

[11] رقم النشر: SA 98180918 A

[43] تاريخ النشر: 1426/11/01 هـ

الموافق: 2005/12/03 م



[19] المملكة العربية السعودية SA

مدينة الملك عبدالعزيز للعلوم والتقنية

[12] طلب براءة اختراع

[51]	التصنيف الدولي : Int. CL.: A01N 043/004	[72]	اسم المخترع : دوجلاس سميث، ريتشارد ايه. الم
[30]	بيانات الأسبقية : US 08/739,150 1996/10/08 US 08/759,739 1996/12/06 US 08/891,928 1997/07/14	[71]	مقدم الطلب : استرا اكتيولاج العنوان : الرمز البريدي : اس - 85 151 سوديرتالجي، السويد الجنسية : سويدية
		[74]	الوكيل : المحامى سليمان ابراهيم العمار
		[21]	رقم الطلب : 98180918
		[22]	تاريخ الابداع : 1418/11/02 هـ الموافق : 1998/02/28 م

[54] اسم الاختراع : تسلسلات حامض نووي وحامض أميني
تتعلق ببكتيريا H.PYLORI "وتركيبات لقاحية منها"

NUCLEIC ACID AND AMINO ACID
SEQUENCES RELATING TO
HELICOBACTER PYLORI AND
VACCINE COMPOSITIONS THEREOF

[57] الملخص: « تسلسلات حامض نووي وحامض أميني
تتعلق ببكتيريا H. Pylori « وتركيبات لقاحية منها »
الملخص « يتعلق الاختراع الحالي بوصف مستحضرات
نقيه على نحو اساس أو معيدة اتحاد من بولي بيبتيدي
بكتيريا H.Pylori كما يتعلق ايضا بوصف احماض
نووية تشفر البولي بيبتيديات . علما بأن بولي بيبتيديات
بكتيريا H.Pylori مفيدة للتركيبات التشخيصية واللقاحية

بسم الله الرحمن الرحيم

«تسلسلات حامض نووي وحامض أميني تتعلق ببكتيريا H. Pylori

«وتركيبات لقاحية منها»

«الملخص»

يتعلق الاختراع الحالي بوصف مستحضرات نقيه على نحو أساس أو معيدة اتحاد من بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori كما يتعلق ايضا بوصف احماض نووية تشفر البولي بيبتيديات . علماً بأن بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori مفيدة للتركيبات التشخيصية واللقاحية .

«تسلسلات حامض نووي وحامض أميني تتعلق ببكتيريا H. Pylori

«وتركيبات لقاحية منها»

الوصف الكامل

خلفية الاختراع :

إن الـ " Helicobacter Pylori " هي عبارة عن بكتيريا سالبة الغرام دقيقة محبة

للhواء على شكل حرف S اكتشفت وزرعت من عينة خزعة معدية بشرية كما ورد في :

(Warren, J.R and B. Marshall (1983) Lancet 1 : 1273 - 1275 ; and Marshall et al. ,

(1984) Microbios Lett. 25 : 83 - 88) .

٥

وقد تم ربط بكتيريا "H.Pylori" على نحو قوي بمرض التهاب المعدة المزمن وبمرض

القرحة العفجية . (كما ورد في :

(Rathbone et al, (1986) Gut 27 : 635 - 641)

علاوة على ذلك ، يزداد الدليل على ثبوت دور مرضي لبكتيريا H.Pylori في عسر

١٠ الهضم غير الناتج عن غير القرحة ، وفي مرض القرحة المعدية وفي الورم الغدي

السرطاني المعدي كما ورد في :

(Blaser M. J, (1993) Trends Microbiol, 1 : 255-260)

علماء بأن نقل البكتيريا يحدث عن طريقة الفم ، ويزداد خطر العدوى بتقدم السن كما

ورد في :

(Taylor, D.N. and M.J. Blaser (1991) Epidemiol. Rev 13 : 42 - 50).

١٥

تستعمر بكتيريا "H.Pyori" الغشاء المعدي البشري وتنشئ فيه عدوى تدوم عادة

لعقود من الزمن . عما بأن العدوى ببكتيريا "H.Pyori" منتشرة في جميع أرجاء

المعمورة . وتصل نسبة المصابين بهذه البكتيريا في الدول المتقدمة ما نسبته حوالي

٥٠٪ من عدد السكان البالغين ، بينما تبلغ نسبة المصابين بهذه البكتيريا في الدول

النامية ما نسبته ٩٠٪ من عدد السكان الذين تتجاوز أعمارهم العشرين عاماً كما ورد في :

(Hopkins R.J. and J.G Morris (1994) Am. J. Med. 97 : 265 - 277) .

٤ إن العوامل البكتيرية اللازمة لاستعمار البيئة المعدية ، وللقدرة النسبية للجراثومة
٥ على التغلب على دفاع الجسم لهذا المرض مفهومة على نحو ضعيف . ومن الامثلة على
عوامل تلك القدرة المفترضة ما يلي : أنزيم اليوراز ، وهو انزيم يمكن أن يلعب دوراً في
تعديل درجة الحموضة (PH) الحمض المعدي كما ورد في :

Eaton et al., (1991) Infect. Immunol., 59 : 2470 - 2475; Ferrero R. L. and A. LEE (1991)

١٠ Microb ECol. Hlth Dis. 4 : 121 - 134; Labigne et al., (1991) J. Bacteriol. 173 :
1920 - 1931).

والبروتوينات السوطية البكتيرية مسئولة عن الحركة عبر الطبقة المخاطية . وكما
ورد في :

(Hazell et al., (1986) J. Inf. dis. 153 : 658 - 663 Leying et al., (1992) Mol,
١٥ Microbiol. 6 : 2863 - 2874 and Haas et al., (1993) Mol. Microbiol. 8 : 753 - 760);

و Vac A : وهو ذيفان بكتيري يستحث تشكيل تجاويف داخلية في الخلايا الظهارية
كما ورد في :

(Schmitt W. and R. Haas, (1994) Molecular Microbiol. 12 (2) : 307 - 319) ;

والتصاقات أنسجة نوعية معدية متعددة . وكما ورد في :

٢٠ (Boren et al., (1993) Science 262 1892 - 1895 ; Evans et al., (1993) J. Bacteriol.
175 : 674 - 683; and Falk et al., (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. 90 2035 - 203).

وهناك عوامل علاجية متعددة متوفرة في الوقت الحاضر تستأصل اصابات البكتيريا

"H.Pyori" "في المعمل" (في الانبوب الزجاجي) كما ورد في :

(Huesca et, al., (1993) > Zbl. Bakt. 280 : 244 - 252; Hopkins, R.J. and J. G. Morris, supra) .
٢٥

وعلى أية حال ، فالكثير من هذه المعالجات فعالة بدرجة أقل من الدرجة المثلى في «جسم الكائن الحي» وذلك بسبب المقاومة البكتيرية ، وبسبب توزيع العقار المتغير ، وبسبب عدم إزعان المريض أو بسبب عدم توفرية العقار على نحو كاف (Hopkins R.J. and J.G. Morrissura) كما أن المعالجة بالمضادات الحيوية المتحدة مع البزموت هي جزء من النظام القياسي للحمية المستخدم في معالجة بكتيريا "H.Pyori" كما ورد في :

(Malfertheiner, P. and J. E. DoMinguez - Munoz (1993) Clinical therapeutics 15 Supp. B : 37 - 48) .

وحديثاً ، أظهر اتحاد مانعات ضخ بروتون ومضاد حيوي واحد فعالية في تلطيف مرض القرحة العفجية . كما ورد في :

(Malfer theiner, P. and J. E. Dominguez, Munoz Swpra)

وعلى أية حال ، يمكن للطرق التي تستخدم عوامل مضاد حيوي أن تتضمن مشكلة نشوء سلاسل بكتيرية تقاوم هذه العوامل كما ورد في :

(Hopkins, R. J. and J. G. Morris, supra).

وأوجه القصور هذه تؤكد على الحاجة الملحة لتوفير طرق أكثر فعالية في مقاومة اصابات "H.Pylori" في جسم الكائن الحي وبشكل خاص ، الحاجة إلى توفير تصميم للقاحات حديثة تستطيع منع الاصابة بهذه البكتيريا .

وصف عام للاختراع :

يتعلق الاختراع الحالي بجينات حديثة مثل جينات تُشَفَّر (ترمز) بولي بيبتيديات

مثل بروتينات ذات أسطح بكتيرية من المتعضي "Helico bacter Pylori" (H.Plori)

(بكتيريا حلزونية في البويب (فم المعدة السفلي) ، وجينات أخرى لها علاقة

ومنتجاتها ، واستخداماتها . يتضمن الاحماض النووية وبيبتيدات الاختراع الحالي

فائدة تشخيص ومعالجة البكتيريا الحلزونية الواقعة في البويب (فم المعدة السفلي) ومعالجة انواع أخرى من اية بكتيريا حلزونية . ويمكن استخدام تلك الاحماض والبيبتيدات المذكورة لاكتشاف وجود بكتيريا حلزونية في بويب المعدة "H.Pylori" ووجود اية انواع بكتيرية حلزونية أخرى في عينة ، كما يمكن استخدامها ايضاً في المركبات الفاحصة لمعرفة القدرة على التدخل مع الدورة الحياتية لبكتيريا بويب المعدة الحلزونية "H.Pylori" أو لمنع حدوث العدوى هذه البكتيريا "H.Pylori" . وبشكل أكثر تحديداً ، يصف هذا الاختراع تركيبات لأحماض نووية مطابقة للتسلسلات الترميزية (التشفيرية) لبروتينات بكتيريا "H.Pylori" محتوية على بروتينات سطحية أو مفرزة أو على أجزاء منها ، ويصف أحماض نووية قادرة على ربط mRNA من بروتينات "H.Pylori" لمنع انتقال أو تحول البروتين ، كما يصف طرقاً لإنتاج بروتينات "H.Pylori" أو أجزاء منها باستخدام تخليق بيبتيدات وتقنيات إعادة توحيد DNA (الحامض النووي الريبسي المنقوص الأكسجين). كما يصف هذا الاختراع أجسام مضادة وأحماض نووية مفيدة كمجسات لاكتشاف العدوى ببكتيريا "H.Pylori" علاوة على ذلك ، تدرج تركيبا اللقاح وطرق حماية او معالجة عدوى ببكتيريا "H.Pylori" ضمن نطاق هذا الاختراع .

شرح مختصر للرسومات :

شكل ١ : رسم بياني عمودي يصف معيار الجسم المضاد في مصل جرذان بعد تطعيمها بمولدات مضادات بكتيريا "H.Pylori" النوعية .

شكل ٢ : رسم بياني عمودي يصف معيار الجسم المضاد في الاغشية المخاطية للجرذان

بعد تطعيمها بمولدات مضادات بكتيريا "H.Pylori" النوعية .

شكل ٣ : رسم بياني عمودي يصف التطعيم او التحصين العلاجي للجردان المصابة ببكتيريا "H.Pylori" بمولدات مضادات نوعية مذابة في مادة حازة من "HEPES" .

شكل ٤ : رسم بياني عمودي يصف التحصين العلاجي للجردان المصابة ببكتيريا "H.Pylori" بمولدات مضادات نوعية مذابة في مادة راصدة (حازة) محسنة على

٥ . DOC

شكل ٥ : يصف اصطفااف تسلسل الحمض الاميني في جزء من تسلسل البروتينات الخمسة لبكتيريا "H.Pylori" (موصوفة في رمز الحمض الاميني ذي الحرف المفرد ، مبين على N-terminal إلى C - terminal ، من اليسار لليمين)

شكل ٦ : يصف اصطفااف تسلسل الحمض الاميني في جزء من تسلسل البروتينات الاربعة لبكتيريا "H.Pylori" (موصوف في رمز الحمض الاميني ذي الحرف المفرد ، المبين على N-terminal إلى C-terminal ، يسار إلى يمين) .

شكل ٧ :

يصف اصطفااف تسلسل الحمض الاميني في جزء من تسلسل بروتينان اثنان من بكتيريا "H.Pylori" (مصور في رمز حامض أميني ذي حرف مفرد - مبين في N-

١٥ terminal إلى C-terminal ، يسار إلى يمين) .

الوصف التفصيلي :

بمظهر واحد ، يصف الاختراع الحالي تحضير نقي على نحو أساسي أو معيد اتحاد من بولي بيبتيديد "H.Pylori" ذي تسلسل برقم مرجعي : ٧٤ . كما يتضمن الاختراع الحالي

كذلك حمض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيديد "H.Pylori" ذي تسلسل

برقم مرجعي : ٧٤ ، ومثل هذا الحمض النووي يكون موجوداً في تسلسل ذي رقم

مرجعي : ١ . كما أن تسلسلات بيبتيديد ألك "H.Pylori" وفقاً للاختراع الموصوفة هنا

محتواة في قائمة التسلسل ، والأحماض النووية التي تشفر أو ترمز بولي

بيبتيديدات الاختراع محتواه في قائمة التسلسل .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حمض نووي نقي على نحو أساسي يرمز (يشفر) بولي

بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني برقم مرجعي : ٧٥ ،

مثل حامض نووي محتوي على نكليوتيد ذي تسلسل برقم مرجعي : ٢ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيديد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني برقم مرجعي : ٧٦ ، مثل

حامض نووي محتوي على نكليوتيد ذي تسلسل برقم رجعي : ٣ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيديد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني برقم مرجعي : ٧٧ ، مثل

حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد برقم مرجعي : ٤ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيديد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني برقم مرجعي : ٧٨ ، مثل

حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٥ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيديد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :

- ٧٩ ، مثل حامض نووي متضمن نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٦ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يُرمز (يشفر) بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٨٠ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل فكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٧ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يُشَفَّر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٨١ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٨ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي : ٨٢ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٩ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" ، محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي : ٨٣ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٠ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٨٤ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ١١ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي : ١٢ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من التسلسل ذي الرقم

المرجعي : ٨٦ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٣ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :

٥ ٧٨ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٤ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي ، يرمز بولي بيبتيد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي : ٨٨

مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٥ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد

١٠ بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من التسلسل المرعي رقم : ٨٩ ،

مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ١٦ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم : ٩٠ ،

مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ١٧ .

١٥ بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد

"H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ٩١ ، مثل

حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من لتسلسل مرجعي رقم : ١٨ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم :

٢٠ ٩٢ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ١٩ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نوي نقي على نحو أساسي مرمزاً بولي بيبتيد

بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم : ٩٣ ،

- مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٢٠ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ٩٤ ،
مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ٢١ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي مرمزاً بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ٩٥ ،
مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ٢٢ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي ، مرمزاً بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم : ٩٦ ،
مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ٢٣ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي مرمزاً بولي بيتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ٩٧ ،
مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ٢٤ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم : ٩٨ ،
مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ٢٥ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي ببتييد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٢٦ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز تسلسل حامض
أميني من تسلسل برقم مرجعي : ١٠٠ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل
نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ٢٧ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم :
١.١ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم
مرجعي : ٢٨ .

٥ بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :
١.٢ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي :
٢٩ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
١٠ بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :
١.٣ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي :
٣٠ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :
١٥ ١.٤ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٣١ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم :
١.٥ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٢٢ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يرمز بولي بيبتيد
٢٠ بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي :
١.٧ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي :
٣٤ .

- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يشفر بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :
١٠٨ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٣٥ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو جوهري مشفراً بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي :
١٠٩ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٣٦ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو جوهري مرمزاً بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي ١١٠ ،
مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٣٧ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو فعلي يشفر بولي بيتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :
١١١ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٣٨ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي فعلياً يرمز بولي بيبتيد بكتيريا
"H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ١١٢ ، مثل
حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٣٩ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي بشكل فعلي يرمز بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي
رقم: ١١٣ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم :
٤٠ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو فعلي يشفر بولي بيبتيد
بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقمه :
١١٤ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقمه : ٤١ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً مشفراً بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقمه : ١١٥ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقمه : ٤٢ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقمه : ١١٦ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقمه : ٤٣ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى على نحو فعلي يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١١٧ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٤٤ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" حد مختوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم : ١١٨ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٤٥ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١١٩ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٤٦ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى على نحو فعلي ، يشفر بولي يبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ١٢٠ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٤٧ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٢١ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٤٨ .

- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٢٢ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٤٩ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيببتيد "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٢٣ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٥٠ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيببتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٢٤ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٥١ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى على نحو فعلي يرمز بولي بيببتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٢٥ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٥٢ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى على نحو أساسي مرمزاً بولي بيتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٢٦ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٥٣ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيببتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٢٧ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل برقم مرجعي : ٥٤ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيببتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ١٢٨ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٥٥ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم : ١٢٩ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٥٦ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٣٠ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقم : ٥٧ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم ١٣١ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٥٨ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم : ١٣٢ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٥٩ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى على نحو أساسي ، يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي :

١٣٣ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٦٠ .
بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى على نحو جوهري يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي برقم: ١٣٤ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي: ٦١ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعلياً يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٣٥ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل رقمه المرجعي : ٦٢ ،

- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي بشكل جوهري يشفر بولي بيبتيد
 بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :
 ١٣٦ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٦٣ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو جوهري ، يشفر بولي بيبتيد
 بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقم :
 ١٣٧ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقمه : ٦٤ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا
 "H.Pylori" محتوي على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقمه : ١٣٨ ، مثل
 حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٦٥ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا
 "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٣٩ ،
 مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٦٦ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي على نحو أساسي يشفر بولي بيبتيد
 بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي :
 ١٤٠ ، مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي رقمه : ٦٧ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا
 "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقمه : ١٤١ ، مثل
 حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل مرجعي برقم : ٦٨ .
- بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقي فعلياً يشفر بولي بيبتيد بكتيريا
 "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقمه : ١٤٢ ،
 مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٦٩ .

مظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعليا يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل برقم مرجعي : ١٤٣ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٧٠ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعليا يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٤٤ ، ٥ مثل حامض نووي محتوي على تسلسل نكليوتيد من تسلسل رقمه المرجعي : ٧١ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعليا يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل ذي رقم مرجعي : ١٤٥ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٧٢ .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع حامض نووي نقى فعليا يشفر بولي بيبتيد بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على تسلسل حامض أميني من تسلسل مرجعي رقمه : ١٤٦ ، مثل حامض نووي متضمن تسلسل نكليوتيد من تسلسل ذي رقم مرجعي : ٧٣ .

لكن المفضل بشكل خاص هو حامض نووي معزول يتضمن تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيد غلاف خلية بكتيرية من نوع "H.Pylori" أو جزء منها . ومثل هذا

١٥ الحامض النووي يكون منتقى في المجموعة المكونة من التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣ ، التسلسل ذي الرقم ٢٥ ، ومن التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٦ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٨ ،

٢٠ التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٢ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٦ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٨ ، التسلسل ذي الرقم

- المرجعي : ١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٢ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٤ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١١ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ٧١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٧ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٥ . ٥
- تجسيد آخر ، يكون بولي بيبتيديد غلاف خلية بكتيرية من نوع "H.Pylori" أو جزء
 منه عبارة عن بولي بيبتيديد غشاء خلية داخلية لبكتيريا "H.Pylori" ، أو جزء منه
 مشفر (مرمز) بواسطة الحامض النووي المنتقى من المجموعة المؤلفة من التسلسل ذي
 الرقم المرجعي : ٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٨ .
 بتجسيد آخر ، يكون بولي بيبتيديد غلاف خلية بكتيرية من نوع "H.Pylori" أو جزء ١٠
- منه عبارة عن بولي بيبتيديد غشاء خارجي لبكتيريا "H.Pylori" أو لجزء منه مشفر
 بواسطة الحامض النووي المنتقى من المجموعة المؤلفة من التسلسل ذي الرقم المرجعي :
 ١٦ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٥ ، التسلسل ذي
 الرقم المرجعي : ٣٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٧ التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٥ ، التسلسل ذي الرقم ١٥
 المرجعي : ١٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٨ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٢ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ٥٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٦ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٨ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٢ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ١٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١١ ، ٢٠
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧١ .

- بتجسيد آخر ، يكون بولي بيبتيدي الغشاء الخارجي لبكتيريا "H.Pylori" أو لجزء منه، عبارة عن بولي بيبتيدي "H.Pylori" محتوي على بقية فينيل ألانين طرفي وعلى مجموعة تيروسين طرفية على شكل C أو على اجزاء منها مشفرة بواسطة الحامض النووي المنتقى من المجموعة المؤلفة من التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٢ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧١ .
- بتجسيد آخر بعد ، يكون بولي بيبتيدي الغشاء الخارجي لبكتيريا "H.Pylori" أو لجزء منه عبارة عن بولي بيبتيدي بكتيريا "H.Pylori" محتوياً على بقية فينيل ألانين طرفي أو على جزء منه مشفر بواسطة الحامض النووي المنتقى من المجموعة المؤلفة من التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٦ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٢ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٦ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٨ .
- لكن المفضل بشكل خاص ، هو حامض نووي معزول محتوي على تسلسل نكليوتيد مشفراً بولي بيبتيدي مفرزاً من بكتيريا H.Pylori أو جزء منه . ومثل هذا الحامض النووي يكون منتقى من المجموعة المتكونة من التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧٢ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٢ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ١٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٢ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٣٦ ، التسلسل ذي الرقم

- المرجعي : ٣٨ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤١ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٦ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ٤٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٩ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦١ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦٢ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ٦٣ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦٦ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦٨ .
 والمفضل بشكل خاص هو حامض نووي معزول محتوي على تسلسل نكليوتيد يشفر
 بولي بيبتيدي خلوي لبكتيريا H.Plori أو جزء منه . ومثل هذا الحامض النووي يكون
 منتقى من المجموعة المكونة من التسلسل ذي الرقم المرجعي ١٢ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ١٥ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٣ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٤ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٢٦ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ٢٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٤٧ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٥٠ ،
 التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٦٤ ، التسلسل ذي الرقم
 المرجعي : ٦٩ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧٠ ، التسلسل ذي الرقم المرجعي : ٧٣ .
 والمفضل بشكل خاص هو بولي بيبتيدي غلاف خلية بكتيريا H.Plori معزول أو منقي أو
 جزء منه ، حيث يكون البولي بيبتيدي منتقى من المجموعة المتكونة من : التسلسلات
 التي يتضمن كل منها رقماً مرجعياً من الأرقام المرجعية التالية : ٧٦ ، ٩٨ ، ١٢١ ، ٨٩ ،
 ٨٣ ، ١١٨ ، ١٠٨ ، ١١٠ ، ٨٠ ، ١١٢ ، ١٢٨ ، ٩١ ، ٩٢ ، ١٠١ ، ١٠٣ ، ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ ، ٧٤ ،
 ١١٥ ، ٨٧ ، ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ ، ٩٠ ، ١٣٠ ، ٧٨ ، ٧٩ ، ٨١ و ٩٤ .
 بتجسيد آخر ، يكون بولي بيبتيدي غلاف خلية بكتيريا H.Plori أو جزء منه عبارة
 عن بولي بيبتيدي غشاء داخلي لبكتيريا H.Plori أو لجزء منه منتقى من المجموعة

المتكونة من التسلسلات التي يتضمن كل منها رقماً مرجعياً من الأرقام التالية : ٧٦ ، ٩٨ ، ١٢١ .

بتجسيد آخر ، يكون بولي بيبتيديد غلاف خلية بكتيريا H.Plori أو جزء منه عبارة عن بولي بيبتيديد غشاء خارجي لبكتيريا H.Plori أو جزء منه منتقى من المجموعة المؤلفة من التسلسلات التي يتضمن كل منها رقماً مرجعياً من الأرقام المرجعية التالية : ٨٩ ، ٨٣ ، ١١٨ ، ١٠٨ ، ١١٠ ، ٨٠ ، ١١٢ ، ١٢٨ ، ٩١ ، ٩٢ ، ١٠١ ، ١٠٣ ، ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ ، ٧٤ ، ١١٥ ، ٨٧ ، ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ ، ٩٠ ، ١٣٠ .

بتجسيد آخر ، يكون بولي بيبتيديد غشاء خارجي لبكتيريا H.Pylori أو جزء منه عبارة عن بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori محتوي على بقية طرفية من فينيل ألانين وعلى مجموعة يتروسين طرفية على شكل C أو أجزاء منها منتقى من المجموعة المتكونة من التسلسلات التي يتضمن كل منها رقماً مرجعياً من الأرقام المرجعية التالية : ٧٤ ، ١١٥ ، ٨٧ ، ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ .

بتجسيد آخر ، يكون بولي بيبتيديد غشاء خارجي لبكتيريا H.Pylori أو جزء منه عبارة عن بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori محتوي على بقية طرفية من فينيل ألانين أو على جزء منه منتقى من المجموعة المؤلفة من التسلسلات التي يتضمن كل منها رقماً مرجعياً من الأرقام المرجعية التالية : ٨٩ ، ١١٨ ، ١٠٨ ، ١١٠ ، ٨٠ ، ١١٢ ، ١٢٨ ، ٩١ ، ٩٢ ، ١٠١ ، ١٠٣ ، ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ .

والفضل بشكل خاص ، هو بولي بيبتيديد مفرز من بكتيريا H.Pylori معزول أو منقى أو جزء منه ، حيث يكون البولي بيبتيديد منتقى من المجموعة المتكونة من التسلسلات التي يتخذ كل منها رقماً مرجعياً من الأرقام التالية المرجعية : ١٤٥ ، ١٠٥ ، ١٢٤ ، ٧٥ ، ٧٧ ، ٨٢ ، ٨٦ ، ٩٥ ، ١٠٢ ، ١٠٤ ، ١٠٦ ، ١٠٧ ، ١٠٩ ، ١١١ ، ١١٣ ، ١١٤ ، ١١٧ ، ١١٩ ، ١٢٢ ، ١٢٦ ، ١٣٢ ، ١٣٤ ، ١٣٥ ، ١٣٦ ، ١٣٨ ، ١٣٩ ، ١٤٠ ، ١٤١ .

والمفضل بشكل خاص ، هو بولي بيبتيدي خلوي لبكتيريا H.Pylori معزول أو منقى أو جزء منه ، حيث يكون البولي بيبتيدي منتقى من المجموعة المتكونة من التسلسلات التي يتخذ كل تسلسل منها رقماً مرجعياً من الأرقام المرجعية التالية : ٨٥ ، ٨٨ ، ٩٣ ، ٩٦ ، ٩٧ ، ٩٩ ، ١٠٠ ، ١٢٠ ، ١٢٣ ، ١٣٣ ، ١٣٧ ، ١٤٢ ، ١٤٣ ، ١٤٦ .

٥ بمظهر آخر ، يتعلق الاختراع الحالي بأي عضو أو جزء فردي من بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori أو بحامض نووي يشفر مثل هذا العضو أو الجزء من المجموعات السابقة التعريف من بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori .

بمظهر آخر ، يصف الاختراع احماضاً نووية قادرة على ربط mRNA من بكتيريا H.Pylori . ومثل هذا الحامض النووي قادر على أن يتصرف كحامض نووي مضاد

١٠ للحس بغرض التحكم بانتقال أو بتحول mRNA من بكتيريا H.Pylori . يصف مظهر آخر حامض نووي قادر على الارتباط على نحو نوعي بحامض نووي بكتيريا H.Pylori . علماً بأنه يشار لهذه الاحماض النووية هنا على أنها تتمات ولها فائدة كمجسات وككواشف احتجاز .

بمظهر آخر ، يبرز الاختراع نظام تجسيد يحتوي على هيكل مفتوح القراءة يتطابق مع ١٥ حامض نووي بكتيريا H.Pylori . ويحتوي الحامض النووي ايضاً على تسلسل تحكم يتوافق مع أي حاضن مقصود . علماً بأن نظام التجسيد مفيد في جعل البولي بيبتيديات تتطابق مع حامض نووي بكتيريا H.Pylori .

بمظهر آخر يبرز الاختراع خلية منقولة بنظام تجسيد لانتاج بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori .

٢٠ بمظهر آخر ، يبرز الاختراع طريقة لتوليد أجسام مضادة ضد بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori تكون قادرة على الارتباط ، على نحو نوعي ، ببولي بيبتيديات بكتيريا

. H.Pylori

ومثل هذه الاجسام المضادة لها فائدتها ككواشف لمعايير مناعية لتقييم كثرة وتوزيع مولدات مضادات نوعية لبكتيريا H.Pylori .

بمظهر آخر ، يبرز الاختراع طريقة توليد لقاحات لتحسين شخص ضد بكتيريا

٥ . H.Pylori وطريقة التحسين تتضمن تحصين شخص ببولي بيبتيدي بكتيريا

H.Pylori . واحد على الاقل طبقاً للاختراع الحالي ، مثل بولي بيبتيدي سطحي او بولي بيبتيدي مفرز ، أو بروتين فعال منها ، وناقل مقبول صيدلانياً . ومثل هذه اللقاحات لها فوائد علاجية و/أو فوائد وقائية .

بمظهر آخر ، يوفر الاختراع الحالي طريقة لتوليد لقاح يحتوي على بولي بيبتيدي

١٠ . بكتيريا H.Pylori مولد مناعة معدل مثل بولي بيبتيدي سطحي او بولي بيبتيدي

مفرز ، أو بروتين فعال منها ، وناقل مقبول صيدلانياً .

بمظهر آخر ، يبرز الاختراع طريقة لتقييم مركب مثل بولي بيبتيدي ، مثل جزء من

بولي بيبتيدي خلية حاضنة ، لمعرفة قدرته على الارتباط ببولي بيبتيدي بكتيريا

H.Pylori وهذه الطريقة تتضمن : ملاصقة المركب المرشح مع بولي بيبتيدي بكتيريا

١٥ H.Pylori وتحديد مدى امكانية ارتباط المركب او تفاعله مع بولي بيبتيدي بكتيريا

H.Pylori . وعليه تكون المركبات التي ترتبط ببكتيريا H.Pylori هي المرشحة

كعوامل حافزة او كموانع للدورة الحياتية البكتيرية . وهذه المعايير يمكن تأديتها

في المعمل (الانبوب الزجاجي) أو في جسم الكائن الحي.

