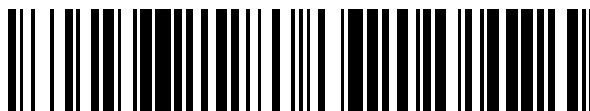


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 738 632**

51 Int. Cl.:

A61K 31/191 (2006.01)

A61K 31/164 (2006.01)

A61K 33/26 (2006.01)

A61K 39/02 (2006.01)

A61P 31/04 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **15.02.2013** **PCT/GB2013/050367**

87 Fecha y número de publicación internacional: **22.08.2013** **WO13121214**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **15.02.2013** **E 13709500 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **08.05.2019** **EP 3068384**

54 Título: **Complejos de hierro para la reducción de la colonización del tracto gastrointestinal por Campylobacter**

30 Prioridad:

16.02.2012 GB 201202681

08.11.2012 GB 201220158

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

24.01.2020

73 Titular/es:

AKESO BIOMEDICAL INC (100.0%)

**2400 District Avenue
Burlington, MA 01803, US**

72 Inventor/es:

**MAHDAVI, JAFAR y
ALA' ALDEEN, DLAWER**

74 Agente/Representante:

VALLEJO LÓPEZ, Juan Pedro

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 738 632 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

Complejos de hierro para la reducción de la colonización del tracto gastrointestinal por *Campylobacter*

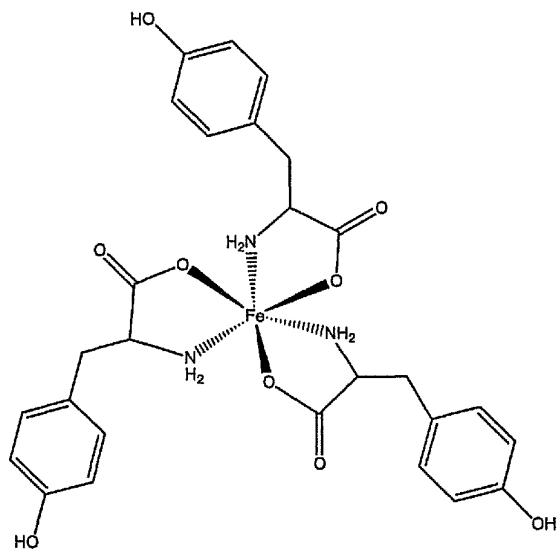
- 5 La presente invención se refiere a usos y métodos para prevenir o reducir la colonización del tracto gastrointestinal de un animal con *Campylobacter*. En particular, se refiere a la reducción o la prevención de la colonización del tracto gastrointestinal de aves de corral con *Campylobacter*.

10 *Campylobacter* es la causa bacteriana más común de gastroenteritis en el Reino Unido y en el mundo industrializado. *Campylobacter jejuni* (*C. jejuni*) es responsable de aproximadamente el 90 % de las infecciones por *Campylobacter*, estando la mayoría del resto causada por *C. coli*. *Campylobacter* forma parte de la flora gastrointestinal natural de muchas aves y animales domésticos, pero se cree que los pollos constituyen la mayor fuente de infección humana. Los pollos infectados son asintomáticos a pesar de albergar hasta 10^8 unidades formadoras de colonias (UFC) por gramo de contenido intestinal. La carne, en particular la carne de pollo, a menudo se contamina con contenidos intestinales, incluyendo *Campylobacter*, durante el sacrificio. En los seres humanos, las especies de *Campylobacter* causan enfermedades que varían en gravedad, desde diarrea acuosa leve hasta disentería sanguinolenta. En un pequeño subgrupo de pacientes, la fase aguda de la enfermedad es seguida por secuelas graves, incluyendo síndrome de Guillain-Barré y artritis reactiva.

20 Por lo tanto, es de gran interés proporcionar métodos para reducir y prevenir el riesgo de contaminación de la carne con *Campylobacter* y, por lo tanto, el riesgo de infección humana con *Campylobacter*. También es de interés proporcionar nuevos tratamientos para la infección humana con *Campylobacter* (campilobacteriosis).

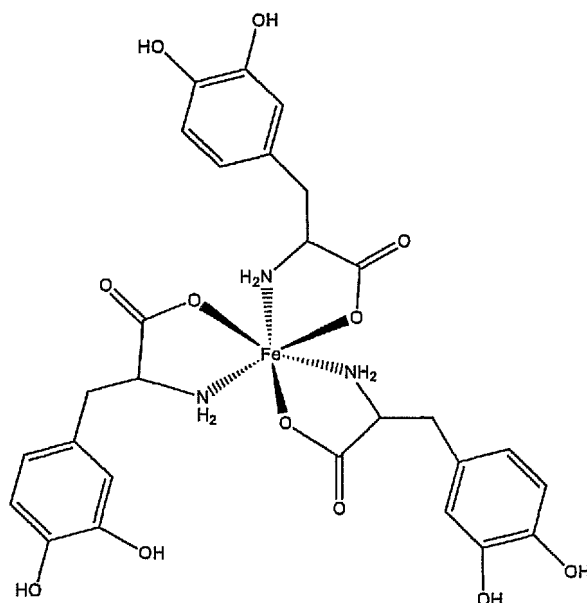
25 Por consiguiente, de acuerdo con la reivindicación 1, la presente invención proporciona un compuesto para su uso en un método para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de un animal y desinfectar así al animal, en el que el compuesto se selecciona del grupo que consiste en:

a) un complejo de tirosina con Fe III



a) quinato férrico; y

b) un complejo de 3,4 dihidroxifenilalanina con Fe III



Opcionalmente, el compuesto para su uso está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

De acuerdo con la reivindicación 2, la presente invención también proporciona el uso de un compuesto como se ha definido anteriormente, para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de un animal no humano y, por lo tanto, desinfectar al animal, por un método que comprende administrar al menos un compuesto como se ha definido anteriormente, en una cantidad efectiva para dicho animal para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de dicho animal y luego sacrificar al animal. Opcionalmente, en uso, el compuesto está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

De acuerdo con la reivindicación 3, la presente invención también proporciona un método para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de dicho animal no humano y, por lo tanto, desinfectar el animal antes del sacrificio, comprendiendo el método: i) administrar al menos un compuesto como se ha definido anteriormente en una cantidad efectiva a dicho animal para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de dicho animal; y ii) sacrificar al animal. Opcionalmente, el compuesto para su uso tiene la forma de un alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

La presente invención, de acuerdo con la reivindicación 1, también proporciona un compuesto como se ha definido anteriormente para su uso en un método para prevenir o reducir la colonización del tracto gastrointestinal de animales con *Campylobacter*. Opcionalmente, el compuesto para su uso está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

De acuerdo con la reivindicación 2, la presente invención también proporciona el uso de un compuesto como se ha definido anteriormente para prevenir o reducir la colonización del tracto gastrointestinal de animales no humanos con *Campylobacter*, por un método que comprende administrar al menos un compuesto como se ha definido anteriormente a dicho animal y, después, sacrificar al animal. Opcionalmente, en uso, el compuesto está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

La presente invención también proporciona, de acuerdo con la reivindicación 1, un compuesto como se ha definido anteriormente para su uso en un método para prevenir que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de un animal o reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de un animal, y desinfectar de este modo al animal. Opcionalmente, el compuesto para su uso está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

De acuerdo con la reivindicación 2, la presente invención también proporciona el uso de un compuesto como se ha definido anteriormente, para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de un animal no humano, o reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de un animal y desinfectar de este modo al animal, por un método que comprende administrar al menos un compuesto como se ha definido anteriormente en una cantidad efectiva a dicho animal para evitar que *Campylobacter* forme una

biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal y, a continuación, sacrificar al animal. Opcionalmente, en uso, el compuesto está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

5 De acuerdo con la reivindicación 4, la presente invención también proporciona un método para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de un animal no humano o reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de un animal y desinfectar de este modo al animal, comprendiendo el método: i) administrar al menos un compuesto como se ha definido anteriormente en una cantidad efectiva a dicho animal para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal; y
10 ii) sacrificar al animal. Opcionalmente, el compuesto para su uso en el método está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

15 De acuerdo con la reivindicación 5, la presente invención también proporciona un compuesto como se ha definido anteriormente para su uso en un método para prevenir o reducir la transmisión de la infección por *Campylobacter* de un animal a otro; en el que el método comprende administrar el compuesto a dichos animales en una cantidad eficaz para evitar que dicho *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal. Opcionalmente, el compuesto para su uso está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

25 De acuerdo con la reivindicación 6, la presente invención también proporciona el uso de un compuesto como se ha definido anteriormente para la prevención o reducción de la transmisión de la infección por *Campylobacter* de un animal no humano a otro; por un método que comprende la administración del compuesto a dichos animales en una cantidad eficaz para evitar que dicho *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal y, después, sacrificar a los animales. Opcionalmente, en uso, el compuesto está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

30 La presente invención también proporciona, de acuerdo con la reivindicación 7, un método para prevenir o reducir la transmisión de la infección por *Campylobacter* de un animal no humano a otro antes del sacrificio, por ejemplo, prevenir o reducir la propagación de la infección por *Campylobacter* dentro de una manada o rebaño de animales, por ejemplo, prevenir la propagación de la infección por *Campylobacter* dentro de una bandada de pollos; comprendiendo dicho método administrar a dichos animales, por ejemplo dicho rebaño o bandada de animales, por ejemplo dicha bandada de pollos, al menos un compuesto como se ha definido anteriormente en una cantidad efectiva para evitar que dicho *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal; y sacrificar a los animales.

40 Los usos y métodos de la presente invención pueden permitir la desinfección, prevención de la formación de biopelícula y reducción de la transmisión de *Campylobacter* entre animales al prevenir o reducir la adherencia de *Campylobacter* al tracto gastrointestinal de dichos animales. Esto es ventajoso porque la menor cantidad de *Campylobacter* que se encuentra en el tracto gastrointestinal de un animal en el momento del sacrificio, cuanto menor sea el riesgo de contaminación de la carne del animal con *Campylobacter*. Cuanto menos *Campylobacter* haya en el tracto gastrointestinal de un animal, menor será la posibilidad de que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal del animal. Cuantos menos *Campylobacter* estén en el tracto gastrointestinal de un animal, menor será la probabilidad de que el *Campylobacter* se propague de un animal a otro, por ejemplo dentro de una manada o bandada de animales.

45 Los usos y métodos de la presente invención pueden utilizarse para reducir la cantidad de colonización del tracto gastrointestinal de cualquier animal con *Campylobacter*. Es particularmente ventajoso proporcionar los compuestos a animales que serán sacrificados para consumo humano, tales como, por ejemplo, ganado, ovejas, cerdos, cabras, ciervo, pescado, mariscos y aves de corral. Las aves de corral incluyen aves que se utilizan para el consumo humano, tales como pollos, gansos, pavos y patos. Es particularmente ventajoso usar los compuestos de la presente invención para reducir o prevenir la colonización del tracto gastrointestinal de aves de corral, en particular pollos, con *Campylobacter* porque los pollos son una fuente importante de infección humana con *Campylobacter*.

60 *Campylobacter* son bacterias gramnegativas en forma de bacilo en espiral con un solo flagelo en uno o ambos polos. Pertenecen a la clase de proteobacterias épsilon y están estrechamente relacionadas con *Helicobacter* y *Wolinella*. Aunque estas especies están relacionadas, tienen requisitos de cultivo muy diferentes y huéspedes diferentes. Las especies de *Campylobacter* por lo general viven en el intestino de los animales, en particular, de los pollos, mientras *Helicobacter* vive en el estómago de los seres humanos. Aunque exigentes en sus requisitos de cultivo, las especies de *Campylobacter*, particularmente *C. jejuni* y *C. coli*, son importantes patógenos humanos, que causan gastroenteritis de gravedad variable. En circunstancias normales, la gastroenteritis es autolimitante, pero las

secuelas asociadas con la campilobacteriosis, como el síndrome de Guillain-Barré, son potencialmente mortales. Hay muchos reservorios diferentes para *Campylobacter* pero el más importante es la carne contaminada, particularmente aves de corral.

El número de *Campylobacter* en los tractos gastrointestinales de los animales puede reducirse por los usos y métodos de la presente invención. En una realización, el número de unidades formadoras de colonias (UFC) de *Campylobacter* en el tracto gastrointestinal de un animal tratado con los compuestos de la presente invención puede reducirse en un 50 %, en un 60 %, en un 70 %, en un 80 %, en un 90 % o en un 100 %. En una realización, *Campylobacter* puede erradicarse sustancialmente del tracto gastrointestinal de animales tratados mediante los usos o el método de la presente invención.

Basta con 10.000 UFC de *Campylobacter* para el éxito de la colonización de pollos. Bastan 1.000 UFC de *Campylobacter* para infectar a un ser humano y causar una enfermedad en un ser humano. Por lo tanto, una cantidad eficaz de un compuesto de la presente invención es suficiente del compuesto para reducir el número de *Campylobacter* en el tracto gastrointestinal de un animal a un número que es poco probable que cause infección en seres humanos. El número de UFC de *Campylobacter* que sería ingerido por un ser humano si comiera carne de un animal infectado puede estar relacionado con el número de *Campylobacter* en el tracto gastrointestinal del animal en el momento del sacrificio, pero también depende de otros factores como la cantidad de contaminación de la carne con el contenido del tracto gastrointestinal del animal en el momento del sacrificio.

Una cantidad eficaz del compuesto de la presente invención es suficiente del compuesto para prevenir la colonización del tracto gastrointestinal del animal con *Campylobacter*.

En una realización, los compuestos de la presente invención pueden hacer que *Campylobacter* sea menos virulento y menos capaz de infectar a los seres humanos incluso si el número total de *Campylobacter* en el tracto gastrointestinal no disminuye. En esta realización, la administración de un compuesto de la presente invención a un animal puede afectar al metabolismo de *Campylobacter* y hacer que se adapten menos al medio ambiente, por lo que no pueden colonizar el tracto gastrointestinal y es menos probable que se transmitan a otros animales o a seres humanos.

Una cantidad eficaz de un compuesto proporcionado a un animal debe ser suficiente para proporcionar el grado requerido de reducción de la colonización por *Campylobacter*. Esto puede depender del tipo de compuesto y/o el tamaño del animal. En una realización, una cantidad eficaz del compuesto puede ser de 0,3 a 32 mg/día/kg de peso corporal del animal.

Los usos y métodos de la presente invención reducen, preferentemente, la colonización del tracto gastrointestinal con especies de *Campylobacter*, por ejemplo *Campylobacter jejuni* o *Campylobacter coli*.

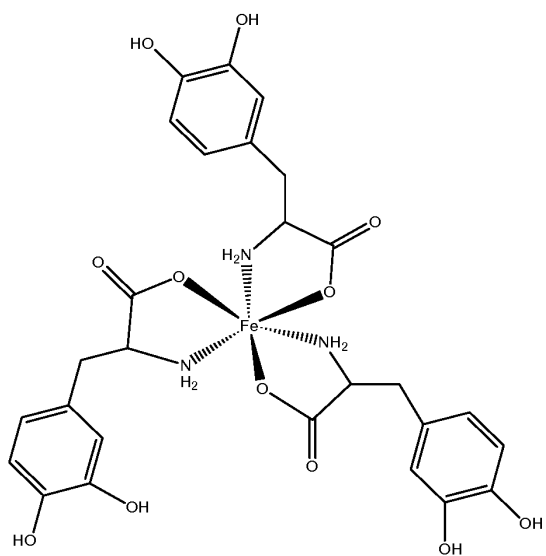
Esto es ventajoso porque *Campylobacter jejuni* es la causa bacteriana más común comunicada de gastroenteritis en el Reino Unido y en el mundo industrializado. *Campylobacter jejuni* (*C. jejuni*) es responsable de aproximadamente el 90 % de las infecciones por *Campylobacter*, estando la mayoría del resto causada por *C. coli*. *Campylobacter* forma parte de la flora gastrointestinal natural de muchas aves y animales domésticos y, por lo tanto, existe un alto riesgo de contaminación de los cadáveres de estos animales cuando son sacrificados.

El compuesto usado en los usos y métodos de la presente invención es, preferentemente, un compuesto que bloquea la interacción de MOMP o FlaA en la superficie de *Campylobacter* con las células del tracto gastrointestinal. Preferentemente, el compuesto se une a MOMP o FlaA e inhibe competitivamente o no competitivamente la unión de MOMP o FlaA en *Campylobacter* con las células del tracto gastrointestinal. Preferentemente, el compuesto usado en la presente invención puede unirse a MOMP en la superficie de *Campylobacter jejuni*. Preferentemente, el compuesto usado en el método de la presente invención se une específicamente a al menos uno de los restos de aminoácidos Arg³⁵², Lys²⁷⁸, Lys³⁸⁵, Asn²⁵⁸, Leu²⁹⁰, Tyr²⁹⁴, Phe³⁹⁵ Ile³³⁷, Arg³⁸¹, Asp²⁶¹ y Ser³⁹⁷ de MOMP. En otra realización, el compuesto de la presente invención reduce la interacción entre al menos uno de los restos de aminoácidos Arg³⁵², Lys²⁷⁸, Lys³⁸⁵, Asn²⁵⁸, Leu²⁹⁰, Tyr²⁹⁴, Phe³⁹⁵ Ile³³⁷, Arg³⁸¹, Asp²⁶¹ y Ser³⁹⁷ de MOMP y el tracto gastrointestinal de un animal.

El compuesto usado en los usos y métodos de la presente invención puede ser quinato férrico.

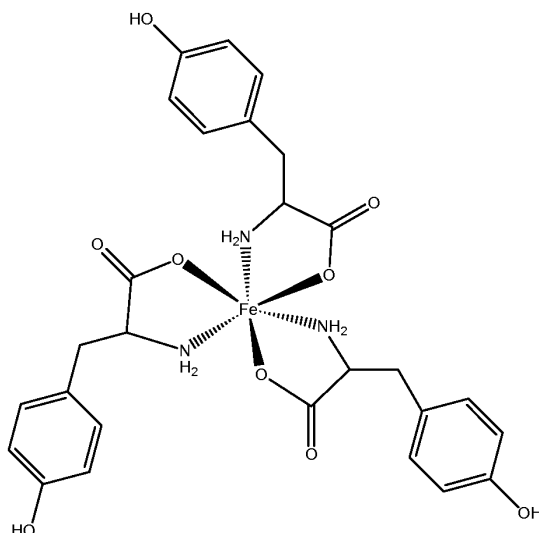
Como alternativa, el compuesto utilizado en los usos y métodos de la presente invención puede tener una de las siguientes estructuras:

a) complejo de DOPA con Fe III (3,4 dihidroxifenilalanina)



o
b) complejo de tirosina con Fe III

5



El compuesto usado en los usos y el método de la presente invención se puede administrar por vía oral. Esto es ventajoso porque es fácil administrar compuestos por vía oral a los animales. La administración oral también es un método preferido para administrar un compuesto para asegurar que llegue al tracto gastrointestinal.

10

Preferentemente, el compuesto se puede administrar en un alimento o agua para beber de un animal.

15

En los usos y métodos de la presente invención, el compuesto puede administrarse al animal en cualquier momento durante su vida útil. En una realización, el compuesto se administra al animal al menos una vez al día durante un período de tiempo antes del sacrificio del animal. Por ejemplo, el compuesto se puede administrar al animal entre 1 y 10 días, preferentemente entre 1 y 8 días, entre 1 y 6 días, entre 1 y 4 días, antes del sacrificio o durante 2 o 1 días. En una realización, se puede administrar una dosis única del compuesto al animal entre 1 y 4 días antes del sacrificio. En una realización, el compuesto se puede administrar al animal todos los días durante 3 días, 4 días o 5 días antes del sacrificio. Los pollos a menudo son colonizados por *Campylobacter* entre 7 y 10 días antes del sacrificio. Por lo tanto, en una realización, el compuesto se puede administrar a un pollo menos de 10 días antes del sacrificio para desinfectar el pollo y reducir la colonización del tracto gastrointestinal del pollo antes del sacrificio. En otra realización, el compuesto de la presente invención se puede administrar a un animal antes de la colonización del tracto gastrointestinal del animal con *Campylobacter* para prevenir la colonización del tracto gastrointestinal del animal con *Campylobacter*. En una realización, el compuesto de la presente invención se administra a un pollo más de 10 días antes del sacrificio para evitar la transmisión de *Campylobacter* dentro de una bandada de pollos.

