 gacggttttc ccggggatca ctatgcggtg atgatctcca agacgggcac gaacgccgga 3780
 gacttcacgg ttgttttcga agaaacgcct aacggaataa ataaggcgcg agcaagattc 3840
 ggtctttcca cggaagccaa tggcgccaaa cctcaaagtg tatggatcga gcgtacggta 3900
 gatttgctg caggcacgaa gtatgttctt ttccgtcact acaattgctc ggatttgaa 3960
 tacattcttt tggatgatat tcagttcacc atgggtggca gccccacccc gaccgattat 4020
 acctacacgg tgtatcgtga tggtagcaag atcaaggaag gtttgaccga aacgaccttc 4080
 gaagaagacg gcgtagctac gggcaatcat gagtattgcg tggaaagtga gtacacagcc 4140
 ggcgtatctc cgaagaaatg tgtaaacgta actgttaatt cgacacagtt caatcctgta 4200
 cagaacctga cggcagaaca agctcctaac agcatggatg caatccttaa atggaatgca 4260
 ccggcatcta agcgtgcgga agttctgaac gaagacttcg aaaatggtat tcctgcctca 4320
 tggaaagacga tcgatgcaga cggtagcggc aacaattgga cgacgacccc tcctcccgga 4380
 ggctcctctt ttgcaggtca caacagtgcg atctgtgtct cttcagcttc ttatatcaac 4440

ES 2 693 243 T3

```

tttgaaggctc ctcagaaccc tgataactat ctggttacac cggagctttc tcttcctggc 4500
ggaggaacgc ttactttctg ggtatgtgca caagatgccca attatgcacg agagcactat 4560
gccgtgtacg catcttctac gggtaacgac gcttccaact tcgccaacgc tttgttgga 4620
gaagtgtgta cggccaagac agttgttacg gcacctgaag ccattcgtgg tactcgtgct 4680
cagggcacct ggtatcaaaa gacggtacag ttgcctgcgg gtactaagta tgttgccttc 4740
cgtcacttctg gctgtacgga cttcttctgg atcaaccttg atgatgttgt aatcacttca 4800
gggaacgctc cgtcttacac ctatacgatc tatcgtaata atacacagat agcatcaggc 4860
gtaacggaga ctacttaccg agatccggac ttggctaccg gtttttacac gtacggtgta 4920
aaggttggtt acccgaacgg agaatcagct atcgaaactg ctacgttgaa tatcacttctg 4980
ttggcagacg taacggctca gaagccttac acgctgacag ttgtaggaaa gacgatcacg 5040
gtaacttgcc aaggcgaagc tatgatctac gacatgaacg gtcgtcgtct ggcagcgggt 5100
cgcaacacgg ttgtttacac ggctcagggc ggccactatg cagtcatggt tgcgttgac 5160
ggcaagtctt acgtagagaa actcgctatc aagtaa 5196

```

<210> 65

<211> 1731

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 65

Arg Lys Leu Leu Leu Leu Ile Ala Ala Ser Leu Leu Gly Val Gly Leu
1 5 10 15

Tyr Ala Gln Ser Ala Lys Ile Lys Leu Asp Ala Pro Thr Thr Arg Thr
20 25 30

Thr Cys Thr Asn Asn Ser Phe Lys Gln Phe Asp Ala Ser Phe Ser Phe
35 40 45

Asn Glu Val Glu Leu Thr Lys Val Glu Thr Lys Gly Gly Thr Phe Ala
50 55 60

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

Glu Val Pro Ala Val Arg Lys Leu Ile Ala Val Pro Val Gly Ala Thr
85 90 95

Pro Val Val Arg Val Lys Ser Phe Thr Glu Gln Val Tyr Ser Leu Asn
100 105 110

5

10

ES 2 693 243 T3

Gln	Tyr	Gly	Ser	Glu	Lys	Leu	Met	Pro	His	Gln	Pro	Ser	Met	Ser	Lys	115	120	125
Ser	Asp	Asp	Pro	Glu	Lys	Val	Pro	Phe	Val	Tyr	Asn	Ala	Ala	Ala	Tyr	130	135	140
Ala	Arg	Lys	Gly	Phe	Val	Gly	Gln	Glu	Leu	Thr	Gln	Val	Glu	Met	Leu	145	150	155
Gly	Thr	Met	Arg	Gly	Val	Arg	Ile	Ala	Ala	Leu	Thr	Ile	Asn	Pro	Val	165	170	175
Gln	Tyr	Asp	Val	Val	Ala	Asn	Gln	Leu	Lys	Val	Arg	Asn	Asn	Ile	Glu	180	185	190
Ile	Glu	Val	Ser	Phe	Gln	Gly	Ala	Asp	Glu	Val	Ala	Thr	Gln	Arg	Leu	195	200	205
Tyr	Asp	Ala	Ser	Phe	Ser	Pro	Tyr	Phe	Glu	Thr	Ala	Tyr	Lys	Gln	Leu	210	215	220
Phe	Asn	Arg	Asp	Val	Tyr	Thr	Asp	His	Gly	Asp	Leu	Tyr	Asn	Thr	Pro	225	230	235
Val	Arg	Met	Leu	Val	Val	Ala	Gly	Ala	Lys	Phe	Lys	Glu	Ala	Leu	Lys	245	250	255
Pro	Trp	Leu	Thr	Trp	Lys	Ala	Gln	Lys	Gly	Phe	Tyr	Leu	Asp	Val	His	260	265	270
Tyr	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Val	Gly	Thr	Thr	Asn	Ala	Ser	Ile	Lys	Ala	275	280	285
Phe	Ile	His	Lys	Lys	Tyr	Asn	Asp	Gly	Leu	Ala	Ala	Ser	Ala	Ala	Pro	290	295	300
Val	Phe	Leu	Ala	Leu	Val	Gly	Asp	Thr	Asp	Val	Ile	Ser	Gly	Glu	Lys	305	310	315
Gly	Lys	Lys	Thr	Lys	Lys	Val	Thr	Asp	Leu	Tyr	Tyr	Ser	Ala	Val	Asp	325	330	335
Gly	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Met	Tyr	Thr	Phe	Arg	Met	Ser	Ala	Ser	Ser	340	345	350
Pro	Glu	Glu	Leu	Thr	Asn	Ile	Ile	Asp	Lys	Val	Leu	Met	Tyr	Glu	Lys	355	360	365

ES 2 693 243 T3

Ala Thr Met Pro Asp Lys Ser Tyr Leu Glu Lys Val Leu Leu Ile Ala
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Ser Trp Asn Ser Gln Val Gly Gln Pro Thr Ile Lys
 385 390 395 400
 Tyr Gly Met Gln Tyr Tyr Tyr Asn Gln Glu His Gly Tyr Thr Asp Val
 405 410 415
 Tyr Asn Tyr Leu Lys Ala Pro Tyr Thr Gly Cys Tyr Ser His Leu Asn
 420 425 430
 Thr Gly Val Ser Phe Ala Asn Tyr Thr Ala His Gly Ser Glu Thr Ala
 435 440 445
 Trp Ala Asp Pro Leu Leu Thr Thr Ser Gln Leu Lys Ala Leu Thr Asn
 450 455 460
 Lys Asp Lys Tyr Phe Leu Ala Ile Gly Asn Cys Cys Ile Thr Ala Gln
 465 470 475 480
 Phe Asp Tyr Val Gln Pro Ala Phe Gly Glu Val Ile Thr Arg Val Lys
 485 490 495
 Glu Lys Gly Ala Tyr Ala Tyr Ile Gly Ser Ser Pro Asn Ser Tyr Trp
 500 505 510
 Gly Glu Asp Tyr Tyr Trp Ser Val Gly Ala Asn Ala Val Phe Gly Val
 515 520 525
 Gln Pro Thr Phe Glu Gly Thr Ser Met Gly Ser Tyr Asp Ala Thr Phe
 530 535 540
 Leu Glu Asp Ser Tyr Asn Thr Val Asn Ser Ile Met Trp Ala Gly Asn
 545 550 555 560
 Leu Ala Ala Thr His Ala Gly Asn Ile Gly Asn Ile Thr His Ile Gly
 565 570 575
 Ala His Tyr Tyr Trp Glu Ala Tyr His Val Leu Gly Asp Gly Ser Val
 580 585 590
 Met Pro Tyr Arg Ala Met Pro Lys Thr Asn Thr Tyr Thr Leu Pro Ala
 595 600 605
 Ser Leu Pro Gln Asn Gln Ala Ser Tyr Ser Ile Gln Ala Ser Ala Gly
 610 615 620

ES 2 693 243 T3

Ser Tyr Val Ala Ile Ser Lys Asp Gly Val Leu Tyr Gly Thr Gly Val
 625 630 635 640
 Ala Asn Ala Ser Gly Val Ala Thr Val Ser Met Thr Lys Gln Ile Thr
 645 650 655
 Glu Asn Gly Asn Tyr Asp Val Val Ile Thr Arg Ser Asn Tyr Leu Pro
 660 665 670
 Val Ile Lys Gln Ile Gln Val Gly Glu Pro Ser Pro Tyr Gln Pro Val
 675 680 685
 Ser Asn Leu Thr Ala Thr Thr Gln Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp
 690 695 700
 Glu Ala Pro Ser Ala Lys Lys Ala Glu Gly Ser Arg Glu Val Lys Arg
 705 710 715 720
 Ile Gly Asp Gly Leu Phe Val Thr Ile Glu Pro Ala Asn Asp Val Arg
 725 730 735
 Ala Asn Glu Ala Lys Val Val Leu Ala Ala Asp Asn Val Trp Gly Asp
 740 745 750
 Asn Thr Gly Tyr Gln Phe Leu Leu Asp Ala Asp His Asn Thr Phe Gly
 755 760 765
 Ser Val Ile Pro Ala Thr Gly Pro Leu Phe Thr Gly Thr Ala Ser Ser
 770 775 780
 Asn Leu Tyr Ser Ala Asn Phe Glu Tyr Leu Ile Pro Ala Asn Ala Asp
 785 790 795 800
 Pro Val Val Thr Thr Gln Asn Ile Ile Val Thr Gly Gln Gly Glu Val
 805 810 815
 Val Ile Pro Gly Gly Val Tyr Asp Tyr Cys Ile Thr Asn Pro Glu Pro
 820 825 830
 Ala Ser Gly Lys Met Trp Ile Ala Gly Asp Gly Gly Asn Gln Pro Ala
 835 840 845
 Arg Tyr Asp Asp Phe Thr Phe Glu Ala Gly Lys Lys Tyr Thr Phe Thr
 850 855 860
 Met Arg Arg Ala Gly Met Gly Asp Gly Thr Asp Met Glu Val Glu Asp

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Thr	Trp	Arg	Gln	Lys	Thr	Val	Asp	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Lys	Tyr
1115						1120					1125			
Val	Ala	Phe	Arg	His	Phe	Gln	Ser	Thr	Asp	Met	Phe	Tyr	Ile	Asp
1130						1135					1140			
Leu	Asp	Glu	Val	Glu	Ile	Lys	Ala	Asn	Gly	Lys	Arg	Ala	Asp	Phe
1145						1150					1155			
Thr	Glu	Thr	Phe	Glu	Ser	Ser	Thr	His	Gly	Glu	Ala	Pro	Ala	Glu
1160						1165					1170			
Trp	Thr	Thr	Ile	Asp	Ala	Asp	Gly	Asp	Gly	Gln	Gly	Trp	Leu	Cys
1175						1180					1185			
Leu	Ser	Ser	Gly	Gln	Leu	Asp	Trp	Leu	Thr	Ala	His	Gly	Gly	Ser
1190						1195					1200			
Asn	Val	Val	Ser	Ser	Phe	Ser	Trp	Asn	Gly	Met	Ala	Leu	Asn	Pro
1205						1210					1215			
Asp	Asn	Tyr	Leu	Ile	Ser	Lys	Asp	Val	Thr	Gly	Ala	Thr	Lys	Val
1220						1225					1230			
Lys	Tyr	Tyr	Tyr	Ala	Val	Asn	Asp	Gly	Phe	Pro	Gly	Asp	His	Tyr
1235						1240					1245			
Ala	Val	Met	Ile	Ser	Lys	Thr	Gly	Thr	Asn	Ala	Gly	Asp	Phe	Thr
1250						1255					1260			
Val	Val	Phe	Glu	Glu	Thr	Pro	Asn	Gly	Ile	Asn	Lys	Gly	Gly	Ala
1265						1270					1275			
Arg	Phe	Gly	Leu	Ser	Thr	Glu	Ala	Asn	Gly	Ala	Lys	Pro	Gln	Ser
1280						1285					1290			
Val	Trp	Ile	Glu	Arg	Thr	Val	Asp	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Lys	Tyr
1295						1300					1305			
Val	Ala	Phe	Arg	His	Tyr	Asn	Cys	Ser	Asp	Leu	Asn	Tyr	Ile	Leu
1310						1315					1320			
Leu	Asp	Asp	Ile	Gln	Phe	Thr	Met	Gly	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Thr
1325						1330					1335			
Asp	Tyr	Thr	Tyr	Thr	Val	Tyr	Arg	Asp	Gly	Thr	Lys	Ile	Lys	Glu
1340						1345					1350			

ES 2 693 243 T3

Gly	Leu	Thr	Glu	Thr	Thr	Phe	Glu	Glu	Asp	Gly	Val	Ala	Thr	Gly
1355						1360					1365			
Asn	His	Glu	Tyr	Cys	Val	Glu	Val	Lys	Tyr	Thr	Ala	Gly	Val	Ser
1370						1375					1380			
Pro	Lys	Lys	Cys	Val	Asn	Val	Thr	Val	Asn	Ser	Thr	Gln	Phe	Asn
1385						1390					1395			
Pro	Val	Gln	Asn	Leu	Thr	Ala	Glu	Gln	Ala	Pro	Asn	Ser	Met	Asp
1400						1405					1410			
Ala	Ile	Leu	Lys	Trp	Asn	Ala	Pro	Ala	Ser	Lys	Arg	Ala	Glu	Val
1415						1420					1425			
Leu	Asn	Glu	Asp	Phe	Glu	Asn	Gly	Ile	Pro	Ala	Ser	Trp	Lys	Thr
1430						1435					1440			
Ile	Asp	Ala	Asp	Gly	Asp	Gly	Asn	Asn	Trp	Thr	Thr	Thr	Pro	Pro
1445						1450					1455			
Pro	Gly	Gly	Ser	Ser	Phe	Ala	Gly	His	Asn	Ser	Ala	Ile	Cys	Val
1460						1465					1470			
Ser	Ser	Ala	Ser	Tyr	Ile	Asn	Phe	Glu	Gly	Pro	Gln	Asn	Pro	Asp
1475						1480					1485			
Asn	Tyr	Leu	Val	Thr	Pro	Glu	Leu	Ser	Leu	Pro	Gly	Gly	Gly	Thr
1490						1495					1500			
Leu	Thr	Phe	Trp	Val	Cys	Ala	Gln	Asp	Ala	Asn	Tyr	Ala	Ser	Glu
1505						1510					1515			
His	Tyr	Ala	Val	Tyr	Ala	Ser	Ser	Thr	Gly	Asn	Asp	Ala	Ser	Asn
1520						1525					1530			
Phe	Ala	Asn	Ala	Leu	Leu	Glu	Glu	Val	Leu	Thr	Ala	Lys	Thr	Val
1535						1540					1545			
Val	Thr	Ala	Pro	Glu	Ala	Ile	Arg	Gly	Thr	Arg	Ala	Gln	Gly	Thr
1550						1555					1560			
Trp	Tyr	Gln	Lys	Thr	Val	Gln	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Lys	Tyr	Val
1565						1570					1575			
Ala	Phe	Arg	His	Phe	Gly	Cys	Thr	Asp	Phe	Phe	Trp	Ile	Asn	Leu
1580						1585					1590			

ES 2 693 243 T3

Asp Asp Val Val Ile Thr Ser Gly Asn Ala Pro Ser Tyr Thr Tyr
 1595 1600 1605
 Thr Ile Tyr Arg Asn Asn Thr Gln Ile Ala Ser Gly Val Thr Glu
 1610 1615 1620
 Thr Thr Tyr Arg Asp Pro Asp Leu Ala Thr Gly Phe Tyr Thr Tyr
 1625 1630 1635
 Gly Val Lys Val Val Tyr Pro Asn Gly Glu Ser Ala Ile Glu Thr
 1640 1645 1650
 Ala Thr Leu Asn Ile Thr Ser Leu Ala Asp Val Thr Ala Gln Lys
 1655 1660 1665
 Pro Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Lys Thr Ile Thr Val Thr Cys
 1670 1675 1680
 Gln Gly Glu Ala Met Ile Tyr Asp Met Asn Gly Arg Arg Leu Ala
 1685 1690 1695
 Ala Gly Arg Asn Thr Val Val Tyr Thr Ala Gln Gly Gly His Tyr
 1700 1705 1710
 Ala Val Met Val Val Val Asp Gly Lys Ser Tyr Val Glu Lys Leu
 1715 1720 1725
 Ala Ile Lys
 1730

<210> 66
 <211> 5196
 <212> ADN
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 66
 aggaaattat tattgctgat cgcggcgtcc cttttgggag ttggtcttta cgcccaaagc 60
 gccaaagatta agcttgatgc tccgactact cgaacgacat gtacgaacaa tagcttcaag 120
 cagttcgatg caagcttttc gttcaatgaa gtcgagctga caaaggtgga gaccaaaggt 180
 ggtacttttcg cctcagtgtc aattccgggt gcattcccga ccggtgaggt tggttctccc 240
 gaagtgccag cagttaggaa gttgattgct gtgcctgtcg gagccacacc tgttgttcgc 300
 gtgaaaagtt ttaccgagca agtttactct ctgaaccaat acggttccga aaaactcatg 360
 ccacatcaac cctctatgag caagagtgat gatcccgaaa aggttccctt cgtttacaat 420
 gctgctgctt atgcacgcaa aggttttgtc ggacaagaac tgaccaagt agaaatgttg 480

ES 2 693 243 T3

gggacaatgc gtggtgttcg cattgcagct cttaccatta atcctgttca gtatgatgtg 540
 gttgcaaacc aattgaaggt tagaaacaac atcgaaattg aagtaagctt tcaaggagct 600
 gatgaagtag ctacacaacg tttgtatgat gcttctttta gcccttattt cgaaacagct 660
 tataaacagc tcttcaatag agatgtttat acagatcatg gcgacttgta taatacgccg 720
 gttcgtatgc ttgttggtgc aggtgcaaaa ttcaaagaag ctctcaagcc ttggctcact 780
 tggaaggctc aaaagggctt ctatctggat gtgcattaca cagacgaagc tgaagtagga 840
 acgacaaacg cctctatcaa ggcatttatt cacaagaaat acaatgatgg attggcagct 900
 agtgctgctc cggctcttctt ggctttgggtt ggtgacactg acgttattag cggagaaaaa 960
 ggaaagaaaa caaaaaaagt taccgacttg tattacagtg cagtcgatgg cgactatttc 1020
 cctgaaatgt atactttccg tatgtctgct tcttcccag aagaactgac gaacatcatt 1080
 gataaggatg tgatgtatga aaaggctact atgccagata agagttattt ggagaaagtt 1140
 ctcttgattg caggtgcaga ttatagctgg aattcccagg taggtcagcc aaccattaaa 1200
 tacggtatgc agtactacta caaccaagag catggttata ccgacgtgta caactatctc 1260
 aaagccctt atacaggttg ctacagtcac ttgaataccg gagtacagctt tgcaaaactat 1320
 acagcgcagc gatctgagac cgcatgggct gatccacttc tgactacttc tcaactgaaa 1380
 gcactcacta ataaggacaa atacttctta gctattggca actgctgtat tacagctcaa 1440
 ttcgattatg tacagcctgc cttcggagag gtaataactc gcgttaagga gaaaggggct 1500
 tatgcctata tcggttcacg tccaaattct tattggggcg aggactacta ttggagtgtg 1560
 ggtgctaagc ccgtatttgg tgttcagcct acttttgaag gtacgtctat gggttcttat 1620
 gatgctacat tcttgaggga ttcgtacaac acagtgaatt ctattatgtg ggcaggtaat 1680
 cttgccgcta ctcatgctgg aaatatcggc aatattaccc atattgggtg tcattactat 1740
 tgggaagctt atcatgtcct tggcgatggg tcgggttatgc cttatcgtgc aatgcctaag 1800
 accaatactt atacgcttcc tgcctctttg cctcagaatc aggcttctta tagcattcag 1860
 gcttctgccg gttcttacgt agctatttct aaagatggag ttttgtatgg aacaggtgtt 1920
 gctaatagcca gcggtgttgc gactgtgagt atgactaagc agattacgga aaatggtaat 1980
 tatgatgtag ttatcactcg ctctaattat cttcctgtga tcaagcaaat tcaggtaggt 2040
 gagcctagcc cctaccagcc cgtttccaac ttgacagcta caacgcaggg tcagaaagta 2100
 acgctcaagt gggaagcacc gagcgcaaag aaggcagaag gttcccgta agtaaaacgg 2160
 atcggagacg gtcttttctg tacgatcgaa cctgcaaacg atgtacgtgc caacgaagcc 2220
 aaggttgtgc ttgcggcaga caacgtatgg ggagacaata cgggttacca gttcttgttg 2280
 gatgccgatc acaatacatt cggaagtgtc attccggcaa ccggtcctct ctttaccgga 2340