بمظهر آخر ، يُبرز الاختراع طريقة لتقييم مركب ، مثل بولي بيبتيدي ، مثل جزء من

٢٠ بولي بيبتيدي خلية حاضنة لمعرفة قدرته على الارتباط مع حامض نووي لبكتيريا

H.Pylori ، مثل أحماض DNA أو RNA (حامض نووي ريبوي منقوص الاكسجين ، أو

حامض نووي ريبي) . وهذه الطريقة تتضمن : ملامسة المركب المرشح مع حامض نووي لبكتيريا H.Pylori وتحديد مدى امكانية ارتباط المركب او تفاعله مع بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori . وعليه تكون المركبات التي ترتبط مع بكتيريا H.Pylori . هي المرشحة لتكون مركبات حافزة أو مانعة للدورة الحياتية البكتيرية . ويمكن تأدية هذه الاختبارات خارج الجسم الحي أو بداخل الجسم الحي . ٥

يُبرز الاختراع بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ، ويفضل مستحضر نقي فعلياً من بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، أو بولي بيبتيدي معيد اتحاد من بكتيريا H.Pylori وفي تجسيديات مفضلة : يحتوي البولي بيبتيدي على فعالية بيولوجية ، كما يحتوي البولي بيبتيدي على تسلسل حامض أميني يتطابق او يتجانس بنسبة ٦٠٪ ، أو ٧٠ ، ١٠٠ ، أو ٨٠٪ ، أو ٩٠٪ ، أو ٩٨٪ أو ٩٩٪ مع تسلسل حامض أميني للاختراع المحتوي في قائمة التسلسلات ، ويفضل ان يتضمن تطابق تسلسلي بما نسبته ٦٥٪ مع تسلسل حامض أميني من الاختراع المحتوي في قائمة التسلسل ، والأكثر تفضيلاً على الإطلاق أن يتضمن تطابقاً تسلسلياً يتراوح ما بين ٩٢٪ - ٩٩٪ مع تسلسل حامض أميني من الاختراع المحتوي في قائمة التسلسل . كما يفضل أن يتضمن البولي بيبتيدي على ١٥

تسلسل حامض أميني يكون من الناحية الاساسية نفس تسلسل حامض أميني من الاختراع المحتوي في قائمة التسلسل ، ويفضل ان يكون البولي بيبتيدي على الاقل ٥ ، ١٠ ، ٢٠ ، ٥٠ ، ١٠٠ أو ١٥٠ من بقايا حامض أميني في الطول ، كما يفضل احتواء البولي بيبتيدي على الاقل ١٠ ، يفضل أكثر ٢٠ ، يفضل أكثر وأكثر ، ٥٠ ، ١٠٠ على الأقل أو ١٥٠ من بقايا حامض أميني متماس من الاختراع المحتوي في قائمة التسلسل .

٢٠ وفي تجسيد مفضل آخر ، يشمل الاختراع تسلسل حامض أميني يختلف في التطابقية التسلسلية بحوالي ٧٪ - إلى حوالي ٨٪ عن تسلسلات حامض اميني بكتيريا H.Pylori من الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية .

في تجسيدات مفضلة : يكون بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori مشفر بواسطة حامض نووي الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية ، أو بواسطة حامض نووي محتوي على الأقل ٦٠٪ ، ٧٠ ، ٨٠ ، ٩٠ ، ٩٥ ، ٩٨ ، ٩٩٪ تماثلية مع حامض نووي الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية .

٥ في تجسيد مفضل ، يختلف بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori في تسلسل حامض أميني عند أجزاء متبقية ١ ، ٢ ، ٣ ، ٥ ، ١٠ أو أكثر عن تسلسل الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية . لكن الاختلافات ، على أية حال ، تكون حيث يظهر بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori فعالية بيولوجية لبكتيريا H.Pylori مثل احتجاز بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori فعالية بيولوجية لبولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori يحدث بشكل طبيعي . ١٠

في تجسيدات مفضلة ، يحتوي البولي بيبتيديد على كل أو على جزء من تسلسل حامض أميني الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية مصهور ، وفي إطار تفسيري ، لاجزاء متبقية من حامض أميني إضافي ، يفضل لاجزاء متبقية مشفرة بواسطة DNA 'O أو ٢ المتعلقة بالعوامل الوراثية ، لـ DNA المتعلقة بالعوامل الوراثية التي تشفر تسلسل الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية . ١٥

وفي تجسيدات مفضلة أخرى يكون بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori عبارة عن بروتين مذاب معيد اتحاد محتوي على جزء بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori أول وعلى جزء بولي بيبتيديد ثاني مثل جزء بولي بيبتيديد ثاني محتوي على تسلسل حامض أميني غير مرتبط ببكتيريا H.Pylori ويمكن لجزء البولي بيبتيديد الثاني أن يكون مثلاً أي

٢٠ من "glutathione-S- transferase" ، أو من مجال DNA الرابط ، أو مجال حافز

للبوليميريز . وفي تجسيد مفضل يمكن استخدام البروتين المصهور في اختبار هجينين .

تشمل بولي بيببتيدات الاختراع تلك البولي بيببتيدات التي تنشأ كنتيجة لأحداث

نسخ متعاقبة . وكنتيجة لأحداث وصل أَل RNA المتعاقبة ، وكنتيجة للوقــــــــــــــــاع

التحولية وما بعد التحولية المتعاقبة يشمل الاختراع كذلك مكون مولد مناعة ٥

يحتوي على بولي بيببتيد بكتيريا H.Pylori واحد على الأقل في مستحضر مولد

مناعة مع كون المكون المولد للمناعة قادر على استخراج استجابة مناعية خاصة

لبولي بيببتيد بكتيريا H.Pylori مثل استجابة خلطية ، استجابة اجسام مضادة أو

استجابة خلوية . في تجسيديات مفضلة يحتوي المكون المولد للمناعة على محدد مولد

مناعي على الأقل من بولي بيببتيد الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية . ١٠

بمظهر آخر ، يوفر الاختراع حامض نووي نقي بالفعل محتوي على تسلسل نكليوتيد

يشفر بولي بيببتيد بكتيريا H.Pylori . وفي تجسيديات مفضلة : يتضمن البولي

بيببتيد المشفر على فعالية بيولوجية ، كما يحتوي البولي بيببتيد المشفر على تسلسل

حامض أميني متطابق بما نسبته ٦٠٪ ، ٧٠٪ ، ٨٠٪ ، ٩٠٪ ، ٩٥٪ ، ٩٨٪ ، أو ٩٩٪ — مع

تسلسل حامض أميني للاختراع المدرج في قائمة التسلسلات ، كما يحتوي البولي ١٥

بيببتيد المشفر على تسلسل حامض أميني يكون على نحو أساسي ، نفس تسلسل

حامض اميني من الاختراع المدرج في قائمة التسلسلات ويكون البولي بيببتيد

المشفر حوالي ٥ ، ١٠ ، ٢٠ ، ٥٠ ، ١٠٠ ، أو ١٥٠ أحماض أمينية في الطول ، كما يتضمن

البولي بيببتيد المشفر على الأقل ٥ ، يفضل على الأقل ١٠ ، يفضل أكثر ٢٠ على الأقل

يفضل أكثر وأكثر ٥٠ على الأقل ، ١٠٠ ، أو ١٥٠ أحماض امينية متماسة من الاختراع ٢٠

المدرجة في قائمة التسلسلات .

في تجسيديات مفضلة : يكون حامض نووي الاختراع هو المدرج في قائمة التسلسل ،

مع تسلسل حامض أميني الاختراع المدرج في قائمة التسلسل .

في تجسيد مفضل ، يختلف بولي بيبتيدي H.Pylori المشفر (مثل اختلافه باستبدال

حامض أميني ، اضافة أو حذف جزء متبقى واحد على الاقل من حامض أميني) في

تسلسل حامض أميني عند ١ ، ٢ ، ٣ ، ٥ ، ١٠ أو أكثر من الاجزاء المتبقية عن تسلسل

الاختراع المدرج في قائمة التسلسل . لكن الاختلافات على اية حال ، تكون حيث : يُظهر ٥

بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori المشفر فعالية بيولوجية لبكتيريا H.Pylori ، مثل

احتجاز انزيم بكتيريا H.Pylori مشفر فعالية بيولوجية من بكتيريا H.Pylori

تحدث بشكل طبيعي .

في تجسيدات مفضلة يحتوي البولي بيبتيدي المشفر على كل او على جزء تسلسل

حامض أميني الاختراع المدرج في قائمة التسلسل مصهور وفي اطار تفسيري لاجزاء ١٠

متبقية من حامض أميني اضافي ، يفضل لأجزاء متبقية مشفرة بواسطة 5' DNA أو

٢ المتعلق بالعوامل الوراثية إلى DNA المتعلق بالعوامل الوراثية الذي يشفر تسلسل

الاختراع المدرج في قائمة التسلسل .

في تجسيدات مفضلة سوف يحتوي حامض نووي بكتيريا H.Pylori على تسلسل

تنظيمي ناسخ ، مثل واحد من محرضات نسخية على الاقل أو تسلسل معزز ناسخ ، ١٥

مربوط تشغيليا بتسلسل جين بكتيريا H.Pylori ، مثل تصيير او جعل تسلسل جين

بكتيريا H.Pylori مناسب للتجسيد في خلية حاضنة معيد اتحاد .

وفي تجسيد آخر بعد ، يتجهن الحامض النووي الذي يشفر بولي بيبتيدي بكتيريا

H.Pylori الاختراع ، تحت شروط صارمة إلى مجس حامض نووي مطابق على الاقل

لثمانية نكليوتيدات متعاقبة من الاختراع المدرج في قائمة التسلسل يفضل اكثر ان ٢٠

يتطابق مع ١٢ نكليوتيد متعاقب على الأقل من الاختراع المدرج في قائمة التسلسل ،
يفضل أكثر وأكثر ، أن يتطابق مع ٢٠ نكليوتيد متعاقب على الأقل من الاختراع
المدرج في القائمة التسلسلية ، ويفضل على نحو أكثر أن يتطابق مع ٤٠ نكليوتيد
متعاقب من الاختراع المدرج في جدول التسلسلات .

٥ في تجسيد مفضل ، يشفر الحامض النووي بببتيداً يختلف على الأقل ببقية حامض
أميني واحد عن تسلسلات الاختراع المدرجة في قائمة التسلسلات .

وفي تجسد مفضل ، يختلف الحامض النووي بنكليوتيد واحد على الأقل ، عن تسلسل
نكليوتيد الاختراع المدرج في القائمة التسلسلية الذي يشفر أحماض أمينية من
الاختراع المدرج في قائمة التسلسلات .

١٠ بمظهر آخر ، يشمل الاختراع : ناقل يحتوي على حامض نووي يشفر بولي بببتيد
بكتيريا H.Pylori أو بولي بببتيد بكتيريا H.Pylori مختلف كما هو موصوف هنا،
وحلية حاضنة مصابة بالناقل ، وطريقة لإنتاج بولي بببتيد بكتيريا H.Pylori معيد
اتحاد أو بولي بببتيد بكتيريا H.Pylori مختلف ، متضمنا زراعة الخلية مثل
واسطة زراعة خلية ، وعزل بكتيريا H.Pylori أو عزل بولي بببتيد بكتيريا

١٥ H.Pylori المختلف ، مثل عزله عن الخلية أو عن واسطة زراعة الخلية .

بمظهر آخر ، يُبرز الاختراع حامض نووي معيد اتحاد منقى محتوي على تطابق بما
نسبته ٥٠٪ ، ٦٠٪ ، ٧٠٪ ، ٨٠٪ ، ٩٠٪ ، ٩٥٪ ، ٩٨٪ أو ٩٩٪ مع تسلسل الاختراع المدرج في
قائمة التسلسلات .

كما يوفر الاختراع أيضاً مجساً أو ممهداً يحتوي على قليل من نكليوتيد (أوليغو
٢٠ نكليوتيد) منقى . ويحتوي قليل النكليوتيد على منطقة تسلسل نكليوتيد تتجهن
تحت شروط صارمة إلى ٨ نكليوتيدات متعاقبة من الحس أو من تسلسل مضاد للحس
للاختراع المدرج في قائمة التسلسلات ، أو طوافر (متحولات) منها تحدث طبيعاً . في

تجسيديات مفضلة ، يتضمن الجنس أو المهد مجموعة تصنيف متصلة به . ويمكن لمجموعة التصنيف هذه أن تكون نظير مشع ، مركب لاصف (قابل للومضان) ، انزيم ، و/أو عامل مساعد للانزيم . ويفضل أن يكون النكليوتيد القيل على الاقل ٨ ، وأقل من ١٠ ، ٢٠ ، ٣٠ ، ٥٠ ، ١٠٠ ، ١٥٠ نكليوتيدات في الطول . يوفر الاختراع ايضاً ، بولي

٥ بيبتيدي بكتيريا H.Pylori معزول مشفر بحامض أميني يتجهن تحت شروط تهجين صارمة لحامض نووي مدرج في قائمة التسلسلات .

ويوفر الاختراع كذلك أحماض نووية مثل RNA أو DNA تشفر بولي بيبتيدي الاختراع . وهذا يتضمن أحماض نووية بفتائل مزدوجة بالاضافة لاحتوائه على فتائل تشفير ومضاد حس مفرد .

١٠ لقد تم وضع سلالة بكتيريا H.Pylori ، والتي تم منها ترتيب تسلسلات مجينية (متعلقة بمجموعة العوامل الوراثية) بتسلسلات تعاقبية في :

(American Type Culture Collection (ATCC # 55679, deposited by Genome Therapeutic Corporation, 100 Beaver street, Waltham, MA 02154) as strain HP-J99.

كما أن الاختراع يتضمن : تبدلات أليلية ، طوافر (متحولات) طبيعية ، طوافر

١٥ محثوثة ، بروتينات مشفرة بحامض DNA تتجهن تحت شروط صارمة مرتفعة ان منخفضة لحامض نووي يشفر بولي بيبتيدي الاختراع المدرج في قائمة التسلسلات (ولعرفة تعاريف الصرامة المرتفعة والمنخفضة انظر :

(Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York , 1989, 6.3.1 - 6.3.6 and 6.4.1-6.4.10,)

٢٠ المدمجة هنا على سبيل المرجعية ، وبولي بيبتيديات مقيدة بواسطة مضادات مصل

ببولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ، خاصة بواسطة مضادات مصل لموقع فعال أو

لمجال ربط بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori . كما يتضمن الاختراع أجزاء يفضل

ان تكون اجزاء فعالة بيولوجياً . وهذه الاجزاء ولبولي بيبتيديات اخرى يشار إليها

هنا على انه مماثلات او متغايرات بولي بيبتيديدا بكتيريا H.Pylori .

لقد تم تحديد الوظائف المفترضة للعديد من بولي بيبتيديدا بكتيريا H.Pylori وفقا للاختراع كما هو مبين في جدول ١ .

وبناء عليه ، تدرج استخدامات بولي بيبتيديدا بكتيريا H.Pylori المبينة على هذه الوظائف المعروفة ، بالإضافة لوظائف أخرى كما هو موصوف هنا ، ضمن نطاق الاختراع .

علاوة على ذلك ، يشمل الاختراع الحالي بولي بيبتيديدا بكتيريا H.Pylori متميزة بما هو مبين في جدول ١ اللاحق بما في ذلك بروتينات غلاف خلية بكتيريا H.Pylori والبروتينات المفرزة لبكتيريا H.Pylori ، والبروتينات الخلوية لبكتيريا H.Pylori أيضاً . علماً بأن أعضاء من هذه المجموعات تم تعريفها بواسطة ابحاث BLasT للتجانس وبواسطة أبحاث خاصة بالافراز الفردي أو بحوافر بروتين عبر الغشاء . كما أن البولي بيبتيديدا المرتبطة بواسطة التطابق الهام ببولي بيبتيديدا جدول ١ تُعتبر هي الأخرى مُصنَّفة في اسلوب التمثيلات المبين في جدول ١ .