25

Es ventajoso administrar el compuesto al animal poco tiempo antes del sacrificio porque la cantidad de *Campylobacter* en el tracto gastrointestinal del animal se reduce en el momento del sacrificio, de modo que existe un

menor riesgo de contaminación de la carcasa con *Campylobacter*.

En una realización de la presente invención, el compuesto se puede administrar a un animal en una dosis de 0,3-32 mg/día/kilo como una solución que tiene un intervalo de concentración de 34-340 μ M (0,02-0,2 g/l). Una concentración de 0,2 g/l tiene un efecto sobre la colonización durante los primeros tres días posteriores a la infección y también sobre la unión de *Campylobacter* a los antígenos del grupo sanguíneo que pueden reducirse en un 60 %. En otra realización, el compuesto se puede administrar a una concentración de 2 g/l, que puede prevenir la colonización por *Campylobacter* del tracto gastrointestinal del animal y/o reducir el número de *Campylobacter* en el tracto gastrointestinal del animal a sustancialmente cero.

La presente invención también proporciona, de acuerdo con la reivindicación 18, el uso de un compuesto como se ha definido anteriormente para reducir la cantidad de *Campylobacter* en la carne por un método que comprende las etapas de: proporcionar a un animal no humano, o a una bandada o rebaño de animales no humanos, un compuesto como se ha definido anteriormente; y preparar un producto cárnico del animal. Opcionalmente, en uso, el compuesto está en forma de alimento para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

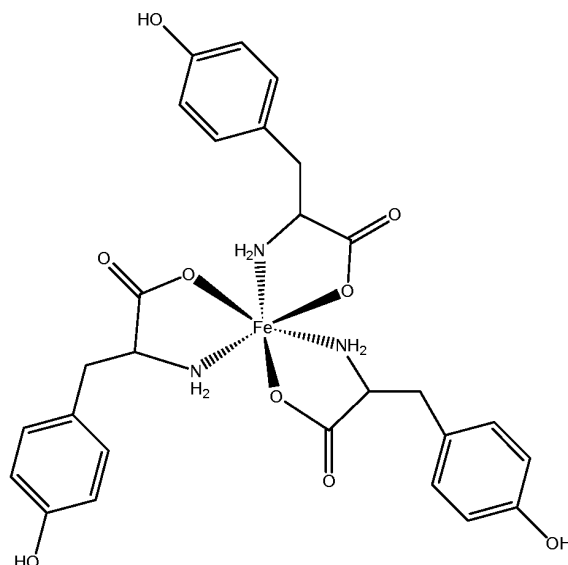
De acuerdo con la reivindicación 19, la presente invención también proporciona un método para reducir la cantidad de *Campylobacter* en la carne que comprende las etapas de: proporcionar a un animal no humano, o a una bandada o rebaño de animales no humanos, un compuesto como se ha definido anteriormente; y preparar un producto cárnico del animal. El animal puede ser cualquier tipo de animal, preferentemente un ave de corral, preferentemente un pollo.

Los compuestos como se han definido anteriormente que son útiles en los usos y métodos de la presente invención pueden incluirse en la alimentación animal, como ingrediente alimenticio o como suplemento alimenticio. La alimentación animal, el ingrediente o suplemento alimenticio puede ser adecuado para cualquier animal, en particular, los animales que serán sacrificados para el consumo humano, preferentemente aves de corral, más preferentemente pollos.

Los compuestos como se han definido anteriormente que son útiles en los usos y métodos de la presente invención pueden proporcionarse a un animal en forma líquida o sólida o como un polvo. Pueden incluirse como ingrediente en pienso o alimentos para animales o como ingrediente en alimentos o suplementos alimenticios. En una realización, los compuestos se proporcionan a pollos en el pienso para pollos o como ingrediente de pienso mezclado con pienso para pollos.

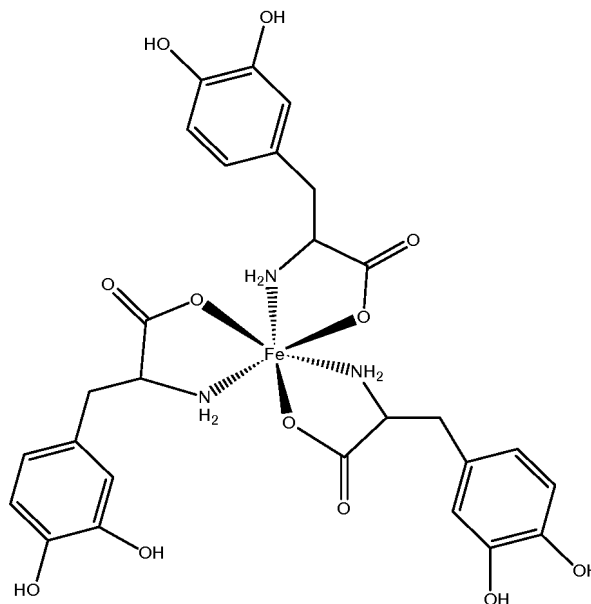
Un alimento puede ser un alimento destinado o adecuado para el consumo por parte de los animales. Un alimento o un producto alimenticio puede ser un alimento destinado o adecuado para el consumo humano.

Por consiguiente, la presente invención también proporciona, de acuerdo con la reivindicación 23, un pienso para animales, que comprende un compuesto como ingrediente alimenticio o como suplemento alimenticio, en el que el pienso para animales es un alimento destinado o adecuado para el consumo por parte de animales, y el compuesto es:
un complejo de tirosina con Fe III



en el que el pienso para animales comprende el compuesto en una cantidad efectiva para reducir o prevenir la colonización del tracto gastrointestinal de un animal con *Campylobacter*.

- La presente invención también proporciona, de acuerdo con la reivindicación 24, una composición oral, pienso para animales o agua potable para animales, que comprende un compuesto que es: un complejo de 3,4 dihidroxifenilalanina con Fe III



- en el que la composición oral, en el pienso para animales, o el agua potable para animales, comprende el compuesto en una cantidad efectiva para reducir o prevenir la colonización del tracto gastrointestinal de un animal con *Campylobacter*.

- De acuerdo con la reivindicación 27, la presente invención también proporciona el uso de un compuesto, como se ha definido en la reivindicación 23 o 24, como suplemento alimenticio o ingrediente alimenticio, en la fabricación de un pienso para animales, o como aditivo en la fabricación de agua potable para animales, tal como se ha definido anteriormente.

- De acuerdo con la reivindicación 28, la presente invención también proporciona un método para la fabricación de un pienso para animales o agua potable para animales como se ha definido anteriormente, en el que el método comprende el uso de un compuesto, como se ha definido en la reivindicación 23 o 24, como suplemento alimenticio o ingrediente alimentario en la fabricación del pienso para animales, o como aditivo en la fabricación de agua potable para animales.

- La presente invención proporciona, de acuerdo con la reivindicación 29, un método para desinfectar un producto alimenticio o un alimento, que comprende administrar un compuesto como se ha definido anteriormente en una cantidad eficaz en el producto alimenticio para reducir la cantidad de *Campylobacter* en el producto alimenticio.

- Análogamente, de acuerdo con la reivindicación 30, la presente invención también proporciona el uso de un compuesto como se ha definido anteriormente para desinfectar un producto alimenticio, administrando una cantidad eficaz del compuesto al producto alimenticio para reducir la cantidad de *Campylobacter* en el producto alimenticio.

- Esto es ventajoso porque reduce el riesgo de infección con *Campylobacter* en los seres humanos que consumen el producto alimenticio.

- Un producto alimenticio o un alimento puede ser para consumo humano, en particular el alimento puede ser un producto cárnico, por ejemplo, un producto de carne fresca, un producto de carne procesada, un producto de carne refrigerada, un producto de carne congelada o un producto de carne cocida. El producto cárnico puede ser, por ejemplo una carne de res, de cordero, de cerdo, de pato, de pollo, de ganso, de pavo, de conejo, de pescado o de marisco. Preferentemente, el producto cárnico puede ser un producto de carne de ave de corral, más preferentemente un producto de carne de pollo.

- La presente invención también proporciona un compuesto como se ha definido anteriormente para su uso en la profilaxis o el tratamiento de la infección por *Campylobacter* en seres humanos. Un compuesto como se ha definido anteriormente se puede usar en la fabricación de un medicamento para la profilaxis o el tratamiento de la infección

por *Campylobacter* en seres humanos.

El compuesto se puede proporcionar a los humanos para prevenir o tratar la infección de humanos con *Campylobacter* (campilobacteriosis). Esto es ventajoso porque los compuestos previenen o reducen la adhesión de *Campylobacter* a las células epiteliales en el tracto gastrointestinal. Esto puede prevenir o reducir la infección con *Campylobacter* porque *Campylobacter* se adhiere a las células en el tracto gastrointestinal humano al acoplarse a los antígenos del grupo histo-sanguíneo humano que se expresan en las células del tracto gastrointestinal. Los compuestos pueden competir con los antígenos del grupo histo-sanguíneo humano natural que se encuentran en las células epiteliales para la unión de MOMP y FlaA y, por lo tanto, reducen la cantidad de unión de *Campylobacter* a las células.

La presente solicitud también desvela un método para tratar o prevenir la infección por *Campylobacter* en seres humanos que comprende administrar al ser humano una cantidad eficaz de un compuesto como se ha definido anteriormente.

La presente solicitud también desvela un kit que comprende:

a) al menos un compuesto como se describe en la presente invención y, opcionalmente, instrucciones para usar el kit.

A continuación se incluye a modo de ejemplo solamente una descripción detallada de la presente invención con referencia a los dibujos adjuntos, en los que;

la **Figura 1** muestra el efecto competitivo de los glicoconjugados solubles, es decir, H-II, Le^b o Le^y sobre la unión de la cepa NCTC11168 a una serie de BgA. **A)** Se recubrió una placa ELISA con una selección de BgAg. La unión específica se calculó restando los valores de BSA (control negativo) de la absorbancia de BgAg. La unión de la cepa NCTC11168 a BgAg se inhibió significativamente ($p < 0,05$) mediante la preincubación de células con glicoconjugados solubles antes de añadirlos a la placa de ELISA. Barras de error; media de los valores por triplicado $\pm$ SEM, el número de experimentos repetidos fue de 3. Cada grupo de barras, de izquierda a derecha, NCTC11168, NCTC11168-H-II, NCTC11168-Leb, NCTC11168-Ley.

B) Identificación de proteínas de unión a BgAg de la cepa NCTC11168 mediante el uso del método reetiquetado. Se identificaron dos proteínas en tamaños de 45 y 59 kDa, correspondientes a MOMP y FlaA, respectivamente.

La **Figura 2** muestra **A)** Inhibición de la unión de la cepa NCTC11168 al glicoconjugado H-II en ausencia de un inhibidor (no tratado, NT) y en presencia de MOMP purificada de Cj-281 (MOMP (-)), cepa de unión baja). MOMP purificada de NCTC11168 (MOMP (+)) y preincubación de células bacterianas NCTC11168 con glicoconjugado H-II (H-II). El tratamiento previo de todas las MOMP y H-II examinadas se redujo significativamente ($p < 0,001$, ***) La unión bacteriana al antígeno H-II. Por el contrario, MOMP (-) tuvo un efecto menor en comparación con H-II o MOMP (+) debido a la menor afinidad por el antígeno H-II. **B)** La placa de ELISA se recubrió con una selección de BgAg. La unión específica se calculó restando los valores de BSA (control negativo) de la absorbancia de BgAg a 405 nm. La cepa NCTC11168 y Cj-266 (cepa de unión alta) y los mutantes correspondientes de $\Delta flaA$, se han examinado para determinar la unión a Le^b, H-II, H-I, Le^x t Le^a. La prueba t confirmó que la reducción de la unión observada con los mutantes era significativa (Le^b; $p = 2,5E-05$, H-II; $p = 0,012$, H-I; $p < 0,001$, Le^x; $p = 0,029$ y Le^a; $p = 0,000$) en la cepa NCTC11168. Sin embargo, la mutación CJ-266 $\Delta flaA$ no tuvo efecto en la unión, lo que indica que la capacidad de unión fue compensada por la proteína MOMP. Cada grupo de barras de izquierda a derecha: NCTC11168, 11168- $\Delta flaA$, Cj-266, Cj-266 $\Delta flaA$. **C)** Se construyó un doble mutante (DM) de $\Delta flaA$ y una sustitución simple del sitio de glicosilación en la proteína MOMP (Thr²⁶⁸ se sustituyó con Gly) en ambas cepas NCTC11168 y Cj-266, y se examinó la unión a Le^b H-I y H-II. La unión se redujo significativamente en NCTC11168-MOMP^{T/G}, pero la unión reducida no fue significativa en Cj-266-MOMP^{T/G}. Aunque la prueba t confirmó la reducción en la unión observada con los mutantes NCTC11168-DM y Cj-266-DM era significativa ($p < 0,05$). Cada grupo de barras de izquierda a derecha: Leb, H-II, H-1.

La **Figura 3** muestra una visión general del análisis de espectrometría de masas por LC-MS/MS para la identificación de proteínas y la caracterización de péptidos glicosilados. **A)** Cromatograma de los picos de base: Los péptidos tripticos se cargan en una columna C18 acoplada en línea y se eluyen en el espectrómetro de masas para su análisis. **B y C)** Exploración del precursor de MS del péptido glicosilado doblemente cargado a m/z 978,91 **C)** Espectro CID-MS/MS del ion seleccionado. **D)** Detección del constituyente glicano de MOMP purificada de diferentes cepas utilizando lectinas marcadas biotiniladas. **GSL** II: lectina II de *Griffonia (Bandeiraea) simplicifolia*, **DSL**: lectina de *Datura Stramonium*, **ECL**: lectina de *Erythrina cristagalli*, **LEL**: lectina de *Lycopersicon esculentum* (tomate), **STL**: lectina de *Solanum tuberosum* (patata), **VVA**: aglutinina y **Jacalina** de *Vicia villosa*: lectina de *Artocarpus integrifolia*.

La lectina de jacalina mostró una unión significativa a la MOMP purificada con NCTC11168 que las otras lectinas utilizadas. La lectina de jacalina reconoce específicamente Gal β 1-3GalNAc α 1-Ser/Thr (antígeno T) y/o GalNAc. **E)** Se reveló un análisis adicional utilizando un anticuerpo contra el antígeno T para confirmar la especificidad de jacalina. Las MOMP de las cepas 255, 281 (aislamientos clínicos de baja unión) y MOMP^{T/G} no revelaron una unión significativa a la lectina de jacalina o al antígeno anti-T en comparación con la MOMP purificada de la cepa

NCTC11168 de tipo salvaje. Barras de error = media de valores triplicados $\pm$ SED, **N.º 2**. Dos experimentos independientes (**valor de p**). Para cada par de barras: barra izquierda - lectina de jacalina, Barra derecha - Antígeno anti-T.

La **Figura 4** muestra una representación de MOMP (A, derecha) y MOMP glicosilada (A, izquierda) en los límites aproximados de la parte hidrófoba de la membrana externa (ME). **B**), la estructura de energía más baja superpuesta de MOMP (verde) en la estructura de energía más baja de MOMP glicosilada (**magenta**) con RMSD de 1,291. Los bucles se muestran en colores; las hebras β son verdes, **L1** (restos 41-60, rojo), **L2** (restos 87-109, magenta), **L3** (restos 128-147, naranja), **L4** (restos 169-200 amarillo), **L5** (restos 227-233, negro), **L6** (restos 256-274, azul), **L7** (restos 296-333, gris), **L8** (restos 360-379, cián) y **L9** (restos 399-414, púrpura).

La **Figura 5** muestra un dibujo estéreo del esqueleto de MOMP vista desde el lado extracelular: las hebras β son verdes, L1 (rojo), L2 (magenta), L3 (naranja), L4 (amarillo), L5 (negro), L6 (azul), L7 (gris), L8 (cián) y L9 (púrpura) y su vista lateral. Los cambios conformacionales en el grupo glicosilato inducidos por la introducción de los ligandos en la cavidad de MOMP glicosilada. Los complejos con Le^b (**A**) y H-II (**D**). Asimismo, los enlaces de hidrógeno mostrados en azul claro implicados en las interacciones de MOMP (**B** y **E**) y su forma glicosilada (**C** y **F**) con Le^b y H-II, respectivamente, en sus sitios activos.

La **Figura 6** muestra ejemplos de compuestos que se pueden usar en la presente invención.

La **Figura 7** muestra el efecto de una serie de antígenos del grupo histo-sanguíneo en la formación de biopelículas. Comparación de la formación de biopelículas entre NCTC11168-WT y los mutantes correspondientes, Δ fla A y MOMP-T/G en presencia y ausencia de azúcares libres. A) La disminución más significativa en la formación de biopelículas se observa en la cepa de tipo salvaje en comparación con los mutantes. Sin embargo, la formación de biopelículas de la cepa MOMP268T/G es comparable a Δ flaA, lo que indica que la O-glicosilación de MOMP también juega un papel importante para esta formación. Para cada grupo de barras de izquierda a derecha: NCTC11168, NCTC11168 (azúcar), MOMP-T/G, MOMP-T/G (azúcar). B) Se observaron resultados similares, excepto para el núcleo II, otros azúcares examinados redujeron significativamente la formación de biopelículas. Para cada grupo de barras de izquierda a derecha: NCTC11168, NCTC11168 (azúcar), Afla A, Δ fla A (azúcar).

La **Figura 8** muestra la estructura de energía más baja de MOMP desde la simulación de MD con dibujo estéreo del esqueleto de MOMP visto desde el lado extracelular. MOMP forma canales hidrófilos a través de la membrana externa. El plegado de las OMP en barril β promueve el ensamblaje del trímero y la integración del canal en la membrana externa. Adicionalmente, el análisis cristalográfico bidimensional mostró que la MOMP está relacionada estructuralmente con la familia de las porinas bacterianas triméricas. El análisis por espectroscopia de CD también demostró que el monómero plegado comprendía principalmente una estructura secundaria en lámina β , de acuerdo con la denominada estructura en barril β de las porinas. Los monómeros plegados de MOMP pueden formar canales en bicapas lipídicas artificiales con las mismas propiedades de conductancia que los monómeros incrustados en trímeros, lo que sugiere que el monómero plegado es la unidad funcional de la porina MOMP.

La **Figura 9** muestra las moléculas utilizadas en el modelado de moléculas que se unen a MOMP.

La **Figura 10** muestra los niveles de colonización de los pollos expuestos a la cepa NCT11168-0 de *Campylobacter* de tipo salvaje o la cepa MOMP^{268T/G} de *Campylobacter* mutante.

La **Figura 11** muestra el quinato férrico de ácido 1, 3, 4, 5-tetrahidroxi ciclohexancarboxílico

La **Figura 12** muestra el potencial inhibidor de quinato férrico Fe(QA)₃ sobre la adherencia de *C. jejuni* analizado mediante ELISA utilizando BgAg (Core-I, Core-II, H-I, H-II, Leb, Ley y Lex).

La **Figura 13** muestra el potencial inhibitorio de quinato férrico Fe(QA)₃ sobre la adherencia de *C. jejuni* analizado mediante ELISA utilizando BgAg (Core-I, Core-II, H-I, H-II, Leb, Ley y Lex).

La **Figura 14** muestra la colonización de pollos por *C. jejuni* 11168-0 después del tratamiento con FeQ (0,034 mM).

La **Figura 15** muestra la colonización de pollos por *C. jejuni* 11168-0 después del tratamiento con FeQ (0,34 mM).

La **Figura 16** muestra el análisis metagenómico de la población tratada con FeQ a nivel de género/especie.

La **Figura 17** muestra el análisis metagenómico de la población tratada con FeQ a nivel de filo.

1-Ley R, Bäckhed F, Turnbaugh P, Lozupone C, Knight R, Gordon J (2005). "Obesity alters gut microbial

ecology". Proc Natl Acad Sci USA 102 (31): 11070-5. doi:10.1073/pnas.0504978102. PMC 1176910. PMID 16033867

2-Ley R, Turnbaugh P, Klein S, Gordon J (2006). "Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity". Nature 444 (7122): 1022-3. doi:10.1038/4441022a. PMID 17183309.

3-Turnbaugh P, Ley R, Mahowald M, Magrini V, Mardis E, Gordon J (2006). "An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest". Nature 444 (7122): 1027-31. doi:10.1038/nature05414. PMID 17183312.