ES 2 693 243 T3

acagcttctt ccaatcttta cagtgcgaac ttogagtatt tgatcccggc caatgccgat	2400
cctgttggtt ctacacagaa tattatcggt acaggacagg gtgaagttgt aatccccggt	2460
ggtgtttacg actattgcat tacgaacccg gaacctgcat ccggaaagat gtggatcgca	2520
ggagatggag gcaaccagcc tgcacgttat gacgatttca cattcgaagc aggcaagaag	2580
tacaccttca cgatcgctcg cgccggaatg ggagatggaa ctgatatgga agtcgaagac	2640
gattcacctg caagctatac ctacacggtg tatcgtgacg gcacgaagat caaggaaggt	2700
ctgacagcta cgacattcga agaagacggt gtagctgcag gcaatcatga gtattgcgtg	2760
gaagttaagt acacagccgg cgtatctccg aaggatatgta aagacgttac ggtagaagga	2820
tccaatgaat ttgctcctgt acagaacctg accggtagtt cagtaggtca gaaagtaacg	2880
cttaagtggg atgcacctaa tggtaacccg aatccgaatc caaatccgaa tccgaatccg	2940
ggaacaacac tttccgaatc attcgaaaat ggtattccgg catcttgga gacgatcgat	3000
gcagacggtg acgggcatgg ctggaaacct ggaaatgctc ccggaatcgc tggctacaat	3060
agcaatggtt gtgtatattc agagtcattc ggtcttggtg gtataggagt tcttaccct	3120
gacaactatc tgataacacc ggcattggat ttgcctaacg gaggtaagtt gactttctgg	3180
gtatgcgcac aggatgctaa ttatgcatcc gagcactatg cgggtgtatgc atcttcgacc	3240
ggtaacgatg catccaactt cacgaatgct ttgttggaag agacgattac ggcaaaaggt	3300
gttcgctcgc cgaaagctat tcgtggtcgt atacagggtg cttggcgcca gaagacggta	3360
gaccttcccg caggtaacgaa atatgttgct ttccgtcact tccaaagcac ggatatgttc	3420
tacatcgacc ttgatgaggt tgagatcaag gccaatggca agcgcgcaga cttcacggaa	3480
acgttcgagt cttctactca tggagaggca ccagcggaaat ggactactat cgatgccgat	3540
ggcgtaggct agggttggct ctgtctgtct tccggacaat tggactggct gacagctcat	3600
ggcggcagca acgtagtaag ctctttctca tggaatggaa tggctttgaa tcctgataac	3660
tatctcatct caaaggatgt tacagcgcca acgaaggtaa agtactacta tgcagtcaac	3720
gacggttttc ccggggatca ctatgcggtg atgatctcca agacgggcac gaacgccgga	3780
gacttcacgg ttgttttcga agaaacgcct aacggaataa ataagggcgg agcaagattc	3840
ggtctttcca cggaagccaa tggcgccaaa cctcaaagtg tatggatcga gcgtacggta	3900
gatttgctcg caggcacgaa gtatgttgct ttccgtcact acaattgctc ggatttgaac	3960
tacattcttt tggatgatat tcagttcacc atgggtggca gccccacccc gaccgattat	4020
acctacacgg tgtatcgtga tggtagaag atcaaggaag gtttgaccga aacgaccttc	4080
gaagaagacg gcgtagctac gggcaatcat gagtattgcy tggaaagtga gtacacagcc	4140
ggcgtatctc cgaagaaatg tgtaaacgta actgttaatt cgacacagtt caatcctgta	4200
cagaacctga cggcagaaca agctcctaac agcatggatg caatccttaa atggaatgca	4260

ccggcatcta agcgtgcgga agttctgaac gaagacttcg aaaatggtat tcctgcctca 4320
 tggaagacga tcgatgcaga cgggtgacggc aacaattgga cgacgacccc tcctcccgga 4380
 ggctcctctt ttgcaggta caacagtgcg atctgtgtct cttcagcttc ttatatcaac 4440
 tttgaaggtc ctcagaaccc tgataactat ctggttacac cggagctttc tcttcctggc 4500
 ggaggaacgc ttactttctg ggtatgtgca caagatgcc aattatgcac agagcactat 4560
 gccgtgtacg catcttctac gggtaacgac gcttccaact tcgccaacgc tttgttgaa 4620
 gaagtgtgta cggccaagac agttgttacg gcacctgaag ccattcgtgg tactcgtgct 4680
 cagggcacct ggtatcaaaa gacggtacag ttgcctgagg gtactaagta tgttgccctc 4740
 cgtcacttcg gctgtacgga cttcttctgg atcaaccttg atgatgtgt aatcacttca 4800
 gggaacgctc cgtcttacac ctatacgatc tatcgtaata atacacagat agcatcaggc 4860
 gtaacggaga ctacttaccg agatccggac ttggctaccg gtttttacac gtacgggtga 4920
 aaggttggtt acccgaacgg agaatcagct atcgaaactg ctacgttgaa tatcacttcg 4980
 ttggcagacg taacggctca gaagccttac acgctgacag ttgtaggaaa gacgatcacg 5040
 gtaacttgcc aaggcgaagc tatgatctac gacatgaacg gtcgtcgtct ggcagcgggt 5100
 cgcaacacgg ttgtttacac ggctcagggc ggccactatg cagtcatggt tgcgttgac 5160
 ggcaagtctt acgtagagaa actcgctatc aagtaa 5196

<210> 67

<211> 1703

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 67

Leu His Lys Phe Val Ser Ile Ala Leu Cys Ser Ser Leu Leu Gly Gly
 1 5 10 15

Met Ala Phe Ala Gln Gln Thr Glu Leu Gly Arg Asn Pro Asn Val Arg
 20 25 30

Leu Leu Glu Ser Thr Gln Gln Ser Val Thr Lys Val Gln Phe Arg Met
 35 40 45

Asp Asn Leu Lys Phe Thr Glu Val Gln Thr Pro Lys Gly Met Ala Gln
 50 55 60

Val Pro Thr Tyr Thr Glu Gly Val Asn Leu Ser Glu Lys Gly Met Pro
 65 70 75 80

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Val Asn Val Ser Cys Asp Tyr Asn Gly Ala Ile Ala Thr Ile Ser Ala
 595 600 605
 Asn Gly Lys Met Phe Gly Ser Ala Val Val Glu Asn Gly Thr Ala Thr
 610 615 620
 Ile Asn Leu Thr Gly Leu Thr Asn Glu Ser Thr Leu Thr Leu Thr Val
 625 630 635 640
 Val Gly Tyr Asn Lys Glu Thr Val Ile Lys Thr Ile Asn Thr Asn Gly
 645 650 655
 Glu Pro Asn Pro Tyr Gln Pro Val Ser Asn Leu Thr Ala Thr Thr Gln
 660 665 670
 Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp Asp Ala Pro Ser Thr Lys Thr Asn
 675 680 685
 Ala Thr Thr Asn Thr Ala Arg Ser Val Asp Gly Ile Arg Glu Leu Val
 690 695 700
 Leu Leu Ser Val Ser Asp Ala Pro Glu Leu Leu Arg Ser Gly Gln Ala
 705 710 715 720
 Glu Ile Val Leu Glu Ala His Asp Val Trp Asn Asp Gly Ser Gly Tyr
 725 730 735
 Gln Ile Leu Leu Asp Ala Asp His Asp Gln Tyr Gly Gln Val Ile Pro
 740 745 750
 Ser Asp Thr His Thr Leu Trp Pro Asn Cys Ser Val Pro Ala Asn Leu
 755 760 765
 Phe Ala Pro Phe Glu Tyr Thr Val Pro Glu Asn Ala Asp Pro Ser Cys
 770 775 780
 Ser Pro Thr Asn Met Ile Met Asp Gly Thr Ala Ser Val Asn Ile Pro
 785 790 795 800
 Ala Gly Thr Tyr Asp Phe Ala Ile Ala Ala Pro Gln Ala Asn Ala Lys
 805 810 815
 Ile Trp Ile Ala Gly Gln Gly Pro Thr Lys Glu Asp Asp Tyr Val Phe
 820 825 830
 Glu Ala Gly Lys Lys Tyr His Phe Leu Met Lys Lys Met Gly Ser Gly
 835 840 845

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Thr Val 1100	Asp Leu Pro Ala Gly 1105	Thr Lys Tyr Val Ala Phe Arg His 1110
Phe Gln 1115	Ser Thr Asp Met Phe 1120	Tyr Ile Asp Leu Asp Glu Val Glu 1125
Ile Lys 1130	Ala Asn Gly Lys Arg 1135	Ala Asp Phe Thr Glu Thr Phe Glu 1140
Ser Ser 1145	Thr His Gly Glu Ala 1150	Pro Ala Glu Trp Thr Thr Ile Asp 1155
Ala Asp 1160	Gly Asp Gly Gln Gly 1165	Trp Leu Cys Leu Ser Ser Gly Gln 1170
Leu Asp 1175	Trp Leu Thr Ala His 1180	Gly Gly Thr Asn Val Val Ser Ser 1185
Phe Ser 1190	Trp Asn Gly Met Ala 1195	Leu Asn Pro Asp Asn Tyr Leu Ile 1200
Ser Lys 1205	Asp Val Thr Gly Ala 1210	Thr Lys Val Lys Tyr Tyr Tyr Ala 1215
Val Asn 1220	Asp Gly Phe Pro Gly 1225	Asp His Tyr Ala Val Met Ile Ser 1230
Lys Thr 1235	Gly Thr Asn Ala Gly 1240	Asp Phe Thr Val Val Phe Glu Glu 1245
Thr Pro 1250	Asn Gly Ile Asn Lys 1255	Gly Gly Ala Arg Phe Gly Leu Ser 1260
Thr Glu 1265	Ala Asp Gly Ala Lys 1270	Pro Gln Ser Val Trp Ile Glu Arg 1275
Thr Val 1280	Asp Leu Pro Ala Gly 1285	Thr Lys Tyr Val Ala Phe Arg His 1290
Tyr Asn 1295	Cys Ser Asp Leu Asn 1300	Tyr Ile Leu Leu Asp Asp Ile Gln 1305
Phe Thr 1310	Met Gly Gly Ser Pro 1315	Thr Pro Thr Asp Tyr Thr Tyr Thr 1320
Val Tyr	Arg Asp Gly Thr Lys	Ile Lys Glu Gly Leu Thr Glu Thr

ES 2 693 243 T3

1325		1330		1335
Thr Phe 1340	Glu Glu Asp Gly	Val 1345	Ala Thr Gly Asn His	Glu Tyr Cys 1350
Val 1355	Glu Val Lys Tyr Thr	Ala 1360	Gly Val Ser Pro Lys	Lys Cys Val 1365
Asn Val 1370	Thr Val Asn Ser	Thr 1375	Gln Phe Asn Pro Val	Lys Asn Leu 1380
Lys Ala 1385	Gln Pro Asp Gly	Gly 1390	Asp Val Val Leu Lys	Trp Glu Ala 1395
Pro Ser 1400	Ala Lys Lys Thr	Glu 1405	Gly Ser Arg Glu Val	Lys Arg Ile 1410
Gly Asp 1415	Gly Leu Phe Val	Thr 1420	Ile Glu Pro Ala Asn	Asp Val Arg 1425
Ala Asn 1430	Glu Ala Lys Val	Val 1435	Leu Ala Ala Asp Asn	Val Trp Gly 1440
Asp Asn 1445	Thr Gly Tyr Gln	Phe 1450	Leu Leu Asp Ala Asp	His Asn Thr 1455
Phe Gly 1460	Ser Val Ile Pro	Ala 1465	Thr Gly Pro Leu Phe	Thr Gly Thr 1470
Ala Ser 1475	Ser Asp Leu Tyr	Ser 1480	Ala Asn Phe Glu Tyr	Leu Ile Pro 1485
Ala Asn 1490	Ala Asp Pro Val	Val 1495	Thr Thr Gln Asn Ile	Ile Val Thr 1500
Gly Gln 1505	Gly Glu Val Val	Ile 1510	Pro Gly Gly Val Tyr	Asp Tyr Cys 1515
Ile Thr 1520	Asn Pro Glu Pro	Ala 1525	Ser Gly Lys Met Trp	Ile Ala Gly 1530
Asp Gly 1535	Gly Asn Gln Pro	Ala 1540	Arg Tyr Asp Asp Phe	Thr Phe Glu 1545
Ala Gly 1550	Lys Lys Tyr Thr	Phe 1555	Thr Met Arg Arg Ala	Gly Met Gly 1560

ES 2 693 243 T3

Asp Gly Thr Asp Met Glu Val Glu Asp Asp Ser Pro Ala Ser Tyr
 1565 1570 1575
 Thr Tyr Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys Ile Lys Glu Gly Leu
 1580 1585 1590
 Thr Glu Thr Thr Tyr Arg Asp Ala Gly Met Ser Ala Gln Ser His
 1595 1600 1605
 Glu Tyr Cys Val Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val Ser Pro Lys
 1610 1615 1620
 Val Cys Val Asp Tyr Ile Pro Asp Gly Val Ala Asp Val Thr Ala
 1625 1630 1635
 Gln Lys Pro Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Lys Thr Ile Thr Val
 1640 1645 1650
 Thr Cys Gln Gly Glu Ala Met Ile Tyr Asp Met Asn Gly Arg Arg
 1655 1660 1665
 Leu Ala Ala Gly Arg Asn Thr Val Val Tyr Thr Ala Gln Gly Gly
 1670 1675 1680
 Tyr Tyr Ala Val Met Val Val Val Asp Gly Lys Ser Tyr Val Glu
 1685 1690 1695
 Lys Leu Ala Val Lys
 1700

<210> 68
 <211> 5112
 <212> ADN
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 68
 ttgcacaagt ttgtttcgat tgctctttgc tcttccttat taggaggaat ggcatttgcg 60
 cagcagacag agttgggacg caatccgaat gtgagattgc tcgaatccac tcagcaatcg 120
 gtgacaaagg ttcagttccg tatggacaac ctcaagttca ccgaagttca aaccctaag 180
 ggaatggcac aagtgccgac ctatacagaa ggggttaatc tttctgaaaa agggatgcct 240
 acgcttccca ttctatcacg ctctttggcg gtttcagaca ctctgtgagat gaaggtagag 300
 gttgtttcct caaagttcat cgaaaagaaa aatgtcctga ttgcaccctc caaggcatg 360
 attatgcgta acgaagatcc gaaaaagatc ccttacgttt atggaaagag ctactcgcaa 420
 aacaaattct tcccgggaga gatcgccacg cttgatgatc cttttatcct tcgtgatgtg 480
 cgtggacagg ttgtaaactt tgcgcctttg cagtataacc ctgtgacaaa gacgttgcg 540

ES 2 693 243 T3

atctatacgg aaatcactgt ggcagtgagc gaaacttcgg agcaaggcaa aaatattctg	600
aacaagaaaag gtacatttgc cggctttgaa gacacataca agcgcagtgt catgaactac	660
gagccagggc gttacacacc ggtagaggaa aaacaaaatg gtcgtatgat cgtcatcgta	720
gccaaaaagt atgagggaga tattaagat ttcgttgatt ggaaaaacca acgcggtctc	780
cgtaccgagg tgaaagtggc agaagatatt gcttctcccg ttacagctaa tgctattcag	840
caattcgtta agcaagaata cgagaaagaa ggtaatgatt tgacctatgt tcttttgatt	900
ggcgatcaca aagatattcc tgccaaaatt actccgggga tcaaattccga ccaggtatat	960
ggacaaatag taggtaatga ccactacaac gaagtcttca tcggtcgttt ctcatgtgag	1020
agcaaagagg atctgaagac acaaatcgat cggactattc actatgagcg caatataacc	1080
acggaagaca aatggctcgg tcaggctctt tgtattgctt cggctgaagg aggcccatcc	1140
gcagacaatg gtgaaagtga tatccagcat gagaatgtaa tcgccaatct gcttaccag	1200
tatggttata ccaagattat caaatgttat gatccgggag taactcctaa aaacattatt	1260
gatgctttca acggaggaat ctctgtggcc aactatacgg gccacggtag cgaaacagct	1320
tggggtagct ctcaacttcgg caccactcat gtgaagcagc ttaccaacag caaccagcta	1380
ccgtttatct tcgacgtagc tgctgtgaat ggcgatttcc tattcagcat gccttgtttc	1440
gcagaagcat tgatgcgtgc acaaaaagat ggtaagccga cagggtactgt tgctatcata	1500
gcgtctacga tcaaccagtc ttgggcttct cctatgcgcg ggcaggatga gatgaacgaa	1560
attctgtgcg aaaaacaccc gaacaacatc aagcgtactt tcggtggtgt caccatgaac	1620
ggtatgtttg ctatgggtga aaagtataaa aaggatggtg agaagatgct cgacacatgg	1680
actgtattcg gcgaccctc gctgctcgtt cgtacacttg tcccgaccaa aatgcagggt	1740
acggctccgg ctcaagattaa tttgacggat gcttcagtca acgtatcttg cgattataat	1800
ggtgctattg ctaccatttc agccaatgga aagatgttcg gttctgcagt tgtcgaaaat	1860
ggaacagcta caatcaatct gacaggctcg acaaatgaaa gcacgcttac ccttacagta	1920
gttggttaca acaaagagac ggttattaag accatcaaca ctaatggtga gcctaacccc	1980
taccagcctg tttccaactt gactgctaca acgcagggtc agaaagtaac gctcaagtgg	2040
gatgcaccga gcacgaaaac caatgcaacc actaataccg ctgcgacgct ggatggcata	2100
cgagaactgg ttcttctgtc agtcagcgat gccccgaac ttcttcgcag cggtcaggcc	2160
gagattgttc ttgaagctca cgatgtttgg aatgatggat ccggttatca gattcttttg	2220
gatgcagacc atgatcaata tggacagggt ataccagtg ataccatac tctttggccg	2280
aactgtagtg tcccgcccaa tctgttcgct ccgttcgaat atacggttcc ggaaaatgca	2340
gaccttctt gttccctac caatatgata atggatggtg ctgcatccgt taatataccg	2400

ES 2 693 243 T3

gccggaactt	atgactttgc	aattgctgct	cctcaagcaa	atgcaaagat	ttggattgcc	2460
ggacaaggac	cgacgaaaga	agatgattat	gtatttgaag	ccggtaaaaa	ataccatttc	2520
cttatgaaga	agatgggtag	cggtgatgga	actgaattga	ctataagcga	aggtgggtga	2580
agcgattaca	cctatactgt	ctatcgtgac	ggcacgaaga	tcaaggaagg	tctgacggct	2640
acgacattcg	aagaagacgg	tgtagctgca	ggcaatcatg	agtattgcgt	ggaagttaag	2700
tacacagccg	gcgtatctcc	gaaggatatgt	aaagacgtta	cggtagaagg	atccaatgaa	2760
tttgcctcct	tacagaacct	gaccggtagt	gcagtcggcc	agaaagtaac	gcttaagtgg	2820
gatgcaccta	atggtacccc	gaatccaaat	ccaaatccga	atccaaatcc	gaatcccgga	2880
acaactacac	tttccgaatc	attcgaaaat	ggtattcctg	cctcatggaa	gacgatcgat	2940
gcagacgggt	acgggcatgg	ctggaagcct	ggaaatgctc	ccggaatcgc	tggctacaat	3000
agcaatggtt	gtgtatatcc	agagtcattc	ggtcttggtg	gtataggagt	tcttaccctt	3060
gacaactatc	tgataacacc	ggcattggat	ttgcctaacg	gaggtaagtt	gactttctgg	3120
gtatgcgcac	aggatgctaa	ttatgcattc	gagcactatg	cggtgtatgc	atcttcgacc	3180
ggtaacgatg	catccaactt	cacgaatgct	ttgttggaag	agacgattac	ggcaaaaggt	3240
gttcgctcgc	cggaagctat	tcgtggtcgt	atacagggtg	cttggcgcca	gaagacggta	3300
gaccttcccg	caggtagcga	atatgttgct	ttccgtcact	tccaaagcac	ggatatgttc	3360
tacatcgacc	ttgatgaggt	tgagatcaag	gccaatggca	agcgcgcaga	cttcacggaa	3420
acgttcgagt	cttctactca	tggagaggca	ccagcggaat	ggactactat	cgatgccgat	3480
ggcgtatggt	agggttggct	ctgtctgtct	tccggacaat	tggactggct	gacagctcat	3540
ggcggcacca	acgtagtaag	ctctttctca	tggaatggaa	tggctttgaa	tcctgataac	3600
tatctcatct	caaaggatgt	tacagcgcca	acgaaggtaa	agtactacta	tgcagtcaac	3660
gacggttttc	ccgggggatca	ctatgcgggtg	atgatctcca	agacgggcac	gaacgccgga	3720
gacttcacgg	ttgttttcga	agaaacgcct	aacggaataa	ataagggcgg	agcaagattc	3780
ggtctttcca	cggaagccga	tggcgccaaa	cctcaaagtg	tatggatcga	gcgtacggta	3840
gatttgctct	cgggcacgaa	gtatgttgct	ttccgtcact	acaattgctc	ggatttgaac	3900
tacattcttt	tggatgatat	tcagttcacc	atgggtggca	gccccacccc	gaccgattat	3960
acctacacgg	tgtatcgtga	tggtagcaag	atcaaggaag	gtttgaccga	aacgaccttc	4020
gaagaagacg	gcgtagctac	gggcaatcat	gagtattgct	tgggaagtga	gtacacagcc	4080
ggcgtatctc	cgaagaaatg	tgtaaacgta	actgttaatt	cgacacagtt	caatcctgta	4140
aagaacctga	aggcacaacc	ggatggcggc	gacgtggttc	tcaagtggga	agccccgagc	4200
gcaaagaaga	cagaaggttc	tcgtgaagta	aaacggatcg	gagacggtct	tttcggttacg	4260
atcgaacctg	caaacgatgt	acgtgccaac	gaagccaagg	ttgtgctcgc	agcagacaac	4320

ES 2 693 243 T3

```

gatatggggag acaatacggg ttaccagttc ttgttggatg ccgatacaca tacattcggg 4380
agtgtcattc cggcaaccgg tcctctcttt accggaacag cttcttccga tctttacagt 4440
gcgaacttcg agtatttgat cccggccaat gccgatcctg ttgttactac acagaatatt 4500
atcgttacag gacaggggtga agttgtaatc cccggtggtg tttacgacta ttgcattacg 4560
aacccggaac ctgcatccgg aaagatgtgg atcgcaggag atggaggcaa ccagcctgca 4620
cgttatgacg atttcacatt cgaagcaggc aagaagtaca ccttcacgat gcgtcgcgcc 4680
ggaatgggag atggaactga tatggaagtc gaagacgatt cacctgcaag ctatacctat 4740
acagtctatc gtgacggcac gaagatcaag gaaggtctga ccgaaacgac ctaccgcat 4800
gcaggaatga gtgcacaatc tcatgagtat tgcgtggaag ttaagtacac agccggcgta 4860
tctccgaagg tttgtgtgga ttatattcct gacggagtgg cagacgtaac ggctcagaag 4920
ccttacacgc tgacagttgt aggaaagacg atcacggtaa cttgccaagg cgaagctatg 4980
atctacgaca tgaacggtcg tcgtctggca gccggtcgca acacggttgt ttacacggct 5040
cagggcggct actatgcagt tatggttgtc gttgacggca agtcttacgt agagaaactc 5100
gctgtaaagt aa 5112

```

<210> 69

<211> 1703

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 69

```

Leu His Lys Phe Val Ser Ile Ala Leu Cys Ser Ser Leu Leu Gly Gly
1          5          10          15

```

```

Met Ala Phe Ala Gln Gln Thr Glu Leu Gly Arg Asn Pro Asn Val Arg
20          25          30

```

```

Leu Leu Glu Ser Thr Gln Gln Ser Val Thr Lys Val Gln Phe Arg Met
35          40          45

```

```

Asp Asn Leu Lys Phe Thr Glu Val Gln Thr Pro Lys Gly Met Ala Gln
50          55          60

```

```

Val Pro Thr Tyr Thr Glu Gly Val Asn Leu Ser Glu Lys Gly Met Pro
65          70          75          80

```

```

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

```

```

Met Lys Val Glu Val Val Ser Ser Lys Phe Ile Glu Lys Lys Asn Val
100          105          110

```

ES 2 693 243 T3

Leu Ile Ala Pro Ser Lys Gly Met Ile Met Arg Asn Glu Asp Pro Lys
 115 120 125

Lys Ile Pro Tyr Val Tyr Gly Lys Ser Tyr Ser Gln Asn Lys Phe Phe
 130 135 140

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

Arg Gly Gln Val Val Asn Phe Ala Pro Leu Gln Tyr Asn Pro Val Thr
 165 170 175

Lys Thr Leu Arg Ile Tyr Thr Glu Ile Thr Val Ala Val Ser Glu Thr
 180 185 190

Ser Glu Gln Gly Lys Asn Ile Leu Asn Lys Lys Gly Thr Phe Ala Gly
 195 200 205

Phe Glu Asp Thr Tyr Lys Arg Met Phe Met Asn Tyr Glu Pro Gly Arg
 210 215 220

Tyr Thr Pro Val Glu Glu Lys Gln Asn Gly Arg Met Ile Val Ile Val
 225 230 235 240

Ala Lys Lys Tyr Glu Gly Asp Ile Lys Asp Phe Val Asp Trp Lys Asn
 245 250 255

Gln Arg Gly Leu Arg Thr Glu Val Lys Val Ala Glu Asp Ile Ala Ser
 260 265 270

Pro Val Thr Ala Asn Ala Ile Gln Gln Phe Val Lys Gln Glu Tyr Glu
 275 280 285

Lys Glu Gly Asn Asp Leu Thr Tyr Val Leu Leu Ile Gly Asp His Lys
 290 295 300

Asp Ile Pro Ala Lys Ile Thr Pro Gly Ile Lys Ser Asp Gln Val Tyr
 305 310 315 320

Gly Gln Ile Val Gly Asn Asp His Tyr Asn Glu Val Phe Ile Gly Arg
 325 330 335

Phe Ser Cys Glu Ser Lys Glu Asp Leu Lys Thr Gln Ile Asp Arg Thr
 340 345 350

Ile His Tyr Glu Arg Asn Ile Thr Thr Glu Asp Lys Trp Leu Gly Gln

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Asn Gly Lys Met Phe Gly Ser Ala Val Val Glu Asn Gly Thr Ala Thr
 610 615 620
 Ile Asn Leu Thr Gly Leu Thr Asn Glu Ser Thr Leu Thr Leu Thr Val
 625 630 635 640
 Val Gly Tyr Asn Lys Glu Thr Val Ile Lys Thr Ile Asn Thr Asn Gly
 645 650 655
 Glu Pro Asn Pro Tyr Gln Pro Val Ser Asn Leu Thr Ala Thr Thr Gln
 660 665 670
 Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp Asp Ala Pro Ser Thr Lys Thr Asn
 675 680 685
 Ala Thr Thr Asn Thr Ala Arg Ser Val Asp Gly Ile Arg Glu Leu Val
 690 695 700
 Leu Leu Ser Val Ser Asp Ala Pro Glu Leu Leu Arg Ser Gly Gln Ala
 705 710 715 720
 Glu Ile Val Leu Glu Ala His Asp Val Trp Asn Asp Gly Ser Gly Tyr
 725 730 735
 Gln Ile Leu Leu Asp Ala Asp His Asp Gln Tyr Gly Gln Val Ile Pro
 740 745 750
 Ser Asp Thr His Thr Leu Trp Pro Asn Cys Ser Val Pro Ala Asn Leu
 755 760 765
 Phe Ala Pro Phe Glu Tyr Thr Val Pro Glu Asn Ala Asp Pro Ser Cys
 770 775 780
 Ser Pro Thr Asn Met Ile Met Asp Gly Thr Ala Ser Val Asn Ile Pro
 785 790 795 800
 Ala Gly Thr Tyr Asp Phe Ala Ile Ala Ala Pro Gln Ala Asn Ala Lys
 805 810 815
 Ile Trp Ile Ala Gly Gln Gly Pro Thr Lys Glu Asp Asp Tyr Val Phe
 820 825 830
 Glu Ala Gly Lys Lys Tyr His Phe Leu Met Lys Lys Met Gly Ser Gly
 835 840 845
 Asp Gly Thr Glu Leu Thr Ile Ser Glu Gly Gly Gly Ser Asp Tyr Thr
 850 855 860