جدول ۱

ORF_Name and Group	nt SeqID	aa SeqID
A. CELL ENVELOPE		
A.1 Inner membrane proteins		
02ge11622_23494043_f1_6	3	76
hp5p15212_13095752_c3_36	25	98
06ep30223_20173437_f1_37	48	121
A.2 Outer membrane proteins		
05ee10816_14495437_f2_13	10	83
A.2.1 Terminal phe residue		
06ep11509_35954752_f2_1	16	89
06ep10615_14495437_f3_47	45	118
03ae10804_14495437_c2_38	35	108
05ae30220_917200_c3_172	37	110
04cp11202_23646885_f2_26	7	80
05ep10815_16131925_c2_97	39	112
09cp61003_5860877_f2_23	55	128
09ae10512_48768_c3_67	18	91
09cp11003_5860877_f3_7	19	92
hp6e12267_30478562_f3_33	28	101
06cp30603_34174212_c3_71	30	103
09cp10224_1962590_f3_31	52	125
09cp61003_30478562_c3_106	54	127

تابع جدول ١

11ae80818_10553192_f2_16	56	129
11ee11408_10584582_c3_51	58	131
A.2.2 Terminal phe residue and C-terminal tyrosine cluster		
01ae12001_116018_c2_40	1	74
06ap10609_116018_c3_50	42	115
06cp30603_4687507_f1_9	14	87
06cp30603_4687507_f1_7	43	116
05ee10816_36126938_f3_16	11	84
01cp20708_4960952_c1_43	71	144
A.3 Via homolgy		
07ap80601_5083193_f3_8	17	90
11ap20714_4797137_f3_45	57	130
A.4 Other cell envelope proteins		
04ap12016_25501501_f1_1	5	78
04cp11202_20415937_f2_25	6	79
04ee11108_3906963_f1_7	8	81
29ep10720_25501501_c2_33	21	94
B. SECRETED PROTEINS		
hp3e10342_22448587_c2_15	72	145
hp5p15212_24276587_f1_2	32	105
09ce10413_35336707_f2_9	51	124
01ae12001_32462543_c2_43	2	75
03ee11215_1416312_c3_35	4	77
05ae30220_14570443_c2_94	9	82
06cp30603_2772578_c1_46	13	86
29ep10720_289077_f2_12	22	95
03ee11215_22542803_f1_7	29	102
09ae10512_3166040_c1_40	31	104
01ce11104_10742963_c2_12	33	106
02ge10116_36335436_f3_66	34	107
04ep41903_11876461_f1_4	36	109
05ce10208_23631292_f1_6	38	111
05ep10815_22447252_c3_110	40	113
05ep10815_30283516_c3_109	41	114
06ee30709_33851038_c3_30	44	117
06ep11202_21687842_c3_35	46	119
06ep30223_2774062_f1_33	49	122
09cp10713_23912707_c1_26	53	126
11ee11408_4882318_f3_24	59	132
hp4e13394_5908553_f1_1	61	134
hp4e53394_1416312_c3_119	62	135
hp5e15211_24328910_c3_38	63	136
hp6p10606_23493756_c1_21	65	138
hp6p22217_23564012_f1_5	66	139
hp6p22217_272058_f1_2	67	140
hp6p22217_2922143_f2_9	68	141
C. OTHER CELLULAR PROTEINS		
06ap11119_14726542_f3_21	12	85
06ee10709_6136430_c1_11	15	88
12ap10605_14094816_c1_5	20	93

hp2p10272_34042518_f1_2	23	96
hp5e15211_25411557_c1_22	24	97
hp5p15641_3907968_f1_3	26	99
hp6e10967_657638_f3_9	27	100
06ep11202_4569693_c2_28	47	120
06ep30223_3930468_c1_110	50	123
hp2e10911_960952_c2_86	60	133
hp6p10509_14642217_c2_17	64	137
hp6p80503_20964382_f2_11	69	142
hp7e10192_5917593_f1_2	70	143
hp6p10509_14642217_c3_25	73	146

علماء بأنه في جدول ١ : "nt" تمثل تسلسل ذي رقم مرجعي لنكليوتيد . و "aa" تمثل

تسلسل ذي رقم مرجعي لحامض أميني .

تعريفات :

- ٥ تستخدم المصطلحات «بولي بيبتيدي منقي» ، و « بولي بيبتيدي معزول» و « مستحضر منقي بالفعل من بولي بيبتيدي» على نحو تبادلي هنا ، وكما هي مستخدمة هنا ، فانها تعني بولي بيبتيدي تم فصله على نحو أساسي ، يفضل على نحو تام ، عن بروتينات أخرى وعن شحوم وعن أحماض أمينية من تلك التي يحدث فيها بشكل طبيعي . ويفضل ان يكون البولوي بيبتيدي مفصولاً عن مواد مثل : أجسام مضادة أو منشأ من الهلام (الجل) ، مثل بولي اكريلاميد ، المستخدمة لتنقيته . ويفضل ، أن يشكل البولوي بيبتيدي ما نسبته على الاقل ١٠ ، ٢٠ ، ٥٠ ، ٧٠ ، ٨٠ أو ٩٥٪ وزن جاف من المستحضر المنقى ويفضل كذلك ، أن يحتوي المستحضر : بولي بيبتيدي كافي للسماح لحدوث سلسلة بروتين ، على الاقل ١ ، ١٠ ، ١٠٠ ميكروجرام من البولوي بيبتيدي ، على الأقل ١ ، ١٠ ، أو ١٠٠ ميلي جرام من البولوي بيبتيدي . بالاضافة لذلك ، تشير
- ١٥ المصطلحات «بولي بيبتيدي منقى» و « بولي بيبتيدي معزول» و «مستحضر منقي بالفعل من بولي بيبتيدي» كما هي مستخدمة هنا إلى كلا بولي بيبتيدي تم الحصول عليه من الطبيعة أو تم انتاجه بواسطة تقنيات DNA معيدة اتحاد كما هو موصوف هنا .

فمثلاً ، يكون بروتين « معزول » أو « منقى » أو بروتين فعال بيولوجياً منه خال على نحو أساس من مادة خلوية أو من أية بروتينات ملوثة أخرى من خلية أو من مصدر نسيج يشتق منه بروتين بكتيريا H.Pylori ، أو خال فعلاً من طلائع كيماوية أو من كيماوية أو من كيماويات أخرى عندما يتم تخليقة كيماوياً . كما أن مصطلح « خال

من مادة خلوية فعلاً » يتضمن مستحضرات من بروتين بكتيريا H.Pylori ، يكون البروتين فيها مفصول عن مكونات خلوية للخلايا المعزول عنها أو المنتج منها بطريقة إعادة الاتحاد . بتجسيد واحد ، يتضمن المصطلح « خال من مادة خلوية بالفعل » مستحضرات من بروتين بكتيريا H.Pylori ، متضمنة اقل من ٣٠٪ (وزن جاف) من بروتين بكتيريا غير H.Pylori ، (يشار إليه ههنا على أنه « بروتين ملوث » يفضل

أكثر ، أقل من ٢٠٪ من بروتين بكتيريا غير H.Pylori ، ولازال مفضلاً أكثر ، أقل من ١٠٪ من بروتين بكتيريا غير H.Pylori ، لكن الأكثر تفضيلاً على الإطلاق ، أقل من حوالي ٥٪ بروتين بكتيريا غير H.Pylori ، وعندما يتم انتاج بروتين بكتيريا H.Pylori ، أو انتاج بروتين فعال بيولوجياً منه بواسطة إعادة اتحاد فانه من المفضل ايضاً على نحو أساسي أن يكون خالياً من واسطة زراعة اي أن تمثل واسطة زراعته أقل من حوالي ٢٠٪ ، يفضل أكثر ، أقل من ١٠٪ ، والأكثر تفضيلاً على الإطلاق حوالي أقل من ٥٪ من حجم مستحضر البروتين .

كما يتضمن مصطلح « خال فعلاً من طلائع كيماوية او من كيماويات اخرى » مستحضرات بروتين بكتيريا H.Pylori يكون البروتين فيها مفصلاً عن طلائع كيماوية او عن كيماويات اخرى من تلك التي تدخل في تخليق البروتين . بتجسيد واحد ، يتضمن مصطلح « خال فعلياً من طلائع كيماوية او من كيماويات اخرى » مستحضرات من بروتين بكتيريا H.Pylori ، محتوية على اقل من ٣٠٪ (وزن جافاً)

من طلائع كيماوية أو من كيماويات بكتيريا غير H.Pylori ، يفضل أكثر ، أقل من ٢٠٪ طلائع كيماوية أو كيماويات بكتيريا غير H.Pylori ، ويفضل أكثر ، أقل من ١٠٪ من طلائع كيماوية أو من كيماويات بكتيريا غير H.Pylori ، والاكثر تفضيلاً على

الاطلاق ، أقل من حوالي ٥٪ طلائع كيماوية أو كيماويات بكتيريا غير H.Pylori .

٥ يشير تحضير منقي للخلايا ، في حالة نباتية أو حيوانية ، إلى تحضير خلايا في جسم الكائن الحي وليس لنبتة أو لحيوان كلي سليم . وفي حالة خلايا مزروعة أو في حالة خلايا ميكروبية ، فإنه يتكون من تحضير ١٠٪ على الأقل ، يفضل ٥٠٪ من الخلايا المعنية إن الحامض النووي المنقى أو المعزول أو النقي فعلاً مثل DNA نقي فعلياً (مصطلحات تستخدم هنا على نحو تبادلي) هو حامض نووي يكون أحد ما يلي أو كلا ما يلي : غير متماس مباشرة مع كلا التسلسلين التشفيريين اللذين يتماس معهما مباشرة مع كلا التسلسلين التشفيريين اللذين يتماس معهما مباشرة (أي أحدهما يقع عن الطرف ٥' والآخر يقع عند الطرف ٣') في مجموعة العوامل الوراثية التي تحدث بصورة طبيعية للكائن الحي والتي يشتق منها الحامض النووي ، أو الخالية فعلاً من حامض نووي يحدث معها في الكائن الحي الذي يشتق منه الحامض النووي يتضمن

١٥ المصطلح مثلاً ، DNA معيد اتحاد مدمج في ناقل مثل كونه مدمج في بلازميد مكرر

مستقل أو في فيروس ، أو في DNA مجيني في بدائي النواة أو في سوي النواة ، أو

الذي يوجد كجزء منفصل (مثل cDNA أو مثل جزء DNA مجيني منتج بواسطة

PCR أو بواسطة قيود معالجة انزيم نيوكلاز داخلي) مستقل عن تسلسلات DNA

الأخرى . كما يتضمن الـ DNA النقي فعلياً DNA بكتيريا H.Pylori .

إن مصطلح "Contig" «ماس» كما هو مستخدم هنا هو حامض نووي يمثل امتداد مستمر لتسلسل متعلق بمجموعة عوامل وراثية لكائن حي .

كما مصطلح " Open reading frame " الذي يشار إلى إليه هنا بـ ORF : هو منطقة حامض نووي تشفر بولي بيبتيدي . ويمكن لهذه المنطقة أن تمثل جزء من تسلسل التشفير أو تسلسل كلي ويمكن تحديدها من رامزة (واحدة أساسية للرمز الوراثي) موقوف لموقف أو من رامزة بداية إلى رامزة نهاية .

وكما هو مستخدم هنا فإن مصطلح " Coding sequence " تسلسل تشفير هو حامض نووي منسوخ في هيئة RNA ساعي (مرسال) و/أو متحول إلى بولي بيبتيدي عند وضعه تحت سيطرة انتظامية مناسبة للتسلسلات ويمكن لتسلسل تشفير أن يحتوي دون حصر على RNA ساعي ، DNA تخليقي ، وعلى تسلسلات حامض نووي معيد اتحاد .

ويشير مصطلح "Complement" «تكملة أو تنمة» إلى حامض نووي كما هو مستخدم هنا إلى تسلسل مضاد للتوازي أو إلى تسلسل مضادة للحس تشارك في Watson-Crick base-Pairing مع التسلسل الأصلي .

ويعني مصطلح "gene product" «منتج جيني» بروتين أو RNA تركيبى مشفر بواسطة جين .

وكما هو مستخدم هنا ، يشير مصطلح "Probe" «مجس» إلى حامض نووي ، أو إلى ببتيد أو إلى كينونة كيماوية أخرى ترتبط على نحو خاص بجزء معني . وعادة ما تكون المجسات مرتبطة مع أوقادرة على الارتباط مع علامة مميزة . والعلامة المميزة هي شطر كيماوي قادر على الاستكشاف . والعلامات المميزة من الناحية النموذجية

- تتضمن أصبغة ، نظائر مشعة ، أجزاء ذات اشعاع ضوئي وذات اشعاع ضوئي كيميائي ، فلوروفورز ، انزيمات ، عوامل ترسيب ، تسلسلات تضخيم ، وماشابه ذلك . وعلى نحو مماثل يشار لحامض نووي ، أو لبببتيد أو لأي كيان كيميائي يرتبط خاصة بجزئي معني ويثبت مثل هذا الجزيء على أنه "Capture ligand" « ربيطة احتجاز » . ومن
- الناحية النموذجية ترتبط ربائط الاحتجاز مع أو تكون قادرة على الارتباط مع اسناد مثل نيتروسلولوز ، زجاج ، أغشية نايلون خرزات (كريات) ، جسيمات وما شابه ذلك . ومواصفة التهجين تعتمد على شروط مثل تركيبة زوج قاعدي للنكليوتيدات ، وعلى درجة الحرارة وعلى تركيز الملح في التفاعل . وهذه الشروط يميزها شخص ذي مهارة عادية في المجال باستخدام اختبارات تجريبية روتينية .
١٠. تشير كلمة متماثل إلى تشابهية التسلسل أو إلى هوية وتطابقية التسلسل بين بولي بببتيد أو بين جزئيات حامض نووي . وعندما يكون الموقع في كلا التسلسلين المقارنين مشغولاً بنفس القاعدي أو بوحدة فرعية من مركب حامض أميني ، مثل : عندما يكون موقع في كل من جزئيات أَل DNA الاثنين مشغولاً بأدينين ، فعندئذ تكون الجزئيات متماثلة في ذلك الموقع . وتعتبر النسبة المئوية للتجانس بين
١٥. تسلسلين دالة على عدد مواقع متجانسة مشتركة بين التسلسلين مقسمة على عدد المواقع المقارنة $\times 100$. فمثلاً إن كان ٦ من ١٠ من المواقع في تسلسلين متناسبة أو متماثلة . فعندئذ يكن التسلسلين متماثلين بنسبة ٦٠٪ . وعلى سبيل المثال تشترك تسلسلات DNA أَل ATTGCC وأَل TATGGC بتماثلية نسبتها ٥٠٪ . عموماً ، تجري المقارنة عندما يصطف تسلسلين لكي يعطيا تماثلية قصوى .
٢٠. إن الاحماض النووية قابلة للتهجين مع بعضها البعض وذلك عندما يستطيع خيط من حامض نووي أن يسخن ويبرد مع الحامض النووي الآخر تحت ظروف شدة محددة . علماً بأن شدة التهجين تتحدد بواسطة : (أ) درجة الحرارة التي يتم تأدية التهجين

و/أو الغسل عندها ، و(ب) المتانة الايونية وقطبية محاليل التهجين والغسل . يتطلب التهجين أن يتضمن الحامضين النوويين تسلسلات تكميلية اعتماداً على شدة التهجين، لكن سوء التناسب يمكن تحمله . من الناحية النموذجية يتطلب تهجين تسلسلين على شدة عالية مثل مثلاً محلول من ٥ ر . SSC X ، على درجة ٦٥ مئوية ، أن يكون التسلسلين متماثلين تماماً من الناحية الجوهريّة كما تتطلب شروط الشدة المتوسطة (مثل مثلاً SSC Xc على درجة حرارة مئوية) وشروط شدة منخفضة (مثل مثلاً محلول من SSC Xc على ٦٥ درجة حرارة مئوية) ، تكميلية كلية أقل تطابقية بين تسلسلات التهجين .