Campylobacter jejuni es una causa importante de gastroenteritis transmitida por los alimentos. A pesar de la alta prevalencia e importancia médica de la infección por *C. jejuni*, los aspectos fundamentales de la patogenia siguen siendo poco conocidos, en particular las interacciones moleculares detalladas entre el huésped y el patógeno. Los antígenos del grupo histo-sanguíneo humano (BgAg) a menudo son utilizados por los organismos de la mucosa como palancas de adherencia antes de la invasión. Utilizando un enfoque de reetiquetado, las correspondientes adhesinas de unión a BgAg expuestas a la superficie de *C. jejuni* se identificaron como la proteína de la subunidad mayor de los flagelos (FlaA) y la proteína principal de la membrana externa (MOMP). La O-glicosilación de FlaA se ha notificado previamente y es necesaria para el ensamblaje de filamentos y para modular la funcionalidad de los flagelos. La MOMP purificada como FlaA se O-glicosiló. La O-glicosilación se localizó en Thr²⁶⁸ y se sugirió como Gal β ₁₋₃-(GalNAc)₃- α 1-Thr²⁶⁸. La sustitución dirigida por sitio de MOMP Thr²⁶⁸/Gly condujo a una reducción significativa en la unión a BgAg. Adicionalmente, las técnicas de modelado de simulación de dinámica molecular (DM) sugirieron que la O-glicosilación de MOMP tiene un efecto notable en la conformación de la proteína. Por lo tanto, *C. jejuni* utiliza la O-glicosilación de proteínas expuestas en la superficie para modular la conformación y la capacidad de unión.

La prevención y el tratamiento de la infección humana con *Campylobacter* y sus consecuencias se ven obstaculizadas por una mala comprensión de la interacción molecular detallada entre el huésped y el patógeno.

Los estudios realizados por los presentes inventores han demostrado que *C. jejuni* se une específicamente a todos los BgAg humanos e identifica los ligandos bacterianos responsables de la unión. Estas son la proteína flagelina FlaA y la principal proteína de la membrana externa MOMP.

Los estudios actuales también han descubierto que MOMP está O-glicosilada y comparte un sitio de unión a BgAg común con FlaA, que ya se ha demostrado que está O-glicosilada. La glicosilación de MOMP hace que sufra cambios conformacionales que alteran su afinidad por la unión de, y por lo tanto el reconocimiento de, los BgAg en comparación con la proteína MOMP no glicosilada. Los epítomos de MOMP conformacionales son importantes en la inmunidad del huésped y la variación en las regiones expuestas a la superficie probablemente se produce como resultado de una selección inmune positiva durante la infección. La identificación del perfil de glicosilación de proteínas de *C. jejuni*, en la membrana externa es útil para entender la patogeneidad diversa de las cepas de *C. jejuni* entre los diferentes huéspedes.

Los presentes estudios han creado un modelo *in silico* de MOMP glicosilada, que se han usado para identificar los aminoácidos que participan en la unión bacteriana a BgAg. El modelo y los aminoácidos que son esenciales para la unión a BgAg se pueden usar para identificar las dianas de los fármacos candidatos. El modelo también se puede usar para predecir qué moléculas se unirán a MOMP y pueden reducir adherencia del *Campylobacter* portador de MOMP a las paredes celulares.

Los presentes estudios han descubierto que los BgAg pueden inhibir la adherencia bacteriana y la formación de biopelículas y han identificado moléculas que se pueden usar (a) para el tratamiento de seres humanos que sufren campilobacteriosis; (b) para prevenir la colonización de pollos con especies de *Campylobacter*; y (c) eliminar la colonización de pollos en bandadas infectadas.

Los intentos anteriores para reducir el riesgo de infección humana con especies de *Campylobacter* implicaron el uso de vacunas que emplean ácidos nucleicos que codifican las proteínas de *Campylobacter*, en particular, flagelina (documento US2007/249553).

Esto es completamente diferente del enfoque descrito por la presente solicitud que utiliza compuestos específicos para bloquear el sitio de unión al ligando de *Campylobacter* y, por lo tanto, inhibir la adherencia y colonización de *Campylobacter* en el tracto gastrointestinal de pollo.

En una realización, en la presente invención se puede usar quinato férrico (Fe-Q).

Ejemplos

C. jejuni se une a una amplia gama de BgAg humanos.

Para determinar el intervalo y la especificidad de los BgAg que se unen a *C. jejuni*, Core-I, Core-II, H-I, H-II, Le^b, Le^x y Le^y se inmovilizaron en placas de ELISA especializadas de 96 pocillos y se incubaron con la cepa de *C. jejuni*

NCTC11168 marcada con digoxigenina (Dig) en fase logarítmica. La cepa se unió a todos los BgAg examinados, variando el grado solo marginalmente entre BgAg (**S1-Fig.**).

Los antígenos del grupo sanguíneo se obtuvieron de IsoSep (Suecia). La cepa de laboratorio (ATCC11168) se obtuvo del banco de la ATCC y las cepas clínicas de una colección pertenecen al profesor Julian M. Ketley (Departamento de Genética, Universidad de Leicester, Leicester LE1 7RH, Reino Unido).

La preincubación de bacterias o placas recubiertas con BgAg solubles inhibió la unión, confirmando la especificidad (Fig. 1A). Asimismo, se llevaron a cabo ensayos de adherencia mediante el co-cultivo de la cepa de *C. jejuni* NCTC11168 y células Caco-II. El H-II soluble causó una reducción significativa en la unión bacteriana a las células huésped. Asimismo, se utilizó el mismo intervalo de BgAg inmovilizados para probar la capacidad de 39 aislados clínicos de *C. jejuni*. Todos los aislados de *C. jejuni* se unieron a todos los BgAg examinados, aunque en un grado variable. Se realizó análisis de correlación entre cada azúcar y análisis de componentes principales. Permite una visualización de las correlaciones: cuanto más cerca están estructuralmente los azúcares, son más similares en términos de capacidad de unión.

El alto grado de especificidad de las adherencias de unión a BgAg de *H. pylori* contrasta con nuestros hallazgos con *C. jejuni*, que parece unirse a una amplia gama de antígenos relacionados. Esto puede reflejar el hecho de que *H. pylori* tiene una gama de huéspedes muy restringido (que infecta solo a los seres humanos), mientras que *C. jejuni* es capaz de establecer la infección en una amplia gama de aves y mamíferos y puede haber ganado una ventaja evolutiva al ampliar su especificidad y maximizar su supervivencia en diferentes huéspedes.

FlaA y MOMP de *C. jejuni* participan en la unión a una amplia gama de BgAg humanos.

Para la identificación y purificación de adhesinas bacterianas de unión a BgAg, se utilizó una técnica de reetiquetado. Dos bandas de proteína generadas en la figura 1B identificadas por espectrometría de masas como la proteína principal de la membrana externa (MOMP, 45 kDa) y FlaA (el componente principal de los flagelos, 59 kDa), respectivamente. La MOMP de *C. jejuni* es una porina multifuncional y es esencial para la supervivencia bacteriana; se predice que comprende beta que se extienden sobre la membrana externa y separa los bucles periplásmicos y expuestos en la superficie. Que está codificado por el gen *porA* que es extremadamente genéticamente diverso y la variabilidad de los bucles de superficie *porA* proporciona evidencia de que la selección inmune influye fuertemente en la diversidad de esta proteína. Curiosamente, la mayor variación tanto en la secuencia de aminoácidos putativa como en la longitud se formó en el bucle 4.

La MOMP se purificó en condiciones nativas de la cepa NCTC11168 y el ELISA de inhibición y los experimentos confocales mostraron que tanto la MOMP purificada como la H-II inhibían significativamente la unión de NCTC11168 al antígeno H-II (Fig. 2A).

Se construyeron mutantes por delección de $\Delta flaA$ en las cepas NCTC11168 y Cj-266 (un aislado clínico). Esto había reducido significativamente la capacidad de unión a todos los BgAg examinados, excepto Le^x en la cepa NCTC11168 (Fig. 2B). Por el contrario, la delección de $\Delta flaA$ en la cepa Cj-266 no mostró una unión reducida a BgAg (Fig. 2B), lo que indica que MOMP *per se* es suficiente para adherirse a los BgAg.

Las propiedades invasivas se podrían restaurar parcialmente mediante la centrifugación de los mutantes en las células de cultivo de tejidos, lo que indica que la motilidad es un importante, pero no el único, factor implicado. En este caso, los inventores identificaron las correspondientes adhesinas de *C. jejuni*, que median en la unión bacteriana a BgAg.

Capacidad de MOMP268T/G para colonizar polluelos

Se determinó la capacidad de MOMP268T/G para colonizar polluelos. Se expuso a aves de 6 semanas de edad (n = 10 por grupo) a 3×10^3 UFC de la cepa NCTC11168-O de tipo salvaje o su mutante isogénico MOMP268T/G por sonda oral. Los niveles de colonización cecal se determinaron en aves de cada grupo a los 7 días de la exposición. Los resultados muestran una reducción significativa en la media geométrica de los niveles de colonización en el ciego en el grupo MOMP^{268T/G} en comparación con el tipo salvaje (véase la figura 10). Asimismo, se examinó la capacidad de la cepa mutante para invadir el hígado del pollo. Los resultados mostraron que MOMP^{268T/G} fue completamente incapaz de invadir en comparación con la cepa de tipo salvaje. Estos resultados confirman la importancia y la importancia biológica de la glicosilación de MOMP en el establecimiento de la colonización *in vivo*. Los valores menores de 100 en la Figura 10 son cifras arbitrarias y no se recuperó *Campylobacter*.

Quinato férrico; un inhibidor de la adherencia de *C. jejuni*

Una serie de compuestos fenólicos, incluidos los ácidos cafeico y quínico (Baqar *et al.*), se ha demostrado que tienen niveles altos de actividad antioxidante y otros efectos potencialmente beneficiosos para la salud *in vitro*. Asimismo, el ácido quínico se produce en el té, el café, las frutas y los vegetales. En particular, las plantas utilizan el ácido D -(-)-quínico de baja masa molecular (Baqar *et al.*) para la movilización del hierro y el uso posterior de este

metal por las estructuras celulares en las rutas metabólicas (Menelaou *et al.*, 2009).

Se ha identificado que el quinato ferroso $\text{Fe}(\text{QA})_3$ tiene efectos inhibidores prometedores *in vitro* e *in vivo* sobre la adhesión de *C. jejuni* a los BgAg.

El potencial inhibitorio del quinato férrico $\text{Fe}(\text{QA})_3$ en la adherencia de *C. jejuni* se analizó mediante ELISA utilizando BgAg (Core-I, Core-II, H-I, H-II, Leb, Ley y Lex). *C. jejuni* se preincubó con $\text{Fe}(\text{QA})_3$ 34 μM y también se analizó la inhibición específica por postratamiento de *C. jejuni* con $\text{Fe}(\text{QA})_3$ que se unió a los BgAg en ese momento. El resultado mostró que el $\text{Fe}(\text{QA})_3$ confería un 90 % de inhibición de la unión, mientras que el ácido quínico solo no proporcionó inhibición de la unión de *C. jejuni* a todos los BgAg examinados. Además, los resultados del enfoque del cultivo bacteriano (MH) que contiene $\text{Fe}(\text{QA})_3$ también demostraron una inhibición reproducible de la adherencia microbiana. Asimismo, los pases secuenciales (P) de las bacterias a la nueva placa que contiene $\text{Fe}(\text{QA})_3$ no causaron ninguna resistencia con respecto a las capacidades de unión (véanse las Figuras 12 y 13).

Para aclarar aún más las propiedades de efecto de crecimiento de $\text{Fe}(\text{QA})_3$, los inventores investigaron el efecto de la adición de $\text{Fe}(\text{QA})_3$ al medio de cultivo. La suplementación con las diferentes concentraciones de $\text{Fe}(\text{QA})_3$, (34 y 340 μM), no afectaron el crecimiento de *C. jejuni* NCTC11168.

Estas propiedades inhibitorias contra la adherencia de *C. jejuni* a BgAg se analizaron *in vivo*. Se usó quinato férrico como aditivo para el agua (0,034-0,34 mM) y como inhibidor de la adherencia de la cepa NCTC11168 de *C. jejuni* y, por lo tanto, la colonización, en el tracto intestinal del pollo. Se expuso a aves de 6 semanas de edad ($n = 10$ por grupo) a $3 \times 10^{3-5}$ UFC de la cepa NCTC11168-O de tipo salvaje por sonda oral. Los niveles de colonización cecal se determinaron en aves de cada grupo a los 3 y 7 días posteriores a la exposición.

El complejo redujo significativamente la adherencia de *C. jejuni* (2-3 Log a una concentración de 0,34 mM) a la mucosa intestinal y al revestimiento epitelial al inhibir la unión entre las adhesinas bacterianas, tales como MOMP (confirmado por el modelo), puede FlaA, y los sitios de unión correspondientes en el epitelio intestinal del huésped, véanse las Figuras 14 y 15.

En un análisis metagenómico de la población tratada con FeQ a nivel de género/especie, se puede observar una diferencia entre las aves tratadas con FeQ y las no tratadas el día 7, hay un cambio en la población con el aumento del filo *Bacteroidetes*, especialmente *Bacteroides fecalis* (1, 2, 3).

MOMP está O-glicosilada.

Campylobacter modifica específicamente sus proteínas flagelares con glicanos unidos a O que pueden constituir hasta el 10 % de la masa proteica. Estas modificaciones son necesarias para el ensamblaje del flagelo y, por lo tanto, afectan a la secreción de proteínas moduladoras de la virulencia, la colonización bacteriana del tracto gastrointestinal, la autoaglutinación y la formación de biopelículas.

MOMP se purificó a partir de las cepas NCTC11168 y Cj-281 en condiciones nativas y se analizó mediante Nanoflow LC-MS/MS FT/ICR después de la digestión de proteínas en gel como se describe en A. Shevchenko, M. Wilm, O. Vorm, M. Mann, Anal Chem 68, 850 (Mar 1, 1996). La migración de péptidos MOMP digeridos con tripsina de ambas cepas fue esencialmente idéntica excepto por un péptido correspondiente a los aminoácidos 268-278, correspondiente al bucle previsto 6: el péptido de la cepa NCTC11168 mostró una mayor masa; El análisis MS/MS confirmó que la glicosilación de Thr-268 con una Hex- (HexN-acetilamina)₃ (donde Hex puede ser glucosa o galactosa) fue responsable del cambio observado (Fig. 3A, B y C). La alineación de la secuencia FASTA de aislados clínicos indicó que Thr-268 en el bucle 6 de la cepa NCTC11168 parece conservarse en el 52 % de los aislados.

La sustitución de Thr²⁶⁸ por Gly dirigida al sitio se realizó en MOMP de la cepa NCTC11168 y un aislado clínico Cj-266 (que produjo MOMP^{268T / G}, S5-Tabla). Esta sustitución provocó un claro cambio en la migración de la proteína, lo que sugiere fuertemente la pérdida de su glicosilación (S5). Se examinó la capacidad de este mutante para unirse a una serie de BgAg en un ensayo ELISA y se demostró que tenía una reducción en la unión a cada uno de los BgAg examinados (Fig. 2A). Asimismo, se observó la formación de una biopelícula reducida, lo que indica que la O-glicosilación de MOMP juega un papel importante en este contexto (S8-Fig. A y B).

El papel de las PglB y PseD transferasas sobre la glicosilación de MOMP.

La flagelina es la única proteína de *C. jejuni* O-glicosilada que se ha informado y los glucanos constituyen aproximadamente el 10 % en peso de esta proteína. Los O-glicanos predominantes unidos al flagelo de *Campylobacter* son derivados de ácido pseudamínico o ácido legionamínico, que son azúcares C9 que están relacionados con los ácidos siálicos. Asimismo, el patógeno gástrico humano relacionado *H. pylori* también O-glicosila sus flagelos con Pse, de manera similar a *C. jejuni* y se requiere una modificación para la motilidad bacteriana y el ensamblaje flagelar.

Curiosamente, la pérdida específica de Pse5Am debido a la mutación del gen A de la biosíntesis de Pse (pseA) en

C. jejuni subsp. *jejuni* 81-176 produjo una pérdida de autoaglutinación y redujo la adherencia y la invasión de células epiteliales intestinales *in vitro*, y redujo la virulencia en el modelo de hurón.

Asimismo, la PseD como una PseAm transferasa putativa mostró que la mutación en *pseD* carecía de PseAm en la flagelina y no se autoaglutinaba.

La ruta general de la glicosilación de proteínas (Pgl) involucra varias enzimas "Pgl" clave, de las cuales PglB es crucial para la N-glicosilación proteica, es decir, la transferencia de las primeras moléculas de glicano a las proteínas diana en restos específicos de Asn.

Con el fin de evaluar la contribución de las PseD y PglB transferasas en la glicosilación de MOMP de *C. jejuni* y su papel en la actividad de unión bacteriana, se creó un mutante de delección de *pglB* en la cepa Cj81-176 y de delección de *pseD* en la cepa NCTC11168; la delección de *pglB* no tuvo un impacto detectable en la migración en gel de MOMP, tinción con glicano (datos no mostrados), o unión bacteriana a cualquiera de los BgAg examinados (S7-Fig. A). Sin embargo, la delección en la cepa NCTC11168-*pseD* dio como resultado una reducción significativa en la unión a todos los BgA examinados y la formación de biopelículas (datos no mostrados).

Estos hallazgos indican que la cepa NCTC11168 de *C. jejuni* codifica una transferasa que participa en la modificación postraducciona de la proteína, que desempeña un papel importante en la adhesión bacteriana y revela modificaciones postraduccionales inusuales; una Hex-(HexNAc)₃ unida a Hex en Thr²⁶⁸. Estas modificaciones postraduccionales pueden sufrir variaciones de fase y también pueden variar en la estructura de una generación de *C. jejuni* a la siguiente, y pueden tener una función de escape inmune. Adicionalmente, estos hallazgos proporcionan nuevos conocimientos sobre la estructura de MOMP y resuelven problemas de larga duración con respecto a las moléculas de adhesión que median la unión bacteriana a los BgAg. La patogenia y estudio de los efectos sobre procesos como la colonización, invasión, y la capacidad para estimular la respuesta inflamatoria del huésped aún no se ha dilucidado.

Determinación de la composición de glicanos de MOMP.

Se usó el kit de lectina para la determinación del constituyente de la glicosilación de MOMP. El kit consta de 7 lectinas diferentes con especificidad superpuesta. El NCTC11168-MOMP purificado en una matriz de lectina reveló una unión significativa a la lectina jacalina y, en menor medida, a GSL y LEL (Fig. 3D). Entre las lectinas específicas de galactosa, la lectina de *Artocarpus integrifolia*, conocida en la literatura como jacalina, exhibe especificidad hacia el disacárido de Thomsen-Friedenreich específico del tumor humano (antígeno T, Galβ₁₋₃GalNAcα₁-Ser/Thr).

Adicionalmente, para confirmar la especificidad de unión de jacalina, se utilizó el anti-antígeno T monoclonal contra la MOMP purificada aislada de diferentes cepas (NCTC11168-MOMP, NCTC11168 MOMP^{268T/G} y dos aislados clínicos con baja actividad de unión; Cj281 y Cj-255). La Figura 3E muestra que el anticuerpo anti-antígeno T y la lectina jacalina reaccionaron específicamente con NCTC11168-MOMP purificada. La observación de que NCTC11168-MOMP interacciona con jacalina y el anti-antígeno T pero no la MOMP aislada de las cepas de unión baja y NCTC11168 MOMP^{268T/G} (Fig. 3E) indica que es probable que la cepa TC11168-MOMP sea la forma trimérica unida a O del antígeno T (Galβ₁₋₃GalNAcβ₁₋₄GalNAcβ₁₋₄GalNAcα₁-Thr²⁶⁸).

La glicosilación de MOMP con el antígeno T presentado en el presente documento proporciona una información importante sobre el papel de la glicosilación para la actividad de unión de *C. jejuni* a los antígenos de Lewis y en la inmunogenicidad de MOMP. La determinación adicional de las otras proteínas de la membrana externa glicosiladas en N y O puede arrojar luz sobre el desarrollo de una vacuna basada en glucoconjugado en el futuro.