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Phe	Gln	Ser	Thr	Asp	Met	Phe	Tyr	Ile	Asp	Leu	Asp	Glu	Val	Glu
1115						1120					1125			
Ile	Lys	Ala	Asn	Gly	Lys	Arg	Ala	Asp	Phe	Thr	Glu	Thr	Phe	Glu
1130						1135					1140			
Ser	Ser	Thr	His	Gly	Glu	Ala	Pro	Ala	Glu	Trp	Thr	Thr	Ile	Asp
1145						1150					1155			
Ala	Asp	Gly	Asp	Gly	Gln	Gly	Trp	Leu	Cys	Leu	Ser	Ser	Gly	Gln
1160						1165					1170			
Leu	Asp	Trp	Leu	Thr	Ala	His	Gly	Gly	Thr	Asn	Val	Val	Ser	Ser
1175						1180					1185			
Phe	Ser	Trp	Asn	Gly	Met	Ala	Leu	Asn	Pro	Asp	Asn	Tyr	Leu	Ile
1190						1195					1200			
Ser	Lys	Asp	Val	Thr	Gly	Ala	Thr	Lys	Val	Lys	Tyr	Tyr	Tyr	Ala
1205						1210					1215			
Val	Asn	Asp	Gly	Phe	Pro	Gly	Asp	His	Tyr	Ala	Val	Met	Ile	Ser
1220						1225					1230			
Lys	Thr	Gly	Thr	Asn	Ala	Gly	Asp	Phe	Thr	Val	Val	Phe	Glu	Glu
1235						1240					1245			
Thr	Pro	Asn	Gly	Ile	Asn	Lys	Gly	Gly	Ala	Arg	Phe	Gly	Leu	Ser
1250						1255					1260			
Thr	Glu	Ala	Asp	Gly	Ala	Lys	Pro	Gln	Ser	Val	Trp	Ile	Glu	Arg
1265						1270					1275			
Thr	Val	Asp	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Lys	Tyr	Val	Ala	Phe	Arg	His
1280						1285					1290			
Tyr	Asn	Cys	Ser	Asp	Leu	Asn	Tyr	Ile	Leu	Leu	Asp	Asp	Ile	Gln
1295						1300					1305			
Phe	Thr	Met	Gly	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Thr	Asp	Tyr	Thr	Tyr	Thr
1310						1315					1320			
Val	Tyr	Arg	Asp	Gly	Thr	Lys	Ile	Lys	Glu	Gly	Leu	Thr	Glu	Thr
1325						1330					1335			
Thr	Phe	Glu	Glu	Asp	Gly	Val	Ala	Thr	Gly	Asn	His	Glu	Tyr	Cys

ES 2 693 243 T3

1340	1345	1350
Val Glu 1355	Val Lys Tyr Thr 1360	Ala Gly Val Ser Pro Lys Lys Cys Val 1365
Asn Val 1370	Thr Val Asn Ser Thr 1375	Gln Phe Asn Pro Val Lys Asn Leu 1380
Lys Ala 1385	Gln Pro Asp Gly Gly 1390	Asp Val Val Leu Lys Trp Glu Ala 1395
Pro Ser 1400	Ala Lys Lys Thr Glu 1405	Gly Ser Arg Glu Val Lys Arg Ile 1410
Gly Asp 1415	Gly Leu Phe Val Thr 1420	Ile Glu Pro Ala Asn Asp Val Arg 1425
Ala Asn 1430	Glu Ala Lys Val Val 1435	Leu Ala Ala Asp Asn Val Trp Gly 1440
Asp Asn 1445	Thr Gly Tyr Gln Phe 1450	Leu Leu Asp Ala Asp His Asn Thr 1455
Phe Gly 1460	Ser Val Ile Pro Ala 1465	Thr Gly Pro Leu Phe Thr Gly Thr 1470
Ala Ser 1475	Ser Asp Leu Tyr Ser 1480	Ala Asn Phe Glu Tyr Leu Ile Pro 1485
Ala Asn 1490	Ala Asp Pro Val Val 1495	Thr Thr Gln Asn Ile Ile Val Thr 1500
Gly Gln 1505	Gly Glu Val Val Ile 1510	Pro Gly Gly Val Tyr Asp Tyr Cys 1515
Ile Thr 1520	Asn Pro Glu Pro Ala 1525	Ser Gly Lys Met Trp Ile Ala Gly 1530
Asp Gly 1535	Gly Asn Gln Pro Ala 1540	Arg Tyr Asp Asp Phe Thr Phe Glu 1545
Ala Gly 1550	Lys Lys Tyr Thr Phe 1555	Thr Met Arg Arg Ala Gly Met Gly 1560
Asp Gly 1565	Thr Asp Met Glu Val 1570	Glu Asp Asp Ser Pro Ala Ser Tyr 1575

ES 2 693 243 T3

Thr Tyr Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys Ile Lys Glu Gly Leu
1580 1585 1590

Thr Glu Thr Thr Tyr Arg Asp Ala Gly Met Ser Ala Gln Ser His
1595 1600 1605

Glu Tyr Cys Val Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val Ser Pro Lys
1610 1615 1620

Val Cys Val Asp Tyr Ile Pro Asp Gly Val Ala Asp Val Thr Ala
1625 1630 1635

Gln Lys Pro Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Lys Thr Ile Thr Val
1640 1645 1650

Thr Cys Gln Gly Glu Ala Met Ile Tyr Asp Met Asn Gly Arg Arg
1655 1660 1665

Leu Ala Ala Gly Arg Asn Thr Val Val Tyr Thr Ala Gln Gly Gly
1670 1675 1680

Tyr Tyr Ala Val Met Val Val Val Asp Gly Lys Ser Tyr Val Glu
1685 1690 1695

Lys Leu Ala Val Lys
1700

<210> 70

<211> 5112

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 70

ttgcacaagt ttgtttcgat tgctctttgc tcttccttat taggaggaat ggcatttgcg	60
cagcagacag agttgggacg caatccgaat gtgagattgc tcgaatccac tcagcaatcg	120
gtgacaaagg ttcagttccg tatggacaac ctcaagttca ccgaagttca aaccctaag	180
ggaatggcac aagtgccgac ctatacagaa ggggttaatc tttctgaaaa agggatgcct	240
acgcttccca ttctatcacg ctctttggcg gtttcagaca ctcgtagat gaaggtagag	300
gttggttctc caaagttcat cgaaaagaaa aatgtcctga ttgcaccctc caaggcatg	360
attatgcgta acgaagatcc gaaaaagatc cttacgttt atggaaagag ctactcgcaa	420
aacaaattct tcccgggaga gatcgccacg cttgatgatc cttttatcct tcgtgatgtg	480
cgtggacagg ttgtaaaactt tgcgcctttg cagtataacc ctgtgacaaa gacgttgcg	540
atctatacgg aaatcactgt ggagtgagc gaaacttcgg agcaaggcaa aaatattctg	600
aacaagaaag gtacatttgc cggccttgaa gacacatata agcgcatgtt catgaactac	660

ES 2 693 243 T3

gagccagggc gttacacacc ggtagaggaa aaacaaaatg gtcgtatgat cgtcatcgta	720
gccaaaaagt atgagggaga tattaaagat ttcgttgatt ggaaaaacca acgcggtctc	780
cgtaccgagg tgaaagtggc agaagatatt gcttctcccg ttacagctaa tgctattcag	840
caattcgtta agcaagaata cgagaaagaa ggtaatgatt tgacctatgt tcttttgatt	900
ggcgatcaca aagatattcc tgccaaaatt actccgggga tcaaatccga ccaggtatat	960
ggacaaatag taggtaatga ccactacaac gaagtcttca tcggtcgttt ctcatgtgag	1020
agcaaagagg atctgaagac acaaatcgat cggactattc actatgagcg caatataacc	1080
acggaagaca aatggctcgg tcaggtctct tgtattgctt cggctgaagg aggcccatcc	1140
gcagacaatg gtgaaagtga tatccagcat gagaatgtaa tcgccaatct gcttaccag	1200
tatggttata ccaagattat caaatgttat gatccgggag taactcctaa aaacattatt	1260
gatgctttca acggaggaat ctcgttggcc aactatacgg gccacggtag cgaaacagct	1320
tggggtacgt ctcaactcgg caccactcat gtgaagcagc ttaccaacag caaccagcta	1380
ccgtttatct tcgacgtagc ttgtgtgaat ggcgatttcc tattcagcat gcctgctttc	1440
gcagaagcat tgatgcgtgc acaaaaagat ggtaagccga caggtactgt tgctatcata	1500
gcgtctacga tcaaccagtc ttgggcttct cctatgcgcg ggcaggatga gatgaacgaa	1560
attctgtgcg aaaaacaccc gaacaacatc aagcgtactt tcggtggtgt caccatgaac	1620
ggtatgtttg ctatggtgga aaagtataaa aaggatggtg agaagatgct cgacacatgg	1680
actgtattcg gcgaccctc gctgctcgtt cgtacacttg tcccgaacaa aatgcaggtt	1740
acggctccgg ctacagattaa tttgacggat gcttcagtca acgtatcttg cgattataat	1800
ggtgctattg ctaccatttc agccaatgga aagatgttcg gttctgcagt tgctgaaaat	1860
ggaacagcta caatcaatct gacaggtctg acaaatgaaa gcacgcttac ccttacagta	1920
gttggttaca acaaagagac ggttattaag accatcaaca ctaatggtga gcctaacccc	1980
taccagcctg tttccaactt gactgctaca acgcagggtc agaaagtaac gctcaagtgg	2040
gatgcaccga gcacgaaaac caatgcaacc actaataccg ctgcgagcgt ggatggcata	2100
cgagaactgg ttcttctgtc agtcagcgat gccccgaac ttcttcgcag cggtcaggcc	2160
gagattgttc ttgaagctca cgatgtttgg aatgatggat ccggttatca gattcttttg	2220
gatgcagacc atgatcaata tggacagggt ataccagtg ataccatac tctttggccg	2280
aactgtagtg tcccgccaa tctgttcgct ccgttcgaat atacggttcc ggaaaatgca	2340
gaccttctt gttccctac caatatgata atggatggta ctgcatccgt taatataccg	2400
gccggaactt atgactttgc aattgctgct cctcaagcaa atgcaaagat ttggattgcc	2460
ggacaaggac cgacgaaaga agatgattat gtatttgaag ccggtaaaaa ataccatttc	2520

ES 2 693 243 T3

cttatgaaga agatgggtag cggatgatgga actgaattga ctataagcga aggtgggtgga 2580
 agcgattaca cctatactgt ctatcgtgac ggcacgaaga tcaaggaagg tctgacggct 2640
 acgacattcg aagaagacgg tgtagctgca ggcaatcatg agtattgcgt ggaagttaag 2700
 tacacagccg gcgtatctcc gaaggtatgt aaagacgtta cggtagaagg atccaatgaa 2760
 tttgctcctg tacagaacct gaccggtagt gcagtcggcc agaaagtaac gcttaagtgg 2820
 gatgcaccta atggtacccc gaatccaaat ccaaaccga atccaaatcc gaatcccga 2880
 acaactacac tttccgaatc attcgaatc ggtattcctg cctcatggaa gacgatcgat 2940
 gcagacgggtg acgggcatgg ctggaagcct ggaaatgctc ccggaatcgc tggctacaat 3000
 agcaatggtt gtgtatattc agagtcatc ggtcttggtg gtataggagt tcttaccct 3060
 gacaactatc tgataacacc ggcattggat ttgcctaacg gaggtaagtt gactttcttg 3120
 gtatgcgcac aggatgctaa ttatgcatcc gagcactatg cgggtgtatgc atcttcgacc 3180
 ggtaacgatg catccaactt cacgaatgct ttgttggaag agacgattac ggcaaaaggt 3240
 gttcgcctcg cgggaagctat tcgtggtcgt atacagggtta cttggcgcca gaagacggta 3300
 gaccttcccg caggtagcga atatgttgct ttccgtcact tccaaagcac ggatatgttc 3360
 tacatcgacc ttgatgaggt tgagatcaag gccaatggca agcgcgcaga cttcacggaa 3420
 acgttcgagt cttctactca tggagaggca ccagcggaaat ggactactat cgatgccgat 3480
 ggcgatggct aggggttggt ctgtctgtct tccggacaat tggactggct gacagctcat 3540
 ggcggcacca acgtagtaag ctctttctca tggaatggaa tggctttgaa tcctgataac 3600
 tatctcatct caaaggatgt tacagcgca acgaaggtaa agtactacta tgcagtcaac 3660
 gacggttttc ccggggatca ctatgcggtg atgatctcca agacgggcac gaacgccgga 3720
 gacttcacgg ttgttttcga agaaacgcct aacggaataa ataaggcgcg agcaagattc 3780
 ggtctttcca cgggaagcga tggcgccaaa cctcaaagtg tatggatcga gcgtacggta 3840
 gatttgctg cgggacgaa gtatgttgct ttccgtcact acaattgctc ggatttgaa 3900
 tacattcttt tggatgatat tcagttcacc atgggtggca gccccacccc gaccgattat 3960
 acctacacgg tgtatcgtga tggtagaag atcaaggaag gtttgaccga aacgaccttc 4020
 gaagaagacg gcgtagctac gggcaatcat gagtattgct tgggaagtga gtacacagcc 4080
 ggcgtatctc cgaagaaatg tgtaaacgta actgttaatt cgacacagtt caatcctgta 4140
 aagaacctga aggcacaacc ggatggcggc gacgtggttc tcaagtggga agccccgagc 4200
 gcaaagaaga cagaaggttc tcgtgaagta aaacggatcg gagacggtct tttcgttacg 4260
 atcgaacctg caaacgatgt acgtgccaac gaagccaagg ttgtgctcgc agcagacaac 4320
 gtatggggag acaatacggg ttaccagttc ttgttggtg ccgatcaca tacattcgga 4380
 agtgcattc cggcaaccgg tcctctcttt accggaacag cttcttcga tctttacagt 4440

	gcgaacttcg agtatttgat cccggccaat gccgatcctg ttgttactac acagaatatt	4500
	atcggttacag gacaggggtga agttgtaatc cccggtgggtg ttacgacta ttgcattacg	4560
	aaccgcgaac ctgcatccgg aaagatgtgg atcgcaggag atggaggcaa ccagcctgca	4620
	cgttatgacg atttcacatt cgaagcaggc aagaagtaca ccttcacgat gcgtcgcgcc	4680
	ggaatgggag atggaactga tatggaagtc gaagacgatt cacctgcaag ctatacctat	4740
	acagtctatc gtgacggcac gaagatcaag gaaggtctga ccgaaacgac ctaccgcgat	4800
	gcaggaatga gtgcacaatc tcatgagtat tgcgtggaag ttaagtacac agccggcgta	4860
	tctccgaagg tttgtgtgga ttatattcct gacggagtgg cagacgtaac ggctcagaag	4920
	ccttacacgc tgacagttgt aggaaagacg atcacggtaa cttgccaagg cgaagctatg	4980
	atctacgaca tgaacggtcg tcgtctggca gccggtcgca acacggttgt ttacacggct	5040
	cagggcggct actatgcagt tatggttgtc gttgacggca agtcttacgt agagaaactc	5100
	gctgtaaagt aa	5112
5	<210> 71 <211> 64 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 71 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaag aaaaagaatt ttttgcttct	60
	tggc	64
15	<210> 72 <211> 62 <212> ADN <213> secuencia artificial	
20	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 72 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggcgcgtt acccgatatg gatcttttcc	60
	gt	62
25	<210> 73 <211> 64 <212> ADN <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 73 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccctt acgaaactaa aaacactgct	60
35	actt	64
	<210> 74 <211> 60 <212> ADN <213> secuencia artificial	

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 74
 5 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt acagatccac gtctgctcg 60

<210> 75
 <211> 63
 <212> ADN
 10 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

15 <400> 75
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagatg aaacgatata caataattct 60
 tgc 63

<210> 76
 <211> 62
 20 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

25 <400> 76
 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt agaaacgagc cccggaatct 60
 cc 62

<210> 77
 30 <211> 63
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

35 <400> 77
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagcaa atgaaattaa aaagtattct 60
 tct 63

<210> 78
 <211> 63
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

45 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 78
 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt agatcaactt cagctcttgg 60
 atg 63

50 <210> 79
 <211> 62
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

55 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

	<400> 79	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa agaaaaccgc tattctcagc	60
	cc	62
5	<210> 80 <211> 59 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 80	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttac ggcacgcgg tttgatcg 59	
15	<210> 81 <211> 64 <212> ADN <213> secuencia artificial	
20	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 81	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccagg atcaagccct ctctgaaaac	60
25	gatg	64
	<210> 82 <211> 64 <212> ADN <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 82	
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctc agaagcgata cgacattgtc	60
35	attg	64
	<210> 83 <211> 62 <212> ADN <213> secuencia artificial	
40	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
45	<400> 83	
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa gtaaacatc tattagctgc	60
	at	62
50	<210> 84 <211> 64 <212> ADN <213> secuencia artificial	
55	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 84	

	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggcgcgtc agaatgctac ctgcacctgt	60
	gtta	64
5	<210> 85 <211> 60 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 85 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc acccgggatg tcgtaccgc agcacaatcg 60	
15	<210> 86 <211> 60 <212> ADN <213> secuencia artificial	
20	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 86 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttag aatcgatat catagttatg 60	
25	<210> 87 <211> 63 <212> ADN <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 87 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa agattattac tctctgctgc	60
35	tat	63
40	<210> 88 <211> 64 <212> ADN <213> secuencia artificial	
45	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 88 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggcgcgtc aaggaactaa gactttaagg	60
50	aat	64
55	<210> 89 <211> 59 <212> ADN <213> secuencia artificial	
60	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 89 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa aaactgattt tagcgactt 59	
	<210> 90 <211> 63	

	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
5	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 90		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt agcgagcaga ggtggctttc	60	
	ata	63	
10	<210> 91		
	<211> 62		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
15	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 91		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaag acccaagaaa ttatgacaat	60	
	gc	62	
20	<210> 92		
	<211> 63		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
25	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 92		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt agcaaacgcc ctgagctacc	60	
30	ata	63	
	<210> 93		
	<211> 63		
	<212> ADN		
35	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
40	<400> 93		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaag aagcacaatt tcaccgcagg	60	
	acc	63	
	<210> 94		
	<211> 65		
45	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
50	<400> 94		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt agtgcttagc ttcgaattcc	60	
	ttcat	65	
	<210> 95		
55	<211> 63		
	<212> ADN		

	<213> secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
5	<400> 95 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa aagtttttct tcgcgctact	60
	atc	63
	<210> 96	
10	<211> 63	
	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
	<220>	
15	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 96 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc actagtttag aagttgacca taaccttacc	60
	cat	63
20	<210> 97	
	<211> 63	
	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
25	<220>	
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 97 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa aaaacaaagt ttttcttgtt	60
30	ggg	63
	<210> 98	
	<211> 71	
	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 98 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc gcggcogctt accaagtagc agcctgatta	60
40	acaacaaccc a	71
	<210> 99	
	<211> 62	
	<212> ADN	
45	<213> secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
50	<400> 99 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa aaattgctat atatactgtt	60
	gc	62
	<210> 100	
	<211> 65	
55	<212> ADN	
	<213> secuencia artificial	

	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 100		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc gcggccgctt acggattcgc caccgttatac	60	
5	gtcttg		65
	<210> 101		
	<211> 62		
	<212> ADN		
10	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
15	<400> 101		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa aaaatcattt tctccgcaact	60	
	ct		62
	<210> 102		
	<211> 62		
20	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
25	<400> 102		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc gcggccgctt atttaacggg gtatgtataa	60	
	gc		62
	<210> 103		
30	<211> 64		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
35	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 103		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaca aacgatattt tgcagcgtct	60	
	tgcg		64
40	<210> 104		
	<211> 64		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 104		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc gcggccgctt agatagtctg agttttctct	60	
50	ttga		64
	<210> 105		
	<211> 62		
	<212> ADN		
55	<213> secuencia artificial		

	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 105		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccacg aaagtaggta ttaacggctt	60	
5	tg		62
	<210> 106		
	<211> 63		
	<212> ADN		
10	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
15	<400> 106		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc gcggccgctt atgcgtttac cttagccatg	60	
	tag		63
	<210> 107		
	<211> 63		
20	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
25	<400> 107		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa ataagcgaaa acgtaactaa	60	
	agc		63
	<210> 108		
30	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
35	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 108		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc gcggccgctt atctccgggc gagctgatga	60	
	tcgatg		66
40	<210> 109		
	<211> 61		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 109		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc acccgggaaa aaagacagcg taattttcga	60	
50	t		61
	<210> 110		
	<211> 63		
	<212> ADN		
55	<213> secuencia artificial		

	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 110		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttac caagcaaaga gaggataatc	60	
5	ggc		63
	<210> 111		
	<211> 61		
	<212> ADN		
10	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
15	<400> 111		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc acccgggaaa aagctatttc tctcgctcac	60	
	g		61
	<210> 112		
	<211> 62		
20	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
25	<400> 112		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttat ttgccatcgg attgcggatt	60	
	ga		62
	<210> 113		
30	<211> 62		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
	<220>		
35	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 113		
	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc acccgggaac aaattttaca aatcactttt	60	
	gc		62
40	<210> 114		
	<211> 64		
	<212> ADN		
	<213> secuencia artificial		
45	<220>		
	<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético		
	<400> 114		
	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtctac tgcttcacga tcttttggct	60	
50	caca		64
	<210> 115		
	<211> 59		
	<212> ADN		
55	<213> secuencia artificial		

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 115
 5 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc acccgggaaa aaaacgctcg taatagtcg 59

<210> 116
 <211> 58
 <212> ADN
 10 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 116
 15 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagttcat tctccttga taaagcgg 58

<210> 117
 <211> 61
 20 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 117
 25 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa aagattcttg aagtaacggg 60
 t 61

<210> 118
 30 <211> 61
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 118
 35 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttac ttggtagcgt aggcagacag 60
 c 61