(١ SSC X هو ١٥ ر . تركيز جزيئي غرامي من كلوريد صوديوم ، و ١٥ ر . تركيز

١٠ . جزيئي غرامي من ستيرات صوديوم) .

وهناك مثال مفضل غير تحديدي لشروط تهجين صارمة هو تهجين في محلول كلوريد صوديوم ٦ X / ستيرات صوديوم (SSC) عند حوالي ٤٥ درجة حرارة مئوية ، متبوعاً بغسلة واحدة أو بأكثر في محلول ٢ ر . SSC X ، ١٠ ر . SDS على ٥٠ - ٦٥ درجة حرارة مئوية .

١٥ إن المصطلحات بيبتيديات ، بروتينات ، بولي بيبتيديات مستخدمة هنا على نحو قابل للتبادل (أي يمكن استخدام الواحد منها بدلاً عن الآخر).

وكما هو مستخدم هنا ، يشير مصطلح « بروتين سطحي » لجميع الاسطح التي توصل للبروتينات مثل بروتينات غشاء داخلي وخارجي ، بروتينات ملتصقة بجدار الخلية ، وبروتينات مفرزة .

٢٠ . ويُعتبر بولي بيبتيدي محتويّاً على فعالية بيولوجية لبكتيريا H.Pylori إن احتوى

- على خاصية واحدة ، أو على خاصيتين ، يفضل على خواص أكثر من الخصائص التالية :
- (١) إن استطاع عندما يكون مجسداً في سياق عدوى أو صابة ببكتيريا H.Pylori ، أن يرفع ، أو يتوسط في ربط ببكتيريا H.Pylori بخلية ، (٢) أن تضمن فعالية انزيمية أو خصائص وظيفية تنظيمية تركيبية لبروتين ببكتيريا H.Pylori ، (٣) أن استطاع الجين الذي يشفره إنقاذ تحول مميت في جين ببكتيريا H.Pylori ، (٤) أن كان مولد مناعة في جسم . وكذلك يحتوي البولي بيبتيد على فعالية بيولوجية أن كان مضاداً ، أو شاداً ربيعاً لبولي بيبتيد متضمن واحدة من الخصائص السابقة الذكر .
- أما جزء فعال بيولوجياً ، أو متماثل فهو جزء محتوي على فعالية سواء في الانبوب الزجاجي أو في الجسم الحي وهي خاصيته بولي بيبتيدات ببكتيريا H.Pylori الخاصة بالاختراع المدرجة في قائمة التسلسلات ، أو خاصية بولي بيبتيدات ببكتيريا H.Pylori ، أخرى تحدث طبيعياً ، مثل فعالية بيولوجية واحدة أو أكثر من الموصوفة هنا . لكن المفضل بشكل خاص هي أجزاء توجد في الجسم الحي مثل أجزاء تنشأ من ما بعد سير عمليات نسخية أو التي تنشأ من تحول وصلات الـ R NA'S التعاقدية . وتتضمن الأجزاء تلك الأجزاء المجسدة في خلايا ذاتية أو في خلايا جنس داخلية
- ١٥ الإضافة لتلك الخلايا المنتجة في أنظمة تجسيد مثل : المنتجة في خلايا CHO ولأن بيبتيدات مثل بولي بيبتيدات ببكتيريا H.Pylori تبدي معدلاً لأجزاء مختلفة من الجزيء . فعندئذ يكون جزء من ببكتيريا H.Pylori أو مماثل من ببكتيريا H.Pylori هو جزء يظهر فعالية بيولوجية في أي اختبار بيولوجي لفعالية ببكتيريا H.Pylori والأكثر تفضيلاً على الإطلاق هو جزء أو مماثل يتضمن ١٠٪ يفضل أن يتضمن ٤٠٪
- ٢٠ يفضل أكثر من يتضمن ٦٠٪ ، ٧٠٪ ، ٨٠٪ ، أو ٩٠٪ أو أكثر من فعالية ببكتيريا H.Pylori في أي من الاختبارات سواء في المعمل (في الزجاج) ، أو في الجسم الحي .

يمكن للمماثلات ان تختلف عن بولي بيبتيديات تحدث طبيعياً من بكتيريا H.Pylori في تسلسل حامض أميني أو بطرق لا تتضمن تسلسل أو بكليهما تتضمن تعديلات غير تسلسلية تغييرات في الأستلة ، (اي التحويل والمعالجة بالاسيتيل ، أو في الامثلة (اي التحويل او المعالجة بالميثيل) ، او في الفسفرة (المعالجة او التحويل بالفوسفور) او في الكربكسلة (التحويل او المعالجة بالكربوكسالات) ، أو في التحويل أو المعالجة بجليكول . لكن المتماثلات المفضلة تتضمن بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori (أو أجزاء فعالية بيولوجياً منها) . من تلك التي تختلف تسلسلاتها عن التسلسل ذي النوع الشاذ بواسطة بدائل حامض أميني محافظ واحد أو أكثر حذفات او إدخالات لا تضعف الفعالية البيولوجية لبولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori تتضمن الاستبدالات الواقية ، على نحو نموذجي استبدال حامض أميني واحد بآخر بخصائص مشابهة مثل استبدالات ضمن المجموعات التالية :

فالين ، جليسين ، ألانين ، فالين ، ايسو ليوسين ، ليسين ، حامض الاسبرتيك ، حامض جلوماتيك ، أسبراجين ، جلوتامين ، سيرين ، ثريونين ، ليسين ، أرجنين وفينيل ألانين ، تيروزين . ويمكن اعداد الاستبدالات الواقية في ضوء الجدول التالي :

جدول ٢

استبدالات أحماض أمينية محافظة

For Amino Acid	Code	Replace with any of
Alanine	A	D-Ala, Gly, beta-Ala, L-Cys, D-Cys
Arginine	R	D-Arg, Lys, D-Lys, homo-Arg, D-homo-Arg, Met, Ile, D-Met, D-Ile, Orn, D-Orn
Asparagine	N	D-Asn, Asp, D-Asp, Glu, D-Glu, Gln, D-Gln
Aspartic Acid	D	D-Asp, D-Asn, Asn, Glu, D-Glu, Gln, D-Gln
Cysteine	C	D-Cys, S-Me-Cys, Met, D-Met, Thr, D-Thr
Glutamine	Q	D-Gln, Asn, D-Asn, Glu, D-Glu, Asp, D-Asp
Glutamic Acid	E	D-Glu, D-Asp, Asp, Asn, D-Asn, Gln, D-Gln
Glycine	G	Ala, D-Ala, Pro, D-Pro, β -Ala, Acp
Isoleucine	I	D-Ile, Val, D-Val, Leu, D-Leu, Met, D-Met
Leucine	L	D-Leu, Val, D-Val, Leu, D-Leu, Met, D-Met
Lysine	K	D-Lys, Arg, D-Arg, homo-Arg, D-homo-Arg, Met, D-Met, Ile, D-Ile, Orn, D-Orn
Methionine	M	D-Met, S-Me-Cys, Ile, D-Ile, Leu, D-Leu, Val, D-Val
Phenylalanine	F	D-Phe, Tyr, D-Thr, L-Dopa, His, D-His, Trp, D-Trp, Trans-3,4, or 5-phenylproline, cis-3,4, or 5-phenylproline
Proline	P	D-Pro, L-I-thioazolidine-4-carboxylic acid, D-or L-1-oxazolidine-4-carboxylic acid
Serine	S	D-Ser, Thr, D-Thr, allo-Thr, Met, D-Met, Met(O), D-Met(O), L-Cys, D-Cys
Threonine	T	D-Thr, Ser, D-Ser, allo-Thr, Met, D-Met, Met(O), D-Met(O), Val, D-Val
Tyrosine	Y	D-Tyr, Phe, D-Phe, L-Dopa, His, D-His
Valine	V	D-Val, Leu, D-Leu, Ile, D-Ile, Met, D-Met

وفي المتماثلات الأخرى التي تقع ضمن نطاق الاختراع تلك المتماثلات التي تتضمن تعديلات تزيد من ثبات بيبتيدي ، ومثل هذه المتماثلات يمكن ان تحتوي ، مثلاً ، على رابطة واحدة أو أكثر غير بيبتيدي (تحل محل الروابط البيبتيدي) في تسلسل البيبتيدي . ومما يقع ضمن نطاق الاختراع ايضاً : متماثلات تحتوي على أجزاء متبقية بدلاً من أحماض أمينية - L من تلك التي تقع طبيعياً مثل أحماض أمينية - D أو أحماض أمينية لاتحدث طبيعياً أو أحماض أمينية تخليقية مثل بيتاً أحماض أمينية أو جاما أحماض أمينية ، ومتماثلات حلقية .

وكما هو مستخدم هنا ، سوف يكون المصطلح "Fragment" « جزء » كما هو مطق الاستخدام على متماثل بكتيريا H.Pylori حوالي ٢٠ جزء متبقي ، والأكثر من الناحية النموذجية أن يكون ٤٠ جزء متبقي على الأقل ، يفضل حوالي ٦٠ جزء متبقي في الطول عادة . ويمكن توليد أجزاء من بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori بواسطة طرق معروفة لدى أصحاب المهارة في هذا المجال . ويمكن كذلك تقييم مقدرة الجزء المرشح لبدء فعالية بيولوجية لبولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori بواسطة طرق معروفة لأصحاب المهارة في هذا المجال كما هو موصوف هنا .

ومما يقع ضمن نطاق الاختراع أيضاً بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori محتوي على أجزاء متبقية غير مطلوبة للفعالية البيولوجية للبيبتيدي أو التي تنتج عن توصيل mRNA البديل ، أو عن وقائع سير عملية بروتين بديل .

إن مصطلح « مكون مولد مناعة » كما هو مستخدم هنا هو شطر ، مثل بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori او مماثل او جزء منه قادر على استخراج استجابة مناعية خلطية و/أو خلوية في حيوان حاضن مفردة أو بالاتحاد مع مساعد .

أما مصطلح « مكون مولد مضاد » كما هو مستخدم هنا فهو شطر مثل بولي بيبتيدي

بكتيريا H.Pylori او مماثل أو جزء منه ، قادر على الارتباط جسم مضاد نوعي بألفة عالية المستوى بما يكفي لتشكيل مركب جسم مضاد لمولد مضاد قابل للاكتشاف .

وكما هو مستخدم هنا ، فان مصطلح "transgene" يعني حامض نووي (يشفر بولي

بيبتييد واحد أو أكثر مثلاً) يكون كلياً او جزئياً متخالف ، أي ، يكون غريب للحيوان

العبرجيني أو للخلية التي يتم تقديمه فيها ، أو يكون متخالف مع جين نامي من ٥

الداخل من حيوان عبر جيني او من خلية من تلك التي يتم تقديمها فيها والمصمم ليتم

إدخاله أو يكون داخلاً فعلاً في مجين (مجموعة العوامل الوراثية) الخلية بطريقة تغير

المجين التابع للخلية التي يكون داخلاً فيها (مثل كونه داخلاً عند موقع يختلف عن

موقع الجين الطبيعي أو أن يؤدي إدخاله إلى تعطيل) .

١٠ يمكن أن يحتوي عبر الجين (محتوي على كروزومات تم دمج جين واحد أو أكثر

متخالف فيها سواءً على نحو طبيعي أو تركيبى) على تسلسلات انتظامية ناسخة

واحدة أو أكثر وعلى اي حامض نووي آخر مثل انترونات ، التي قد تكون ضرورية

لتجسيد مثالي للحامض النووي المنتقى ، مع كون الجميع موصول بالحامض النووي

المنتقى ، ويمكن ان يتضمن تسلسل تعزيزي .

١٥ وكما هو مستخدم هنا ، فان مصطلح « خلية عبر جينية » يشير إلى خلية تحتوي على

جين مهجن .

وكما هو مستخدم هنا ايضاً ، فان مصطلح « حيوان عبر جيني » هو اي حيوان تكون

فيه خلية واحدة أو أكثر يفضل من الناحية الجوهرية كل خلاياه محتوية على

« عبرجين » اي ويمكن تقديم « العبر جين » إلى الخلية مباشرة أو بطريقة غير مباشرة

٢٠ وذلك بواسطة انتاجه في طليعة من طلائع الخلية او بواسطة معالجة جينية (وراثية)

مدروسة ، مثل انتاجه بواسطة طريقة تحويل خلية مؤهلة لذلك ، او واسطة الحقن

القليل او بواسطة الاصابة بفيروس معيد اتحاد . ويمكن لهذا الجزيء ان يندمج مع

كروموزوم ، او يمكن له أن يكون مكرراً لـ DNA بطريقة خارجة عن الكروموزومات .
 أما المصطلح «جسم مضاد» كما هو مستخدم هنا فان استخدامه يعني بأنه يحتوي
 على أجزاء منه تفاعلية نوعياً مع بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori .

وكما هو مستخدم هنا ، فان مصطلح «معرض نوعي للخلية» يعني تسلسل من

5 DNA يقوم بمهمة معرض ، اي ينظم تجسيد تسلسل DNA المنتقي في خلايا نوعته من
 نسيج . كما يعطي المصطلح المذكور ايضاً ما يسمى بمحرضات «منفذة» تنظم تجسيد
 DNA منتقى ، على نحو رئيسي بنسيج واحد ، وتسبب تجسيده في أنسخة أخرى
 كذلك .

أما مصطلح سوء التجسيد ، كما هو مستخدم هنا فهو يشير إلى نمط من نوع غير شاذ
 ١٠ من تجسيد جين . كما يحتوي : تجسيد مستويات من نوع غير شاذ ، اي فوق او تحت
 التجسيد ، ويحتوي نمط تجسيد يختلف عن النوع العنيف فيما يختص بالوقت او
 بالرحلة التي يتم عندها تجسيد الجين ، كأن يكن تجسيده متزايداً او منخفضاً مثلاً
 (مقارنة بتجسيد النوع العنيف) عند فترة زمنية تطورية مسبقة التحديد أو عند
 مرحلة ، أو يكن نمطاً من تجسيد يختلف عن تجسيد النوع العنيف (أو الوحشي)

١٥ بالنسبة لتجسيد منخفض (مقارنة بتجسيد النوع العنيف) في نوع خلية مسبقة
 التحديد أو في نوع نسيج ، أو يكون نمطاً من تجسيد يختلف عن نمط تجسيد النوع
 العنيف فيما يتعلق بالحجم التوصيلي او بتسلسل حامض أميني او تعديل ما بعد
 التحويل ، أو فعالية بيولوجية للبولي بيبتيديد الجسد ، او يكون نمطاً من تجسيد
 يختلف عن نمط النوع العنيف فيما يتعلق بتأثير الحافز البيئي او الحافز الخلوي

٢٠ الخارجي علي تجسيد الجين كأن يكون مثلاً نمط من تجسيد متزايد او منخفض (مقارنة
 بتجسيد النوع العنيف) في وجود زيادة او نقصان في قوة الحافز او المثير .