El papel del glicano en la unión de MOMP a BgAg

Los avances en tecnología informática y las nuevas técnicas de modelado han facilitado las simulaciones de plegamiento de péptidos a nivel atómico. Aunque las bacterias gramnegativas poseen una homología bastante diferente en las secuencias primarias de sus porinas, son notablemente similares en su estructura de barril beta. Por tanto, los inventores emplearon la estructura de barril beta de *Comamonas acidovorans* (1E54.pdb) como plantilla y construyeron un modelo basado en este supuesto. Con el fin de comprender mejor el papel de la glicosilación MOMP en la unión de *C. jejuni* a los BgAg, los inventores presentaron las propiedades de construcción y dinámica molecular de MOMP y su forma glicosilada.

La estructura inicial se construyó y se mostró que tenía 9 bucles y 18 cadenas beta. La estructura de energía más baja obtenida a partir de simulaciones de dinámica molecular (MD) a 300 Kelvin (K). Esta estructura estaba glicosilada en el resto 268 con un grupo glicosilo. La estructura de energía más baja de MOMP glicosilada (gly-MOMP) obtenida de las simulaciones de MD se superpuso a la estructura de energía más baja de MOMP para ver los cambios conformacionales inducidos por la introducción de glicosilación como se presenta en la Figura 4B. Muestra que los principales cambios se producen en los bucles 4, 6 y 7, construidos aproximadamente entre 169-200, 256-274 y 296-333, donde el bucle 6 contiene el grupo glicosilo. Sin embargo, esto demuestra que un pequeño cambio aparece en los barriles. Los límites aproximados de dos proteínas en la parte hidrófoba de la membrana

externa se indican mediante líneas horizontales como se representa en la Figura 4A. Curiosamente, el resto galactosilo tiene una interacción favorable con el resto Arg³²⁸ como se indica en la Figura 4, pero en el complejo con H-II, el resto glicosilado experimenta cambios conformacionales considerables donde esta interacción desaparece y el grupo tiende a moverse hacia el bucle 4 para interactuar con Thr^{186 y 187} (Fig. 4A). Por el contrario, este cambio conformacional no se produjo en el caso de gly-MOMP con Le^b.

La proteína MOMP tiene una cavidad similar a un canal, que se espera que sea capaz de alojar moléculas muy grandes. Un imitador del antígeno de Lewis, el determinante de carbohidrato de Lewis de tipo 1 (Le^b) y el antígeno H-II de tipo 2 se acoplaron en la cavidad de MOMP y gly-MOMP. Estos complejos se computaron para simulaciones de MD. La introducción de los ligandos dentro de la cavidad de MOMP conduce a un efecto notable en los cambios conformacionales en los bucles, Especialmente en los bucles 4 y 7. Estos dos bucles son los más largos entre el resto y, obviamente, experimentan cambios conformacionales significativos en comparación con los demás. Curiosamente, se descubrió que gly-MOMP tiene una estructura relativamente estable ya que muestra que solo el bucle 7 experimenta cambios conformacionales en este complejo. Esto puede significar que la glicosilación aumenta la estabilidad de la proteína y permite que sea inmunológicamente inerte a través de la mimetización molecular de su huésped.

Los aminoácidos de MOMP correspondientes, que median en la unión a los antígenos Le^b y H-II.

Las interacciones involucradas en los complejos de ambas proteínas con Le^b y H-II se representan en la Figura 5A-F. El canal de estas proteínas de barril contiene en gran parte restos de arginina y lisina, los cuales son probablemente responsables del reconocimiento de estos azúcares. Es evidente que gly-MOMP tiene interacciones favorables con Le^b en comparación con MOMP. Los restos Arg³⁵², Lys^{278 y 385} parecen ser los principales contribuyentes a la interacción de la proteína glicosilada con Le^b a través de puentes de hidrógeno, mientras que solo los restos Asn²⁵⁸ y Lys²⁷⁸ están implicados en la interacción de MOMP con Le^b. Los restos 352 y 385 son los miembros del beta-barril 7, que son la parte del bucle 7. Este bucle, como se ha mencionado anteriormente, en su mayoría sufre cambios de conformación durante la simulación dinámica molecular (Fig. 4B). El grupo glicosilo interactúa con este bucle, por lo tanto, conduce a un cambio conformacional favorable para la interacción y, en consecuencia, resulta en una buena orientación de estos restos para interactuar con Le^b. El grupo glicosilo está intercalado entre los bucles 4 y 7, probablemente influyendo en la dinámica de estos bucles, de modo que contribuye a la capacidad de unión de la proteína. Los cálculos también muestran que la proteína glicosilada tiene interacciones de van der Waals (vdw) más favorables en comparación con la MOMP. Parece que los restos Leu²⁹⁰, Tyr²⁹⁴, Phe³⁹⁵ e Ile³³⁷ están bien localizados sobre la superficie hidrofóbica de Le^b en el complejo de gly-MOMP en comparación con MOMP (Fig. 5B y C). Esto se refleja en la diferencia de energía de 67 kcal/mol vdw entre dos complejos. Parece que la H-II está unida a proteínas con un modo similar a Le^b. Los restos Lys²⁷⁸, Arg^{352 y 381} están involucrados en el complejo de ambas proteínas con H-II (Fig. 5E y F). La única diferencia está en los restos Asp²⁶¹ y Ser³⁹⁷, el primero está involucrado en el complejo de MOMP y el segundo en gly-MOMP. La energía de unión muy grande obtenida para el complejo de H-II por MMPBSA no pudo explicarse, pero todavía muestra que la gly-MOMP se une a H-II mejor que la MOMP en sí misma.

El otro resultado obtenido de los cálculos de MD es la conformación y alineación de los ligandos dentro de las cavidades de dos proteínas. Muestran que ambos ligandos tienen diferentes orientaciones conformacionales en los sitios activos de las proteínas.

En conclusión, aunque las simulaciones de MD se llevaron a cabo en un corto tiempo de simulación de MD y en un medio de salvación implícito, todavía muestra que la glicosilación de las principales proteínas de la membrana externa proporciona mejores cambios de conformación y, en consecuencia, afinidad para la unión y, por lo tanto, el reconocimiento de los antígenos de Lewis en comparación con su proteína original. Los epítopos de MOMP conformacionales son importantes en la inmunidad del huésped y la variación en las regiones expuestas a la superficie probablemente se produce como resultado de una selección inmune positiva durante la infección. La diversidad de *porA* se ha explotado en estudios de genotipado que utilizan secuencias de nucleótidos altamente discriminatorias para identificar casos potencialmente epidemiológicamente vinculados de manifestaciones clínicas de la infección por *C. jejuni*. Curiosamente, se ha sugerido que la respuesta inmune del huésped desempeña un papel en la definición de complejos clonales más antigénicamente homogéneos, y esto también podría reflejar una adaptación de nicho. Por ejemplo, la alineación de las secuencias de MOMP aisladas de cepas asociadas a humanos y pollos demuestra que difieren predominantemente en el bucle 4, por lo tanto, la variación del bucle 4 podría influir en la capacidad de unión bacteriana y, por consiguiente, en la adaptación del nicho.

Adicionalmente, la identificación del perfil de glicosilación de proteínas de *C. jejuni*, principalmente las relacionadas con la membrana externa, son fundamentales para comprender la diversa patogenicidad de las cepas de *C. jejuni* entre diferentes huéspedes. El modelo puede usarse para subredes de interés biológico, tales como aminoácidos esenciales que sugieren objetivos de fármacos candidatos. De manera importante, algunas interacciones de baja confianza pueden ser biológicamente significativas mediante validación experimental.

El modelo para la interacción de *C. jejuni* con los antígenos Le^b y H-II mediados por MOMP generado aquí aumenta sustancialmente nuestro conocimiento sobre la proteína y su glicosilación y el papel en las interacciones detectadas hasta ahora para la membrana externa de *C. jejuni*.

Por lo tanto, la glicobiología estructural desempeñará un papel clave en el desenmarañamiento de otras estructuras de glicanos que median la interacción de las bacterias huésped a través de las proteínas MOMP/FlaA, contribuyendo decisivamente a la identificación y validación de nuevos receptores de glicanos para estas lectinas bacterianas. Esta información será de gran importancia para la mejora y el diseño de nuevas terapias para superar la infección por *C. jejuni*.

Formación de biopelículas

Se ha demostrado que la autoaglutinación (AAG) es crítica para la virulencia de varios patógenos y puede desempeñar un papel en la adherencia, la formación de microcolonias, la formación de biopelículas y la resistencia al ácido y la fagocitosis. En dos estudios previos en AAG de *C. jejuni* (N. Misawa, M. J. Blaser, Infect Immun 68, 6168 (Nov, 2000) y N. J. Golden, D. W. Acheson, Infect Immun 70, 1761 (Apr, 2002)), parecía haber una asociación con la adherencia o invasión de las células epiteliales intestinales.

Se examinó el impacto de la mutación *flaA* y/o la sustitución MOMP-T/G en la biopelícula. Las biopelículas se generaron durante 48 horas en placas de poliestireno a 42 °C en condiciones microaerófilas y se tiñeron con violeta cristal antes de evaluarlas mediante la medición de opacidad, usando un lector de placas de ELISA a A₅₉₅. En muestras de control sin azúcar añadido, la formación de biopelículas de la cepa NCTC11168-delección Δ *flaA* y MOMP^{T/G} fue significativamente menor que la cepa de tipo salvaje (WT). Ya conocida por estudios previos, la glicosilación de la flagelina ligada a O es necesaria para el correcto ensamblaje de los filamentos de flagelos, también la mutación *flaA* conduce a la reducción en la formación de biopelículas debido a la motilidad reducida. Para determinar el papel de BgAg del huésped en la inhibición de la formación de biopelículas, se añadieron diversos antígenos a los medios inoculados con diferentes cepas. Se observó una formación reducida de biopelículas en presencia de estructuras de azúcar libre en los medios; el descenso más dramático se ve en WT. Para cepas de tipo salvaje, el H-II produjo la mayor reducción en un 90 % y seguido por la estructura de Le^b con un 80 % en comparación con otros BgAg examinados. Probablemente, la mayor reducción se debe a la mayor afinidad, lo que afecta a la ecuación de equilibrio y requiere más tiempo para separar el azúcar libre de las moléculas de la superficie y evita la formación de biopelículas. Aunque cuanto más fuerte es la afinidad de unión más se interrumpe la formación de biopelícula. Estos datos sugieren que los BgAg compiten con los AAG y los determinantes de biopelículas en flagelina y MOMP, también confirmaron la validez del modelo y subrayó el papel crítico de la O-glicosilación en la formación de biopelículas (**Figura 7-Figura A y B**).

Este experimento se repitió y se logró el mismo patrón. Teniendo en cuenta que la posición de la placa puede afectar al crecimiento; se añadieron las muestras y su control en posición idéntica en diferentes placas. Asimismo, se tomó una alícuota de cada muestra y se cultivó en CCDA, mostró que el crecimiento fue igual en todas.

La estructura de energía más baja de la proteína MOMP.

Los estudios funcionales y estructurales de las proteínas de la membrana externa de las bacterias gramnegativas se llevan a cabo con frecuencia utilizando proteínas plegadas. Aunque varias estructuras de PME (proteínas de la membrana externa) bacterianas ya están disponibles, un gran número de estas proteínas todavía están estructural y funcionalmente mal caracterizadas. Se generó un modelo para MOMP de *C. jejuni* para estudiar el efecto de la glicosilación en la conformación de MOMP y también su papel en la actividad de unión bacteriana. El modelo se puede usar para predecir las funciones de proteínas no caracterizadas y para mapear vías funcionales en *C. jejuni* y otros procariotas. Los datos pueden proporcionar un marco para comprender los procesos biológicos dinámicos, tal como la unión primaria de *C. jejuni* a los antígenos del grupo histo-sanguíneo.

Alineación de *porA* de diferentes aislamientos bacterianos

Alineación de múltiple secuencia CLUSTAL W (1.81) utilizando la matriz de ponderación BLOSUM, de las principales secuencias de la membrana externa de *Campylobacter jejuni* descargadas de la base de datos Uniprot (<http://www.uniprot.org/>). Asimismo, se añadieron tres aislamientos clínicos no aglutinantes (NB) y tres aglutinantes altos (HB) a esta serie (secuenciación interna). Las posiciones de los aminoácidos se refieren a las posiciones en la cepa NCTC11168 (**P80672**).

La alineación mostró que los principales contribuyentes de la interacción de la MOMP glicosilada con Le^b a través de enlaces de hidrógeno son los restos 352 (Arg), 381 (Arg) y 278 (Lys), mientras que solo los restos 352 y 278 están involucrados en la interacción de MOMP no glicosilada con Le^b. Las alineaciones de secuencias de aminoácidos que indican los sitios activos de MOMP de aislamientos de *C. jejuni* de diferentes pacientes han sido lo suficientemente estables para este propósito. Curiosamente, el resto 278 (Lys) está semiconservado en 16 aislamientos y se substituyó por Arg, que puede mediar el enlace a través del enlace de hidrógeno de manera similar a los restos 381 (Arg) y 352 (Arg).

Asimismo, la alineación de estas secuencias también demuestra que difieren predominantemente en el bucle 4, pero el espacio de unión entre el bucle 4 y 7 está relativamente conservado. Un estudio definitivo sobre la asociación del huésped de MOMP requeriría datos de análisis de glicosilación para aislamientos de una amplia variedad de

anfitriones. Un factor que complica la exploración de estas relaciones para todas las *C. jejuni* puede ser su capacidad para colonizar múltiples huéspedes y, por lo tanto, exponerse a muchas respuestas inmunitarias diferentes.

- 5 Adicionalmente, el sitio de glicosilación Thr²⁶⁸ en las proteínas MOMP se conservó en el 52 % de los aislamientos bacterianos alineados en este estudio, lo que indica el papel de importancia de Thr en la posición 268.

Alineación de *porA* de diferentes aislamientos de *C. jejuni*.

- 10 Alineación de múltiple secuencia CLUSTAL W (1.81) utilizando la matriz de ponderación BLOSUM, de las principales secuencias de la membrana externa de *Campylobacter jejuni* descargadas de la base de datos Uniprot (<http://www.uniprot.org/>). Asimismo, se añadieron tres aislamientos clínicos no aglutinantes (NB) y tres de aglutinante alto (HB) en esta serie a partir de la secuenciación interna. Las posiciones de aminoácidos mencionadas en esta solicitud se refieren a las posiciones de aminoácidos en la cepa NCTC11168 (**P80672**) SEQ ID No. 1.

10	20	30	40	50	60
MKLVKLSLVA	ALAAGAFSAA	NATPLEEAIK	DVDVSGVLR	RYDTGNFEDKN	FVNNNSLNNS
70	80	90	100	110	120
KQDHKYRAQV	NFSAAIADNF	KAFVQFDYNA	ADGGYGANGI	KNDQKGLFVR	QLYLTYTNED
130	140	150	160	170	180
VATSVIAGKQ	QLNLIWTDNA	IDGLVGTGVK	VVNSIDGLT	LAAFAVDSFM	AAEQGADLLE
190	200	210	220	230	240
HSNISTTSNQ	APFKVDSVGN	LYGAAVGSY	DLAGGQFNPQ	LWLAYWDQVA	FFYAVDAAYS
250	260	270	280	290	300
TTIFDGINWT	LEGAYLGNSL	DSELDDKTHA	NGNLFALKGS	IEVNGWDASL	GGLYYGDKEK
310	320	330	340	350	360
ASTVVEDQG	NLGSLLAGEE	IFYTTGSRLN	GDTGRNIFGY	VTGGYTFNET	VRVGADFVYG
370	380	390	400	410	420
GTKTEAANHL	GGGKKLEAVA	RVDYKYSPLK	NFSAFYSYVN	LDQGVNTNES	ADHSTVRLQA
15	LYKF				

La anotación "*", ":", "." se refiere a sustituciones de aminoácidos idénticos, conservados, semiconservados, respectivamente.

20 LISTADO DE SECUENCIAS

<110> The University of Nottingham

<120> Reducción de la colonización del tracto gastrointestinal por *Campylobacter*

25

<130> JA58052P.WOP

<140> PCT/GB2013/050367

<141> 15/02/2013

30

<150> GB 1202681.1

<151> 16/02/2012

<150> GB 1220158.8

<151> 08/11/2012

5 <160> 46

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

10 <211> 424

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 1

15

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Ala Asp Gly Gly Tyr Gly
85 90 95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Leu Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu
130 135 140

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

<210> 2
 <211> 424
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

5

<400> 2

```

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

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

Asp  Val  Ser  Gly  Val  Leu  Arg  Tyr  Arg  Tyr  Asp  Thr  Gly  Asn  Phe  Asp
      35      40      45

Lys  Asn  Phe  Val  Asn  Asn  Ser  Asn  Leu  Asn  Asn  Ser  Lys  Gln  Asp  His
      50      55      60

Lys  Tyr  Arg  Ala  Gln  Val  Asn  Phe  Ser  Ala  Ala  Ile  Ala  Asp  Asn  Phe
65      70      75      80

Lys  Ala  Phe  Val  Gln  Phe  Asp  Tyr  Asn  Ala  Ala  Asp  Gly  Gly  Tyr  Gly
      85      90      95

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

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

Lys  Gln  Gln  Leu  Asn  Leu  Ile  Trp  Thr  Asp  Asn  Ala  Ile  Asp  Gly  Leu
      130     135     140

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

Leu  Ala  Ala  Phe  Ala  Val  Asp  Ser  Phe  Met  Ala  Ala  Glu  Gln  Gly  Ala
      165     170     175

Asp  Leu  Leu  Gly  His  Ser  Thr  Thr  Ser  Thr  Thr  Gln  Lys  Ala  Ala  Pro
      180     185     190
  
```

10

ES 2 738 632 T3

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

<210> 3
 <211> 427
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni
 <400> 3

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

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

<210> 4
 <211> 424
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

<400> 4

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

Phe Ser Ala Ala Asn Ala Thr Pro Leu Glu Glu Ala Ile Lys Asp Val

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

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

Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr Val
290 295 300

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 5
<211> 424
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni
<400> 5

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 6
<211> 424
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni
<400> 6

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Ala Asp Gly Gly Tyr Gly
85 90 95

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

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 7
<211> 424
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni
<400> 7

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Ala Asp Gly Gly Tyr Gly
85 90 95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Val Asp Gly Leu
130 135 140

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

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

<210> 8
 <211> 424
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (414)..(414)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 8

```

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
          35          40          45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50          55          60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65          70          75          80

Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Ala Asp Gly Gly Tyr Gly
          85          90          95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Val Asp Gly Leu
          130          135          140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Val Asp Ser Phe Met Ala Glu Glu Gln Gly Ala
          165          170          175

```

ES 2 738 632 T3

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

<210> 9
 <211> 424
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

ES 2 738 632 T3

<400> 9

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

ES 2 738 632 T3

Tyr Trp Asp Gln Val Ala Phe Phe Tyr Ala Val Asp Ala Ala Tyr Ser
225 230 235 240

Thr Thr Ile Phe Asp Gly Ile Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala Tyr Leu
245 250 255

Gly Asn Ser Leu Asp Ser Glu Leu Asn Asp Lys Arg His Ala Asn Gly
260 265 270

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

Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr Val
290 295 300

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 10
<211> 424
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni

<400> 10

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

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

260

265

270

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

Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr Val
290 295 300

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 11

<211> 424

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 11

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 12

<211> 424

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 12

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Ala Asp Gly Gly Tyr Gly
85 90 95

ES 2 738 632 T3

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Val Asp Gly Leu
130 135 140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Val Asp Ser Phe Met Ala Glu Glu Gln Gly Thr
165 170 175

Asp Leu Leu Gly Gln Ser Thr Ile Ser Thr Thr Gln Asn Thr Ala Pro
180 185 190

Phe Gln Ala Asp Ser Leu Gly Asn Leu Tyr Gly Ala Ala Ala Val Gly
195 200 205

Ser Tyr Asp Leu Ala Gly Gly Gln Phe Asn Pro Gln Leu Trp Leu Ala
210 215 220

Tyr Trp Asp Gln Val Ala Phe Phe Tyr Ala Val Asp Ala Ala Tyr Ser
225 230 235 240

Thr Thr Ile Phe Asp Gly Ile Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala Tyr Leu
245 250 255

Gly Asn Ser Leu Asp Ser Glu Leu Asp Asp Lys Arg His Ala Asn Gly
260 265 270

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

Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr Val
290 295 300

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

ES 2 738 632 T3

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 13

<211> 424

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 13

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Ala Asp Gly Gly Tyr Gly
85 90 95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Val Asp Gly Leu
130 135 140