<210> 119
 40 <211> 63
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 119
 45 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa gctaaatctt tattattagc 60
 act 63

<210> 120
 <211> 62
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 120

ES 2 693 243 T3

	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc actagtttat tccgctgcag tcattactac	60
	aa	62
5	<210> 121 <211> 63 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 121 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagagg aaattattat tgctgatcgc	60
	ggc	63
15	<210> 122 <211> 61 <212> ADN <213> secuencia artificial	
20	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 122 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc actagtttac ttgatagcga gtttctctac	60
	g	61
25	<210> 123 <211> 59 <212> ADN <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
35	<400> 123 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa aagcttttac aggctaaag 59	
40	<210> 124 <211> 65 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 124 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc gcggccgctt atttgagaat tttcattgtc	60
45	tcacg	65
50	<210> 125 <211> 63 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
55	<400> 125	

ES 2 693 243 T3

	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa agaatacgc tattcttcct	60
	ttg	63
5	<210> 126 <211> 59 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 126 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt agaaagaaat ctgaatacc 59	
15	<210> 127 <211> 61 <212> ADN <213> secuencia artificial	
20	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 127 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagttg aacaagtttg tttcgattgc	60
	t	61
25	<210> 128 <211> 61 <212> ADN <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 128 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttac tttacagcga gtttctctac	60
35	g	61
40	<210> 129 <211> 61 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético <400> 129 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaag gtaaagtact taatgctcac	60
45	a	61
50	<210> 130 <211> 63 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
55	<400> 130	

	ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc actagttttac ttggagcgaa cgattacaac	60
	acg	63
5	<210> 131 <211> 68 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
10	<400> 131 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa aaaataattt attgggttgc	60
	gacagttt	68
15	<210> 132 <211> 69 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
20	<400> 132 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc actagttttat atcggccagt tctttattaa	60
	ctgcggatt	69
25	<210> 133 <211> 20 <212> ADN <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
35	<400> 133 attacagctc aattcgatta 20	
40	<210> 134 <211> 20 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
45	<400> 134 agcgagttg ccaatagcta 20	
50	<210> 135 <211> 20 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
55	<400> 135 ccttcggaga ggtaataact 20	
	<210> 136 <211> 20	

<212> ADN
 <213> secuencia artificial

 <220>
 5 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 136
 caggctgtac ataatcgaat 20

 10 <210> 137
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

 15 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 137
 gtgaatggcc atttcctatt 20
 20
 <210> 138
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial
 25
 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 138
 30 agcagctacg tcgaaaataa 20

 <210> 139
 <211> 20
 <212> ADN
 35 <213> secuencia artificial

 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 139
 40 ctttcgcaga agcattgatg 20

 <210> 140
 <211> 20
 45 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético
 50
 <400> 140
 caggcatgct gaataggaaa 20

 <210> 141
 55 <211> 860
 <212> PRT
 <213> Porphyromonas\201@gingivalis

 <400> 141

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

115					120					125					
Ser	Asp	Asp	Pro	Glu	Lys	Val	Pro	Phe	Val	Tyr	Asn	Ala	Ala	Ala	Tyr
130					135					140					
Ala	Arg	Lys	Gly	Phe	Val	Gly	Gln	Glu	Leu	Thr	Gln	Val	Glu	Met	Leu
145					150					155					160
Gly	Thr	Met	Arg	Gly	Val	Arg	Ile	Ala	Ala	Leu	Thr	Ile	Asn	Pro	Val
				165						170				175	
Gln	Tyr	Asp	Val	Val	Ala	Asn	Gln	Leu	Lys	Val	Arg	Asn	Asn	Ile	Glu
			180					185					190		
Ile	Glu	Val	Ser	Phe	Gln	Gly	Ala	Asp	Glu	Val	Ala	Thr	Gln	Arg	Leu
		195					200					205			
Tyr	Asp	Ala	Ser	Phe	Ser	Pro	Tyr	Phe	Glu	Thr	Ala	Tyr	Lys	Gln	Leu
	210					215					220				
Phe	Asn	Arg	Asp	Val	Tyr	Thr	Asp	His	Gly	Asp	Leu	Tyr	Asn	Thr	Pro
225					230					235					240
Val	Arg	Met	Leu	Val	Val	Ala	Gly	Ala	Lys	Phe	Lys	Glu	Ala	Leu	Lys
			245						250					255	
Pro	Trp	Leu	Thr	Trp	Lys	Ala	Gln	Lys	Gly	Phe	Tyr	Leu	Asp	Val	His
		260						265					270		
Tyr	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Val	Gly	Thr	Thr	Asn	Ala	Ser	Ile	Lys	Ala
		275					280					285			
Phe	Ile	His	Lys	Lys	Tyr	Asn	Asp	Gly	Leu	Ala	Ala	Ser	Ala	Ala	Pro
	290					295					300				
Val	Phe	Leu	Ala	Leu	Val	Gly	Asp	Thr	Asp	Val	Ile	Ser	Gly	Glu	Lys
305					310					315				320	
Gly	Lys	Lys	Thr	Lys	Lys	Val	Thr	Asp	Leu	Tyr	Tyr	Ser	Ala	Val	Asp
				325					330					335	
Gly	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Met	Tyr	Thr	Phe	Arg	Met	Ser	Ala	Ser	Ser
			340					345					350		
Pro	Glu	Glu	Leu	Thr	Asn	Ile	Ile	Asp	Lys	Val	Leu	Met	Tyr	Glu	Lys
		355					360					365			

ES 2 693 243 T3

Ala Thr Met Pro Asp Lys Ser Tyr Leu Glu Lys Val Leu Leu Ile Ala
 370 375 380
 Gly Ala Asp Tyr Ser Trp Asn Ser Gln Val Gly Gln Pro Thr Ile Lys
 385 390 395 400
 Tyr Gly Met Gln Tyr Tyr Tyr Asn Gln Glu His Gly Tyr Thr Asp Val
 405 410 415
 Tyr Asn Tyr Leu Lys Ala Pro Tyr Thr Gly Cys Tyr Ser His Leu Asn
 420 425 430
 Thr Gly Val Ser Phe Ala Asn Tyr Thr Ala His Gly Ser Glu Thr Ala
 435 440 445
 Trp Ala Asp Pro Leu Leu Thr Thr Ser Gln Leu Lys Ala Leu Thr Asn
 450 455 460
 Lys Asp Lys Tyr Phe Leu Ala Ile Gly Asn Cys Ala Ile Thr Ala Gln
 465 470 475 480
 Phe Asp Tyr Val Gln Pro Cys Phe Gly Glu Val Ile Thr Arg Val Lys
 485 490 495
 Glu Lys Gly Ala Tyr Ala Tyr Ile Gly Ser Ser Pro Asn Ser Tyr Trp
 500 505 510
 Gly Glu Asp Tyr Tyr Trp Ser Val Gly Ala Asn Ala Val Phe Gly Val
 515 520 525
 Gln Pro Thr Phe Glu Gly Thr Ser Met Gly Ser Tyr Asp Ala Thr Phe
 530 535 540
 Leu Glu Asp Ser Tyr Asn Thr Val Asn Ser Ile Met Trp Ala Gly Asn
 545 550 555 560
 Leu Ala Ala Thr His Ala Gly Asn Ile Gly Asn Ile Thr His Ile Gly
 565 570 575
 Ala His Tyr Tyr Trp Glu Ala Tyr His Val Leu Gly Asp Gly Ser Val
 580 585 590
 Met Pro Tyr Arg Ala Met Pro Lys Thr Asn Thr Tyr Thr Leu Pro Ala
 595 600 605
 Ser Leu Pro Gln Asn Gln Ala Ser Tyr Ser Ile Gln Ala Ser Ala Gly
 610 615 620

ES 2 693 243 T3

Ser Tyr Val Ala Ile Ser Lys Asp Gly Val Leu Tyr Gly Thr Gly Val
625 630 635 640

Ala Asn Ala Ser Gly Val Ala Thr Val Ser Met Thr Lys Gln Ile Thr
645 650 655

Glu Asn Gly Asn Tyr Asp Val Val Ile Thr Arg Ser Asn Tyr Leu Pro
660 665 670

Val Ile Lys Gln Ile Gln Val Gly Glu Pro Ser Pro Tyr Gln Pro Val
675 680 685

Ser Asn Leu Thr Ala Thr Thr Gln Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp
690 695 700

Glu Ala Pro Ser Ala Lys Lys Ala Glu Gly Ser Arg Glu Val Lys Arg
705 710 715 720

Ile Gly Asp Gly Leu Phe Val Thr Ile Glu Pro Ala Asn Asp Val Arg
725 730 735

Ala Asn Glu Ala Lys Val Val Leu Ala Ala Asp Asn Val Trp Gly Asp
740 745 750

Asn Thr Gly Tyr Gln Phe Leu Leu Asp Ala Asp His Asn Thr Phe Gly
755 760 765

Ser Val Ile Pro Ala Thr Gly Pro Leu Phe Thr Gly Thr Ala Ser Ser
770 775 780

Asn Leu Tyr Ser Ala Asn Phe Glu Tyr Leu Ile Pro Ala Asn Ala Asp
785 790 795 800

Pro Val Val Thr Thr Gln Asn Ile Ile Val Thr Gly Gln Gly Glu Val
805 810 815

Val Ile Pro Gly Gly Val Tyr Asp Tyr Cys Ile Thr Asn Pro Glu Pro
820 825 830

Ala Ser Gly Lys Met Trp Ile Ala Gly Asp Gly Gly Asn Gln Pro Ala
835 840 845

Arg Tyr Asp Asp Phe Thr Phe Glu Ala Gly Lys Lys
850 855 860

<210> 142

<211> 2583

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 142

ES 2 693 243 T3

aggaaattat tattgctgat cgcggcgctcc cttttgggag ttggtcttta cgcccaaagc 60
 gccaaagatta agcttgatgc tccgactact cgaacgacat gtacgaacaa tagcttcaag 120
 cagttcgatg caagcttttc gttcaatgaa gtcgagctga caaagggtgga gaccaaagggt 180
 ggtacttttcg cctcagtgtc aattccgggt gcattcccga ccggtgaggt tggttctccc 240
 gaagtgccag cagttaggaa gttgattgct gtgcctgtcg gagccacacc tgttgttcgc 300
 gtgaaaagtt ttaccgagca agtttactct ctgaaccaat acggttccga aaaactcatg 360
 ccacatcaac cctctatgag caagagtgat gatcccgaaa aggttccctt cgtttacaat 420
 gctgctgctt atgcacgcaa aggttttgct ggacaagaac tgaccaagt agaaatggtg 480
 gggacaatgc gtggtggtcg cattgcagct cttaccatta atcctgttca gtatgatgtg 540
 gttgcaaacc aattgaagggt tagaaacaac atcgaaattg aagtaagctt tcaaggagct 600
 gatgaagtag ctacacaacg tttgtatgat gttcttttta gcccttattht cgaaacagct 660
 tataaacagc tcttcaatag agatgtttat acagatcatg gcgacttgta taatacgccg 720
 gttcgtatgc ttgttggtgc aggtgcaaaa ttcaagaag ctctcaagcc ttgggtcact 780
 tggaaggctc aaaagggctt ctatctggat gtgcattaca cagacgaagc tgaagtagga 840
 acgacaaacg cctctatcaa ggcatttatt cacaagaaat acaatgatgg attggcagct 900
 agtgctgctc cggctcttctt ggctttgggt ggtgacactg acgttattag cggagaaaaa 960
 ggaaagaaaa caaaaaaagt taccgacttg tattacagtg cagtcgatgg cgactatttc 1020
 cctgaaatgt atactttccg tatgtctgct tcttcccag aagaactgac gaacatcatt 1080
 gataaggatg tgatgtatga aaaggctact atgccagata agagttattht ggagaaagtt 1140
 ctcttgattg cagggtgcaga ttatagctgg aattcccagg taggtcagcc aaccattaaa 1200
 tacggtatgc agtactacta caaccaagag catggttata ccgacgtgta caactatctc 1260
 aaagcccctt atacagggtg ctacagtcatt ttgaataaccg gagtcagctt tgcaaaactat 1320
 acagcgcagc gatctgagac cgcagtggtt gatccacttc tgactacttc tcaactgaaa 1380
 gcactcacta ataaggacaa atacttctta gctattggca actgcgctat tacagctcaa 1440
 ttcgattatg tacagccttg cttcggagag gtaataactc gcgttaagga gaaaggggct 1500
 tatgcctata tcggttcatc tccaaattct tattggggcg aggactacta ttggagtgtg 1560
 ggtgctaagc ccgtatthtgg tgttcagcct actthtgaag gtacgtctat gggttcttat 1620
 gatgctacat tcttgaggga ttcgtacaac acagtgaatt ctattatgtg ggcaggtaat 1680
 cttgccgcta ctcatgctgg aaatatcggc aatattaccc atattggtgc tcattactat 1740
 tgggaagctt atcatgtcct tggcgatggt tcggttatgc cttatcgtgc aatgcctaag 1800

ES 2 693 243 T3

```

accaatactt atacgcttcc tgcctctttg cctcagaatc aggccttctta tagcattcag 1860
gcttctgccc gttcttacgt agctatttct aaagatggag ttttgtatgg aacagggtgtt 1920
gctaatagcca gcggtgttgc gactgtgagt atgactaagc agattacgga aaatggtaat 1980
tatgatgtag ttatcactcg ctctaattat cttcctgtga tcaagcaaat tcaggtaggt 2040
gagcctagcc cctaccagcc cgtttccaac ttgacagcta caacgcaggg tcagaaagta 2100
acgctcaagt gggaagcacc gagcgcaaag aaggcagaag gttcccgta agtaaaacgg 2160
atcggagacg gtcttttctg tacgatcgaa cctgcaaacg atgtacgtgc caacgaagcc 2220
aagggtgtgc ttgcggcaga caacgtatgg ggagacaata cgggttacca gttcttggtg 2280
gatgccgac acaatacatt cggaagtgtc attccggcaa ccggctcctc ctttaccgga 2340
acagcttctt ccaatcttta cagtgcgaac ttcgagtatt tgatcccggc caatgccgat 2400
cctgttgtaa ctacacagaa tattatcggt acaggacagg gtgaagttgt aatccccggt 2460
ggtgtttacg actattgcat tacgaaccgg gaacctgcat ccggaaagat gtggatcgca 2520
ggagatggag gcaaccagcc tgcacgttat gacgatttca cattcgaagc aggcaagaag 2580
taa 2583

```

<210> 143

<211> 871

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 143

```

Tyr Thr Phe Thr Met Arg Arg Ala Gly Met Gly Asp Gly Thr Asp Met
1          5          10          15

```

```

Glu Val Glu Asp Asp Ser Pro Ala Ser Tyr Thr Tyr Thr Val Tyr Arg
20          25          30

```

```

Asp Gly Thr Lys Ile Lys Glu Gly Leu Thr Ala Thr Thr Phe Glu Glu
35          40          45

```

```

Asp Gly Val Ala Ala Gly Asn His Glu Tyr Cys Val Glu Val Lys Tyr
50          55          60

```

```

Thr Ala Gly Val Ser Pro Lys Val Cys Lys Asp Val Thr Val Glu Gly
65          70          75          80

```

```

Ser Asn Glu Phe Ala Pro Val Gln Asn Leu Thr Gly Ser Ser Val Gly
85          90          95

```

```

Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp Asp Ala Pro Asn Gly Thr Pro Asn Pro
100          105          110

```

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

355		360		365											
Gly	Ala	Thr	Lys	Val	Lys	Tyr	Tyr	Tyr	Ala	Val	Asn	Asp	Gly	Phe	Pro
370						375					380				
Gly	Asp	His	Tyr	Ala	Val	Met	Ile	Ser	Lys	Thr	Gly	Thr	Asn	Ala	Gly
385					390					395					400
Asp	Phe	Thr	Val	Val	Phe	Glu	Glu	Thr	Pro	Asn	Gly	Ile	Asn	Lys	Gly
				405					410					415	
Gly	Ala	Arg	Phe	Gly	Leu	Ser	Thr	Glu	Ala	Asn	Gly	Ala	Lys	Pro	Gln
			420					425					430		
Ser	Val	Trp	Ile	Glu	Arg	Thr	Val	Asp	Leu	Pro	Ala	Gly	Thr	Lys	Tyr
		435					440					445			
Val	Ala	Phe	Arg	His	Tyr	Asn	Cys	Ser	Asp	Leu	Asn	Tyr	Ile	Leu	Leu
450						455					460				
Asp	Asp	Ile	Gln	Phe	Thr	Met	Gly	Gly	Ser	Pro	Thr	Pro	Thr	Asp	Tyr
465					470					475					480
Thr	Tyr	Thr	Val	Tyr	Arg	Asp	Gly	Thr	Lys	Ile	Lys	Glu	Gly	Leu	Thr
				485					490					495	
Glu	Thr	Thr	Phe	Glu	Glu	Asp	Gly	Val	Ala	Thr	Gly	Asn	His	Glu	Tyr
			500					505					510		
Cys	Val	Glu	Val	Lys	Tyr	Thr	Ala	Gly	Val	Ser	Pro	Lys	Lys	Cys	Val
		515					520					525			
Asn	Val	Thr	Val	Asn	Ser	Thr	Gln	Phe	Asn	Pro	Val	Gln	Asn	Leu	Thr
530						535					540				
Ala	Glu	Gln	Ala	Pro	Asn	Ser	Met	Asp	Ala	Ile	Leu	Lys	Trp	Asn	Ala
545					550				555						560
Pro	Ala	Ser	Lys	Arg	Ala	Glu	Val	Leu	Asn	Glu	Asp	Phe	Glu	Asn	Gly
				565					570					575	
Ile	Pro	Ala	Ser	Trp	Lys	Thr	Ile	Asp	Ala	Asp	Gly	Asp	Gly	Asn	Asn
			580					585					590		
Trp	Thr	Thr	Thr	Pro	Pro	Pro	Gly	Gly	Ser	Ser	Phe	Ala	Gly	His	Asn
		595					600					605			

ES 2 693 243 T3

Ser Ala Ile Cys Val Ser Ser Ala Ser Tyr Ile Asn Phe Glu Gly Pro
610 615 620

Gln Asn Pro Asp Asn Tyr Leu Val Thr Pro Glu Leu Ser Leu Pro Gly
625 630 635 640

Gly Gly Thr Leu Thr Phe Trp Val Cys Ala Gln Asp Ala Asn Tyr Ala
645 650 655

Ser Glu His Tyr Ala Val Tyr Ala Ser Ser Thr Gly Asn Asp Ala Ser
660 665 670

Asn Phe Ala Asn Ala Leu Leu Glu Glu Val Leu Thr Ala Lys Thr Val
675 680 685

Val Thr Ala Pro Glu Ala Ile Arg Gly Thr Arg Ala Gln Gly Thr Trp
690 695 700

Tyr Gln Lys Thr Val Gln Leu Pro Ala Gly Thr Lys Tyr Val Ala Phe
705 710 715 720

Arg His Phe Gly Cys Thr Asp Phe Phe Trp Ile Asn Leu Asp Asp Val
725 730 735

Val Ile Thr Ser Gly Asn Ala Pro Ser Tyr Thr Tyr Thr Ile Tyr Arg
740 745 750

Asn Asn Thr Gln Ile Ala Ser Gly Val Thr Glu Thr Thr Tyr Arg Asp
755 760 765

Pro Asp Leu Ala Thr Gly Phe Tyr Thr Tyr Gly Val Lys Val Val Tyr
770 775 780

Pro Asn Gly Glu Ser Ala Ile Glu Thr Ala Thr Leu Asn Ile Thr Ser
785 790 795 800

Leu Ala Asp Val Thr Ala Gln Lys Pro Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly
805 810 815

Lys Thr Ile Thr Val Thr Cys Gln Gly Glu Ala Met Ile Tyr Asp Met
820 825 830

Asn Gly Arg Arg Leu Ala Ala Gly Arg Asn Thr Val Val Tyr Thr Ala
835 840 845

Gln Gly Gly His Tyr Ala Val Met Val Val Val Asp Gly Lys Ser Tyr
850 855 860

Val Glu Lys Leu Ala Val Lys
865 870

- 5 <210> 144
<211> 2616
<212> ADN
<213> Porphyromonas\201@gingivalis

ES 2 693 243 T3

<400> 144

tacaccttca	cgatgcgtcg	cgccggaatg	ggagatggaa	ctgatatgga	agtcgaagac	60
gattcacctg	caagctatac	ctacacggtg	tatcgtgacg	gcacgaagat	caaggaaggt	120
ctgacagcta	cgacattcga	agaagacggt	gtagctgcag	gcaatcatga	gtattgcgtg	180
gaagttaagt	acacagccgg	cgtatctccg	aaggtatgta	aagacgttac	ggtagaagga	240
tccaatgaat	ttgctcctgt	acagaacctg	accggtagtt	cagtaggtca	gaaagtaacg	300
cttaagtggg	atgcacctaa	tggtagcccg	aatccgaatc	caaatccgaa	tccgaatccg	360
ggaacaacac	tttccgaatc	attcgaaaat	ggtattccgg	catcttgga	gacgatcgat	420
gcagacggtg	acgggcatgg	ctggaaacct	ggaaatgctc	ccggaatcgc	tggctacaat	480
agcaatggtt	gtgtatattc	agagtcattc	ggtcttggtg	gtataggagt	tcttaccctt	540
gacaactatc	tgataacacc	ggcattggat	ttgcctaacg	gaggtaagtt	gactttctgg	600
gtatgcgcac	aggatgctaa	ttatgcatcc	gagcactatg	cgggtgatgc	atcttcgacc	660
ggtaacgatg	catccaactt	cacgaatgct	ttgttggaa	agacgattac	ggcaaaaggt	720
gttcgctcgc	cgaaagctat	tcgtggctcg	atacagggtg	cttggcgcca	gaagacggta	780
gaccttcccg	caggtacgaa	atatgttgct	ttccgtcact	tccaaagcac	ggatatgttc	840
tacatcgacc	ttgatgaggt	tgagatcaag	gccaatggca	agcgcgcaga	cttcacggaa	900
acgttcgagt	cttctactca	tggagaggca	ccagcggaat	ggactactat	cgatgccgat	960
ggcgatggtc	agggttggct	ctgtctgtct	tccggacaat	tggactggct	gacagctcat	1020
ggcggcagca	acgtagtaag	ctctttctca	tggaatggaa	tggctttgaa	tcctgataac	1080
tatctcatct	caaaggatgt	tacaggcgca	acgaaggtaa	agtactacta	tgcaagtcaac	1140
gacggttttc	ccggggatca	ctatgcggtg	atgatctcca	agacgggcac	gaacgccgga	1200
gacttcacgg	ttgttttcga	agaaacgcct	aacggaataa	ataagggcgg	agcaagattc	1260
ggtctttcca	cggaagccaa	tggcgccaaa	cctcaaagtg	tatggatcga	gcgtacggta	1320
gatttgccctg	caggcacgaa	gtatgttgct	ttccgtcact	acaattgctc	ggatttgaac	1380
tacattcttt	tggatgatat	tcagttcacc	atgggtggca	gccccacccc	gaccgattat	1440
acctacacgg	tgtatcgtga	tggtagaag	atcaaggaag	gtttgaccga	aacgaccttc	1500
gaagaagacg	gcgtagctac	gggcaatcat	gagtattgctg	tgggaagtga	gtacacagcc	1560