وكما هو مستخدم هنا فان مصطلح «خلايا حاضنة» ومصطلحات أخرى مثلها تدل على

كائن حي دقيق أو على خطوط خلايا سوية النوي مزروعة ككيانات خلوية أحادية ،
 يشير إلى خلايا يمكن ان تصبح او تم استخدامها كسواغات لناقل معيد اتحاد أول
 DNA ناقل آخر ، وتحتوي على ذرية الخلية الاصلية التي نقلت الاصابة إليها (اي اصابة
 خلية بحامض نووي فيروس معزول يتبعه انتاج الفيروس الكامل في الجلية) .

ومن المفهوم لدى اصحاب المهارة في المجال بأن ذرية خلية أبوية وحيدة قد لا تكون
 بالضرورة متطابقة الكامل في تنمة DNA الكلية أو في مجموعة العوامل الوراثية
 مع الاب الاصلي ، نتيجة لحادث او نتيجة للتحويل المدروس .

وكما هو مستخدم هنا ، فان مصطلح «تسلسل تحكم» يشير إلى حامض نووي محتوي
 على تسلسل قاعدي تدركه العضوية الحاضنة لكي ينفذ تجسيد التسلسلات المشفرة

المصطفة معها . علماً بأن طبيعة مثل هذه التسلسلات التحكمية تختلف استناداً إلى
 العضوية الحاضنة وتختلف في التنوي المبكر ، ومثل هذه التسلسلات تحتوي عموماً
 على محرضات ، وعلى مواقع ربط جسيم ريباسي ، وعلى منبهات وتحتوي في بعض
 الحالات على مشغلات وتختلف كذلك في الكائنات سوية النواة وعادة ما تتضمن مثل
 هذه التسلسلات محرضات منبهات وتتضمن في بعض الحالات معززات اما استخدام
 المصطلح تسلسل تحكم فمعنى به أنه يحتوي على كل المكونات اللازم تواجدها
 للتجسيد ويمكن ان يحتوي ايضاً على مكونات اضافية من تلك التي يكون تواجدها
 للتجسيد، ويمكن ان يحتوي ايضاً على مكونات اضافية من تلك التي يكون تواجدها
 مفيداً مثل تسلسلات قائدة مثلاً .

وكما هو مستخدم هنا فان مصطلح «موصول على نحو تشغيلي او عملي» يشير

لتسلسلات موصولة او مربوطة لتؤدي مهامها بالاسلوب المخصص لها .

فمثلاً يتم ربط تسلسل متحكم بتسلسل تشفيرى بواسطة ربيطة تتم بطريقة تجعل تجسيد التسلسل التشفيرى يتحقق تحت ظروف متوافقة مع التسلسل المتحكم ومع الخلية الحاضنة .

أما استقلاب مادة كما هو مستخدم هنا يعني أي مظهر لتجسيد لفعالية لوظيفة لتنظيم المادة . كما يتضمن استقلاب مادة تعديلات ، مثل تعديلات تساهمية وغير تساهمية للمادة كما يتضمن استقلاب مادة تعديلات تساهمية او غير تساهميتها ، من تلك التي تستحثها المادة في مواد أخرى ، ويتضمن استقلاب المادة ايضاً حدوث تغيرات في توزيع تلك المادة . كما يتضمن استقلابها تغيرات تستحثها المادة في توزيع مواد أخرى .

يشير مصطلح « عينة » كما هو مستخدم هنا إلى عينة بيولوجية مثل نسيج او مثل سائل معزول عن فرد (بما في ذلك دون تحديد بلازما مصل ، سائل مُخي شوكي ، سائل لمفي ، دموع ، لعاب وأقسام نسيج) أو إلى عينة من مكونات مزرعة خلية في انبوب زجاجي بالاضافة إلى اشارة المصطلح المذكور لعينات مأخوذة من البيئة .

سوف تستخدم ممارسة الاختراع اساليب فنية تقليدية من الكيمياء رد من البيولوجيا الجزيئية الغرامية ، ومن البيولوجيا الدقيقة ومن DNA معيد اتحاد ومن علم المناعيات من تلك الواقعة ضمن مهارة المجال ، مالم يذكر خلاف تلك الاساليب ومثل هذه الاساليب مشروحة بالكامل في أدب المجال انظر مثلاً : سامبروك ، فريتش ، ومانياتس في كتاب « الاستنساخ الجزيئي » كتيب معمل الطبعة الثانية، (١٩٨٩) ، وانظر « استنساخ او استنسال DNA المجلدات او ، (طبعة د.ن جلوفر ،

٢٠ (١٩٨٥م)، انظر التخليق النكليوتيدي القليل » (طبعة م . ج . جبت ، ١٩٨٤م) ، و« تهجين حامض نووي » (طبغات ب . د . هيمس و س . هـ . هيجنز ١٩٨٤م) ، وانظر سلسلة « طرق علم الانزيمات (المطبعة الأكاديمية) ، خاصة المجلد رقم ١٥٤ ورقم ١٥٥ (طبغات وو

وَجروسمان)، وانظر « مدخل PCR-A عملي » (طبغات ماكفيرسون ، كيرك وتيلور ، ١٩٩١م) .

١ - عزل أحماض نووية من بكتيريا H.Pylori واستخداماتها :

تسلسل بكتيريا H.Pylori المجيني (المتعلق بمجموعة العوامل الوراثية) :

٥ يوفر هذا الاختراع تسلسلات نكليوتيد من مجموعة العوامل الوارثية من بكتيريا

H.Pylori ، التي تتضمن سلسلة تسلسلات DNA من DNA المجيني من بكتيريا

H.Pylori ، ويوفر الوصف التفصيلي التالي تسلسلات نكليوتيد من بكتيريا

H.Pylori ، كما يصف كيفية الحصول على التسلسلات وكيفية تعريف ORFs

وتسلسلات تشفر بروتين ، كما يوجد طرق موصوفة لكيفية استخدام تسلسلات

١٠ بكتيريا H.Pylori ، المكشوف عنها بطرق تتضمن استخدامات علاجية ووقائية .

بالإضافة لذلك ، يمكن استخدام السلسلة كقاعدة بيانات للتعريف ولقارنة تسلسلات

هامية طبياً في سلالات البكتيريا هذه وفي سلالات أخرى .

ولتحديد التسلسل المجيني لبكتيريا H.Pylori ، تم عزل DNA من سلالة بكتيريا

H.Pylori

١٥ (ATCC # 55679 deposited by Genome Therapeutics Corporation, 100 Beaver street Waltham M.A. 02154)

وتم قصه ميكانيكياً بواسطة الذري (الارذاذ) إلى حجم متوسط قدره ٢ Kb . وبعد

التجزئة الحجمية بواسطة استشراد كهربائي للجل ، كانت الأجزاء المنتهية على نحو

غير حاد ، ومربوطة بمهايي نكليوتيدات قليلة ، ومستنسلة إلى ٢٠ ناقل مختلف من

نوع PmPX (رايس وآخرين ، في «خلاصات اجتماع التخطيط الجيني وعمل التسلسلات» كولد سبرينج هاربر ، نيويورك ٥/١١ - ٥/١٥ ، ١٩٩٤ ، صفحة ٢٢٥ .
لانشاء سلسلة من مجموعات نسائل فرعية "Shotgun" (قرية) .

- ٥ لقد تم تحقيق تسلسل DNA باستخدام اجراءات تسلسلية مضاعفة على نحو جوهري وفقاً لما هو مكشوف عنه في كتاب تشيرتش وآخرين "العلم" ، ١٩٨٨م - ٢٤٠ : ١٨٥ ، وفي براءتي الاختراع الأمريكتين رقمي ٤٩٤٢١٢٤ و ٤٩٤٩٦٢٥ (٥١٤٩٦٢٥) . وتم استخلاص DNA من مزارع متجمعة وإخضاعه إلى تسلسل كيمائي أو انزيمي كما تم حل تفاعلات السلسلة (اي اجراء او عمل التسلسلات) واسطة الاستشراد الكهربائي ، وتم نقل المنتجات وربطها تساهمياً أغشية نايلون ، واخيراً ، تم تهجين الغشية تسلسلياً سلسلة من نكليوتيدات قليلة مميزة كيميائية لتسلسلات "tag" (تمييزية) موجودة في نواقل الاستنسال القرية المختلفة . وبهذا الاسلوب ، يمكن الحصول على عدد ضخم من التسلسلات من مجموعة واحدة من تفاعلات السلسلة . علماً بأن اجراءات الاستنسال والسلسلة موصوفة بتفصيل اكبر في الأمثلة كما تم تجميع مطالعات كل تسلسل فردي تم الحصول عليه بهذا الاسلوب باستخدام برنامج FALCONTM (تشيرتش وآخرين ، ١٩٩٤م ، «سلسلة DNA المؤتممة وتحليلها» ، طبعة جي . سي ، فينتر المطبعة الاكاديمية) ووفقاً لـ :

(PHRAP(P.Green, Abstracts of DOE Hnman Genome Program Contractor- Grantee Work shop V, Jan. 1996 P. 157)

وكان معدل طول الماس حوالي ٣ - ٤ Kb .

- ٢٠ جرى استخدام طرق متعددة لترتيب الماسات بغرض الحصول على تسلسل مستمر

يمثل المجين الكلي لبكتيريا H.Pylori .

وتم كذلك تصميم نكليوتيدات قليلة تخليقية تكون تكميلية للتسلسلات عند نهاية كل مماس . ويمكن تهجين هذه النكليوتيدات القليلة إلى سلاسل من DNA مجيني

لبكتيريا H.Pylori ، في نواقل ملتهمة لامدا أو في نواقل بلازميد لتحديد نسائل تحتوي على تسلسلات تتطابق مع مناطق وصل بين مماسات فردية . ومثل هذه النسائل تستخدم عندئذ لعزل DNA النموذج - وتستخدم نفس النكليوتيدات القليلة كممهدات في تفاعل سلسلي بوليمير بزي (PCR) لتضخيم اجزاء الوصل ، التي يتم عندها تحديد تسلسل النكليوتيد .

كما تم تحليل تسلسلات بكتيريا H.Pylori ، لمعرفة وجود (ORFs) المستوية على ١٨٠ نكليوتيد على الأقل . وكنتيجة للتحلي الخاص بـ (ORFs) استناداً إلى مطالعات

راموز نقطة لنقطة ، يجب فهم أن مثل هذه ألك (ORFs) قد لا تتطابق مع ألك ORF . لبولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، التي تحدث بشكل طبيعي . ويمكن لهذه ألك ORFs أن تتضمن راموزات بدء تبين بدء تخليق بروتين بولي بيبتيدي حادث بشكل طبيعي من بكتيريا H.Pylori ، ومثل هذه الراموزات البدئية ضمن ألك ORFs ألفة هنا

يمكن تعريفها بواسطة أصحاب المهارة العادية في المجال المعني ، علماً بأن ألك ORF الناتجة وبولي بيبتيدي H.Pylori ، مشفرة تندرة ضمن نطاق هذا الاختراع .

فمثلاً ، وفي ألك ORFs يمكن تعريف راموز مثل AUG أو مثل GUG (يشفر ميثيونين أو فالين) وهو جزء من اشارة بدء تخليق بروتين ، ويمكن تعديل ألك ORF

لتتطابق مع بولي بيبتيد حادث بشكل طبيعي من بكتيريا H.Pylori ، كما تتحدد مناطق التشفير المتوقعة بواسطة تقييم جهد التشفير لمثل هذه التسلسلات مع برنامج :

(Borodovsky and McI nineh 1993, Com. Chem. 17: 123) GENEMARKTM

« أحماض نووية أخرى لبكتيريا H.Pylori »

٥

يمكن الحصول على أحماض نووية من هذا الاختراع مباشرة من DNA سلالة بكتيريا

H.Pylori ، السابقة المرجعية باستخدام تفاعل سلسلة بوليميريز (PCR) ، انظر :

"PCR, A Practical APProach" (McPherson, Quirke and Taylor, eds. IRL press, Oxford, UK, 1991)

١٠. للمزيد من التفاصيل حول أPCR ويمكن استخدام مصداقية PCR العالية لضمان

نسخة موثوقة من DNA قبل التجسيد . علاوة على ذلك يمكن فحص موثوقية

منتجات مضخمة بواسطة طرق سلسلة تقليدية . كما يمكن الحصول على نسايل تحمل

التسلسلات المرغوة في هذا الاختراع واسطة فحص السلاسل ومضياً واسطة وسيلة

PCR أو بواسطة تهجين مجسات تكليديثدات قليلة تخليقية بمراجع ترشيح —ن

١٥ نسايل السلسلة أو بلويحات كما هو معروف في المجال ، لـ انظر مثلاً :

(Sambrook et al., Molecular Cloning, ALaboratory Manual 2nd edition, 1989, Cold Spring Harbor Press Ny).

ومن الممكن كذلك الحصول على أحماض نووية تشفر بولي بيبيتدات بكتيريا

H.Pylori ، من سلسلة cDNA وفقاً للمحاضر الموصوفة هنا . ويمكن الحصول على

٢٠ cDNA يشفر بولي بيبتيد بكتيريا H.Pylori ، بواسطة عزل كلي لـ mRNA عن سلالة

مناسبة وعندئذ يمكن تحضير فتائل مزدوجة من cDNA_s من mRNA الكلي. وبعد

ذلك يمكن إدخال cDNA_s في بلازميد مناسب أو في ناقل فيروسي مثل (ملتهم جراثيم) باستخدام أي من الأساليب الفنية المعروفة المتعددة . كما يمكن استئصال الجينات التي تشفر بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ، باستخدام أساليب فنية لتفاعل سلسلة بوليميريز وفقاً لمعلومات تسلسل النكليوتيد التي يوفرها الاختراع .

٥ يمكن للأحماض النووية وفقاً للاختراع أن تكون DNA أو RNA . علماً بأن أحماض الاختراع النووية المفضلة مدرجة في قائمة التسلسلات .

كما يمكن تخليق أحماض الاختراع النووية أيضاً كيميائياً ، باستخدام أساليب فنية قياسية . وطرق مختلفة لتخليق بولي ريوكسي نكليديديات كيميائياً معروفة تماماً ومن ضمنها تخليق طور - صلب ، والذي ، مثله مثل تخليق البيبتيدي ، تمت أتمتته

١٠ (جعله اوتوماتيكياً) في مخلفات DNA المتوفرة تجارياً (انظر مثلاً إيتاكورا وآخرين في براءة الاختراع الأمريكية رقم ٤٩٠٥٩٨ر.٤٩ وكاروثرز وآخرين في براءة الاختراع الأمريكية رقم ٤٨٥٠٦٦ر.٤٨٥ ، وإيتاكورا في براءة الاختراع الأمريكية رقم ٤٠١٧٩٦ر.٤٠١ ورقم ٤٣٧٣٠٧١ر.٤٣٧٣ ، المدمجة هنا على سبيل الذكر والمرجعية) .