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

<210> 14
 <211> 425
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

5

<400> 14

```

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
          35          40          45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
 50          55          60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65          70          75          80

Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Ala Asp Gly Gly Tyr Gly
          85          90          95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Val Asp Gly Leu
          130          135          140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Val Asp Ser Phe Met Ala Ala Glu Gln Gly Ala
          165          170          175

Asp Leu Leu Gly His Ser Asn Thr Ser Thr Ala Thr Pro Asn Gln Val
          180          185          190
  
```

ES 2 738 632 T3

```

Pro Phe Lys Val Asp Ser Val Gly Asn Leu Tyr Gly Ala Ala Ala Val
    195                200                205

Gly Ser Tyr Asp Leu Ala Gly Gly Gln Phe Asn Pro Gln Leu Trp Leu
    210                215                220

Ala Tyr Trp Asp Gln Val Ala Phe Phe Tyr Ala Val Asp Ala Ala Tyr
    225                230                235                240

Ser Thr Thr Ile Phe Asp Gly Ile Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala Tyr
                245                250                255

Leu Gly Asn Ser Leu Asp Ser Glu Leu Asp Asp Thr Thr His Ala Asn
                260                265                270

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

Ala Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr
    290                295                300

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

Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg
                325                330                335

Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val
                340                345                350

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

Asn His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp
    370                375                380

Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val
    385                390                395                400

Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr
                405                410                415

Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
                420                425

```

<210> 15
 <211> 425
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni
 <400> 15

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

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

<210> 16
 <211> 424
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni
 <400> 16

Met Lys Leu Val Lys Leu Ser Leu Val Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala	1	5	10	15
Phe Ser Ala Ala Asn Ala Thr Pro Leu Glu Glu Ala Ile Lys Asp Val				

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Asn Leu Phe Ala Leu Lys Gly Thr Ile Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala
275 280 285

Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr Val
290 295 300

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 17

<211> 424

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 17

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
50 55 60

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 18

<211> 424

5 <212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 18

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr Gly
85 90 95

Val Asp Asn Val Thr Asn Thr Glu Lys Gly Leu Phe Val Arg Gln Leu
100 105 110

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 19

<211> 425

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 19

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr Gly
85 90 95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Leu Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu
130 135 140

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

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

<210> 20
 <211> 424
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

5

<400> 20

```

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
          35          40          45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
 50          55          60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65          70          75          80

Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr Gly
          85          90          95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Leu Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu
          130          135          140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Ala Asp Ser Phe Met Ala Ala Glu Gln Gly Ala
          165          170          175

Asp Leu Leu Gly His Ser Asn Ile Ser Thr Thr Pro Asn Gln Ala Pro
          180          185          190

Phe Lys Val Asp Ser Val Gly Asn Leu Tyr Gly Ala Ala Ala Val Gly
  
```

ES 2 738 632 T3

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

<210> 21
 <211> 425
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni
 <400> 21

ES 2 738 632 T3

Met Lys Leu Val Lys Leu Ile Leu Val Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala
1 5 10 15

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr Gly
85 90 95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Leu Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu
130 135 140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Ala Asp Ser Phe Met Ala Ala Glu Gln Gly Ala
165 170 175

Asp Leu Leu Gly His Arg Asn Ile Ser Thr Ile Thr Pro Asn Gln Ala
180 185 190

Pro Phe Lys Val Asp Ser Val Gly Asn Leu Tyr Gly Ala Ala Ala Val
195 200 205

Gly Ser Tyr Asp Leu Ala Gly Gly Gln Phe Asn Pro Gln Leu Trp Leu
210 215 220

Ala Tyr Trp Asp Gln Val Ala Phe Phe Tyr Ala Val Asp Ala Ala Tyr
225 230 235 240

ES 2 738 632 T3

Ser Thr Thr Ile Phe Asp Gly Ile Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala Tyr
245 250 255

Leu Gly Asn Ser Leu Asp Ser Glu Leu Asp Asp Lys Thr His Ala Asn
260 265 270

Gly Asn Leu Phe Ala Leu Lys Gly Thr Ile Glu Val Asn Gly Trp Asp
275 280 285

Ala Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr
290 295 300

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

Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg
325 330 335

Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val
340 345 350

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

Ala His Val Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp
370 375 380

Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val
385 390 395 400

Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr
405 410 415

Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420 425

<210> 22
<211> 424
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni

<400> 22

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

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

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr Val
290 295 300

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 23

<211> 424

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 23

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Gly Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 24
<211> 425
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni

<400> 24

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Gly Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr Gly
85 90 95

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

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

5

10

ES 2 738 632 T3

Lys Gln Gln Leu Asn Leu Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu
 130 135 140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Ala Asp Ser Phe Met Ala Ala Glu Gln Gly Ala
 165 170 175

Asp Leu Leu Gly His Ser Asn Thr Ser Thr Ala Thr Pro Asn Gln Ala
 180 185 190

Pro Phe Lys Val Asp Ser Val Gly Asn Leu Tyr Gly Ala Ala Ala Val
 195 200 205

Gly Ser Tyr Asp Leu Ala Gly Gly Gln Phe Asn Pro Gln Leu Trp Leu
 210 215 220

Ala Tyr Trp Asp Gln Val Ala Phe Phe Tyr Ala Val Asp Ala Ala Tyr
 225 230 235 240

Ser Thr Thr Ile Phe Asp Gly Ile Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala Tyr
 245 250 255

Leu Gly Asn Ser Leu Asp Ser Glu Leu Asp Asp Thr Thr His Ala Asn
 260 265 270

Gly Asn Leu Phe Ala Leu Lys Gly Thr Ile Glu Val Asn Gly Trp Asp
 275 280 285

Ala Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr
 290 295 300

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

Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg
 325 330 335

Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val
 340 345 350

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

Ser His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp

ES 2 738 632 T3

370

375

380

Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val
385 390 395 400

Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr
405 410 415

Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420 425

<210> 25

<211> 423

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 25

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
50 55 60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65 70 75 80

Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr Gly
85 90 95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Phe Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu
130 135 140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Val Asp Ser Phe Met Ala Ala Glu Gln Ala Glu

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

<210> 26
 <211> 417
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

5

<400> 26

```

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
          35          40          45

Lys Asn Phe Val Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Asn Lys Gln Asp His
 50          55          60

Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn Phe
65          70          75          80

Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr Gly
          85          90          95

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

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

Lys Gln Gln Leu Asn Leu Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu
130          135          140

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

Leu Ala Ala Phe Ala Val Asp Ser Phe Met Thr Ala Glu Gln Gly Ala
          165          170          175

Asp Leu Leu Gly His Asn Gly Ser Gln Phe Asn Pro Asp Ser Ile Gly
          180          185          190

Asn Leu Tyr Gly Ala Ala Ala Val Gly Ser Tyr Asp Leu Ala Gly Gly
195          200          205
  
```

ES 2 738 632 T3

Gln Phe Asn Pro Gln Leu Trp Leu Ala Tyr Trp Asp Gln Val Ala Phe
210 215 220

Phe Tyr Ala Leu Asp Ala Ser Tyr Ser Thr Thr Ile Phe Asp Gly Ile
225 230 235 240

Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala Tyr Leu Gly Asn Ser Val Asp Ser Asp
245 250 255

Leu Asp Ser Thr Arg Tyr Ala Asn Gly Asn Phe Phe Ala Leu Lys Gly
260 265 270

Gly Ile Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr
275 280 285

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

Leu Ser Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser
305 310 315 320

Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly
325 330 335

Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg Val Gly Ala Asp Phe Val Tyr
340 345 350

Gly Gly Thr Lys Thr Glu Ala Ala Asn His Leu Gly Gly Gly Lys Lys
355 360 365

Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn
370 375 380

Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr
385 390 395 400

Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys
405 410 415

Phe

<210> 27

<211> 417

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 27

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Leu Asn Ser Ala Glu His Ala Asn Gly Asn Leu Phe Ala Leu Lys Gly
260 265 270

Ser Ile Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr
275 280 285

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

Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser
305 310 315 320

Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly
325 330 335

Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg Val Gly Ala Asp Phe Val Tyr
340 345 350

Gly Gly Thr Lys Thr Glu Ala Ala Ser His Leu Gly Gly Gly Lys Lys
355 360 365

Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn
370 375 380

Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr
385 390 395 400

Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys
405 410 415

Phe

<210> 28

<211> 418

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 28

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Thr Phe Asp
35 40 45

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly
305 310 315 320

Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr
325 330 335

Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg Val Gly Ala Asp Phe Val
340 345 350

Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Glu Ala Ala Gly His Leu Gly Gly Gly Lys
355 360 365

Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu
370 375 380

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn
385 390 395 400

Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr
405 410 415

Lys Phe

<210> 29

<211> 418

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 29

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Thr Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Trp Gly Thr Pro Asn Ser Asn Leu Asn Asp Ser Lys Gln Asp
50 55 60

His Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn
65 70 75 80

Phe Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr
85 90 95

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

340

345

350

Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Glu Ala Ala Asn His Leu Gly Gly Gly Lys
355 360 365

Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu
370 375 380

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn
385 390 395 400

Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr
405 410 415

Lys Phe

<210> 30

<211> 418

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 30

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Thr Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Trp Gly Thr Pro Asn Ser Asn Leu Asn Asp Ser Lys Gln Asp
50 55 60

His Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn
65 70 75 80

Phe Lys Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr
85 90 95

Gly Val Asp Asn Ala Thr Asn Ala Gln Lys Gly Phe Phe Val Arg Gln
100 105 110

Leu Tyr Leu Thr Tyr Thr Asn Glu Asp Val Ala Thr Ser Val Ile Ala
115 120 125

Gly Lys Gln Gln Leu Asn Ile Ile Trp Thr Asp Asn Gly Ile Asp Gly

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn
385 390 395 400

Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr
405 410 415

Lys Phe

<210> 31

<211> 418

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 31

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Thr Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Trp Gly Thr Pro Asn Ser Asn Leu Asn Asp Ser Lys Gln Asp
50 55 60

His Lys Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Ala Ala Ile Ala Asp Asn
65 70 75 80

Phe Lys Ala Phe Ile Gln Phe Asp Tyr Asn Ala Val Asp Gly Gly Thr
85 90 95

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

Leu Tyr Leu Thr Tyr Thr Asn Glu Asp Val Ala Thr Ser Val Ile Ala
115 120 125

Gly Lys Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Ile Asp Gly
130 135 140

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

Thr Leu Ala Ala Phe Ala Val Asp Ser Phe Met Ala Thr Glu Gln Gly
165 170 175

5

10

ES 2 738 632 T3

Ser Asp Leu Val Gly His Asn Gly Ser Lys Phe Ser Pro Asp Ser Ile
180 185 190

Gly Asn Leu Tyr Gly Ala Ala Ala Val Gly Ser Tyr Asp Leu Ala Gly
195 200 205

Gly Gln Phe Asn Pro Gln Leu Trp Leu Ala Tyr Trp Asp Gln Val Ala
210 215 220

Phe Phe Tyr Ala Leu Asp Ala Ser Tyr Ser Thr Thr Ile Phe Asp Gly
225 230 235 240

Ile Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala Tyr Leu Gly Asn Ser Val Asp Ser
245 250 255

Asp Leu Asn Ser Ala Glu Tyr Ala Asn Gly Asn Leu Phe Ala Leu Lys
260 265 270

Gly Ser Ile Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala Ser Leu Gly Gly Leu Tyr
275 280 285

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

Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly
305 310 315 320

Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr
325 330 335

Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg Val Gly Ala Asp Phe Val
340 345 350

Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Glu Ala Thr Thr His Leu Gly Gly Gly Lys
355 360 365

Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu
370 375 380

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn
385 390 395 400

Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr
405 410 415

Lys Phe

<210> 32
<211> 426
<212> PRT

ES 2 738 632 T3

<213> Campylobacter jejuni

<400> 32

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

ES 2 738 632 T3

Leu Ala Tyr Trp Asp Gln Val Ala Phe Phe Tyr Ala Val Asp Ala Ala
225 230 235 240

Tyr Ser Thr Thr Ile Phe Asp Gly Ile Asn Trp Thr Leu Glu Gly Ala
245 250 255

Tyr Leu Gly Asn Ser Leu Asp Ser Glu Leu Asp Asp Arg Thr Tyr Ala
260 265 270

Asn Gly Asn Leu Phe Ala Leu Lys Gly Ser Ile Glu Val Asn Gly Trp
275 280 285

Asp Ala Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser
290 295 300

Thr Val Val Ile Glu Asp Gln Gly Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly
305 310 315 320

Glu Glu Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly
325 330 335

Arg Asn Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr
340 345 350

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

Val Gly His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val
370 375 380

Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr
385 390 395 400

Val Asn Leu Asp Gln Gly Val Asn Thr Asn Glu Ser Ala Asp His Ser
405 410 415

Thr Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420 425

<210> 33

<211> 424

5 <212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 33

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

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Asn Leu Phe Ala Leu Arg Gly Ser Val Glu Leu Asn Gly Trp Asp Ala
275 280 285

Ser Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Gly Asp Lys Glu Lys Ala Ser Thr Val
290 295 300

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

Ile Phe Tyr Thr Thr Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Thr Gly Arg Asn
325 330 335

Ile Phe Gly Tyr Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg
340 345 350

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

His Leu Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr
370 375 380

Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn
385 390 395 400

Leu Asp Glu Gly Val Asn Thr Lys Glu Ser Ala Asp His Ser Thr Val
405 410 415

Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 34

<211> 425

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 34

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Gly Asn Phe Asp
35 40 45

Lys Asn Phe Ile Asn Asn Ser Asn Leu Asn Asn Ser Lys Gln Asp His
50 55 60

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

305						310						315						320
Glu	Ile	Phe	Tyr	Thr	Thr	Gly	Ser	Arg	Leu	Asn	Gly	Asp	Thr	Gly	Arg			
				325					330					335				
Asn	Ile	Phe	Gly	Tyr	Val	Thr	Gly	Gly	Tyr	Thr	Phe	Asn	Glu	Thr	Val			
			340				345				350							
Arg	Val	Gly	Ala	Asp	Phe	Val	Tyr	Gly	Gly	Thr	Lys	Thr	Glu	Ala	Ala			
		355			360			365										
Asn	His	Leu	Gly	Gly	Gly	Lys	Lys	Leu	Glu	Ala	Val	Ala	Arg	Val	Asp			
		370			375			380										
Tyr	Lys	Tyr	Ser	Pro	Lys	Leu	Asn	Phe	Ser	Ala	Phe	Tyr	Ser	Tyr	Val			
385					390					395					400			
Asn	Leu	Asp	Glu	Gly	Val	Asn	Thr	Lys	Glu	Ser	Ala	Asp	His	Ser	Thr			
			405				410				415							
Val	Arg	Leu	Gln	Ala	Leu	Tyr	Lys	Phe										
			420				425											

<210> 35
<211> 420
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni
<400> 35

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

ES 2 738 632 T3

100							105					110			
Leu	Thr	Tyr	Thr	Asn	Glu	Asp	Val	Ala	Thr	Ser	Val	Ile	Ala	Gly	Lys
		115				120						125			
Gln	Gln	Leu	Asn	Thr	Ile	Trp	Thr	Asp	Asn	Gly	Ile	Asp	Gly	Leu	Val
		130				135						140			
Gly	Thr	Gly	Ile	Lys	Val	Val	Asn	Asn	Ser	Ile	Asp	Gly	Leu	Thr	Leu
				150						155				160	
Ala	Ala	Phe	Ala	Met	Asp	Ser	Phe	Asn	Glu	Glu	Val	Pro	Ala	Thr	Thr
				165				170						175	
Thr	Asn	Gly	Phe	Asn	Lys	Gly	Asn	Val	Asn	Gly	Asp	Gly	Asp	Val	Ser
		180						185				190			
Ser	Ala	Leu	Asp	Trp	Ser	Lys	Asn	Ile	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ala	Ile	Gly
		195				200						205			
Ser	Tyr	Asp	Leu	Ile	Gly	Gly	Gln	Phe	Asn	Pro	Gln	Leu	Trp	Leu	Ala
		210				215				220					
Tyr	Met	Ser	Asp	Asn	Ala	Phe	Leu	Tyr	Ala	Leu	Asp	Ala	Ala	Tyr	Ser
				230						235				240	
Thr	Thr	Ile	Phe	Asp	Gly	Ile	Asn	Trp	Ser	Ile	Glu	Gly	Ala	Tyr	Leu
				245				250						255	
Gly	Asn	Ser	Val	Asp	Asn	Lys	Leu	Lys	Asp	Arg	Leu	Asp	Ala	Ala	Asn
		260						265				270			
Gly	Asn	Phe	Phe	Ala	Leu	Arg	Gly	Thr	Val	Glu	Val	Asn	Gly	Trp	Asp
		275				280						285			
Ala	Ser	Leu	Gly	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Gly	Lys	Lys	Asp	Lys	Ala	Thr	Val
		290				295				300					
Thr	Thr	Ile	Glu	Asp	Gln	Gly	Asn	Ile	Gly	Ser	Leu	Leu	Ala	Gly	Glu
		305		310						315				320	
Glu	Ile	Phe	Tyr	Thr	Arg	Gly	Ser	Asn	Leu	Asn	Gly	Asp	Ile	Gly	Arg
				325				330						335	
Asn	Ile	Phe	Gly	Tyr	Val	Thr	Gly	Gly	Tyr	Thr	Phe	Asn	Glu	Thr	Val
		340						345				350			

ES 2 738 632 T3

Arg Val Gly Ala Asp Phe Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Asn Ile Ile
355 360 365

Gly Gly Gly Gly Lys Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys
370 375 380

Tyr Ser Pro Lys Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val
385 390 395 400

Asp Thr Asp Pro Glu Ser Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln Ala
405 410 415

Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 36
<211> 421
<212> PRT
<213> Campylobacter jejuni

<400> 36

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Glu Thr Ser Asn Asp Trp
35 40 45

Ser Asn Ala Asn Phe Gly Ser Gly Ile Ser Gly Lys Gln Asp His Lys
50 55 60

Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Gly Ala Ile Ser Asp Asn Phe Lys
65 70 75 80

Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Tyr Gly Ala
85 90 95

Asp Ser Ile Ser Asn Thr Ser Asp Thr Leu Ser Val Arg Gln Leu Tyr
100 105 110

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

Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Ile Asp Gly Leu Val
130 135 140

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Val Asp Thr Asp Pro Glu Ser Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln
405 410 415

Ala Leu Tyr Lys Phe
420

<210> 37

<211> 431

5

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 37

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Glu Ser Ser Asn Pro Trp
35 40 45

Ser Asn Ala Asn Phe Gly Ser Gly Ile Ser Gly Lys Gln Asp His Lys
50 55 60

Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Gly Ala Ile Ser Asp Asn Phe Lys
65 70 75 80

Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Tyr Gly Ala
85 90 95

Asp Ser Ile Ser Asn Thr Ser Asp Thr Leu Ser Val Arg Gln Leu Tyr
100 105 110

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

Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu Val
130 135 140

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

Ala Ala Phe Ala Met Asp Ser Phe Asn Glu Ala Ser Asp Thr Thr Val
165 170 175

Thr Ile Thr Gln Asp Asn Ser Gln Lys Ile Thr Gly Val Gln Phe Asn
180 185 190

10

ES 2 738 632 T3

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

<210> 38
 <211> 431
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni
 <400> 38

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Ala Phe Leu Tyr Ala Leu Asp Ala Thr Tyr Ser Thr Thr Ile Phe Asp
245 250 255

Gly Ile Asn Trp Thr Ile Glu Gly Ala Tyr Leu Gly Asn Ser Val Asp
260 265 270

Asn Lys Leu Lys Asp Arg Leu Asp Ala Ala Asn Gly Asn Phe Phe Ala
275 280 285

Leu Arg Gly Thr Val Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala Ser Leu Gly Gly
290 295 300

Leu Tyr Tyr Gly Lys Lys Asp Lys Ile Thr Val Thr Thr Ile Glu Asp
305 310 315 320

Gln Gly Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr
325 330 335

Arg Gly Ser Asn Leu Asn Gly Asp Leu Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr
340 345 350

Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Ala Val Arg Val Gly Ala Asp
355 360 365

Phe Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Asn Ile Ile Gly Gln Gly Gly Lys
370 375 380

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

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val Asp Thr Asp Pro Glu
405 410 415

Ser Thr His His Asp Ala Val Lys Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420 425 430