ES 2 693 243 T3

```

ggcgtatctc cgaagaaatg tgtaaacgta actgttaatt cgacacagtt caatcctgta 1620
cagaacctga cggcagaaca agctcctaac agcatggatg caatccttaa atggaatgca 1680
ccggcatcta agcgtgcgga agttctgaac gaagacttcg aaaatggat tcttcgctca 1740
tggaagacga tcgatgcaga cggtgacggc aacaattgga cgacgacccc tcttcccgga 1800
ggctcctctt ttgcaggtca caacagtgcg atctgtgtct cttcagcttc ttatatcaac 1860
tttgaaggtc ctcagaaccc tgataactat ctggttacac cggagctttc tcttcctggc 1920
ggaggaacgc ttactttctg ggtatgtgca caagatgcc aattatgcac agagcactat 1980
gccgtgtacg catcttctac gggtaacgac gcttccaact tcgccaacgc tttgttgaa 2040
gaagtgtctg cggccaagac agttgttacg gcacctgaag ccattcgtgg tactcgtgct 2100
cagggcacct ggtatcaaaa gacggtacag ttgcctgcgg gtactaagta tgttgcttc 2160
cgtcacttcg gctgtacgga cttcttctgg atcaaccttg atgatgttgt aatcacttca 2220
gggaacgctc cgtcttacac ctatacgatc tatcgtaata atacacagat agcatcaggc 2280
gtaacggaga ctacttacg agatccggac ttggctaccg gtttttacac gtacggtgta 2340
aaggttgttt acccgaacgg agaatcagct atcgaaactg ctacgttgaa tatcacttcg 2400
ttggcagacg taacggctca gaagccttac acgtgacag ttgtaggaaa gacgatcacg 2460
gtaacttgcc aaggcgaagc tatgatctac gacatgaacg gtcgtcgtct ggcagcgggt 2520
cgcaacacgg ttgtttacac ggctcagggc ggccactatg cagtcatggt tgcgttgac 2580
ggcaagtctt acgtagagaa actcgctgta aagtaa 2616

```

<210> 145

<211> 860

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 145

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

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

Val Arg Leu Leu Glu Ser Thr Gln Gln Ser Val Thr Lys Val Gln Phe
35 40 45

Arg Met Asp Asn Leu Lys Phe Thr Glu Val Gln Thr Pro Lys Gly Met
50 55 60

Ala Gln Val Pro Thr Tyr Thr Glu Gly Val Asn Leu Ser Glu Lys Gly
65 70 75 80

10

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

580	585	590
Ala Ser Val Asn Val Ser Cys Asp Tyr Asn Gly Ala Ile Ala Thr Ile		
595	600	605
Ser Ala Asn Gly Lys Met Phe Gly Ser Ala Val Val Glu Asn Gly Thr		
610	615	620
Ala Thr Ile Asn Leu Thr Gly Leu Thr Asn Glu Ser Thr Leu Thr Leu		
625	630	635
Thr Val Val Gly Tyr Asn Lys Glu Thr Val Ile Lys Thr Ile Asn Thr		
	645	650
Asn Gly Glu Pro Asn Pro Tyr Gln Pro Val Ser Asn Leu Thr Ala Thr		
	660	665
Thr Gln Gly Gln Lys Val Thr Leu Lys Trp Asp Ala Pro Ser Thr Lys		
	675	680
Thr Asn Ala Thr Thr Asn Thr Ala Arg Ser Val Asp Gly Ile Arg Glu		
	690	695
Leu Val Leu Leu Ser Val Ser Asp Ala Pro Glu Leu Leu Arg Ser Gly		
705	710	715
Gln Ala Glu Ile Val Leu Glu Ala His Asp Val Trp Asn Asp Gly Ser		
	725	730
Gly Tyr Gln Ile Leu Leu Asp Ala Asp His Asp Gln Tyr Gly Gln Val		
	740	745
Ile Pro Ser Asp Thr His Thr Leu Trp Pro Asn Cys Ser Val Pro Ala		
	755	760
Asn Leu Phe Ala Pro Phe Glu Tyr Thr Val Pro Glu Asn Ala Asp Pro		
	770	775
Ser Cys Ser Pro Thr Asn Met Ile Met Asp Gly Thr Ala Ser Val Asn		
785	790	795
Ile Pro Ala Gly Thr Tyr Asp Phe Ala Ile Ala Ala Pro Gln Ala Asn		
	805	810
Ala Lys Ile Trp Ile Ala Gly Gln Gly Pro Thr Lys Glu Asp Asp Tyr		
	820	825
Val Phe Glu Ala Gly Lys Lys Tyr His Phe Leu Met Lys Lys Met Gly		
	835	840
Ser Gly Asp Gly Thr Glu Leu Thr Ile Ser Glu Gly		
850	855	860

5 <210> 146
<211> 2583

ES 2 693 243 T3

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 146

aaaaacttga	acaagtttgt	ttcgattgct	ctttgctctt	ccttattagg	aggaatggca	60
tttgcgcagc	agacagagtt	gggacgcaat	ccgaatgtga	gattgctcga	atccactcag	120
caatcgggtga	caaaggttca	gttccgtatg	gacaacctca	agttcaccga	agttcaaacc	180
cctaagggaa	tggcacaagt	gccgacctat	acagaagggg	ttaatctttc	tgaaaaaggg	240
atgcctacgc	ttcccattct	atcacgctct	ttggcgggtt	cagacactcg	tgagatgaag	300
gtagaggttg	tttcctcaaa	gttcacgcga	aagaaaaatg	tcctgattgc	accctccaag	360
ggcatgatta	tgcgtaacga	agatccgaaa	aagatccctt	acgtttatgg	aaagagctac	420
tcgcaaaaaca	aattcttccc	gggagagatc	gccacgcttg	atgatccttt	tatccttcgt	480
gatgtgcgtg	gacaggttgt	aaactttgcg	cctttgcagt	ataaccctgt	gacaaagacg	540
ttgcgcattct	atacggaaat	cactgtggca	gtgagcgaaa	cttcggagca	aggcaaaaat	600
attctgaaca	agaaaggtag	atttgccggc	tttgaagaca	catacaagcg	catgttcatg	660
aactacgagc	cagggcggtta	cacaccggtg	gaggaaaaac	aaaatggtcg	tatgatcgtc	720
atcgtagcca	aaaagtatga	gggagatatt	aaagatttcg	ttgattggaa	aaaccaacgc	780
ggtctccgta	ccgaggtgaa	agtggcagaa	gatattgctt	ctcccgttac	agctaattgct	840
attcagcaat	tcgttaagca	agaatacgag	aaagaaggta	atgatttgac	ctatgttctt	900
ttgattggcg	atcacaaaga	tattcctgcc	aaaattactc	cggggatcaa	atccgaccag	960
gtatatggac	aaatagtagg	taatgaccac	tacaacgaag	tcttcacggg	tcgtttctca	1020
tgtgagagca	aagaggatct	gaagacacaa	atcgatcgga	ctattcacta	tgagcgcaat	1080
ataaccacgg	aagacaaatg	gctcgggtcag	gctctttgtg	ttgcttcggc	tgaaggaggc	1140
ccatccgcag	acaatggtga	aagtgatatc	cagcatgaga	atgtaatcgc	caatctgctt	1200
accagtatg	gttataccaa	gattatcaaa	tgttatgatc	cgggagtaac	tcctaaaaac	1260
attattgatg	ctttcaacgg	aggaatctcg	ttggccaact	atacgggcca	cggtagcgaa	1320
acagcttggg	gtacgtctca	cttcggcacc	actcatgtga	agcagcttac	caacagcaac	1380
cagctaccgt	ttatttttca	cgtagctgct	gtgaatggcg	atttcctatt	cagcatgcct	1440
5 tgttttcgcag	aagcattgat	gcgtgcacaa	aaagatggta	agccgacagg	tactgttgct	1500

ES 2 693 243 T3

```

atcatagcgt ctacgatcaa ccagtcttgg gcttctccta tgcgcgggca ggatgagatg 1560
aacgaaattc tgtgcgaaaa acaccgaac aacatcaagc gtactttcgg tgggtgcacc 1620
atgaacggta tgtttgctat ggtggaaaag tataaaaagg atggtgagaa gatgctcgac 1680
acatggactg tattcggcga ccctcgtctg ctcgttcgta cacttgtccc gaccaaaatg 1740
caggttacgg ctccggctca gattaatttg acggatgctt cagtcaacgt atcttgcgat 1800
tataatggtg ctattgctac catttcagcc aatggaaaga tgttcggttc tgcagttgtc 1860
gaaaatggaa cagctacaat caatctgaca ggtctgacaa atgaaagcac gcttaccctt 1920
acagtagttg gttacaacaa agagacgggt attaagacca tcaacactaa tggtgagcct 1980
aaccctacc agcctgtttc caacttgact gctacaacgc agggtcagaa agtaacgctc 2040
aagtgggatg caccgagcac gaaaaccaat gcaaccacta ataccgctcg cagcgtggat 2100
ggcatacgag aactggttct tctgtcagtc agcgatgcc ccgaacttct tcgcagcggg 2160
caggccgaga ttgttcttga agctcacgat gtttggaatg atggatccgg ttatcagatt 2220
cttttggtg cagaccatga tcaatatgga caggttatac ccagtgatac ccatactctt 2280
tgcccgaaat gtagtgtccc ggccaatctg ttcgctccgt tcgaatatac ggttccggaa 2340
aatgcagatc cttcttggtc ccctaccaat atgataatgg atggtactgc atccgttaat 2400
ataccggccg gaacttatga ctttgcaatt gctgctcctc aagcaaatgc aaagatttgg 2460
attgccggac aaggaccgac gaaagaagat gattatgtat ttgaagccgg taaaaaatac 2520
catttcctta tgaagaagat gggtagcggg gatggaactg aattgactat aagcgaaggt 2580
taa 2583

```

<210> 147

<211> 845

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 147

Gly Gly Ser Asp Tyr Thr Tyr Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys Ile
1 5 10 15

Lys Glu Gly Leu Thr Ala Thr Thr Phe Glu Glu Asp Gly Val Ala Ala
20 25 30

Gly Asn His Glu Tyr Cys Val Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val Ser
35 40 45

Pro Lys Val Cys Lys Asp Val Thr Val Glu Gly Ser Asn Glu Phe Ala
50 55 60

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Ala His Gly Gly Thr Asn Val Val Ser Ser Phe Ser Trp Asn Gly Met
325 330 335

Ala Leu Asn Pro Asp Asn Tyr Leu Ile Ser Lys Asp Val Thr Gly Ala
340 345 350

Thr Lys Val Lys Tyr Tyr Tyr Ala Val Asn Asp Gly Phe Pro Gly Asp
355 360 365

His Tyr Ala Val Met Ile Ser Lys Thr Gly Thr Asn Ala Gly Asp Phe
370 375 380

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

Arg Phe Gly Leu Ser Thr Glu Ala Asp Gly Ala Lys Pro Gln Ser Val
405 410 415

Trp Ile Glu Arg Thr Val Asp Leu Pro Ala Gly Thr Lys Tyr Val Ala
420 425 430

Phe Arg His Tyr Asn Cys Ser Asp Leu Asn Tyr Ile Leu Leu Asp Asp
435 440 445

Ile Gln Phe Thr Met Gly Gly Ser Pro Thr Pro Thr Asp Tyr Thr Tyr
450 455 460

Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys Ile Lys Glu Gly Leu Thr Glu Thr
465 470 475 480

Thr Phe Glu Glu Asp Gly Val Ala Thr Gly Asn His Glu Tyr Cys Val
485 490 495

Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val Ser Pro Lys Lys Cys Val Asn Val
500 505 510

Thr Val Asn Ser Thr Gln Phe Asn Pro Val Lys Asn Leu Lys Ala Gln
515 520 525

Pro Asp Gly Gly Asp Val Val Leu Lys Trp Glu Ala Pro Ser Ala Lys
530 535 540

Lys Thr Glu Gly Ser Arg Glu Val Lys Arg Ile Gly Asp Gly Leu Phe
545 550 555 560

Val Thr Ile Glu Pro Ala Asn Asp Val Arg Ala Asn Glu Ala Lys Val
565 570 575

ES 2 693 243 T3

Val Leu Ala Ala Asp Asn Val Trp Gly Asp Asn Thr Gly Tyr Gln Phe
 580 585 590
 Leu Leu Asp Ala Asp His Asn Thr Phe Gly Ser Val Ile Pro Ala Thr
 595 600 605
 Gly Pro Leu Phe Thr Gly Thr Ala Ser Ser Asp Leu Tyr Ser Ala Asn
 610 615 620
 Phe Glu Tyr Leu Ile Pro Ala Asn Ala Asp Pro Val Val Thr Thr Gln
 625 630 635 640
 Asn Ile Ile Val Thr Gly Gln Gly Glu Val Val Ile Pro Gly Gly Val
 645 650 655
 Tyr Asp Tyr Cys Ile Thr Asn Pro Glu Pro Ala Ser Gly Lys Met Trp
 660 665 670
 Ile Ala Gly Asp Gly Gly Asn Gln Pro Ala Arg Tyr Asp Asp Phe Thr
 675 680 685
 Phe Glu Ala Gly Lys Lys Tyr Thr Phe Thr Met Arg Arg Ala Gly Met
 690 695 700
 Gly Asp Gly Thr Asp Met Glu Val Glu Asp Asp Ser Pro Ala Ser Tyr
 705 710 715 720
 Thr Tyr Thr Val Tyr Arg Asp Gly Thr Lys Ile Lys Glu Gly Leu Thr
 725 730 735
 Glu Thr Thr Tyr Arg Asp Ala Gly Met Ser Ala Gln Ser His Glu Tyr
 740 745 750
 Cys Val Glu Val Lys Tyr Thr Ala Gly Val Ser Pro Lys Val Cys Val
 755 760 765
 Asp Tyr Ile Pro Asp Gly Val Ala Asp Val Thr Ala Gln Lys Pro Tyr
 770 775 780
 Thr Leu Thr Val Val Gly Lys Thr Ile Thr Val Thr Cys Gln Gly Glu
 785 790 795 800
 Ala Met Ile Tyr Asp Met Asn Gly Arg Arg Leu Ala Ala Gly Arg Asn
 805 810 815
 Thr Val Val Tyr Thr Ala Gln Gly Gly Tyr Tyr Ala Val Met Val Val
 820 825 830
 Val Asp Gly Lys Ser Tyr Val Glu Lys Leu Ala Ile Lys
 835 840 845

5 <210> 148
 <211> 2538

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 148

ggtggaagcg	attacaccta	tactgtctat	cgtgacggca	cgaagatcaa	ggaaggtctg	60
acggctacga	cattcgaaga	agacgggtga	gctgcaggca	atcatgagta	ttgcgtggaa	120
gttaagtaca	cagccggcgt	atctccgaag	gtatgtaaag	acgttacggt	agaaggatcc	180
aatgaatttg	ctcctgtaca	gaacctgacc	ggtagtgcag	tcggccagaa	agtaacgctt	240
aagtgggatg	cacctaatgg	taccccgaa	ccaaatccaa	atccgaatcc	aaatccgaat	300
cccgaacaa	ctacactttc	cgaatcattc	gaaaatggta	ttcctgcctc	atggaagacg	360
atcgatgcag	acgggtgacg	gcatggctgg	aagcctggaa	atgctcccg	aatcgctggc	420
tacaatagca	atggttgtgt	atattcagag	tcattcggtc	ttggtggtat	aggagttctt	480
acccctgaca	actatctgat	aacaccggca	ttggatttgc	ctaacggagg	taagttgact	540
ttctgggtat	gcgcacagga	tgctaattat	gcatccgagc	actatgcggt	gtatgcatct	600
tcgaccggta	acgatgcatc	caacttcacg	aatgctttgt	tggaagagac	gattacggca	660
aaagtggttc	gctcgccgga	agctattcgt	ggtcgtatac	agggactctg	gcgccagaag	720
acggtagacc	ttcccgagc	tacgaaatat	gttgctttcc	gtcacttcca	aagcacggat	780
atgtttctaca	tcgaccttga	tgagggtgag	atcaaggcca	atggcaagcg	cgcagacttc	840
acggaaacgt	tcgagtcctc	tactcatgga	gaggcaccag	cggaatggac	tactatcgat	900
gccgatggcg	atggtcaggg	ttggctctgt	ctgtcttccg	gacaattgga	ctggctgaca	960
gctcatggcg	gcaccaacgt	agtaagctct	ttctcatgga	atggaatggc	tttgaatcct	1020
gataactatc	tcatctcaaa	ggatgttaca	ggcgcaacga	aggtaaagta	ctactatgca	1080
gtcaacgacg	gttttcccg	ggatcactat	gcggtgatga	tctccaagac	gggcacgaac	1140
gccggagact	tcacggttgt	tttcgaagaa	acgcctaacg	gaataaataa	ggcgaggagca	1200
agattcggtc	tttccacgga	agccgatggc	gccaaacctc	aaagtgtatg	gatcgagcgt	1260
acggtagatt	tgctgcggg	cacgaagtat	gttgctttcc	gtcactacaa	ttgctcggat	1320
ttgaactaca	ttcttttgga	tgatattcag	ttcaccatgg	gtggcagccc	caccccgacc	1380
gattatacct	acacgggtgta	tcgtgatggg	acgaagatca	aggaaggttt	gaccgaaacg	1440
5 accttcgaag	aagacggcgt	agctacgggc	aatcatgagt	attgcgtgga	agtgaagtac	1500

ES 2 693 243 T3

```

acagccggcg tatctccgaa gaaatgtgta aacgtaactg ttaattcgac acagttcaat 1560
cctgtaaaga acctgaaggc acaaccggat ggcggcgacg tggttctcaa gtggaagcc 1620
ccgagcgcaa agaagacaga aggttctcgt gaagtaaaac ggatcggaga cggctctttc 1680
gttacgatcg aacctgcaaa cgatgtacgt gccaacgaag ccaaggttgt gctcgcagca 1740
gacaacgtat ggggagacaa tacgggttac cagttcttgt tggatgccga tcacaataca 1800
ttcggaaagtg tcattccggc aaccggtcct ctctttaccg gaacagcttc ttccgatctt 1860
tacagtgcga acttcgagta tttgatcccg gccaatgccg atcctgttgt tactacacag 1920
aatattatcg ttacaggaca ggggtgaagtt gtaatccccg gtggtgttta cgactattgc 1980
attacgaacc cggaacctgc atccggaaag atgtggatcg caggagatgg aggcaaccag 2040
cctgcacgtt atgacgattt cacattcgaa gcaggcaaga agtacacctt cacgatgcgt 2100
cgcgccggaa tgggagatgg aactgatatg gaagtcgaag acgattcacc tgcaagctat 2160
acctatacag tctatcgtga cggcacgaag atcaaggaag gtctgaccga aacgacctac 2220
cgcgatgcag gaatgagtgc acaatctcat gagtattgcg tggaaagtaa gtacacagcc 2280
ggcgtatctc cgaaggtttg tgtggattat attcctgacg gagtggcaga cgtaacggct 2340
cagaagcctt acacgctgac agttgtagga aagacgatca cggtaacttg ccaaggcgaa 2400
gctatgatct acgacatgaa cggtcgtcgt ctggcagccg gtcgcaacac ggttgtttac 2460
acggctcagg gcggctacta tgcagttatg gttgtcgttg acggcaagtc ttacgtagag 2520
aaactcgcta tcaagtaa 2538

```

<210> 149

<211> 387

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 149

```

Lys Lys Thr Lys Phe Phe Leu Leu Gly Leu Ala Ala Leu Ala Met Thr
1           5           10           15

```

```

Ala Cys Asn Lys Asp Asn Glu Ala Glu Pro Val Val Glu Thr Asn Ala
20           25           30

```

```

Thr Val Ser Phe Ile Ile Lys Ser Gly Glu Ser Arg Ala Val Gly Asp
35           40           45

```

```

Asp Leu Thr Asp Ala Lys Ile Thr Lys Leu Thr Ala Met Val Tyr Ala
50           55           60

```

```

Gly Gln Val Gln Glu Gly Ile Lys Thr Val Glu Glu Asp Gly Gly Val
65           70           75           80

```

10

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Asn Lys Ile Val Arg Asn Asn His Tyr Lys Ile Thr Leu Asn Ile Thr
340 345 350

Gly Pro Gly Thr Asn Thr Pro Glu Asn Pro Gln Pro Val Gln Ala Asn
355 360 365

Leu Asn Val Thr Cys Gln Val Thr Pro Trp Val Val Val Asn Gln Ala
370 375 380

Ala Thr Trp
385

<210> 150

<211> 1164

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 150

```

aaaaaaacaa agtttttctt gttgggactt gctgctcttg ctatgacagc ttgtaacaaa      60
gacaacgagg cagaacccgt tgtagaaact aacgctactg ttagtttcat aattaagagc      120
ggtgagagcc gcgctgtagg cgatgacctt acagatgcta agatcacaaa gctcacccgc      180
atggtctatg caggtcaagt tcaagaaggt attaagacag tggaagagga cggcggagtc      240
cttaaagtag aaggaattcc gtgtaaatct ggagccaacc gtgtcctcgt cgttgtagcc      300
aatcacaatt atgagcttac cggtaaaagt ttgaatgagg ttgaggcctt gacgacttct      360
ttgacagctg aaaacccaaa tgccaaaaac ttgatcatga caggtaagtc agcagctttt      420
acaatcaaac cgggctccaa ccactatggc tatcctgggt ggactgcatc cgacaacctt      480
gtttctgctg gaactcctct tgccgttact cgcgtgcatg ccggtatctc attcgagga      540
gtagaggtaa atatggctac acagtatcaa aactactatt cttttaaac agctgacgct      600
aaaatcgagc cccttgctgc aaagaaagat tctaagattt tccgcaattc tttggtctca      660
aacactaatg catatttgta tggagtccaa acgcctgccg gtctttacac tccggatgct      720
gcaggagaaa catacgaatt ggaggcgtct ttgaatacga attatgctgt aggtgccggc      780
ttctatgtgc tggaaagtaa atatgatgca agcaacgagc ttcgtccgac gatcctttgt      840
atctatggaa agctgctcga taaggacggc aaccctctca cggaaccagc cttgacggat      900
gctataaatg ccggattctg cgacggagat ggacgactt actatccggt attggtgaac      960
tatgatggca atggctacat ctattcaggt gctattaccc aaggacaaaa caaaatcggt     1020
cgcaacaacc actacaagat tacgctgaac atcaccggcc ccggtacgaa tactcctgaa     1080
aatcctcaac cgttacaagc caacctgaat gttacttgcc aagttacacc ttgggttgtt     1140
gttaatcagg ctgctacttg gtaa                                             1164

```

<210> 151

<211> 549

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 151

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

[illegible]

<210> 152
<211> 1650
<212> ADN
<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 152						
aaaagtaaaa	gcataatcgc	acaattactg	tatgtgctca	tagcattcat	ggctgtatct	60
tgtgtggctg	acaagtcgga	accctgtcca	tcgggagagc	ctactcgggt	aagcggtagc	120
attgtttcat	tagaacatca	tggtttacga	ggtgcttcag	cggacaaa	gaacagcgta	180
gaaaggctcg	agctttgggt	tttcgatgaa	gatgggcact	ttctggaaag	agctgtagcc	240
gatctgtctg	gatttacatt	tacagccaaa	atcatttcctt	cggaggctga	acgcagaatt	300
cattttattg	caaactatga	attggcagac	ccttctgttt	gggtcggctg	ttccgaacgg	360
gaaatgctgc	catcgatctc	agtggccgat	gatttggaag	cgatccgtat	gtgggcgcgt	420
atctcttata	cgtccatagc	ccctaatacg	aatctcggtc	agattcaatt	gctacgcaac	480
atggctaagt	tctctctttc	tgtgacacct	cctgcagaaa	gcaagctcta	cgacgccagc	540
tatgctctgt	acaattcctg	gaacaaaggg	accttagctc	catttgaccc	gaatacaggc	600
tcttttcctc	agggacagat	caccgagccg	gcaggcgctg	tgtttgcaaa	cccgacatcg	660
gaagcagcct	ttaaggaggc	agacggtgcc	cattttttct	atggattcga	acgtgaccaa	720
tccaatatag	gaacaggggc	aggaatcaca	tgtctgattc	taaaagcacg	atacaatctt	780
ccaatgctcg	actataccta	ttataagctt	gactttgtag	atgcaaacaa	ggtgcgttat	840
aatattacgc	gcaaccactt	ctacaaaatg	attcttaaga	aagccaaggc	tccgggaaga	900
cctacgctac	aggaagcatt	ggacggagcc	gccgcaaaca	atatatttct	ctcggcagaa	960
gtacaagctt	tacctgcttt	ttccgatggg	tccggtatgc	tgactgtgga	tcatacctat	1020

atggtttttg tccaaggaga gccatccggc acttttcaag ccacatacat tcctcagggg 1080
 caaaacaatc cggattattc caaactgacc gtatcagtct ccaccctac aggccaacag 1140
 gcggctgtta cttcagctca acacgaaggc aacggcaaga tcaagctcac attggctcag 1200
 caggaaaacc ttaccaagag gtccgacgtg gtcacgggtg tacaaggcaa tcctgacctc 1260
 aaacgttcgg ttacgggtatt ggtacgcgag aaatatcagt atgatttttt caaagccaat 1320
 acatcttcgg cagagaacaa ccaagtaact actcaaattt cggcaggaca aggaaatgag 1380
 ctctcatta gtgccaaact gccggacgta cttaatgcgg cccttctgcc tatcacgttt 1440
 aaagtatata ccgaacactt ctatccgaag accggcggga tgatattagg gatagaagga 1500
 ggaaagactt tgtacaaata cgtattgacg acaatgcctc agaacaagga actgcaattt 1560
 agctttaagt cgaataaagt gaactcggct gaaaacattg cagtcaagat ggattacttt 1620
 catgaccaa cgaattcacgt gacgaattag 1650