١٥ إن الأحماض النووية المعزولة أو التي تم تخليقها وفقاً لمزايا الاختراع الحالي نافعة ومفيدة ، كمجسات ، كممهدات ، كروابط احتجاز كجينات مضادة لحس ولتطوير أنظمة تجسيد لتخليق بروتينات وبيبتيدات متطابقة مع مثل تلك التسلسلات ، وهذه الفوائد على سبيل المثال لا الحصر . وكمجسات ، أو كممهدات أو كروابط احتجازية أو كعوامل مضادة للحس ، يتكون الحامض النووي عادة من كل أو من من جزء (تقريباً ٢٠ أو أكثر من نكليديديات لمواصفة ولقدرة تشكيل تهجين ثابتة) من

٢٠ الاحماض النووية للاختراع المدرجة في قائمة التسلسلات وهذه الاستخدامات موصوفة بتفاصيل أكثر لاحقاً .

مجسات :

- يمكن استخدام حامض نووي معزول أو مخلّق وفقاً لتسلسل الاختراع المدرج في قائمة التسلسل كمجس لاكتشاف بكتيريا H.Pylori، ومع معلومات التسلسل المبينة بعاليه في الاستخدام الحالي ، يتم التعريف بتسلسلات عشرين نكليوتيد أو أكثر مما يوفر الشمولية المرغوبة والاقتصارية فيما يتعلق ببكتيريا H.Pylori ،
- ٥ ومع كون أحماض نووية عرضية من المحتمل مواجهتها أثناء ظروف التهجين .
- يفضل أكثر أن يحتوي التسلسل على ٣٠ - ٤٠ نكليوتيد على الأقل لنقل الثباتية لمنتج التهجين المشكل بين المجس والجزئيات الهدفية المعنية .
- من الصعب تخليق تسلسلات تزيد عن ١٠٠٠ نكليوتيد ، لكن يمكن توليدها بأساليب
- ١٠ فنية لـ DNA معيد اتحاد . وسوف يدرك الافراد من أصحاب المهارة في هذا المجال بسهولة بأنه من الممكن تزويد الأحماض النووية لاستخدامها كمجسات بعلامة مميزة لتسهيل اكتشاف منتج تهجين .
- كما يمكن أن يكون حامض نووي معزول أو متخلّق وفقاً لتسلسل الاختراع مدرج ما في قائمة التسلسل مفيداً كمجسات لاكتشاف مناطق مماثلة تركيباً (خاصة جينات
- ١٥ مماثلة) من سلالات أخرى من Helicobacter باستخدام شروط تهجين صارمة مناسبة وفقاً لما هو موصوف هنا .
- روابط احتجازية :
- للاستخدام كربيطه احتجاز ، يمكن ربط الحامض النووي المنتقى بالاسلوب الموصوف بعاليه بالنسبة للمجسات ، مع اسناد وبسهولة علما بان الاسلوب الذي يتم به ربط
- ٢٠ الحامض النووي باسناد معروف على نحو جيد .
- إذا ان الحامض النووي المحتوي على عشرين نكليوتيد أو اكثر في تسلسل للاختراع

مدرج في قائمة التسلسل له فائدة في فصل حامض نووي بكتيريا H.Pylori ، عن حامض نووي كل منهما وعن حامض نووي عضويات أخرى . كما يمكن أن يتضمن حامض نووي محتوي على عشرين ببتييد أو أكثر في تسلسل الاختراع المدرجة في قائمة التسلسلات فائدة في فصل أجناس Helicobacter اخرى عن بعضها البعض وعن عضويات أخرى . لكنه يفضل ، ان يتضمن التسلسل عشرين ببتييداً على الأقل لكي ينقل الثباتية لمنتج التهجين المتشكل بين المجس والجزئيات الهدفية المقصورة . ومن الصعب تخليق تسلسلات تزيد عن ١٠٠٠ نكليوتيد في الطول ، لكن توليدها ممكن بواسطة تقنيات DNA معيد الاتحاد .

ممهّدات :

١٠. يحتوي حامض نووي معزول او مخلّق وفقاً للتسلسلات الموصوفة هنا على فائدة كممهد لتكبير حامض نووي بكتيريا H.Pylori ، كما يمكن لمثل هذه الاحماض النووية أن تحتوي على منفعة كممهّدات لتكبير أحماض نووية في سلالات أخرى من ألب Helicobacter .

وبالنسبة لتفاعل سلسلة بوليميريز (PCR) وأساليبه الفنية ، تتضمن تسلسلات أحماض نووية ذات ١٠ - ١٥ نكليوتيد من تسلسلات الاختراع المدرجة في قائمة التسلسلات منفعة في الوصل مع انزيمات مناسبة ومع كواشف غرض خلق نسخ من حامض نووي بكتيريا H.Pylori ، لكنه يفضل أكثر ، أن يتضمن التسلسل عشرين نكليوتيد أو أكثر لنقل الثباتية لمنتج التهجين المتشكل بين الممهد والجزئيات الهدفية المقصورة . علماً أن ظروف ربط ممهّدات تزيد عن ١٠٠ نكليوتيد أكثر صعوبة في التحكم بها للحصول على مواصفات . ويمكن استخدام PCR عالي الموثوقية لضمان

نسخة DNA موثوقة قبل التجسيد . بالإضافة لذلك ، يمكن فحص المنتجات المضخمة بواسطة طرق سلسلة تقليدية .

ويمكن استخدام النسخ في اختبارات تشخيصية لاكتشاف تسلسلات نوعية بما في ذلك جينات من سلالات أخرى من بكتيريا H.Pylori ، و/أو من سلالات أخرى من Helicobacter ويمكن دمج النسخ كذلك في نواقل استنسال وتجسيد لتوليد بولي بيبتيديات متطابقة مع الحامض النووي الذي تم تخليقه بواسطة PCR ، كما هو موصوف بتفصيل أكثر هنا .

مضاد حس :

يحتوي حامض نووي او مشتقات حامض نووي تهجينية معزولة او تم تخليقها وفقاً للتسلسلات الموصوفة هنا على فائدة كعوامل مضادة للحس لمنع تجسيد جينات بكتيريا H.Pylori ، كما تتضمن هذه التسلسلات فوائد كعوامل مضادة للحس تمنع تجسد جينات أجناس أخرى من Helicobacter .

بتجسيد واحد ، يتم تحميل حامض نووي او مشتقاته المطابقة مع الاحماض النووية لبكتيريا H.Pylori ، في ناقل مناسب مثل جسم شحمي او ملتهم بكتيريا لتقديمه

في خلايا بكتيرية . فمثلاً اي حامض نووي يحتوي على عشرين نكليوتيد أو أكثر يكون قادراً على الارتباط بحامض نووي بكتيريا RNA . ويفضل ان يتكون الحامض النووي المضاد للحس من ٢٠ نكليوتيد او من اكثر لتوفير الثبات اللازم لمنتج التهجين من حامض نووي غير حادث بشكل طبيعي ومن حامض نووي بكتيري و/أو من ساعي بكتيري RNA .

ومن الصعب تخليق حامض نووي محتوي على تسلسل يزيد عن ١٠٠٠ نكليوتيد في

الطول لكن من الممكن توليده بواسطة تقنيات DNA المعيد الاتحاد .

علماً بأن طرق تحميل حامض نووي مضاد للحس في جسيمات شحمية معروفة في المجال كما هي موضحة بواسطة براءة الاختراع الامريكية رقم ٤٦٠٤١٠٢٤١ ر٤ الصادرة في ٢٣ ديسمبر ١٩٨٠م للمخترع باباجوبولس وآخرين .

٥ II . تجسيد أحماض ندوية من H.Pylori

يحتوي حامض نووي معزول او مخلق وفقاً للتسلسلات الموصوفة في هذا البحث على فائدة توليد بولي بيبتيديات . كما يمكن استئصال الحامض النووي من الاختراع الموارد في قائمة التسلسلات أو أجزاء من الحامض النووي المذكور التي تشفر بروتينات فعالة من بولي بيبتيديات H.Pylori ، في نواقل مناسبة او في نواقل

١٠ مُستخدمة لعزل حامض نووي . حيث يتحد الحامض النووي المعزول مع روابط DNA مناسبة ومستنسله في ناقل مناسب .

كما أن مهمة جين نوعي أو مهمة مشغل وراثي يمكن التحقق منها بواسطة التجسيد في سلالة بكتيرية تحت ظروف يمكن فيها قياس فعالية منتج أو (منتجات) الجين المميزة بواسطة الجين أو بواسطة المشغل الوراثي الذي نكون بصده، وعلى نحو نوعي.

١٥ كبديل ، يمكن انتاج منتج جيني بكميات ضخمة في سلالة تجسدية للاستخدام كمولد مضاد ، ككاشف صناعي ، لدراسات تركيبية ، الخ . ويمكن انجاز هذا التجسيد في سلالة متغيرة تنقصها فعالية الجين المطلوب فحصه ، أو في سلالة لا تنتج نفس المنتج او المنتجات الجينية . وهذا ينطبق على سلالات أخرى من Helicobacter ، وعلى

سلالات بكتيرية أخرى - مثل E.Coli ، Norcardia ، Corynebacterium ، Campy

٢٠ labacter ، وأجناس Streptomyces . وفي بعض الاحوال ، سوف يستخدم حاضن

التجسيد المرض الطبيعي لـ Helicobacter بينما في الاحوال الأخرى سوف يكون من

الضروري قيادة الجين بتسلسل محرض من عضوية تجسدية (مثل محرض

E. Coli beta-galactosidase للتعبير او للتجسيد في E.Coli).

ولتجسيد منتج جين يستخدم المحرض الطبيعي لـ H.Pylori ، وعندئذ يمكن استخدام

طريقة كالتالية : يتم استنسال جزء تقييد محتوي على الجين موضوع الاهتمام ، جنباً

إلى جنب مع محرضه الطبيعي المرتبط به ومع تسلسلات التنظيم (محددة باستخدام

بيانات تسلسل DNA) في بلازميد معيد اتحاد ومناسب محتوي عى أصل تكرار

يعمل في العضوية الحضانة ومؤشر مناسب قابل للانتقاء . ويمكن انجاز ذلك بعدد من

الاجراءات المعروفة لاصحاب المهارة في المجال .

ومن المفضل على الاطلاق انجاز ذلك بواسطة قص البلازميد والجزء المطلوب استنساله

بنفس الانزيم التقييدي لانتاج اطراف متوافقة يمكن ربطها لكي تجمع القطعتين معاً .

ويجري تقديم أو إدخال البلازميد المعيد الاتحاد إلى العضوية الحاضنة بواسطة مثلاً ،

الحث الكهربائي "electroporation" ويتم تعريف الخلايا المحتوية على بلازميد معيد

اتحاد بواسطة انتقاء الوسم على البلازميد . كما يتم اكتشاف تجسيد نتاج جين

مرغوب فيه باستخدام اختبار خاص لانتاج ذلك الجين .

وفي الحالة التي يتطلب فيها الجين محرض مختلف ، يتم خفر جسم الجين (التسلسل

التشفيري) علي نحو خاص واستنساله إلى بلازميد تجسيد مناسب . ويمكن انجاز هذا

الاستنسال الفرعي بطرق متعددة ، لكنه ينجز بسهولة كبيرة بواسطة تكبير PCR

جزء معين وربطه في بلازميد تجسيد بعد معالجة نتاج PCR بانزيم تقييدي او

باكسونكليسي لخلق أطراف مناسبة للاستنسال .

يمكن لخلية حاضنة مناسبة لتجسيد جين أن تكون أية خلية سوية النداء أو بدائية

النواة . فمثلاً يمكن تجسيد بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، في خلايا بكتيرية مثل

E.Coli خلايا حشرات ، (baculovirus) ، خميرة - أو خلايا ثديية مثل خلايا مبيض الهامستر (جرذ أرنبى) الصينى (CHO) . علما بان خلايا حاضنته مناسبة أخرى معروفة لاصحاب المهارة في المجال .

ويمكن أن يؤدي تجسيد في خلايا سوية النواة مثل خلايا ثديية ، خمائر ، او خلايا حشرات إلى غليكو سيلية جزئية او كاملة و/أو إلى تشكيل روابط ثنائية الكبريتيد لسلسلة داخلية من نتج بيبتيدي معيداتحاد . ومن الامثلة على نواقل التجسيد في الخمائر : S.cervisiae ، تتضمن PYepsec1 كما ورد في (Baldari . et al., (1987) Embo J. 6 : 229 - 234 و pJRY88 كما ورد في :

(Schultz et al., (1987) Gene 54 : 113 - 123) .

و p XES2 (Invitrogen Corporation, san Diego, CA)

كما تتضمن نواقل Baculovirus متوفرة لتجسيد بروتينات في خلايا حشرات مزروعة (SFq cells) سلسلة الـ pAC كما وردني :

(Smith et al., (1983) Mol. Cell Biol. 3 : 2156 - 2165)

وسلسلة pVL كما ورد في :

(LUCKOW, V.A., and Summers, M.D., (1989) Virology 170: 31-39)

وعلى العموم تستخدم خلايا COS كما ورد في :

Gluzmam, Y., (1981) Cell 23 : 175 - 182)

بالاقتران مع مثل هذه النواقل مثل pCDM8 كما ورد في :

(Araffo, A. and Seed, B., (1987) proc. Natl Acad. Sci. USA 84 : 8573 - 8577)

لتكبير/ تجسيد عابر في خلايا ثديية ، بينما تستخدم خلايا (dhfr - chinese Hamster

cHO (OV ary) مع نواقل مثل pMT2PC كما ورد في :

(Kaufman et al. (1987), EMBo J. 6: 187 - 195)

لتكبير / تجسيد ثابت في الخلايا الثديية . ويمكن تقديم ناقل DNA إلى خلايا ثديية بواسطة أساليب فنية تقليدية مثل فوسفات كالسيوم أو مثل ترسيب مشترك من كلوريد كالسيوم ، الإصابة بعدوى وكسنزان - DEAE ، أو مثل "electroporation" .

ويمكن وجود طرق مناسبة لتحويل خلايا حاضنة في المرجع :

(Sambrook et al. (molecular cloning : A Laboratory Manual, 2nd Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989),).