<210> 39

<211> 431

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 39

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

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

5

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

275	280	285
Leu Arg Gly Thr Val Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala Ser Leu Gly Gly		
290	295	300
Leu Tyr Tyr Gly Lys Lys Asp Lys Ile Thr Val Thr Thr Ile Glu Asp		
305	310	315
Gln Gly Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr		
325	330	335
Arg Gly Ser Asn Leu Asn Gly Asp Leu Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr		
340	345	350
Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Ala Val Arg Val Gly Ala Asp		
355	360	365
Phe Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Asn Ile Ile Gly Gln Gly Gly Lys		
370	375	380
Lys Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu		
385	390	395
Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val Asp Thr Asp Pro Glu		
405	410	415
Ser Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe		
420	425	430

<210> 40
 <211> 431
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni
 <400> 40

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

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Gln Gly Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr
325 330 335

Arg Gly Ser Asn Leu Asn Gly Asp Leu Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr
340 345 350

Val Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Ala Val Arg Val Gly Ala Asp
355 360 365

Phe Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Asn Ile Ile Gly Gln Gly Gly Lys
370 375 380

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

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val Asp Thr Asp Pro Glu
405 410 415

Ser Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420 425 430

<210> 41

<211> 431

5 <212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 41

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Glu Ser Ser Asn Pro Trp
35 40 45

Ser Asn Ala Asn Phe Gly Ser Gly Ile Ser Gly Lys Gln Asp His Lys
50 55 60

Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Gly Ala Ile Ser Asp Asn Phe Lys
65 70 75 80

Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Tyr Gly Thr
85 90 95

Asp Ser Ile Ser Asn Thr Ser Asp Thr Leu Thr Val Arg Gln Leu Tyr
100 105 110

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Phe Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Asn Ile Ile Gly Gln Gly Gly Lys
370 375 380

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

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val Asp Thr Asp Pro Glu
405 410 415

Ser Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420 425 430

<210> 42

<211> 431

5 <212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 42

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Glu Ser Ser Asn Pro Trp
35 40 45

Ser Asn Ala Asn Phe Gly Ser Gly Ile Ser Gly Lys Gln Asp His Lys
50 55 60

Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Gly Ala Ile Ser Asp Asn Phe Lys
65 70 75 80

Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Tyr Gly Thr
85 90 95

Asp Ser Ile Ser Asn Thr Ser Asp Thr Leu Thr Val Arg Gln Leu Tyr
100 105 110

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

Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Gly Ile Asp Gly Leu Val
130 135 140

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

10

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

<210> 43
 <211> 431
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

5

<400> 43

```

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Glu Ser Ser Asn Pro Trp
          35          40          45

Ser Asn Ala Asn Phe Gly Ser Gly Ile Ser Gly Lys Gln Asp His Lys
 50          55          60

Tyr Arg Ala Gln Val Asn Phe Ser Gly Ala Ile Ser Asp Asn Phe Lys
65          70          75          80

Ala Phe Val Gln Phe Asp Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Tyr Gly Thr
          85          90          95

Asp Ser Ile Ser Asn Thr Ser Asp Thr Leu Thr Val Arg Gln Leu Tyr
          100          105          110

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

Gln Gln Leu Asn Thr Ile Trp Thr Asp Asn Ala Ile Asp Gly Leu Val
          130          135          140

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

Ala Ala Phe Ala Met Asp Ser Phe Asn Glu Ala Ser Asp Thr Thr Val
          165          170          175

Thr Ile Thr Gln Asp Asn Asn Gln Lys Ile Thr Gly Val Gln Phe Asn
          180          185          190

Arg Gly Asn Pro Lys Gly Asp Ser Asp Val Ser Gly Ala Leu Asp Trp
          195          200          205
  
```

10

ES 2 738 632 T3

Ser Lys Asn Ile Tyr Gly Ala Ala Ala Ile Gly Ser Tyr Asp Ile Ala
210 215 220

Gly Gly Gln Phe Asn Pro Gln Leu Trp Leu Ala Tyr Met Ser Asp Asn
225 230 235 240

Ala Phe Leu Tyr Ala Leu Asp Ala Ala Tyr Ser Thr Thr Ile Phe Asn
245 250 255

Gly Ile Asn Trp Thr Ile Glu Gly Ala Tyr Leu Gly Asn Ser Val Asp
260 265 270

Asn Lys Leu Lys Asp Arg Leu Asp Ala Ala Asn Gly Asn Phe Phe Ala
275 280 285

Leu Arg Gly Thr Val Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala Ser Leu Gly Gly
290 295 300

Leu Tyr Tyr Gly Lys Lys Asp Lys Val Thr Leu Thr Thr Ile Glu Asp
305 310 315 320

Gln Gly Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Glu Glu Ile Phe Tyr Thr
325 330 335

Asn Gly Ser Asn Leu Asn Gly Asp Ile Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr
340 345 350

Val Thr Ala Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg Val Gly Ala Asp
355 360 365

Phe Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Asn Ile Ile Gly Gln Gly Gly Lys
370 375 380

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

Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val Asp Thr Asp Pro Glu
405 410 415

Ser Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
420 425 430

<210> 44

<211> 431

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 44

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

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

<210> 45
 <211> 432
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni
 <400> 45

Met	Lys	Leu	Val	Lys	Leu	Ser	Leu	Val	Ala	Ala	Leu	Ala	Ala	Gly	Ala
1				5					10					15	
Phe	Ser	Ala	Ala	Asn	Ala	Thr	Pro	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Lys	Asp	Ile
			20					25					30		
Asp	Val	Ser	Gly	Val	Leu	Arg	Tyr	Arg	Tyr	Glu	Ser	Ser	Asn	Pro	Trp

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Ala Leu Arg Gly Thr Val Glu Val Asn Gly Trp Asp Ala Ser Leu Gly
 290 295 300

Gly Leu Tyr Tyr Gly Lys Lys Asp Lys Ala Thr Val Thr Thr Ile Glu
 305 310 315 320

Asp Gln Gly Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ala Gly Gln Glu Ile Phe Tyr
 325 330 335

Thr Arg Gly Ser Asn Leu Asn Gly Asp Leu Gly Arg Asn Ile Phe Gly
 340 345 350

Tyr Val Thr Ala Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Ala Val Arg Val Gly Ala
 355 360 365

Asp Phe Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Gly Glu Ile Gly Asn Gly Gly
 370 375 380

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

Leu Asn Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val Asp Thr Asp Pro
 405 410 415

Glu Ser Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
 420 425 430

<210> 46
 <211> 430
 <212> PRT
 <213> Campylobacter jejuni

<400> 46

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

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

Asp Val Ser Gly Val Leu Arg Tyr Arg Tyr Asp Thr Ser Asn Asp Trp
 35 40 45

Asn Asn Ala Gly Phe Gly Ser Gly Ile Ser Gly Lys Gln Thr His Asn
 50 55 60

Tyr Arg Ala Gln Ile Asn Phe Ser Gly Ala Ile Ala Asp Asn Phe Lys
 65 70 75 80

ES 2 738 632 T3

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

ES 2 738 632 T3

Gly Ser Arg Leu Asn Gly Asp Ala Gly Arg Asn Ile Phe Gly Tyr Val
 340 345 350

Thr Gly Gly Tyr Thr Phe Asn Glu Thr Val Arg Val Gly Ala Asp Phe
 355 360 365

Val Tyr Gly Gly Thr Lys Thr Glu Asn Val Gly Glu Gly Gly Lys Lys
 370 375 380

Leu Glu Ala Val Ala Arg Val Asp Tyr Lys Tyr Ser Pro Lys Leu Asn
 385 390 395 400

Phe Ser Ala Phe Tyr Ser Tyr Val Asn Val Asp Arg Asp Pro Glu Ser
 405 410 415

Thr His His Asp Ala Val Arg Leu Gln Ala Leu Tyr Lys Phe
 420 425 430

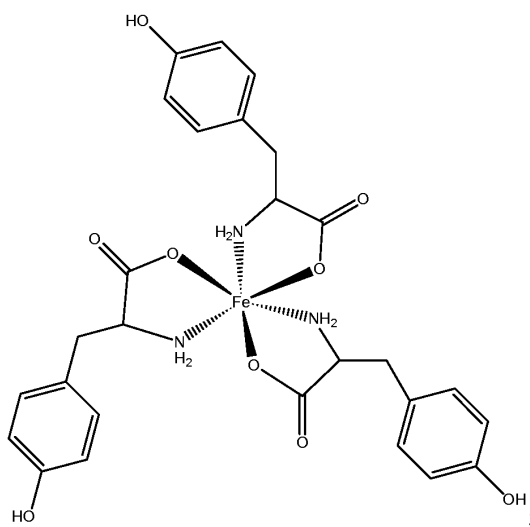
REIVINDICACIONES

1. Un compuesto para su uso en un método seleccionado de:

un método para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de un animal y, por lo tanto, desinfectar al animal;
 un método para prevenir o reducir la colonización del tracto gastrointestinal de animales con *Campylobacter*; o
 un método para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de un animal, o reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de un animal y desinfectar de este modo al animal;

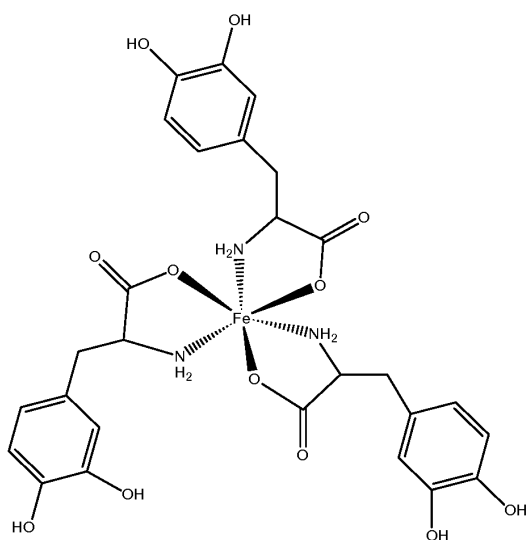
en donde el compuesto para su uso está opcionalmente en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto, y en donde el compuesto se selecciona del grupo que consiste en:

a) un complejo de tirosina con Fe III



b) quinato férrico; y

c) un complejo de 3,4 dihidroxifenilalanina con Fe III



2. Uso de un compuesto como se define en la reivindicación 1,

en el que el compuesto, en uso, está opcionalmente en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto;
 en donde dicho uso se selecciona de un uso:

para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de un animal no humano y, por lo tanto, desinfectar al animal, por un método que comprende administrar al menos un compuesto como se define

en la reivindicación 1 en una cantidad efectiva a dicho animal para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de dicho animal y, luego, sacrificar al animal;
 para prevenir o reducir la colonización del tracto gastrointestinal de animales no humanos con *Campylobacter*, por un método que comprende administrar al menos un compuesto como se define en la reivindicación 1 a dicho animal y, a continuación sacrificar al animal; o
 para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de un animal no humano, o reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de un animal no humano y, de este modo, desinfectar al animal, por un método que comprende administrar al menos un compuesto como se define en la reivindicación 1 en una cantidad efectiva a dicho animal para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal y, a continuación, sacrificar al animal.

3. Un procedimiento para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de un animal no humano y, de este modo, desinfectar al animal antes del sacrificio, comprendiendo el método:

- i) administrar al menos un compuesto como se define en la reivindicación 1 en una cantidad efectiva a dicho animal para reducir el número de *Campylobacter* presente en el tracto gastrointestinal de dicho animal, opcionalmente, en donde el compuesto para su uso está en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto; y
- ii) sacrificar al animal.

4. Un procedimiento para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de un animal no humano, o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal y desinfectar de este modo al animal antes del sacrificio, comprendiendo el método:

- i) administrar al menos un compuesto como se ha definido en la reivindicación 1 en una cantidad efectiva a dicho animal para evitar que *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal, opcionalmente, en el que el compuesto para su uso está en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto; y
- ii) sacrificar al animal.

5. Un compuesto como se define en la reivindicación 1 para su uso en un método para la prevención o la reducción de la transmisión de la infección por *Campylobacter* de un animal a otro, en donde el compuesto para su uso está opcionalmente en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto; y en donde el método comprende administrar el compuesto a dichos animales en una cantidad eficaz para evitar que dicho *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal.

6. Uso de un compuesto como se define en la reivindicación 1 para la prevención o la reducción de la transmisión de la infección por *Campylobacter* de un animal no humano a otro, en el que el compuesto, en uso, está opcionalmente en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto; por un método que comprende la administración del compuesto a dichos animales en una cantidad eficaz para evitar que dicho *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formada por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal y, después, sacrificar a los animales.

7. Un método para prevenir o reducir la transmisión de la infección por *Campylobacter* de un animal no humano a otro antes del sacrificio, comprendiendo el método:

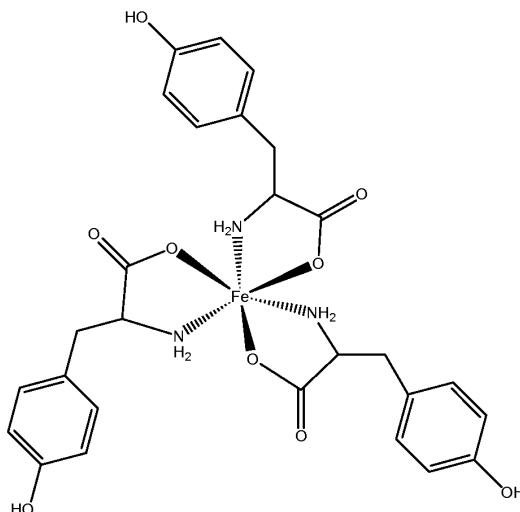
- i) administrar al menos un compuesto como se define en la reivindicación 1 a dichos animales en una cantidad eficaz para evitar que dicho *Campylobacter* forme una biopelícula en el tracto gastrointestinal de dicho animal o para reducir la cantidad de biopelícula formado por *Campylobacter* en el tracto intestinal de dicho animal, opcionalmente, en donde el compuesto para su uso está en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto; y
- ii) sacrificar a los animales.

8. Un compuesto para su uso de acuerdo con la reivindicación 5, el uso de la reivindicación 6 o un método de acuerdo con la reivindicación 7, para prevenir o reducir la propagación de la infección por *Campylobacter* dentro de una bandada o rebaño de animales, por ejemplo, para prevenir la propagación de la infección por *Campylobacter* dentro de una bandada de pollos.

9. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5 u 8, el uso de las reivindicaciones 2, 6 u 8, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7 u 8, en donde *Campylobacter* es *Campylobacter jejuni* o

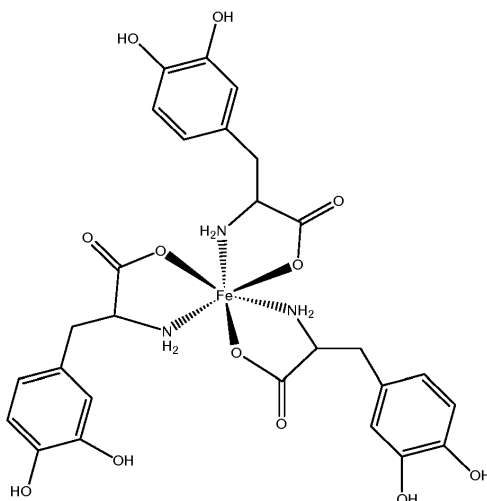
Campylobacter coli.

10. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9, en donde el compuesto es un complejo de tirosina con Fe III



11. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9, en el que el compuesto es quinato férrico.

12. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9, en donde el compuesto es un complejo de 3,4 dihidroxifenilalanina con Fe III



13. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9 a 12, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9 a 12, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9 a 12, en el que el compuesto se administra por vía oral.

14. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9 a 13, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9 a 13, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9 a 13, en el que el compuesto se administra al animal en el pienso o el agua potable del animal.

15. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9 a 14, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9 a 14, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9 a 14, en donde el animal es un animal no humano y en donde el compuesto se administra diariamente entre 1 y 10 días, o entre 3 y 5 días antes del sacrificio del animal.

16. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9 a 14, el uso de las reivindicaciones 2,

6, 8 o 9 a 14, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9 a 14, en donde el compuesto se administra a un pollo más de 10 días antes del sacrificio para prevenir la transmisión de *Campylobacter* dentro de una bandada de pollos.

17. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9 a 16, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9 a 16, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9 a 16, en donde el compuesto se administra en una cantidad de 0,3-32 mg/día/kilo de peso corporal del animal.

18. Uso de un compuesto como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1, 10, 11 o 12 para reducir la cantidad de *Campylobacter* en la carne por un método que comprende las etapas de:

(i) proporcionar a un animal no humano, o a una bandada o a un rebaño de animales no humanos, un compuesto como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1, 10, 11 o 12; y

(ii) preparar un producto cárnico del animal; y
opcionalmente, en donde el compuesto, en uso, tiene la forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto.

19. Un método para reducir la cantidad de *Campylobacter* en la carne que comprende las etapas de:

(i) proporcionar a un animal no humano, o a una bandada o a un rebaño de animales no humanos, un compuesto como se define en cualquiera de las reivindicaciones 1, 10, 11 o 12, opcionalmente, en donde el compuesto para su uso está en forma de un pienso para animales, agua potable para animales, ingrediente alimenticio o suplemento alimenticio que comprende el compuesto; y

(ii) preparar un producto cárnico a partir del animal.

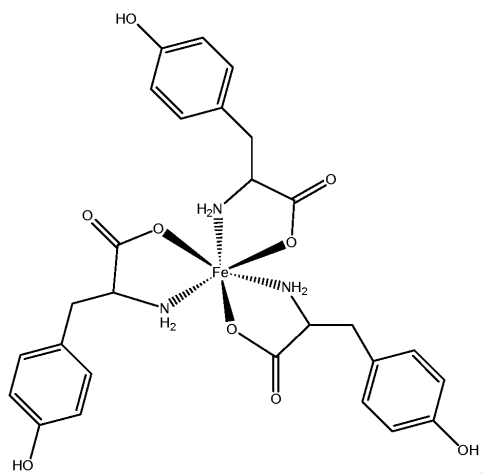
20. El compuesto para su uso de acuerdo con las reivindicaciones 1, 5, 8 o 9 a 17, el uso de las reivindicaciones 2, 6, 8 o 9 a 17, o el método de acuerdo con las reivindicaciones 3, 4, 7, 8 o 9 a 17, el uso de acuerdo con la reivindicación 18, o el método de acuerdo con la reivindicación 19, en donde el animal se selecciona de ganado vacuno, ovejas, cerdos, cabras, ciervo, pescado, mariscos y aves de corral.

21. El compuesto para su uso, el uso o el método, de la reivindicación 20, en donde el animal es un ave de corral, tal como un pollo, ganso, pavo o pato, y, preferentemente, un pollo.

22. El compuesto para su uso, el uso o el método, de las reivindicaciones 20 o 21, en donde el animal está en una bandada o un rebaño.

23. Un pienso para animales, que comprende un compuesto como ingrediente alimenticio o como suplemento alimenticio, en donde el pienso para animales es un alimento destinado o adecuado para el consumo por parte de animales, y el compuesto es:

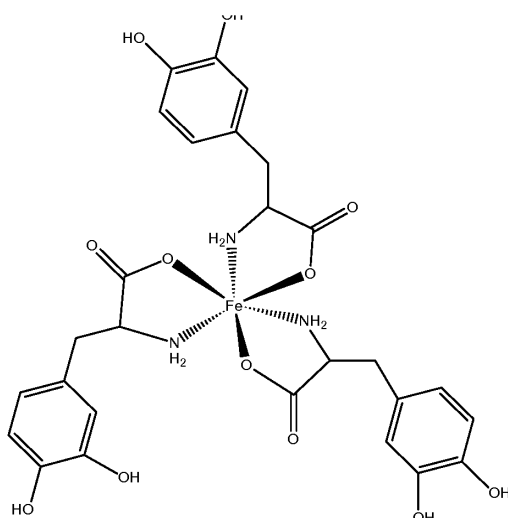
un complejo de tirosina con Fe III



y

en donde el pienso para animales comprende el compuesto en una cantidad efectiva para reducir o prevenir la colonización del tracto gastrointestinal de un animal con *Campylobacter*.

24. Una composición oral, pienso para animales o agua potable para animales, que comprende un compuesto que es un complejo de 3,4 dihidroxifenilalanina con Fe III



en donde la composición oral, en el pienso para animales, o el agua potable para animales, comprende el compuesto en una cantidad efectiva para reducir o prevenir la colonización del tracto gastrointestinal de un animal con *Campylobacter*.