<210> 153

<211> 1045

5 <212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 153

Lys Arg Met Thr Leu Phe Phe Leu Cys Leu Leu Thr Ser Ile Gly Trp
 1 5 10 15

Ala Met Ala Gln Asn Arg Thr Val Lys Gly Thr Val Ile Ser Ser Glu
 20 25 30

Asp Asn Glu Pro Leu Ile Gly Ala Asn Val Val Val Val Gly Asn Thr
 35 40 45

Thr Ile Gly Ala Ala Thr Asp Leu Asp Gly Asn Phe Thr Leu Ser Val
 50 55 60

Pro Ala Asn Ala Lys Met Leu Arg Val Ser Tyr Ser Gly Met Thr Thr
 65 70 75 80

Lys Glu Val Ala Ile Ala Asn Val Met Lys Ile Val Leu Asp Pro Asp
 85 90 95

Ser Lys Val Leu Glu Gln Val Val Val Leu Gly Tyr Gly Thr Gly Gln
 100 105 110

Lys Leu Ser Thr Val Ser Gly Ser Val Ala Lys Val Ser Ser Glu Lys
 115 120 125

Leu Ala Glu Lys Pro Val Ala Asn Ile Met Asp Ala Leu Gln Gly Gln

10

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

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

ES 2 693 243 T3

Leu Gly Ala Ser Trp Lys Asp Leu Ser Leu Asp Ala Asp Phe Ser Tyr
900 905 910

Ile Leu Gly Lys Trp Met Ile Asn Asn Asp Arg Tyr Phe Thr Glu Asn
915 920 925

Thr Ser Pro Gly Phe Asn Phe Thr Asn Lys Asp Lys Met Ile Leu Asn
930 935 940

Ala Trp Thr Gln Gln Asn Ser Asp Ser Asp Val Pro Arg Ile Gly Gln
945 950 955 960

Ser Met His Phe Asp Ser Arg Leu Leu Glu Asn Ala Ser Phe Leu Arg
965 970 975

Met Lys Asn Leu Lys Leu Thr Tyr Asn Leu Pro Gln Asn Leu Phe Ala
980 985 990

Gly Gln Asn Val Leu Ser Gly Ala Arg Val Tyr Leu Met Ala Arg Asn
995 1000 1005

Leu Phe Thr Ile Thr Lys Phe Lys Gly Phe Asp Pro Glu Ala Gly
1010 1015 1020

Ala Asn Leu Ser Met Asn Gln Tyr Pro Asn Thr Lys Gln Tyr Val
1025 1030 1035

Ala Gly Ile Gln Ile Ser Phe
1040 1045

<210> 154

<211> 3138

<212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 154

aaaagaatga cgctattcctt cctttgcttg ctgacgagca ttgggtgggc tatggcccag 60

aatagaaccg tgaagggtac agttatctcc tccgaggata atgagcccct gatcggcgcg 120

aatgtcgtgg ttgtcggaac caccactatc ggtgctgcaa ccgacttgga tggcaacttc 180

acgcttagcg tgccctgcaa tgccaaaatg ttgagagtgt catattccgg tatgactacc 240

aaagaggtcg ccatcgctaa tgtgatgaag atcgactagg atccggactc taaggttctg 300

gagcaggtag ttgtattggg ttatggtacg ggacagaaac tcagcaccgt ttccggttct 360

gtggccaaag tgtccagcga aaagctcgcg gaaaagcctg ttgccaacat catggatgcc 420

ctccaagggtc aggtagccgg tatgcagggtt attaccgggt ccggtgaccc tactgccgtc 480

ES 2 693 243 T3

gcttctgtga agatccacgg ttcagggtct ttgacttcaa gttcagcccc tctctacatc 540
gtggatggtg tgccgactga tttgggtgta gttgccggta tgaaccctaa tgacttcgaa 600
tcgtttacga ttcttaaaga cgcttcttct acttctatct atggtgcgcg tgcagccaat 660
ggcgattattg tcattacgac caaacgcgga aagatgggag agcgtggccg tattacgttc 720
aacgccagct atggagtgtc ttctattatt aataaaaaac ccttcaagag catgatgacg 780
ggagatgaat tcgcccgttg gcagtatggt gtcggctatg ctgcagcaga tcaatacagt 840
actttcgagg catggaaaga ccacattaaa gaggatgcta agcaagcatt gataaactac 900
tcaccttattg ttgaggatca aatcaagaaa ggtatacttg atccgataaa ctttgataaa 960
gatacggatt ggctgggata ccatttccgc actgctccta ccaactcaagg agatgtttct 1020
atccagggag gttcgcaagg cacttcttac ttcttatctt tggaatattt tgaccaagag 1080
ggtatctctc gctcggaatc tcttttgaag cgttatacag gtcgtcttaa cttggaaagc 1140
cgtgtgaacg attggttgaa ggttgagacc aatatgtcgg cagctcttgc caaaagacgt 1200
gcctctgggtt ttgcttcttc tgcgtatata tcagaaggat ctttgctgc tttggttgct 1260
gctccttata tgaatcccta tacaacatca ggcgattttg ctgaagcgta ttacatggat 1320
tttcaagaca aagtaattt cggaattccg caccgtgaca gctatcgtcc ttataatcgt 1380
gaagcttata aagcaacgat gagtggatat gcacaactca caccgataaa ggggctgacg 1440
ctcaaggcac aagccggctt cgactttttg caagaacgca cttcttctaa actgcttccc 1500
aataacccct tggcattgga cccgttgggt acaagtcggg ggcgttttta tcaactattg 1560
accaaaaactt ttaccaacac ggcagagtat aagttctcgg tagaagataa gcatgacgtg 1620
actcttttgg caggccatga gtttatcgat tacgaatatg atatgtttgg agccttagga 1680
aagggttacg aaaatccgaa attcatgatg cttagccaag caaaaggatga tacttatttg 1740
actttgcccg aacaggcaaa agccgaatat gcctatctct ctttcttcgg ccgtggtagc 1800
tatggttttg acaagtggct ttatgtagac ctctctgttc gtaatgatag atcttctcgc 1860
tttggtgcca ataaacgcag tgcgatgttt ggatctggtg gcgttatgat ggatgttttc 1920
aaciaattca ttaaagaaag cacgtggctc agtgatctgc gctttaagat gagctatggt 1980
actaccggta actccgaaat gagaaattac acaactggaa accctgaata ttatgctcat 2040
ttggcttttg ttggtagcaa tccatatacg gacaacgctt tgggcctttc ggtggctaca 2100
ccgggtaacc ctaatctttc atgggaacaa caatctcagt tcaatgtagg tgttgcttct 2160
tcattctttg atggtcgact caacgctgaa ttggatttct atgttcgtgc tacagacgat 2220
atgcttatcg aggtgcctct gccttatttg agcggattca cggctcagtt gcagaatgtg 2280
ggtgctatga agaataccgg tttcgatatt actgttagtg gggatattgt tcgaagcaag 2340

ES 2 693 243 T3

```

gacttcaagg tgtacggatc agctacatth aactataacc gtgaagaaat tacacgtcta 2400
ttctccggtc tcaaggagta cgttcgtgat ggatatagct attcatggat tgttggcaag 2460
cctacagtat tctattgtgc tgaatatgct ggcgtttata aaggccaagc cggccccaat 2520
tatgtggatg ctgaaggcaa gccctttaag ggtggagacc aaatgtggtg tgtccccgga 2580
gaatacaatg aagatgggag tgcgaagctt accaataaat attcttcttc attggagcat 2640
gctctgacag ataaggctct cactcctccc gttacaggag gattttcctt aggtgcttca 2700
tggaaagacc tttctttgga tgcagatttc tcttatattc tgggtaagtg gatgattaat 2760
aatgaccggt attttacaga aaatacttcc cccggtttta actttacaaa taaagacaag 2820
atgatactga atgcatggac gcagcagaat tctgattcgg atgtgccccg tatcggtcag 2880
tcgatgcatt ttgactctcg cttgttagaa aacgcttctt tcttgctgat gaagaatctg 2940
aaattgactt acaacctgcc ccaaaatctc ttcgccggtc agaatgtcct ctccgggagcg 3000
cgtgtctact tgatggctcg taacttgttt acaattacaa agttcaaagg ttttgacctt 3060
gaagcaggag caaatctatc tatgaaccag taccctaata ctaaacagta cgtggctggt 3120
attcagattt ctttctaa 3138

```

<210> 155

<211> 498

<212> PRT

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 155

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

Phe Ala Ala Cys Asp Leu Asp Arg Thr Pro His Asn Ser Gly Val Gln
20 25 30

Lys Pro Tyr Glu Asp Met Ala Thr Thr Val Gln Tyr Arg Asp Gly Leu
35 40 45

Tyr Ser Val Leu Arg Gly Ala Glu Asn Ala Gly Arg Tyr Thr Leu Ser
50 55 60

Glu Tyr Met Ser Asp Met Tyr Cys Val Met Gln Gly Asp Gly Gly His
65 70 75 80

Ala Thr Pro Tyr Val Thr Trp Thr Ile Pro Arg Ile Glu Thr Ala Asp
85 90 95

His Ala Ser Asn Tyr Tyr Phe Gly Phe Asn Arg Leu Ile Gln Gln Ala
100 105 110

ES 2 693 243 T3

Asn	Ala	Phe	Val	Gly	Asn	Val	Lys	Leu	Ala	Ile	Ala	Asn	Gly	Val	Tyr
115						120						125			
Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Lys	Thr	Asn	Ala	Gln	Ile	Tyr	Leu	Ala	Glu	Ala
130						135				140					
Lys	Thr	Leu	Gln	Ala	Leu	Ala	Leu	Phe	Arg	Leu	Met	Glu	Arg	Phe	Ala
145				150						155				160	
Tyr	Pro	Tyr	Asp	Pro	Asn	Glu	Thr	Thr	Ser	Pro	Lys	Asn	Leu	Gly	Val
				165				170						175	
Val	Leu	Ile	Lys	Glu	Tyr	Asp	Pro	Trp	Ala	Val	Gly	Ala	Arg	Ala	Thr
		180						185				190			
Gln	Thr	Glu	Thr	Tyr	Ser	Tyr	Ile	Met	Ser	Leu	Leu	Asp	Glu	Ala	Ile
		195				200						205			
Ser	Val	Leu	Pro	Glu	Thr	Asn	Ala	Asn	Asn	Met	Tyr	Val	Ser	Arg	Asp
210						215				220					
Tyr	Ala	Leu	Gly	Leu	Arg	Ala	Arg	Val	His	Met	Ala	Met	Asp	Asn	Tyr
225				230						235				240	
Ala	Glu	Ala	Ala	Asn	Asp	Ile	Arg	Ala	Phe	Tyr	Lys	Lys	Tyr	Asn	Leu
				245				250						255	
Ile	Ser	Ala	Ala	Asn	Ser	Asp	Glu	Phe	Glu	Glu	Ala	Tyr	Arg	Lys	Met
		260						265				270			
Ser	Ser	Asn	Pro	Glu	Leu	Ile	Phe	Arg	Gly	Tyr	Ala	Ser	Val	Thr	Asn
		275				280						285			
Gly	Tyr	Leu	Val	Tyr	Gln	Asp	Leu	Met	Gly	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly	Thr
290						295				300					
Asn	Val	Lys	Tyr	Asn	Pro	Arg	Val	Thr	Pro	Leu	Gln	Trp	Val	Cys	Asp
305				310						315				320	
Leu	Tyr	Asp	Ala	Ala	Asp	Tyr	Arg	Lys	Lys	Val	Tyr	Ile	Val	Asp	Lys
				325				330				335			
Val	Asn	Gly	Asp	Gly	Gly	Lys	Gly	Tyr	Val	Val	Asn	Lys	Phe	Leu	Gly
		340				345						350			
Asp	Pro	Glu	Leu	Arg	Glu	Asp	Pro	Lys	Lys	Glu	Asn	Phe	Lys	Thr	Gly
355						360				365					

ES 2 693 243 T3

Cys Arg Phe Phe Ser Leu Ala Glu Ala Tyr Leu Ile Leu Ala Glu Ala
370 375 380

Asp Ile Met Thr Gly Asn Thr Ala Glu Ala Met Glu Val Leu Lys Glu
385 390 395 400

Leu Ser Lys Ser Arg Gly Ala Glu Val Ser Gly Ala Asp Tyr Met Gln
405 410 415

Ile Leu Lys Asp Glu Arg Thr Arg Glu Met Ile Gly Glu Gly Ser Arg
420 425 430

Leu Asn Asp Met Ile Arg Trp Asn Met Asp Leu Val Val Ser Pro Val
435 440 445

Gln Ala Val Leu His Lys Ile Ala Val Pro Thr Ile Leu Gln Thr Asp
450 455 460

Asp Pro Thr Arg Val Pro Ala Gly Phe Tyr Ala Phe Thr Trp Glu Ile
465 470 475 480

Pro Asn Arg Asp Leu Val Val Ile Pro Glu Leu Val Arg Asn Trp Pro
485 490 495

Lys Gln

<210> 156

<211> 1497

5 <212> ADN

<213> Porphyromonas\201@gingivalis

<400> 156

aaaaaaataa ttaattatgc tgtggccgga ttgctactcg tttcaagctt tgccgcttgt	60
gacttgatc gcaactcctca caattctggt gtccaaaagc cttatgaaga tatggccacc	120
acagttcagt atagagatgg attgtattct gttcttcgtg gtgcagagaa tgccggacgg	180
tatactttgt cagaatatat gtccgatatg tattgtgtaa tgcaaggaga tgggtggccat	240
gctacgcctt atgttacatg gacgattcct cgcattgaga ctgctgacca cgcacgaat	300
tattactttg gttttaatcg gttaattcag caagccaatg cttttgtcgg aaatgttaag	360
ctggcaatcg caaatggggt ttataagaca gaagttgata aaaccaatgc tcaaatttat	420
ttggctgagg ccaagacttt gcaggcttta gctttgttcc gtcttatgga gcgctttgcc	480
tatccctatg atccaaacga aaccacttct ccgaaaaact tgggggtggt tttgataaag	540
gaatatgatc cttgggctgt ggggtgcacga gctacgcaga cggaacgta tagctatatt	600

10

atgagccttc ttgatgaggc catctctgtt ttgcctgaaa cgaatgcgaa caatatgtat 660
 gtgagtcggg attatgcttt aggcttgctg gctcgcgtac acatggcgat ggataactat 720
 gctgaagccg ccaatgatat cagagctttt tataaaaagt acaatctgat ttctgctgct 780
 aattccgatg aatttgagga ggcttataga aagatgagct ccaatcctga gcttattttc 840
 cgcggatatg cttccgttac taacggatac cttgtgtatc aggatttgat gggagcaaca 900
 gcttctggaa ctaatgtgaa gtacaaccct cgtgttacct ctctgcaatg gggttgcgac 960
 ctttatgatg cggttgatta tcgtaagaaa gtgtacattg tagacaaggt gaacggtgac 1020
 ggtggcaaag gttatgtcgt aaataagttc cttggagacc ctgaacttcg tgaagaccct 1080
 aagaaggaaa atttcaaac cgggtgtcgt ttcttctctc tcgcagaagc ctatcttacc 1140
 ttggcagaag cagatattat gactggtaat acagccgagg ctatggaagt tctgaaagag 1200
 ctgagtaagt ctcgtggagc agaggtttcc ggtgcagatt atatgcaaat cctcaaggat 1260
 gagcgtacac gagaaatgat cgggtgaaggt tctcgtctca atgacatgat tcgctggaat 1320
 atggatttgg tggatatctc cgttcaggct gttcttcata aaatagctgt cccgactatc 1380
 cttcagactg atgaccgcac acgtgttcct gccggcttct atgctttcac gtgggaaatt 1440
 cccaatcgtg atcttgtagt tattcccagc ctggttcgca actggccaaa acagtaa 1497

<210> 157
 <211> 59
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 157
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagagg aaattattat tgctgatcg 59

<210> 158
 <211> 61
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 158
 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggctc actagtttac ttcttgctg cttcgaatgt 60
 g 61

<210> 159
 <211> 57
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

<220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 159
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagtac accttcacga tgcgtcg 57

<210> 160
 <211> 57

<212> ADN
 <213> secuencia artificial

 <220>
 5 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 160
 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttac ttacagcga gttctc 57

 10 <210> 161
 <211> 57
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

 15 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 161
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa aactgaaca agttgt 57
 20 <210> 162
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

 25 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 162
 30 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttaa ccttcgctta tagtcaattc 60

 <210> 163
 <211> 57
 <212> ADN
 35 <213> secuencia artificial

 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 163
 40 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagggt ggaagcgatt acaccta 57

 <210> 164
 <211> 57
 45 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

 <220>
 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético
 50 <400> 164
 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc actagtttac ttgatagcga gttctc 57

 <210> 165
 55 <211> 63
 <212> ADN
 <213> secuencia artificial

 <220>
 60 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

 <400> 165

	ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa aaaacaaagt ttttcttggt	60
	ggg	63
5	<210> 166 <211> 71 <212> ADN <213> secuencia artificial	
10	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 166 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt accaagtagc agcctgatta	60
	acaacaaccc a	71
15	<210> 167 <211> 62 <212> ADN <213> secuencia artificial	
20	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 167 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa agtaaaagca taatcgaca	60
	at	62
25	<210> 168 <211> 65 <212> ADN <213> secuencia artificial	
30	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 168 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgcct aattcgtcac gtgaatcggt	60
35	tggtc	65
40	<210> 169 <211> 63 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
	<400> 169 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc actcgagaaa agaatagacgc tattcttcct	60
45	ttg	63
50	<210> 170 <211> 59 <212> ADN <213> secuencia artificial	
	<220> <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético	
55	<400> 170	

ES 2 693 243 T3

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt agaaagaaat ctgaatacc 59

<210> 171

<211> 64

5 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

10

<400> 171

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctc aggatccaaa aaaataatta attatgctgt 60

ggcc 64

<210> 172

15 <211> 68

<212> ADN

<213> secuencia artificial

<220>

20 <223> Descripción de la secuencia artificial: ADN sintético

<400> 172

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc gcggccgctt actgttttgg ccagttgcga 60

accagctc 68

25

REIVINDICACIONES

1. Un polipéptido que tiene la secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 151, adecuado para medir un título de anticuerpos en plasma o suero frente a *Porphyromonas gingivalis*.
2. Una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido de acuerdo con la reivindicación 1, en donde el ácido nucleico tiene la secuencia de SEQ ID NO: 152.
3. Un kit de prueba para la titulación de anticuerpos en plasma o suero contra *Porphyromonas gingivalis*, que comprende un polipéptido de acuerdo con la reivindicación 1.
4. Un método para medir un título de anticuerpos contra *Porphyromonas gingivalis* en una muestra de sangre separada de un organismo humano, que comprende poner la muestra de sangre en contacto con un polipéptido antigénico de *Porphyromonas gingivalis*, estando dicho método **caracterizado porque** el polipéptido antigénico de *Porphyromonas gingivalis* es un polipéptido de acuerdo con la reivindicación 1.
5. El uso de un polipéptido de acuerdo con la reivindicación 1 para someter a prueba un título de anticuerpos en plasma o suero frente a *Porphyromonas gingivalis*.
6. Un método para determinar la presencia de una infección por la cepa SU63 de *Porphyromonas gingivalis*, comprendiendo dicho método poner en contacto una muestra de sangre separada de un organismo humano con el polipéptido de acuerdo con la reivindicación 1, en donde una reacción anticuerpo-antígeno indica la presencia de infección por SU63.