5

25. Un pienso para animales de acuerdo con la reivindicación 23, o una composición oral, pienso para animales o agua potable para animales de acuerdo con la reivindicación 24, que es para un animal seleccionado de ganado bovino, ovejas, cerdos, cabras, ciervo, pescado, mariscos y aves de corral.

10

26. Un pienso para animales de acuerdo con la reivindicación 23, o una composición oral, pienso para animales o agua potable para animales de acuerdo con la reivindicación 24, que es para un ave de corral, tal como un pollo, ganso, pavo o pato, y, preferentemente, un pollo.

15

27. Uso de un compuesto, como se ha definido en las reivindicaciones 23 o 24, como suplemento alimenticio o ingrediente alimenticio en la fabricación de un pienso para animales, o como un aditivo en la fabricación de agua potable para animales.

20

28. Un método para la fabricación de un pienso para animales o agua potable para animales, en donde el método comprende el uso de un compuesto, como se define en la reivindicación 23 o la reivindicación 24, como suplemento alimenticio o ingrediente alimentario en la fabricación del pienso para animales, o como aditivo en la fabricación de agua potable para animales.

25

29. Un método para desinfectar un producto alimenticio que comprende administrar un compuesto como se define en una cualquiera de las reivindicaciones 1, 10, 11 o 12 en una cantidad efectiva al producto alimenticio para reducir la cantidad de *Campylobacter* en el producto alimenticio.

30

30. Uso de un compuesto como se define en una cualquiera de las reivindicaciones 1, 10, 11 o 12 para desinfectar un producto alimenticio, administrando en una cantidad eficaz del compuesto al producto alimenticio para reducir la cantidad de *Campylobacter* en el producto alimenticio.

35

31. El método de la reivindicación 29 o el uso de la reivindicación 30, en donde el producto alimenticio es un alimento para consumo humano.

32. El método de las reivindicaciones 29 o 31, o el uso de las reivindicaciones 30 o 31, en donde el producto alimenticio es un producto cárnico, por ejemplo, un producto de carne fresca, un producto de carne procesada, un producto de carne refrigerada, un producto de carne congelada o un producto de carne cocida.

40

33. El método o uso de la reivindicación 32, en el que el producto cárnico se selecciona de una carne de vacuno, de cordero, de cerdo, de pato, de pollo, de ganso, de pavo, de conejo, de pescado o de marisco.

34. Un compuesto como se define en una cualquiera de las reivindicaciones 1, 10, 11 o 12 para su uso en la profilaxis o el tratamiento de la infección por *Campylobacter* en seres humanos.

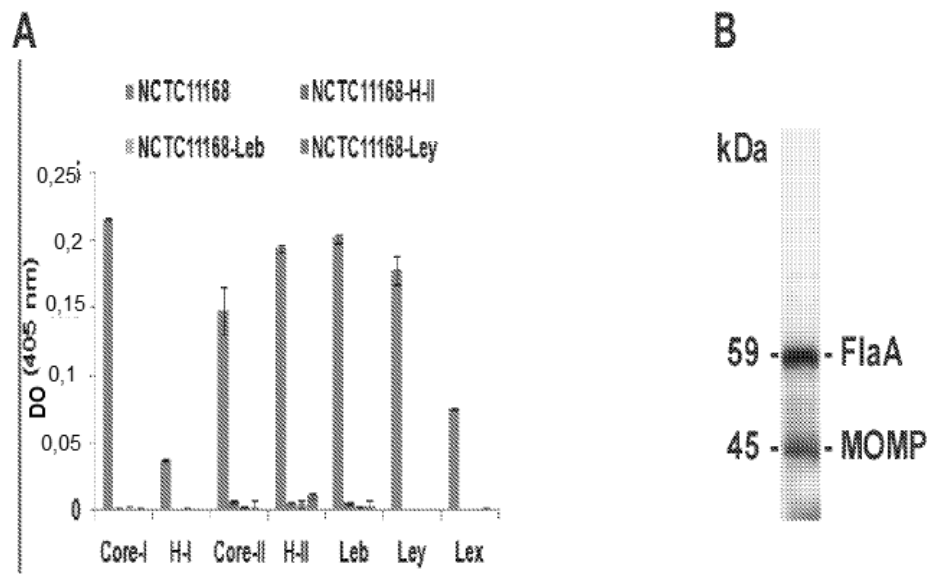


Fig. 1

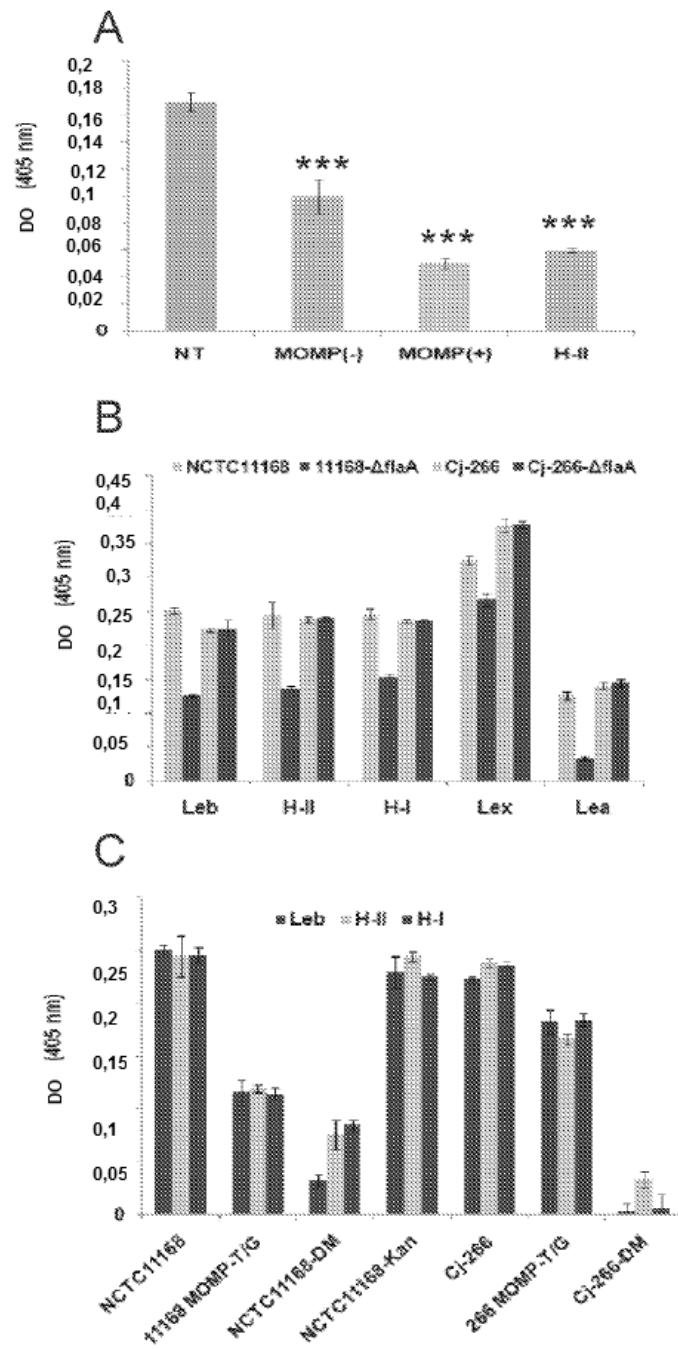


Fig. 2

Análisis LC-MS y MS/MS
de los péptidos tripticos

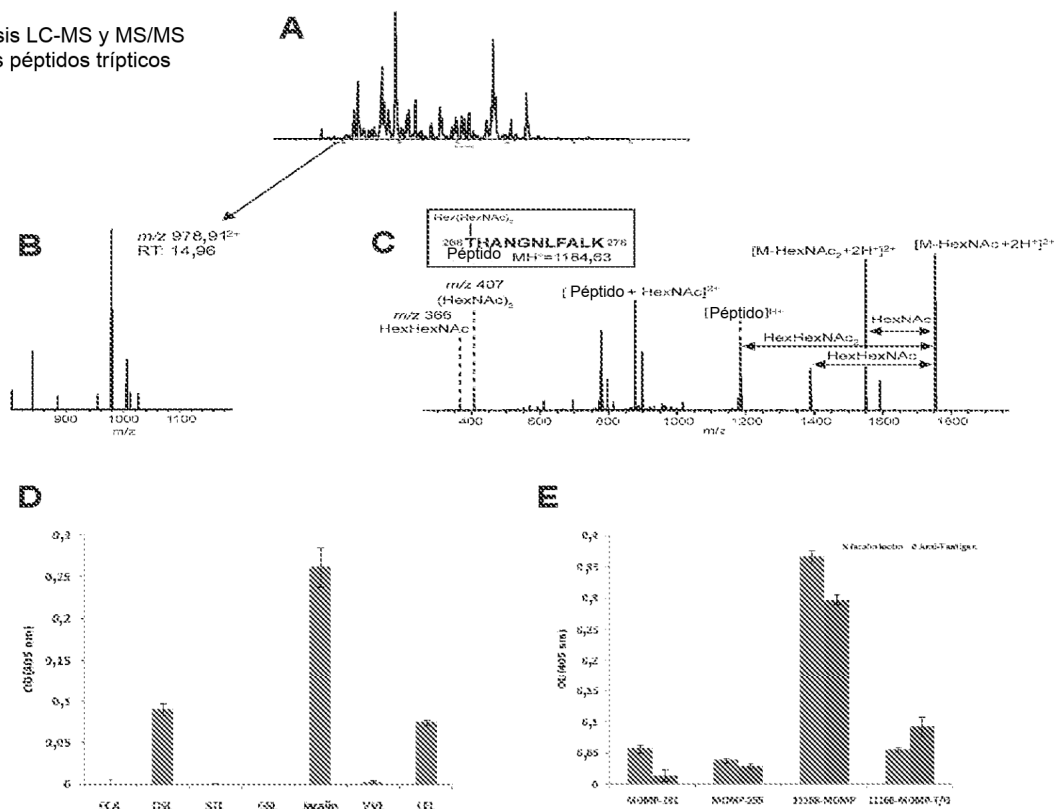


Fig. 3

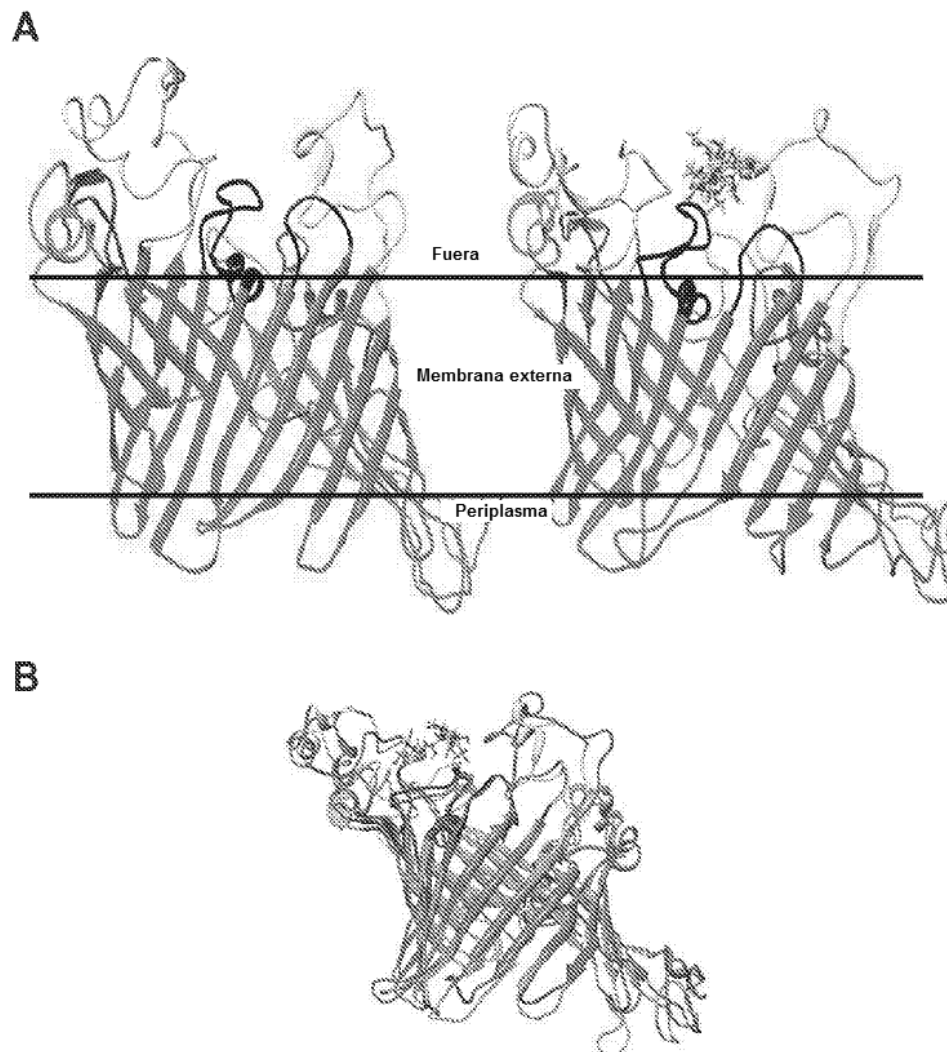


Fig. 4

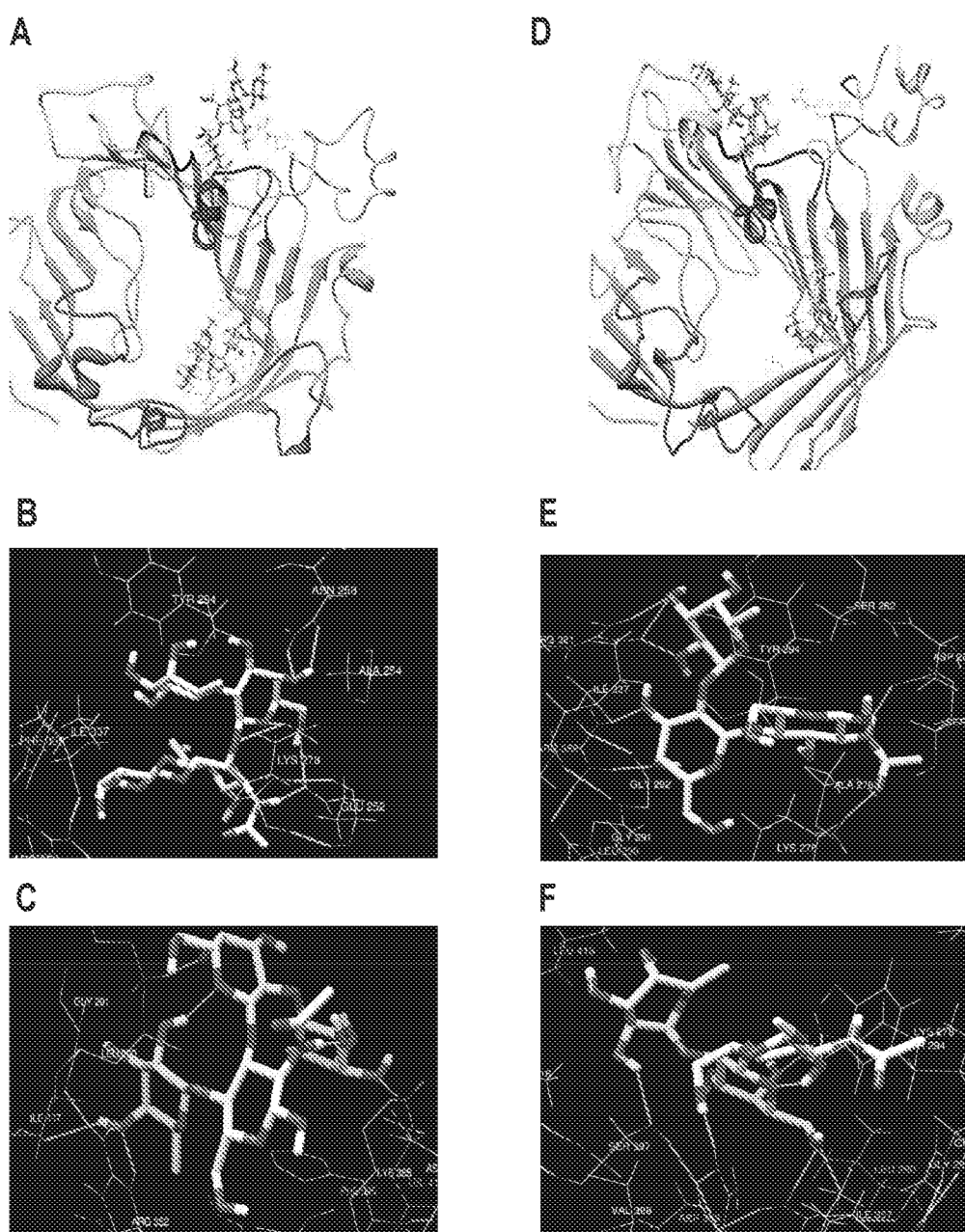


Fig. 5

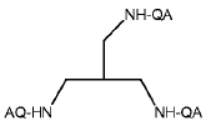
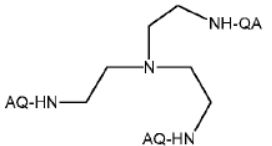
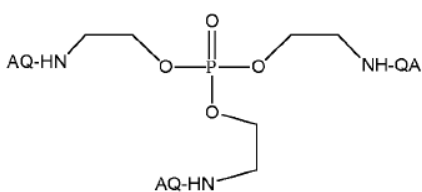
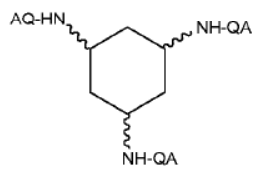
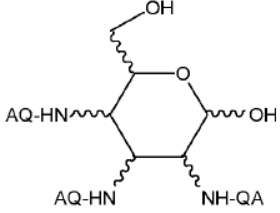
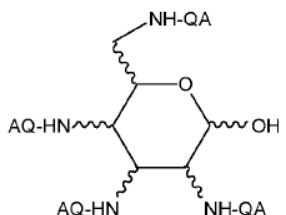
a		N-[3-quinilamino-2-(quinilamino-metil)-propil]-quinamida	GATRIQ
b		N-{2-[Bis-(2-quinilamino-etil)-amino]-etil}-quinamida	ETDAQ
c		éster de ácido tris-(2-quinilamino-etil) fosfórico	PATQ
d		N-(3,5-Bis-quinilamino-ciclohexil)-quinamida	CH135TQ
e		N-(4,5-Bis-quinilamino-2-hidroxi-6-hidroximetil-tetrahydro-piran-3-il)-quinamida	PY234TQ
f		N-(4,5-Bis-quinilamino-2-hidroxi-6-quinilaminometil-tetrahydro-piran-3-il)-quinamida	PY2346TE TQ

Fig. 6

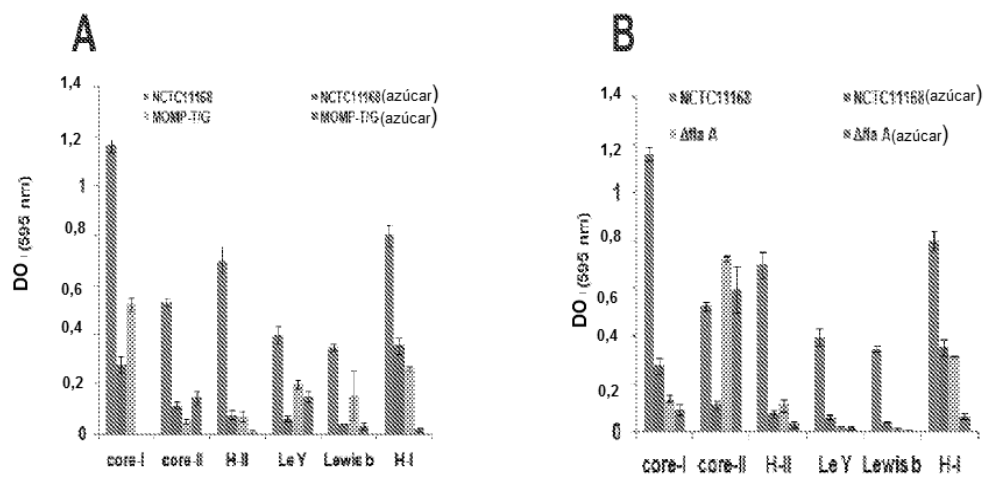


Fig. 7

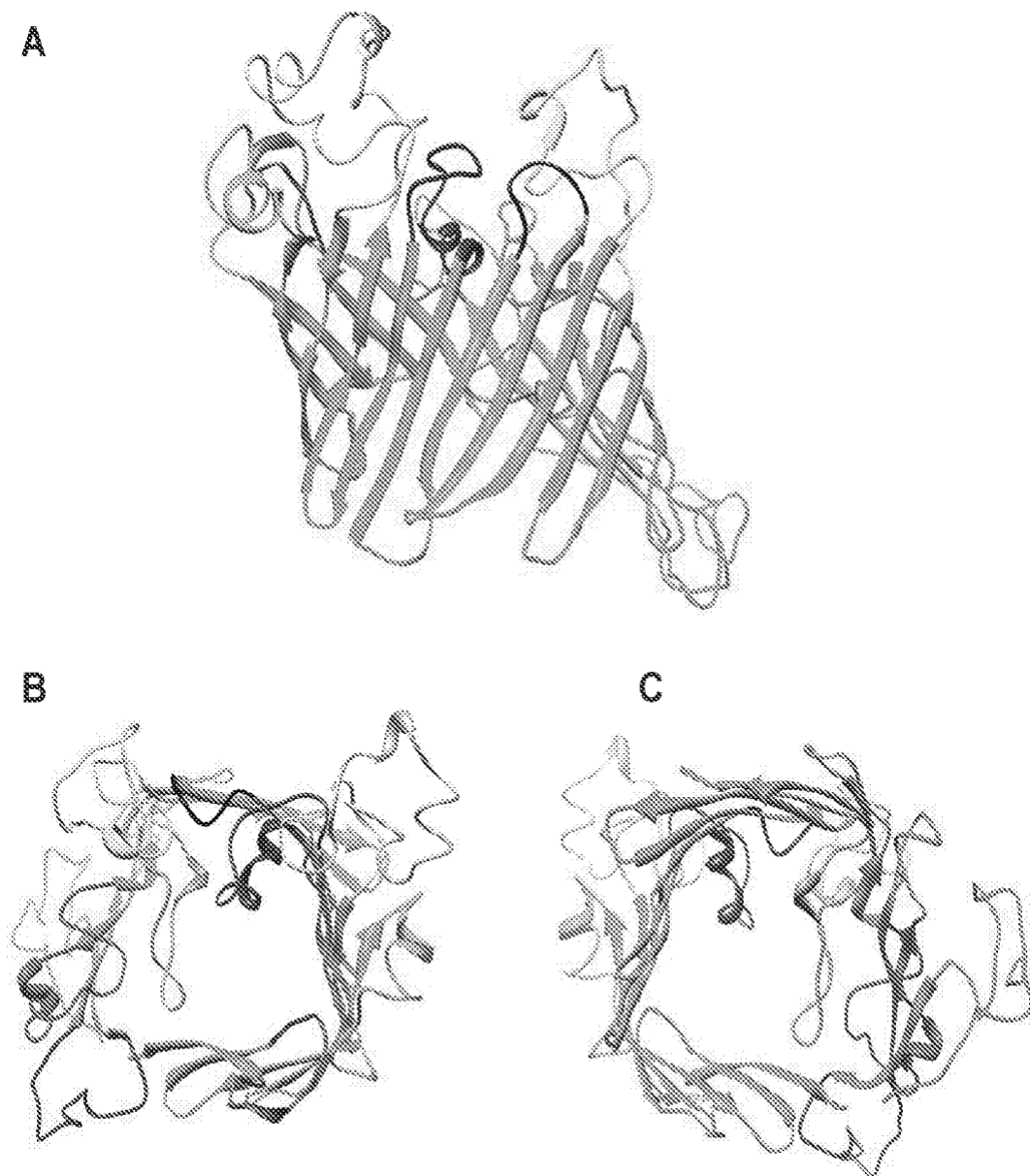


Fig. 8

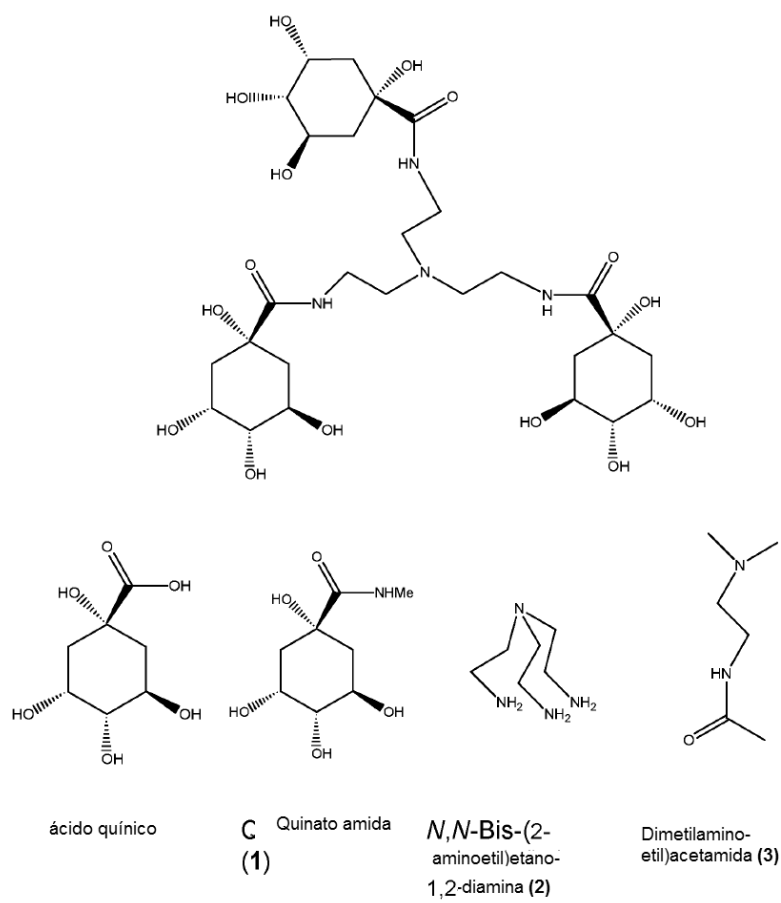


Fig. 9

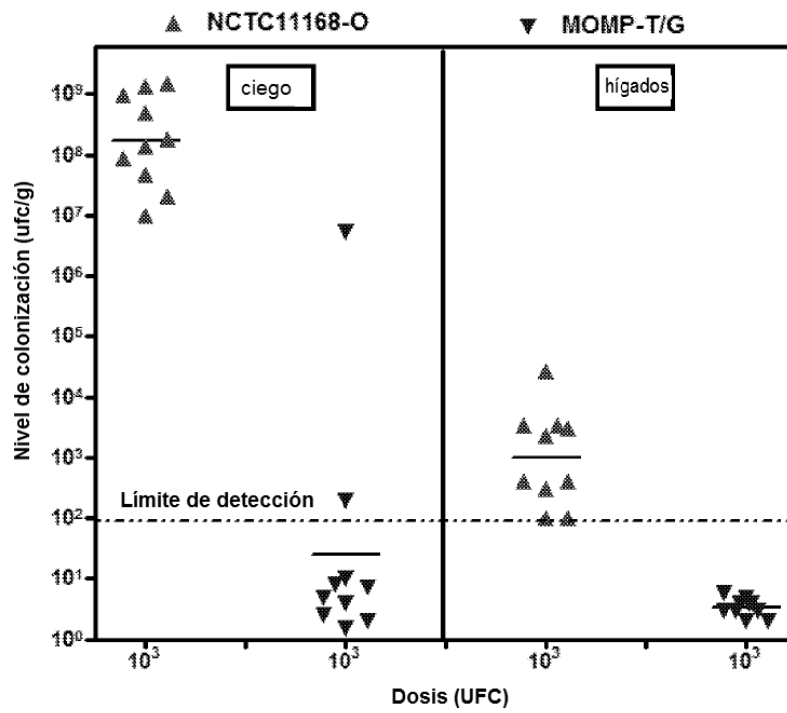


Fig. 10

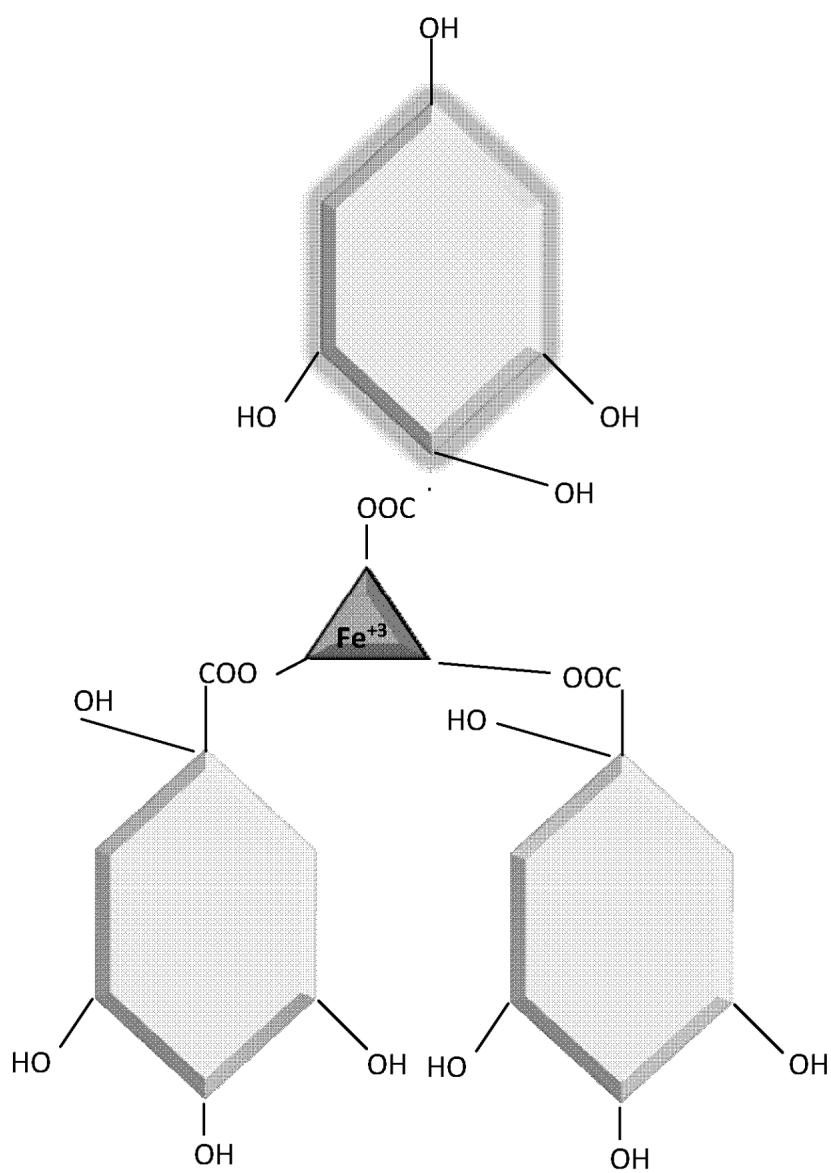


Fig. 11

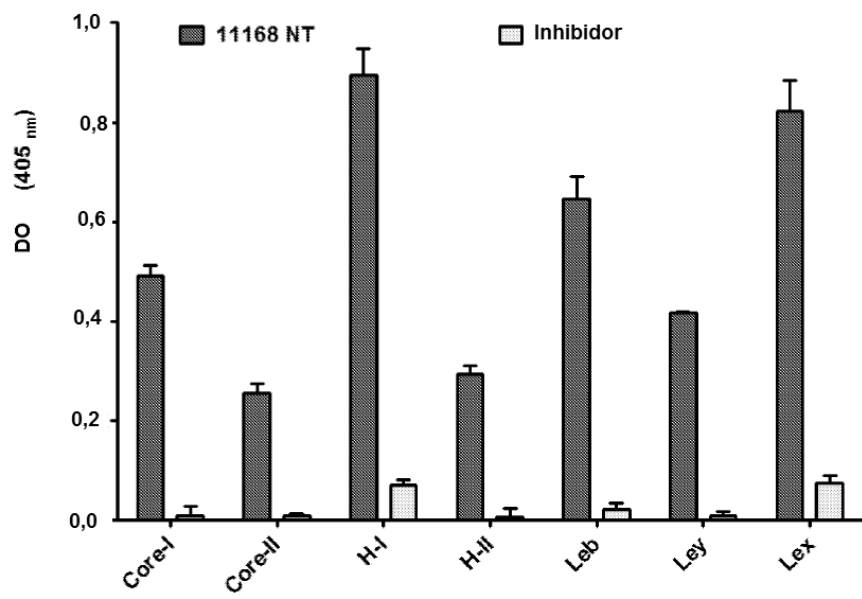


Fig. 12

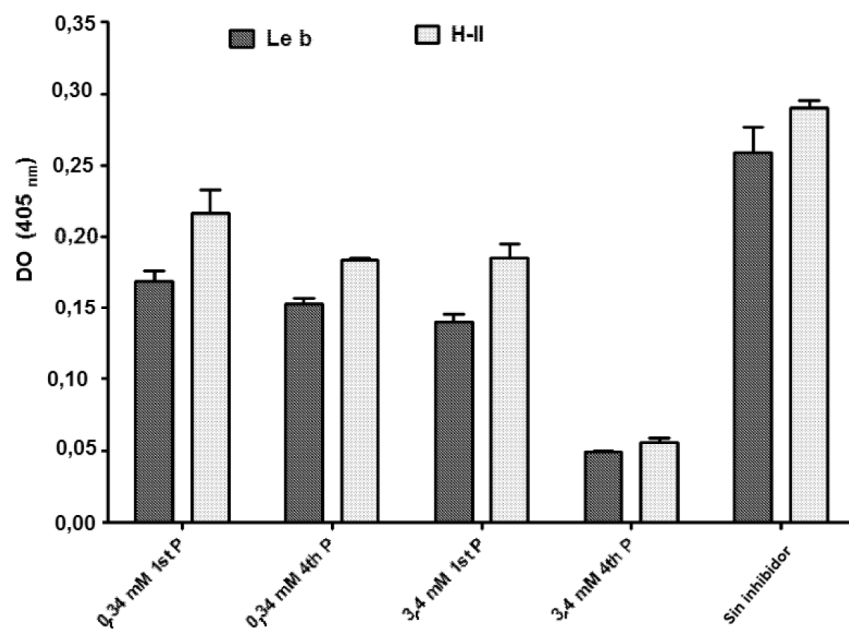
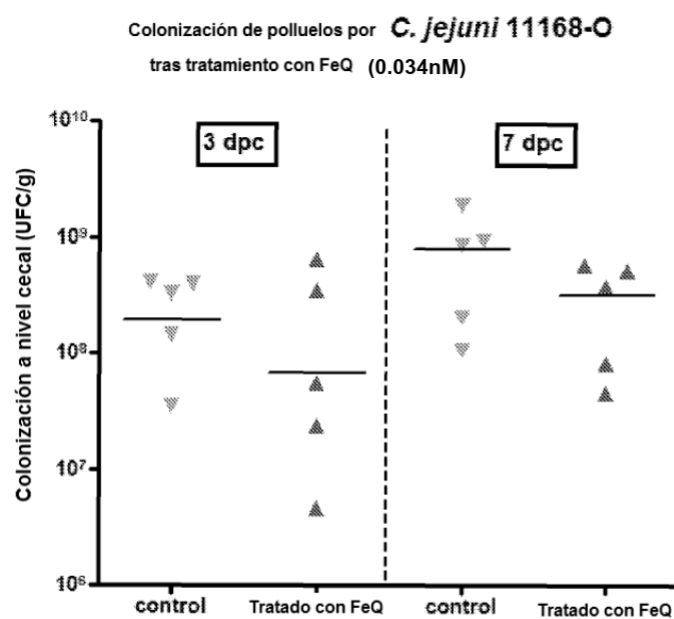
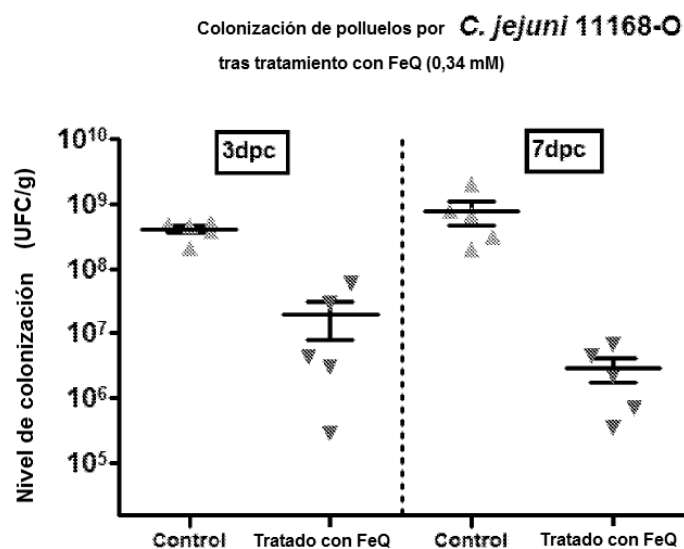


Fig. 13

**Fig. 14**

**Fig. 15**

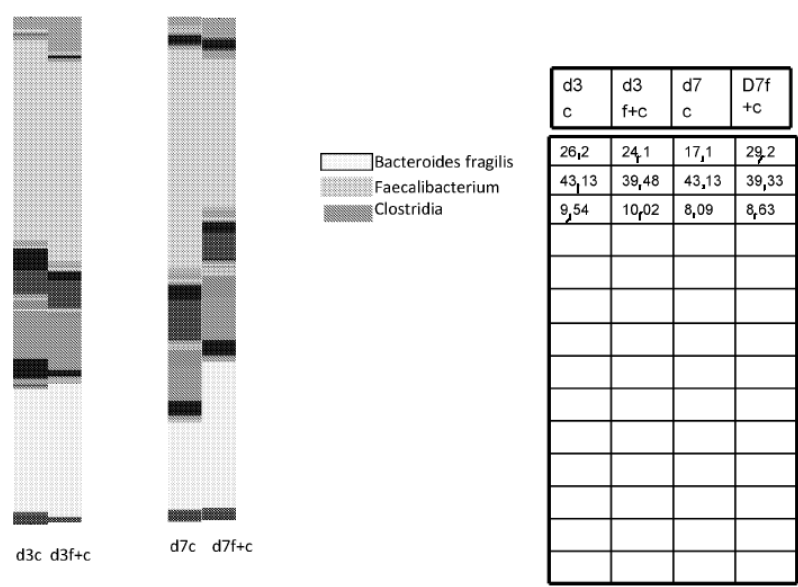


Fig. 16

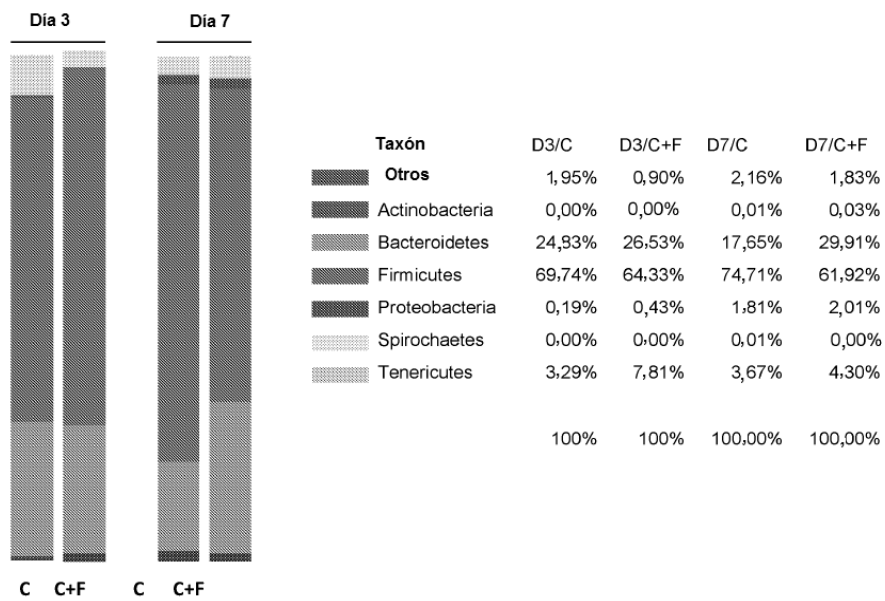


Fig. 17