Fig.1

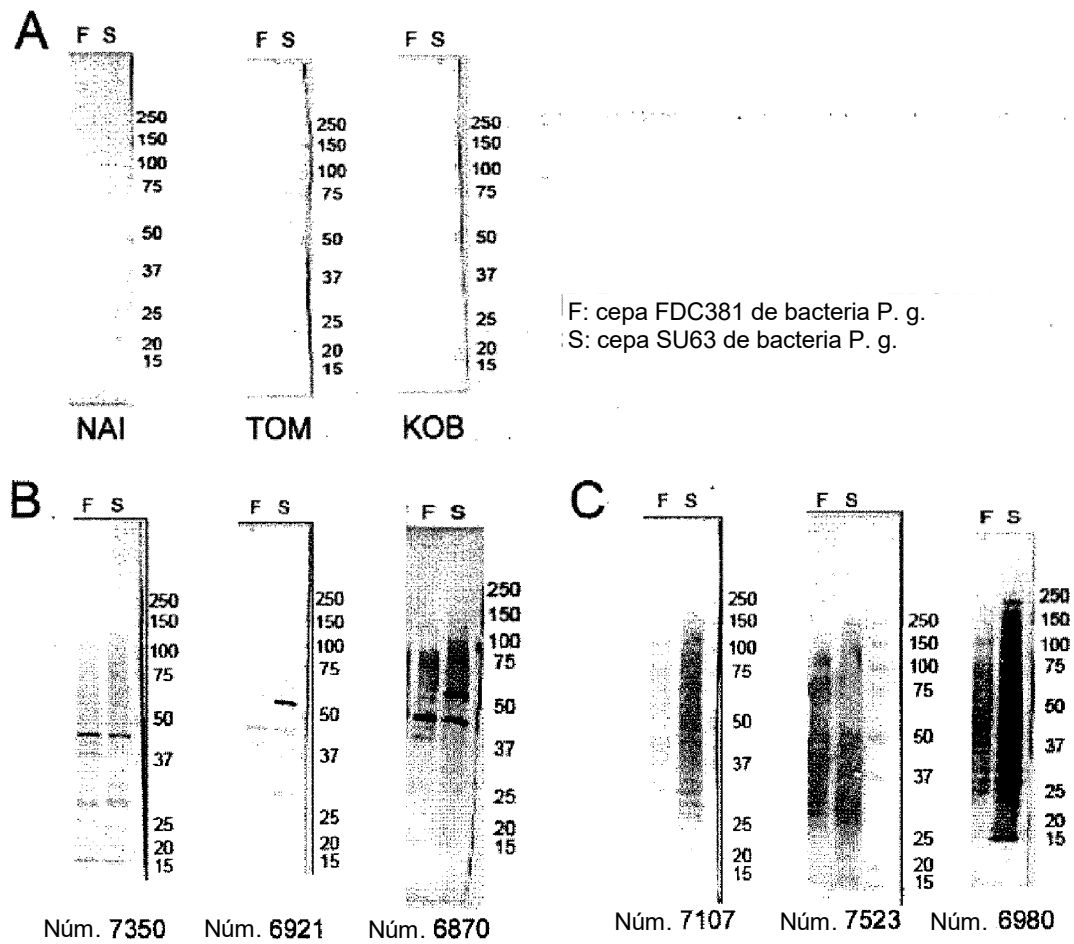
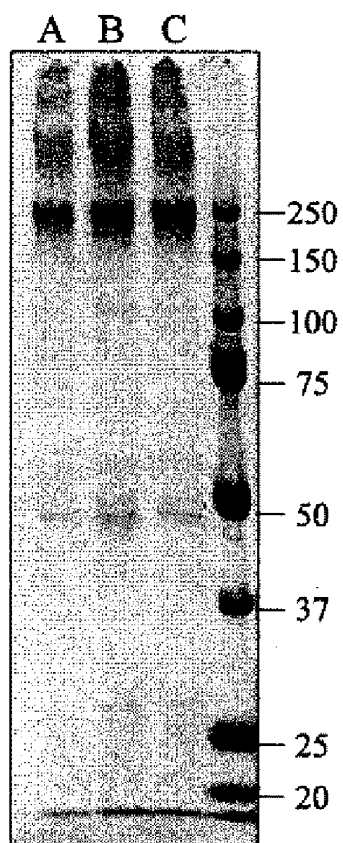


Fig.2



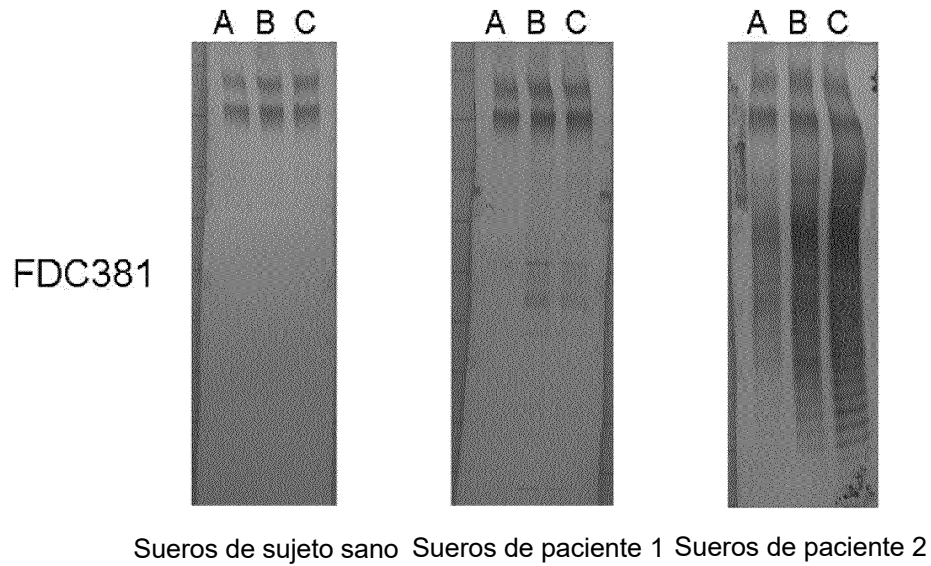
(FDC381)

Calle A: antígeno purificado de sueros de sujeto sano

Calle B: antígeno purificado de sueros de paciente 1

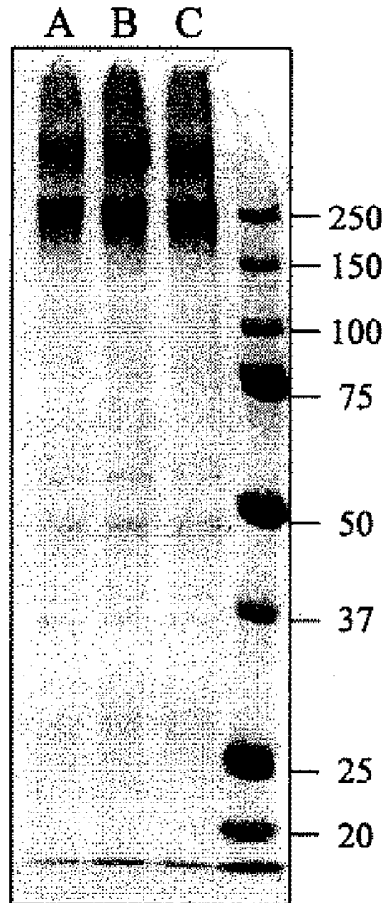
Calle C: antígeno purificado de sueros de paciente 2

Fig.3



Calle A: antígeno purificado de sueros de sujeto sano
Calle B: antígeno purificado de sueros de paciente 1
Calle C: antígeno purificado de sueros de paciente 2

Fig.4



(SU63)

Calle A: antígeno purificado de sueros de sujeto sano
 Calle B: antígeno purificado de sueros de paciente 1
 Calle C: antígeno purificado de sueros de paciente 2

Fig.5

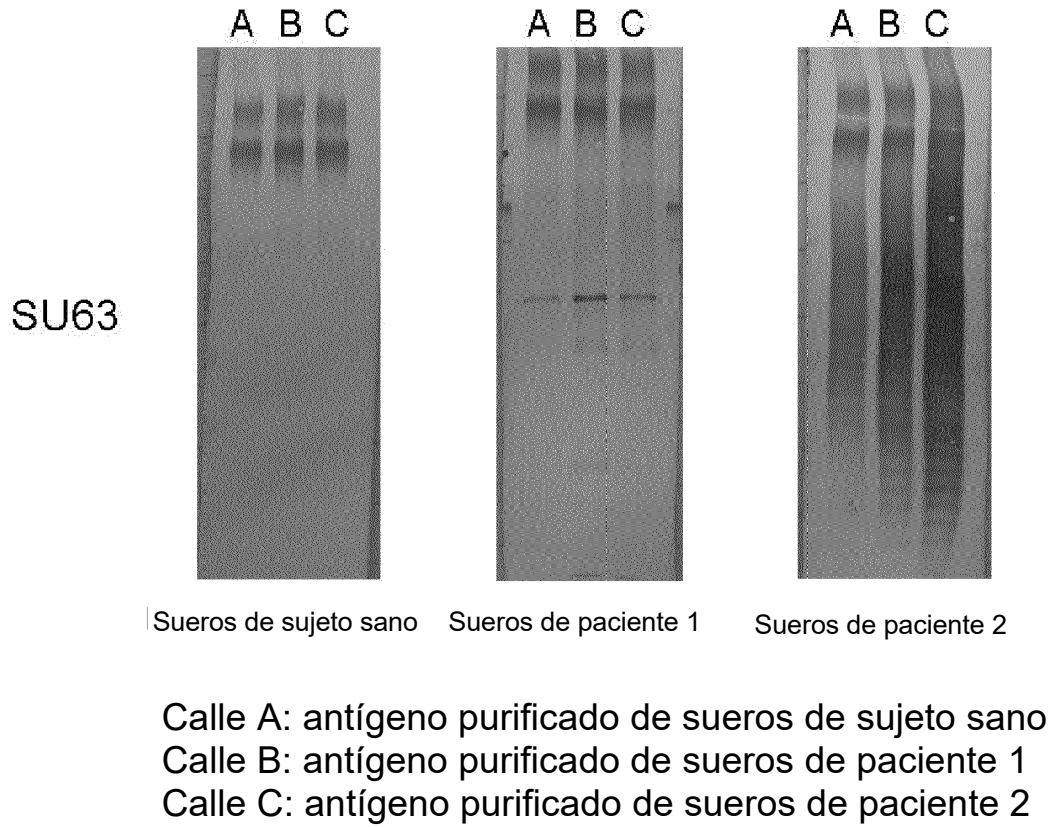


Fig.6

Leyenda probabilidad		Leyenda probabilidad	
más de 95%		más de 95%	
80% a 94%		80% a 94%	
50% a 79%		50% a 79%	
20% a 49%		20% a 49%	
0% a 19%		0% a 19%	

Viabilidad?	Star?	Vista MS/MS	Proteínas identificadas (28)	Número acceso	Peso molecular	Ambigüedad solap. proteína	RelayOn 07X_Rat_BioS
1	1	1	glutamato deshidrogenasa [Porphyr...	gi134540040	43 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
2	2	2	precursor proteasa [Porphyr...	gi134540040	126 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
3	3	3	proteína raga [Porphyrmonas...	gi134540040	112 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
4	4	4	membrana externa principal 53kDa	gi134540040	54 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
5	5	5	fosfoserina aminotransferasa...	gi134540040	40 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
6	6	6	proteína unión hemo FeB [Por...	gi134540040	33 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
7	7	7	Lys gingipaina	gi134540040	187 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
8	8	8	RagA2 [Porphyrmonas gingi...	gi134540040	110 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
9	9	9	Estructura cristal Cadena A de...	gi134540040	23 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
10	10	10	dicalcaldelido 3-fosfato deshidro...	gi134540040	24 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
11	11	11	HmuY [Porphyrmonas gingiv...	gi134540040	24 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
12	12	12	peptidasa familia M24 [Porphyr...	gi134540040	67 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
13	13	13	serina hidroximetiltransferasa...	gi134540040	43 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
14	14	14	proteína hipotética conservada...	gi134540040	60 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
15	15	15	lipoproteína membrana externa...	gi134540040	63 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
16	16	16	peptidil arginina desiminasa [Por...	gi134540040	63 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
17	17	17	estructura 1.9a cadena H...	gi134540040	24 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
18	18	18	estructura cristal Cadena C de ...	gi134540040	12 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
19	19	19	porphyrina	gi134540040	186 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
20	20	20	receptor unido a TonB Tir Porph...	gi134540040	79 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
21	21	21	ferritina [Porphyrmonas gingiva...	gi134540040	19 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
22	22	22	supuesta lipoproteína [Porphyr...	gi134540040	240 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
23	23	23	RagB2 [Porphyrmonas gingiv...	gi134540040	54 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
24	24	24	probable lisil endopeptidasa	gi134540040	103 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
25	25	25	NAD(PH) deshidrogl. familia quinona	gi134540040	30 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
26	26	26	proteína unión hemo 35 kDa...	gi134540040	35 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
27	27	27	proteína unión a ADN de cél. priv	gi134540040	18 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)
28	28	28	lipoproteína RagB [Porphyrmon...	gi134540040	54 kDa	1	31683A.RAW (FO4003)

Viabilidad?	Star?	Vista MS/MS	Proteínas identificadas (28)	Número acceso	Peso molecular	Ambigüedad solap. proteína	RelayOn 07X_Rat_BioS
1	1	1	cisteína proteinasa especif argin...	gi11889343	185 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
2	2	2	Rag2A [Porphyrmonas gingiva...	gi11889343	156 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
3	3	3	fimbria 53 kDa [Porphyrmonon...	gi11889343	54 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
4	4	4	supuesta lipoproteína [Porphyr...	gi11889343	240 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
5	5	5	RagB2 [Porphyrmonas gingiv...	gi11889343	55 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
6	6	6	proteína hipotética conserv [Porph...	gi11889343	82 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
7	7	7	peptidilarginina desiminasa [Porph...	gi11889343	82 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
8	8	8	estructura cristal cadena A de...	gi11889343	33 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
9	9	9	proteína de unión a hemo 35 kDa	gi11889343	35 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
10	10	10	proteína raga [Porphyrmonas gi...	gi11889343	117 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
11	11	11	proteína hipotética PG1881 [Porph...	gi11889343	53 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
12	12	12	estructura cristal cadena D de...	gi11889343	23 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
13	13	13	proteína unión a hemo FeB...	gi11889343	33 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
14	14	14	proteína hipotética PGN_1611 [Por...	gi11889343	53 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
15	15	15	glutamato deshid. dependiente NAD	gi11889343	49 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
16	16	16	Lys gingipaina [Porphyrmonas...	gi11889343	187 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
17	17	17	fosfoserina aminotransferasa...	gi11889343	40 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
18	18	18	antígeno inmunoreactivo 42 kDa...	gi11889343	42 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
19	19	19	proteína hipotética PGN_0231...	gi11889343	134 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
20	20	20	HmuY [Porphyrmonas gingiva...	gi11889343	34 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
21	21	21	proteína hipotética PGN_0477...	gi11889343	51 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
22	22	22	proteína hemaglutinina Haga [Porp...	gi11889343	283 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
23	23	23	precursor proteína 41 membrana ext.	gi11889343	43 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
24	24	24	fimbria [Porphyrmonas gingiv...	gi11889343	41 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
25	25	25	proteína hipotética PGD491...	gi11889343	55 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
26	26	26	componente menor FinE [Porph...	gi11889343	81 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
27	27	27	receptor unido a TonB Tir [Porph...	gi11889343	78 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)
28	28	28	proteína hipotética PGN_0660...	gi11889343	33 kDa	1	40313A.RAW (FO4339)

Cepa SU63

Cepa FDC381

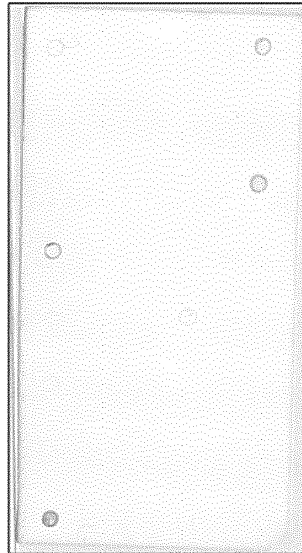
Fig.7

Núm	Proteínas identificadas	Núm. acceso	PM	Cepa SU63				Cepa SFD381				Candidatos para síntesis específicos de paciente selección primaria	Candidatos síntesis específicos p.g. selección primaria
				A	B	C		A	B	C			
				40513	40514	40515		39688	39689	39789			
Función: desconocida, antigenicidad: desconocida													
1	suavea lipoproteína IPorhromonas oi.	[P] 345400	240 kDa	0	21	13		0	0	2		○ (Solapado Núm.4)	○
2	proteína hipotética conservada	[P] 188994	92 kDa	2	10	10		0	2	4		○	○ (Candida)
3	proteína hipotética PG1881 IPorhromonas	[P] 345414	53 kDa	0	5	3						○	○
4	proteína hipotética PGN 0291 IPorhiv	[P] 188994	134 kDa	0	6	6						○ (Solapado Núm.1)	○
5	proteína hipotética PGD491 IPorhromonas	[P] 345403	80 kDa	0	4	0						○	x (Bacteroides)
6	proteína hipotética PGN 181mm IPorhiv	[P] 188995	53 kDa	0	2	5						○	○
7	proteína hipotética PGN 0447 IPorhiv	[P] 188994	61 kDa	0	2	0						○	Δ (Bacteroides)
8	proteína hipotética PGN-0860 IPorhiv	[P] 188994	39 kDa	0	0	2						○	Δ (Bacteroides)
Función: conocida, antigenicidad: desconocida													
9	proteína membrana externa principal 53kDa	[P] 383252	54 kDa	0	28	13		2	12	8		○	○
10	proteína de unión a hemina 35 kDa IPorh	[P] 188994	38 kDa	0	7	5		0	0	2		○	○
11	proteína de unión a hemina FetB IPorh	[P] 188994	33 kDa	0	6	2		0	5	9		○	Δ (Glossinidum)
12	glutamato deshidro. dependiente de NAD	[P] 150642	49 kDa	0	4	0		11	16	28		Δ	x (Conservation high)
13	fosfoserina aminotransferasa	[P] 345409	40 kDa	0	2	2		3	4	11		○	Δ (Bacteroides)
14	receptor unido a TonB TP IPorhromonas	[P] 188994	79 kDa	0	0	2		0	0	4		○	Δ (Chlorobium)
15	fibritina IPorhromonas aniovalis	[P] 345417	41 kDa	0	4	0						○	○
16	componente menor FintE IPorhromonas	[P] 188994	61 kDa	0	3	0						○	○
17	proteína hemaalutina HaaA IPorhiv	[P] 188995	283 kDa	3	0	0						○	○
18	precursor de proteasa IPorhromonas	[P] 181399	186 kDa	0	0	0						○	○
19	HmuY IPorhromonas aniovalis	[P] 119397	24 kDa	0	2	0		6	15	29		○ (Solapado Núm.35)	○
20	peptidasa familia M24 IPorhromonas	[P] 345409	67 kDa	0				0	3	3		○	○
21	olicealidehido 3-fosfato deshidrogenasa	[P] 345417	36 kDa	0				2	2	5		○	x (Bacteroides)
22	ferritina IPorhromonas aniovalis	[P] 345409	19 kDa	0				0	2	0		○	x (Bacteroides)
23	serina hidroximetiltransferasa	[P] 345399	47 kDa	0				2	0	4		○	x (Tannerella)
24	lipoproteína membrana externa Omp	[P] 345417	32 kDa	0				0	0	6		○	○
25	porfipaina	[P] 131432	188 kDa	0				0	0	22		○ (Solapado Núm.32)	○
26	precursor lisil endooxidasa probable	[P] 188995	103 kDa	0				0	0	3		○	○
27	NAD(P)H deshidrogenasa familia quinona	[P] 345414	20 kDa	0				0	0	2		○	Δ (Staphylococcus)
28	proteína unida a ADN de células privadas	[P] 188995	18 kDa	0				0	0	2		○	x (Bacteroides)
Función: desconocida, antigenicidad: conocida													
29	antígeno PG33 inmunoreactivo 42 kDa	[P] 345404	42 kDa	0	3	2						○	Δ (Parabacteroides)
Función: conocida, antigenicidad: conocida													
30	RadA2 IPorhromonas aniovalis	[P] 616524	116 kDa	23	27	30		3	4	7		x (Solapado Núm.34)	○
31	RadB2 IPorhromonas aniovalis	[P] 616524	56 kDa	5	14	12		0	0	2		○ (Solapado Núm.37)	○
32	Lys-dinopaina	[P] 331475	187 kDa	0	13	13		0	8	23		○ (Solapado Núm.25)	○
33	pedicilina desaminasa IPorhiv	[P] 345411	62 kDa	2	9	10		0	0	4		○	Δ (Candida)
34	proteína radA IPorhromonas aniovalis	[P] 345400	112 kDa	0	4	6		6	12	15		○ (Solapado Núm.30)	Δ (Bacteroides)
35	cisteína proteinasa específica de arginina	[P] 188995	185 kDa	25	37	34						x (Solapado Núm.19)	Δ (Candida)
36	precursor proteína 41 membrana externa	[P] 188994	43 kDa	0	2	2						○	Δ (Parabacteroides)
37	lipoproteína RadB IPorhromonas	[P] 345404	56 kDa	0				0	0	2		○	○

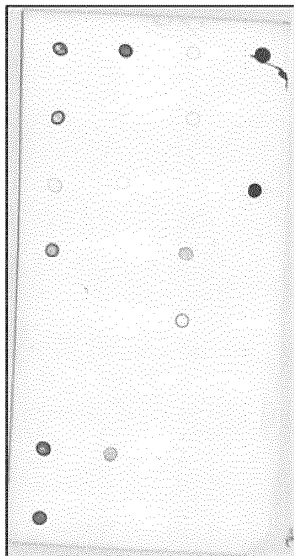
Fig.8

Disposición

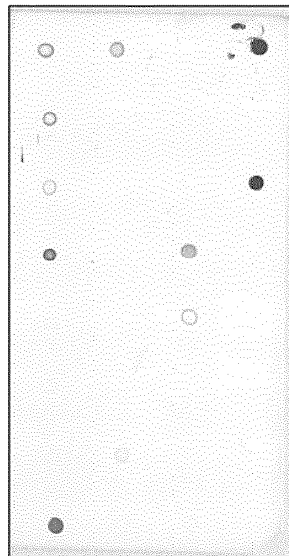
	A	B	C	D
1	2	11	21	32
2	3	12	22	34
3	4	13	23	35
4	6	14	24	36
5	7	15	26	37
6	8	16	27	
7	9	19	28	
8	10	20	29	



Reserva suero sujeto sano



Reserva suero paciente 1



Reserva suero paciente 2

(Solapado Núm.30)
(Solapado Núm.18)

Fig.9

Antígeno Núm.	Reserva suero sujeto sano	Reserva suero paciente 1	Reserva suero paciente 2
2	258581	10299784	4544221
3	0	7938453	3591925
4	0	533560	1030417
6	2586477	8030066	8508309
7	0	0	0
8	0	0	0
9	Ruido	12972685	0
10	7803423	12163942	13135284
11	0	11823066	4149132
12	0	0	Ruido
13	0	133558	Ruido
14	0	0	Ruido
15	0	0	Ruido
16	0	0	0
19	0	3750092	Ruido
20	Ruido	Ruido	Ruido
21	0	331257	Ruido
22	0	416198	Ruido
23	0	Ruido	Ruido
24	0	3308269	6252161
26	431110	2392354	1561578
27	0	0	0
28	Ruido	Ruido	Ruido
29	120564	0	Ruido
32	2539358	20813860	21344255
34	0	57190	Ruido
35	3778184	16754505	15833022
36	Ruido	Ruido	Ruido
37	Ruido	Ruido	Ruido
Blanco 1	6471	40767	231273
Blanco 2	214	2544	568794
Blanco 3	118823	56711	803725

(Nota) Los antígenos que tenían valores de señal iguales o menores que el blanco 3 se trataron como ruidos

Fig.10

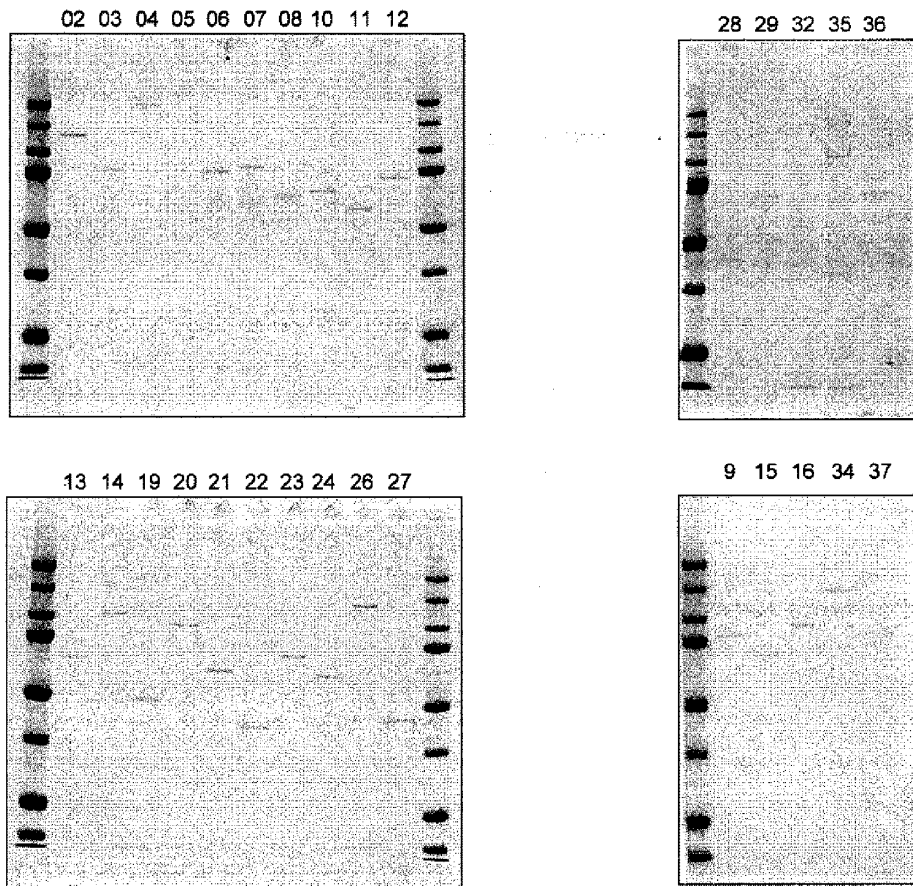


Fig.11

		Sueros sujeto sano			Referencia sujeto sano
		TOM	NAI	KOB	
Núm. proteína antigénica	2	1598447	n.d.	2085186	2085186
	3	n.d.	n.d.	n.d.	0
	4	n.d.	n.d.	n.d.	0
	6	5738276	6763839	7678131	7678131
	9	n.d.	n.d.	n.d.	0
	10	4314709	n.d.	10899925	10899925
	11	n.d.	n.d.	n.d.	0
	13	n.d.	n.d.	n.d.	0
	19	n.d.	n.d.	n.d.	0
	21	n.d.	n.d.	n.d.	0
	22	n.d.	n.d.	n.d.	0
	24	n.d.	n.d.	n.d.	0
	26	867630	n.d.	70695	867630
	28	n.d.	n.d.	n.d.	0
	32	2060812	n.d.	2503064	2503064
	35	1207265	2214521	4781758	4781758

Fig.12

Sueros pacientes												
	6809	6816	6823	6896	6918	6921	6923	6926	6975	6980	6991	7056
2	5803638	34058	1831604	11420150	8725092	21783541	4619959	1122471	7637207	3846670	6366756	13327426
3	4213786	1052796	2673715	1786686	2667842	1717493	n.d.	4076342	n.d.	3063362	755382	n.d.
4	n.d.	n.d.	4275779	774743	n.d.	260566	n.d.	445621	484018	n.d.	1463594	n.d.
6	982269	n.d.	3339197	5638192	9315388	13563288	2638447	n.d.	8730205	1660360	5769628	12045846
9	2138181	530806	n.d.	n.d.	8130699	19108792	2475879	18839709	n.d.	n.d.	4945931	n.d.
10	3011852	3196144	51497	4567676	5466625	12568914	8659082	3539280	7551358	4304725	1185998	10191477
11	n.d.	1698642	n.d.	1784310	n.d.	15880529	n.d.	n.d.	n.d.	4819952	631311	n.d.
13	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.
19	n.d.	2835786	n.d.	n.d.	843581	n.d.	1992580	n.d.	n.d.	1057635	n.d.	n.d.
21	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.
22	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.
24	n.d.	n.d.	n.d.	956146	400189	n.d.	623094	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	1214323
26	n.d.	3100160	n.d.	781088	1811202	n.d.	n.d.	2124685	7148056	689655	1040848	2654894
28	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.
32	10050844	31073871	15677565	24806162	27580055	37993686	21951328	13493555	24471576	33808621	18913419	18459270
35	16400320	30769150	22164743	26989140	32034025	39202988	28512158	25685815	27395794	34695924	24907585	19496370
Núm. proteína antigénica												

Sueros pacientes												
	7107	7125	7350	7395	7457	7492	7495	7500	7523	7524	7835	
2	7135308	6492410	8247603	3679263	3307117	5189959	6648274	10273473	n.d.	2760055	7201491	
3	1156814	5296326	9692008	n.d.	1984077	n.d.	527102	n.d.	3708897	2113402	n.d.	
4	136479	2753433	2796850	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	4009799	n.d.	n.d.	
6	13004770	4107684	5643361	9015055	3946328	18268558	2965608	5731338	3647004	n.d.	5566052	
9	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	9834044	1950829	n.d.	16886309	n.d.	
10	12724626	8993618	8154442	6181998	10541814	33529948	8538616	12731218	5609949	17302265	8010635	
11	5872259	3720359	28845908	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	2628677	n.d.	n.d.	n.d.	
13	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	
19	1432198	2206455	4725876	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	7109750	n.d.	
21	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	
22	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	1074568	n.d.	
24	9692976	4159059	4521232	n.d.	n.d.	n.d.	2919715	1769221	n.d.	2666362	n.d.	
26	372510	-36479	1222952	n.d.	1963418	n.d.	2505485	1727201	1356828	3635711	n.d.	
28	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	
32	24188732	25021544	35044983	6232588	28278169	26049378	22508836	9803250	20720662	25697472	10567896	
35	33620714	29575885	37979539	11704948	31550088	25661283	22786143	13741482	22551414	26216464	16145927	

Fig.13

		Núm. proteína antigénica																
		2	3	4	6	9	10	11	13	19	21	22	24	26	28	32	35	
Pacientes	6809	○	○			○										○	○	
	6816		○			○		○						○		○	○	
	6823		○	○												○	○	
	6896	○	○	○				○					○			○	○	
	6918	○	○		○	○				○			○	○		○	○	
	6921	○	○	○	○	○	○	○								○	○	
	6923	○				○				○			○			○	○	
	6926		○	○		○								○		○	○	
	6975	○		○	○										○		○	○
	6980	○	○					○		○							○	○
	6991	○	○	○		○		○							○		○	○
	7056	○			○									○	○		○	○
	7107	○	○	○	○		○	○		○				○			○	○
	7125	○	○	○				○		○				○			○	○
	7350	○	○	○				○		○				○	○		○	○
	7395	○			○												○	○
	7457	○	○												○		○	○
	7492	○															○	○
	7495	○	○			○								○	○		○	○
	7500	○				○	○	○						○	○		○	○
7523		○	○											○		○	○	
7524	○	○			○	○			○		○	○	○			○	○	
7835	○															○	○	

Fig.14

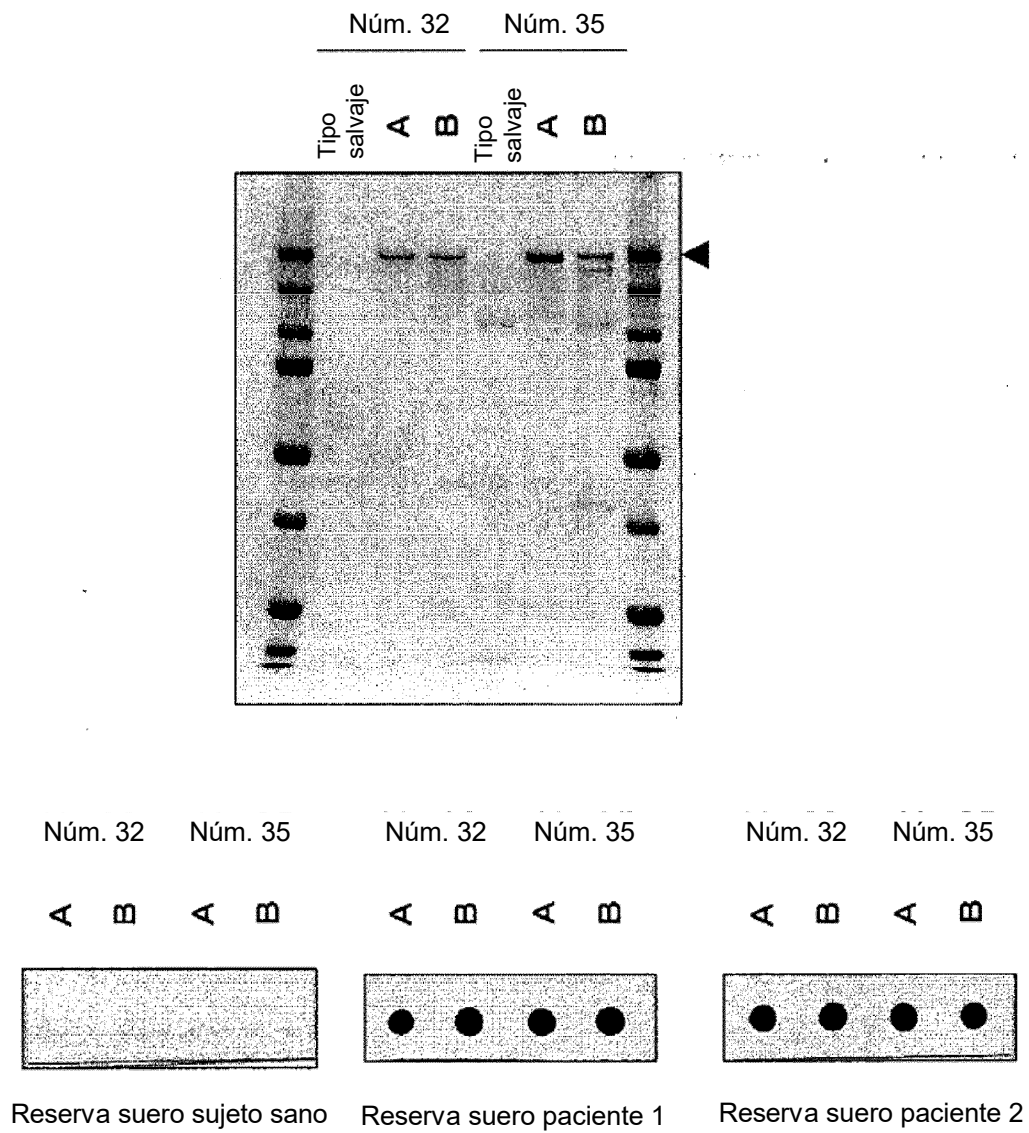
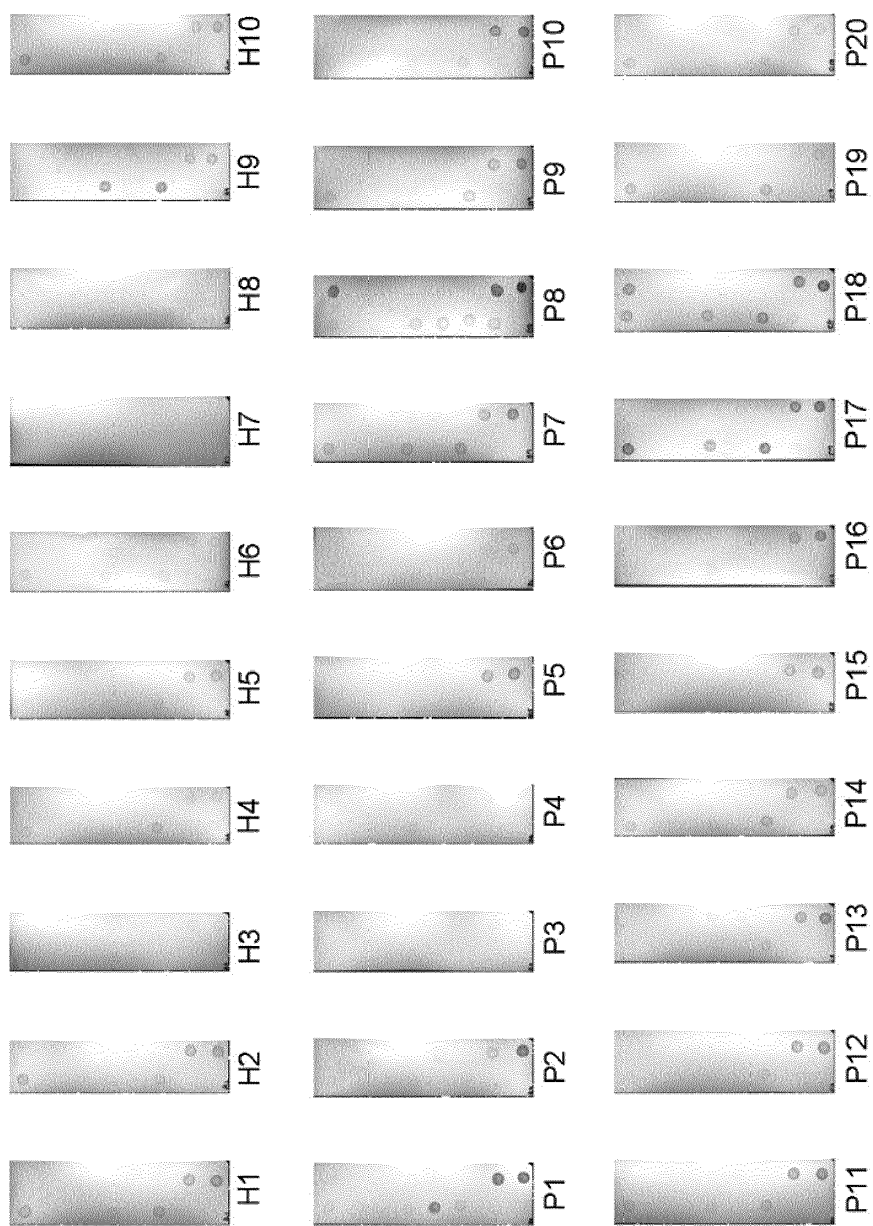


Fig.15



2	19
3	21
4	22
6	24
9	26
10	28
11	32A
13	35A

Vista disposición

Fig.16

Núm. suero	Núm. Antígeno															
	2	3	4	6	9	10	11	13	19	21	22	24	26	28	32A	35A
H1	5654109	0	0	1381433	0	4515749	0	0	0	117043	0	0	189483	0	6397032	11798073
H2	7208773	0	0	744716	0	2644644	0	0	0	0	0	0	572129	0	8191840	8490813
H3	0	0	0	478138	0	417326	0	0	0	0	0	0	358337	0	1347285	1244723
H4	2389618	0	0	1236766	0	3617334	0	0	0	0	0	0	0	0	1476959	2239358
H5	885872	0	0	996337	0	1843154	0	0	0	0	0	0	0	0	4601450	5098186
H6	3177760	0	0	1906100	0	1956331	0	0	0	0	0	0	0	0	1919412	1734553
H7	0	0	0	334140	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H8	188496	0	0	505527	0	1566093	0	0	0	0	0	0	440992	67383	259018	265806
H9	1391316	0	0	14444905	0	17585332	0	0	0	0	0	0	1063996	0	5076288	7148812
H10	8325890	0	0	1742290	0	5214255	0	0	155293	0	0	0	807559	0	4951639	8324489
P1	2100735	492763	129941	1874985	13946742	2939217	1023	0	910676	30133	0	236165	444335	0	20473257	23790318
P2	520878	421042	0	858542	0	805653	0	0	0	0	0	303320	260758	0	4248022	20782596
P3	0	0	0	41854	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	730462	646517
P4	0	0	0	1655204	0	0	0	0	0	0	132241	0	0	0	774381	1141623
P5	0	0	0	125371	0	0	0	0	0	0	0	402299	0	0	8556587	12433742
P6	0	0	0	760653	116173	0	0	0	54753	0	0	0	0	0	2632130	5102330
P7	6324287	0	0	5727508	0	8301958	369154	0	0	0	0	418574	727651	0	8654785	16150790
P8	3047617	0	0	5501148	5756030	6049493	7015822	0	19070325	0	0	825206	0	0	23401904	24713418
P9	4149839	0	0	304774	0	7270566	0	0	1592	0	0	0	0	0	9146531	11542814
P10	1462739	252940	0	865484	0	2918847	0	0	0	0	0	0	0	0	11480440	13529758
P11	3270706	0	0	1882807	0	4084577	69175	0	227608	0	0	230281	266678	0	12921785	16177136
P12	644249	0	0	417911	0	2494042	0	0	0	0	0	0	0	0	10550115	13825087
P13	264425	257478	4712	575860	0	2795891	340783	0	0	0	0	1336425	1122389	0	9244550	13546232
P14	3835136	0	0	1776591	0	5934493	0	0	0	0	0	0	0	0	5772340	5713361
P15	1417	0	0	227025	0	238700	39426	0	0	0	0	234836	356886	0	4905648	8373424
P16	337451	0	301375	1123415	0	682491	660068	0	0	0	0	0	0	0	7655653	11996144
P17	19456228	224392	0	10971464	0	20892789	832291	0	0	0	0	473064	1235810	0	14333172	19856112
P18	9926484	1293374	241915	8109836	1193607	12625957	1912661	0	13017556	0	0	349732	374868	0	18439438	27460913
P19	7159271	0	0	803503	53955	8134039	0	0	0	0	0	0	745866	0	1889678	3228540
P20	4413581	0	0	1481315	0	2330308	0	0	0	0	0	0	0	0	3404305	3420444
Grupo suero sujetos sanos																
Grupo suero pacientes																

Fig.17

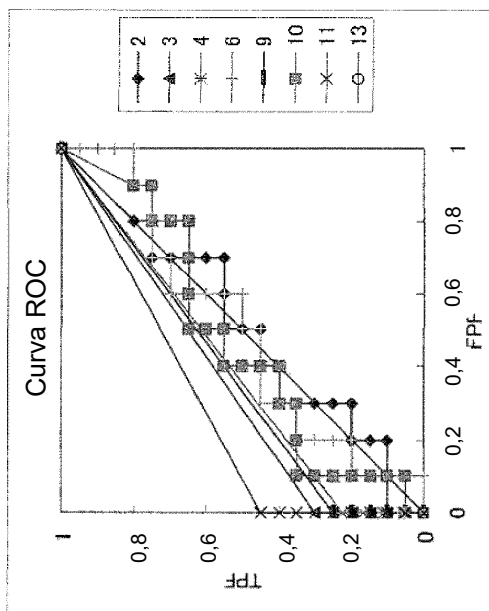
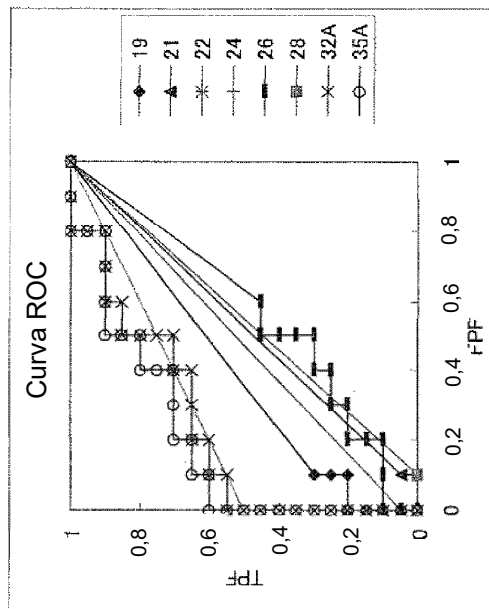
	Núm. Suero	Núm. Antígeno															
		2	3	4	6	9	10	11	13	19	21	22	24	26	28	32A	35A
Grupo suero sujeto sano	H1	○			○		○				○			○		○	○
	H2	○			○		○							○		○	○
	H3				○		○							○		○	○
	H4	○			○		○									○	○
	H5	○			○		○									○	○
	H6	○			○		○									○	○
	H7				○												
	H8	○			○		○							○	○	○	○
	H9	○		—	○		○							○		○	○
	H10	○		—	○		○			○				○		○	○
Grupo suero paciente	P1	○	○	○	○	○	○	○		○	○		○	○		○	○
	P2	○	○		○		○						○	○		○	○
	P3				○								○			○	○
	P4				○							○				○	○
	P5				○								○			○	○
	P6				○	○				○						○	○
	P7	○			○		○	○					○	○		○	○
	P8	○			○	○	○	○		○			○			○	○
	P9	○			○		○			○						○	○
	P10	○	○	—	○		○									○	○
	P11	○			○		○	○		○			○	○		○	○
	P12	○			○		○									○	○
	P13	○	○	○	○		○	○					○	○		○	○
	P14	○			○		○									○	○
	P15	○			○		○	○					○	○		○	○
	P16	○		○	○		○	○								○	○
	P17	○	○		○		○	○					○	○		○	○
	P18	○	○	○	○	○	○	○		○			○	○		○	○
	P19	○			○	○	○							○		○	○
	P20	○		—	○		○									○	○

Fig.18

Núm. Antígeno	Valor medio señal		Razón Señal/Ruido
	G sujeto sano (Ruido)	G paciente (Señal)	
2	2922163	3345752	1,14
3	0	147099	Ruido: 0
4	0	37664	Ruido: 0
6	2377035	2254253	0,95
9	0	1053325	Ruido: 0
10	3936021	4424951	1,12
11	0	562020	Ruido: 0
13	0	0	Ruido: 0
19	15529	1664125	107,16
21	11704	1507	0,13
22	0	6612	Ruido: 0
24	0	242985	Ruido: 0
26	343240	276752	0,81
28	6738	0	0,00
32A	3422092	8959774	2,62
35A	4634482	12671575	2,73



Fig.19



Núm. Antígeno	2	3	4	6	9	10	11	13
AUC	0,490	0,650	0,611	0,495	0,625	0,530	0,725	0,500

Núm. Antígeno	19	21	22	24	26	28	32A	35A
AUC	0,605	0,473	0,525	0,750	0,430	0,450	0,780	0,815

Fig.20

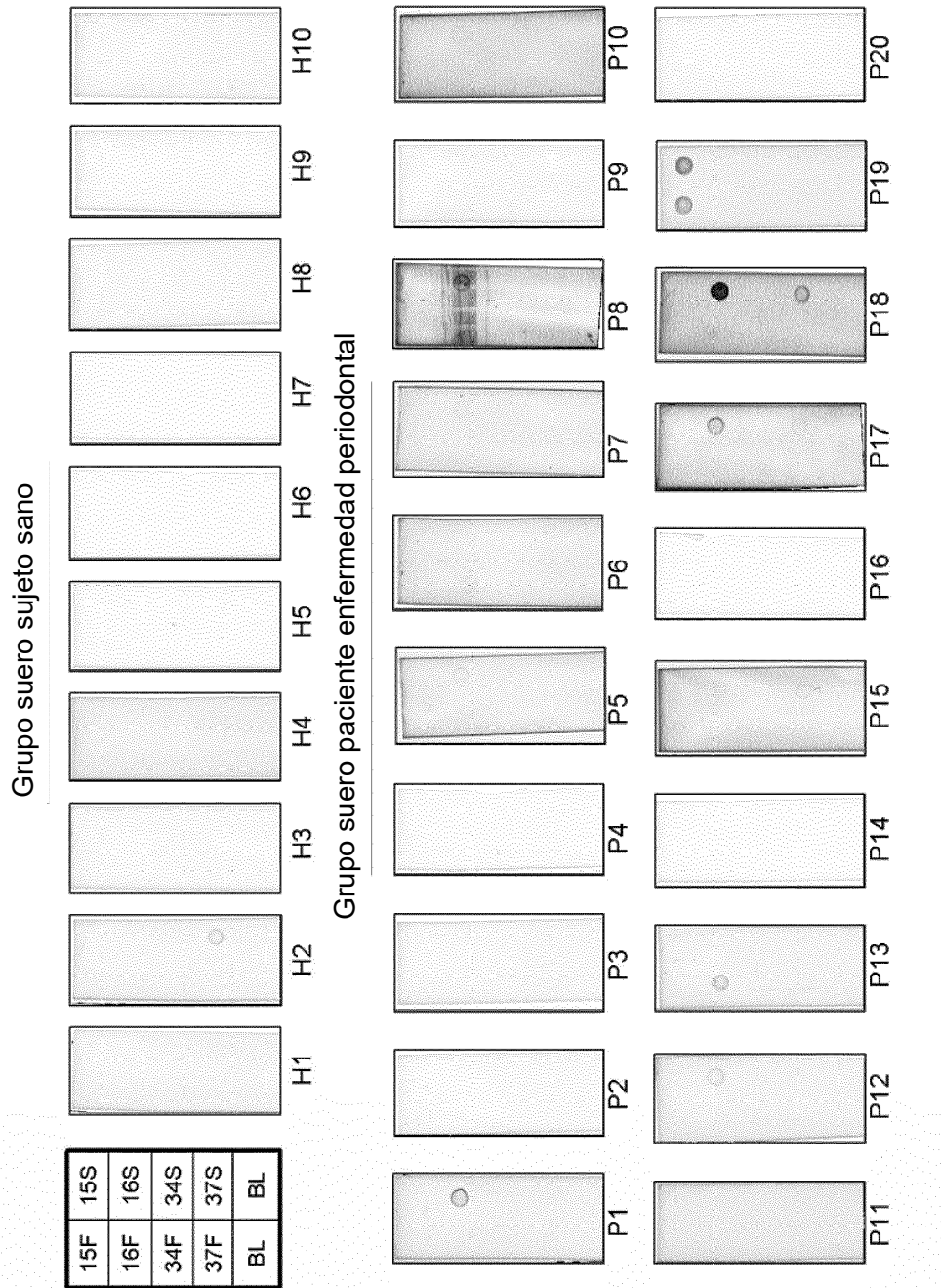


Fig.21

Núm.	Cepas	Grupo suero sujeto sano										Grupo suero paciente																				
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
15	FDC381																															
	SU63																															
16	FDC381																															
	SU63																															
34	FDC381																															
	SU63																															
37	FDC381																															
	SU63																															