وفي مراجع أخرى مثل كتب المختبرات :

١٠. ينفذ التجسيد في الخلايا البدائية النواة في E. Coli بواسطة نواقل تجسيد قابلة للتحلل مصهورة أو غير مصهورة . وعادة ما تضيف نواقل صهر عدد من أحماض أمينية طرفية ذات NH_2 للجين الهدف المجسد . وغالباً ما يشار لهذه الأحماض

الأمينية الطرفية ذات NH_2 على أنها مجموعة مراسلة . ومثل هذه المجموعة المراسلة أو الإخبارية تخدم غرضين : (١) تزيد من القابلية الذوبانية للبروتين الهدف معيد الاتحاد ، و (٢) تساعد في تنقية البروتين المعيد الاتحاد ، الهدف ، بواسطة قيامها بمهمة ربيطة في تنقية ألفة . وغالباً ما يحدث ، في نواقل تجسيد الصهر ، موقع

١٥. انقسام حال أو مذيبي للبروتين عند اتصال المجموعة الاخبارية والبروتين المعيد الاتحاد المستهدف لفتح المجال امام انفصال البروتين المعيد الاتحاد الهدف عن المجموعة الاخبارية بعد تنقية بروتين الصهر . ومثل هذه الانزيمات وتسلسلاتها التمييزية المعرفية تتضمن عامل Xa ثرومبين وانثروكينيس ، وكما تتضمن نواقل تجسيد

الصهر النموذجية pGEX (Amrad Corp. Melbourne Australia) ، وتتضمن pMAL

٢٠. من (New England Biolabs, Beverly, MA) وتتضمن pRITS مــــ

(Pharmacia, Piscataway, N J) ، التي تصهر (glutathione S-transferase) ، أو تصهر :

(maltose E binding protein) ، أو تصهر بروتين p ، على التوالي ، للبروتين معيد الاتحاد المستهدف . ومن المجموعات الاخبارية المفضلة مجموعة poly (His) ، التي يمكن صهرها في اطراف أمينواو في اطراف كربوكس من البروتين ، والتي تجعل بروتين الصهر المعيد الاتحاد قابل للتنقية بسهولة بواسطة كرومو توغرافية كلاب معدني .

٥ تتضمن نواقل تجسيد قابلة للحث غير انصهارية pTrc كما ورد في:

(Amann et al., (1988) Gene 69:301 - 315) ، وتتضمن pETIld كما ورد في :

(Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, san Diego, California (1990) 60 - 89).

بينما يعتمد تجسيد جيني هدفي على نسخ بوليميريز RNA حان من محرض هجين

١٠ صهر trp-lac في pTrc ، ويعتمد تجسيد جينات هدفية داخلية في pETIld على النسخ من محرض صهر T7gnlo - lac O متوسط بواسطة بوليميريز RNA قُبروسي مجسد مشارك (T7gnl) .

ويتم المدد بهذا البوليميريز الفيروسي بواسطة سلالات حاضنة BL21(DE3) ، أو

HMS174 (DE3) من طليعة العاثية لاميدا λ الكامن يؤدي T7gn1 تحت التحكم

١٥ النسخي لمحرض Lac UV₅ .

فمثلاً ، يمكن زرع خلية حاضنة مصابة بناقل حامض نووي يوجه تجسيد تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، تحت ظروف مناسبة تسمح بحدوث تجسيد البولي بيبتيدي . ويمكن أن يكون البولي بيبتيدي مفرزاً ومعزولاً عن مخلوط الخلايا وعن واسطة محتوية على البيبتيدي . على نحو بديل ، يمكن أن يكون البولي

٢٠ بيبتيدي محتجزاً بلازمياً خلوياً والخلايا تم جنيها ، وتحليلها ، والبروتين معزول .

تحتوي زريعة خلايا على خلايا حاضنة ، وعلى بيئات الزرع وعلى منتجات جانبية أخرى علماً بأن أوساط الزرع المناسبة لزرع الخلايا معروفة جيداً في المجال . ويمكن عزل بولي بيبتيديات الاختراع عن واسطة زراعة الخلية ، وعن الخلايا الحاضنة ، او عن كليهما باستخدام أساليب فنية معروفة في المجال لتنقية بروتينات محتوية على

٥ كروموتوغرافية تبادلية الايون ، كروموتوغرافية ترشيح جل ، ترشيح مستدق ، استشراد (هجرة جزئيات معلقة في مجال كهربائي) ، تنقية ألفة مناعية بأجسام مضادة نوعية لمثل هذه البولي بيبتيديات ، بالاضافة لذلك ، وفي كثير من المواقف ، يمكن انتاج بولي بيبتيديات بواسطة انشطار كيماوي لبروتين ذاتي (مثل هضم تربسيني) وعندئذ يمكن تنقية منتجات الانشطار بواسطة اساليب فنية قياسية .

١٠ وفي حالة بروتينات مقيدة الغشاء ، يمكن عزلها عن خلية حاضنة بواسطة ملامسة جزء بروتين مرتبط الغشاء مع منظف يشكل مركب ذائب ، حيث لا يعود البروتين المرتبط الغشاء مغمور في جزء الغشاء ويصبح قابل للذوبان لحد يسمح بعزله كروموتوغرافياً عن جزء الغشاء . كما تستخدم معايير مختلفة متعددة لاختيار منظف مناسب لجعل هذه المركبات قابلة للذوبان ، فمثلاً ، هناك ميزة لها اهميتها وهي مقدرة المنظف على

١٥ تذويب بروتين بكتيريا H.Pylori ، ضمن جزء الغشاء على مسخ في حدود دنيا للبروتين المرتبط الغشاء لاعادته عند اعادة تكوين البروتين . وهناك خاصيته أخرى مهمة عند اختيار المنظف وهي تركيز المذيلة (جسم مكهرب في مادة شبه غروية) الحرج (CMC) للمنظف في كون المنظف المنتقى من المفضل له أن يتضمن قيمة

٢٠ CMC عالية تسمح بسهولة الازالة بعد اعادة التكوين ، وهناك خاصية ثالثة يجب وضعها بعين الاعتبار عند انتقاء المنظف وهي رهابيته (اي عدم ألفته للسوائل) . ومن الناحية النموذجية ، فان البروتينات المرفقة الغشاء رهابية جداً ولذلك ما تكون المنظفات الرهابية كذلك مثل سلسلة تريتون ، مفيدة لتذويب البروتينات الصادة او

الرهابية للماء . وكذلك هناك خاصية أخرى هامة لمنظف وهي مقدرة المنظف على إزالة بروتين بكتيريا H.Pylori ، ضمن تفاعل بروتين - بروتين أدنى مما يسهل تنقية اضافية .

أما الخاصية الخامسة لمنظف والتي يجب وضعها بعين الاعتبار فهي شحنة المنظف . فمثلاً ان كان هناك رغبة لاستخدام راتنجات تبادلية الأيون في عملية التنقية فعندئذ يفضل ان يكون المنظف غير مشحون . علماً بأن الاساليب الفنية الكروموتوغرافية التي يمكن استخدامها في خطوة التنقية النهائية معروفة في المجال وتتضمن تفاعلات صادة للماء ألفة ليكتين ، تبادل ايون ، ألفة صباغ ، وألفة مناعية .

ومن إحدى استراتيجيات تكبير تجسيد بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، معيد اتحاد في E.Coli هي تجسيد البروتين في بكتيريا حاضنة بمقدرة استيعابية فاسدة لشق بروتين معيد اتحاد بطريقة حالة للبروتين وفقاً لما ورد في :

(Gottesman, S., Gene Expression Technology - methods in Enzymology 185, Academic Press, san Digo, California (1990) 119 - 128)

وهناك استراتيجية أخرى وهي تغيير الحامض النووي الذي يشفر بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، لادخاله في ناقل تجسيد بحيث تكون الراموزات الفردية لكل حامض أميني هي تلك المستخدمة تفضيلاً في بروتينات مجسدة على نحو رفيع المستوى لـ E.Coli وفقاً لما ورد في :

(Wada et al., (1992) NUC. ACids Res. 20 : 2111 - 2118)

ويمكن تنفيذ مثل هذا التغيير لاحماض نووية للاختراع بواسطة الأساليب الفنية القياسية لتخليق DNA .

ويمكن تخليق الاحماض متنوعة لتخليق بولي ديوكسي نكليوتيدات كيماوياً معروفة تماماً ومن ضمنها تخليق طور صلب ، مثله مثل تخليق بيبتيديد ، تمت أتمتته بالكامل في مخلفات DNA متوفرة تجارياً (انظر مثلاً : ايتاكورا وآخرين في براءة الاختراع الامريكية رقم ٤٩٠٨٩٨٠٤٩ وكابوترز وآخرين في براءة الاختراع الامريكية رقم ٦٦٠٨٤٥٨٠٤٩ وبراءتي إيتاكورا الامريكيتين رقمي ٦٩٦٠١٤٠٤٩ ورقم ٧١٠٧٣٧٣٤٩ المدمجة هنا على سبيل الذكر والمرجعية) .

III . بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori :

يشمل هذا الاختراع بولي بيبتيديات معزولة لبكتيريا H.Pylori ، مشفرة بواسطة التسلسلات الجينية لبكتيريا H.Pylori ، المكشوف عنها بما في ذلك بولي بيبتيديات الاختراع المدرجة في قائمة التسلسلات ويفضل أن تكون بولي بيبتيديات الاختراع على الاقل ٥ أجزاء متبقية من حامض اميني في الطول . وباستخدام معلومات تسلسل DNA الموفرة في هذا البحث ، يمكن الاستدلال على تسلسلات الحامض الأميني للبولي بيبتيديات التي يشملها الاختراع باستخدام طرق معروفة تماماً في هذا المجال . وسوف يُفهم بأنه من الممكن عزل حامض نووي كلي مشفر بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori ، وتعريفه استناداً على ORF أو أجزاء منه مثلاً بفرض شحن تفاعل سلسلي للبولىميريز ب DNA مجيني لبكتيريا H.Pylori ، كمعير ، يتبعه سلسلة النتاج المضخم أو المكبر .

ويمكن لبولي بيبتيديات الاختراع أن تكون معزولة عن خلايا بكتيريا H.Pylori ، ذات النوع العنيف أو الوحشي أو المتغير أو عزلها عن عضويات مختلفة التكوين او عن خلايا (بما في ذلك على سبيل المثال لا الحصر : خلايا بكتيريا ، خلايا ضمائر ، خلايا

حشرات ، خلايا نبات وخلايا ثديية) تم فيها تقديم حامض نووي بكتيريا H.Pylori ، وتم تجسيده علاوة على ذلك يمكن أن تكون البولي بيبتيديات جزء من بروتينات صهر معيدة الاتحاد .

وبالامكان كذلك تخليق بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ، وفقاً للاختراع بطريقة كيميائية باستخدام اجراءات مؤتمنة تجارياً مثل تلك الاجراءات المشار إليها هنا .

IV- تطابق أحماض نووية تشفر مكونات لقاح واهداف لعوامل فعالة ضد بكتيريا H.Pylori :

يتضمن التسلسل الجيني المكشوف عنه من بكتيريا H.Pylori ، على أجزاء توجه تخليق أحماض نووية ريبية وبولي بيبتيديات ، بالإضافة إلى تخليق أصول تكرارية محرضات وانواع اخرى من تسلسلات انتظامية ، ومن أحماض منشئة داخلية . كما يشمل الاختراع احماض نووية تشفر مكونات مولدات مناعة من لقاحات ومن أهداف لعوامل فعالة ضد بكتيريا H.Pylori ، ويمكن تحقيق تطابق مكونات مولدات المناعة المذكورة المدرجة في تحديد وظائف التسلسلات المكشوف عنها باستخدام طرق متنوعة . وهناك امثلة غير تقييدية على مثل هذه الطرق موصوفة باختصار لاحقاً .

١٥ التشابه مع تسلسلات معروفة :

إن المقارنة التي يساندها الكومبيوتر لتسلسلات بكتيريا H.Pylori ، المكشوف عنها مع التسلسلات المذكورة سابقاً والموجودة في قاعدة بيانات متوفرة على نحو شائع مفيدة في تعريف حامض أميني وظيفي لبكتيريا H.Pylori ، ولتسلسلات بولي بيبتيدي . كما سوف يكون مفهوماً أن التسلسلات التي تشفر بروتين ، كمثال مثلاً

٢٠. مقارنتها ككل ، وأن درجة عالية من تشابه تسلسل بين بروتينين (مثل أكثر من ٨٠ - ٩٠٪) عند مستوى الحامض الاميني تدل على أن البروتينين يتضمنان أيضاً درجة ما

- من تشابه وظيفي ، مثل مثلاً بين انزيمات موجودة في الأيض ، تخليق DNA ، أو تخليق جدار خلية . ومثل بروتينات موجودة في نقل ، أوفي تقسيم الخلايا ، الخ . بالإضافة لذلك ، تم تعريف مزايا تركيبية عديدة من فئات بروتين خاصة وترتبط مع تسلسلات اجماعته خاصة مثل مثلاً ، مجالات ربط لنكليوتيدات ، و DNA ، ولأيونات فلزية ، وجزئيات أخرى صغيرة ، ومواقع لتعديلات تساهمية مثل الفسفرة ، والأسيلة وما شابه ذلك ، ومواقع لتفاعلات بروتين ، بروتين ، الخ .
- ويمكن لهذه التسلسلات المجمع عليها أن تكون قصيرة تماماً وبذلك يمكن أن تمثل جزء فقط من تسلسل يشفر بروتين كلي . ومطابقة مثل هذه الميزة في تسلسل بكتيريا H.Pylori ، مفيدة في تحديد وظيفة البروتين المشفر ومفيدة في تحديد أهداف نافعة لعقاقير مضادة للبكتيريا .
- ومما هو ذي صلة وثيقة خاصة بالاختراع الحالي الخواص التركيبية الشائعة بالنسبة للافراز ، ولعبر الغشاء ، ولبروتينات سطحية ، بما في ذلك بيبتيديات اشارة افراز ، مجالات عبر أغشية صادة .
- وعلماً بأن بروتينات بكتيريا H.Pylori ، المعرفة على أنها تحتوي على تسلسلات اشارة مفترضة و/أو مجالات عبر غشائية ، مفيدة كمكونات مولدة للمناعة من لقاحات .
- «تعريف جينات أساسية» إن الأحماض النووية التي تشفر بروتينات أساسية للنمو او للحيوية لبكتيريا H.Pylori ، لهي اهداف عقاقيرية مفضلة . ويمكن اختبار جينات H.Pylori ، لمعرفة مدى ارتباطها البيولوجي بالعضوية بواسطة اختبار تأثير حذف و/أو تمزيق الجينات ، اي بما يسمى «بتعطيل» الجينات ، باستخدام تقنيات معروفة لاصحاب المهارة في المجال المعني . وهذا الاسلوب ، يمكن تعريف الجينات الاساسية .

تسلسلات سلالة نوعية :

وبسبب العلاقة التطورية بين السلالات المختلفة لبكتيريا H.Pylori ، يعتقد بان تسلسلات بكتيريا H.Pylori ، المكشوف عنها في الوقت الحاضر مفيدة في تعريف ،

وفي /أو في التمييز بين ، السلالات المعروفة سابقاً والسلالات الحديثة لبكتيريا

٥ H.Pylori ، كما يعتقد بأن السلالات الاخرى لبكتيريا H.Pylori ، تبدي على الاقل تشابه تسلسل نسبته ٧٠٪ على الاقل مع التسلسل المكشوف عنه حديثاً . وتسمح

التحليلات الجهازية والروتينية لتسلسلات DNA مشتقة من عينات تحتوي على

سلالات من بكتيريا H.Pylori ، ومقارنتها بالتسلسل الحالي الحديث ، بتعريف

التسلسلات التي يمكن استخدامها للتمييز بين السلالات بالاضافة لتلك المشتركة مع

١٠ سلالات بكتيريا H.Pylori ، كلها .

بتجسيد واحد ، يوفر الاختراع أحماض نووي تتضمن مجسات ، وتسلسلات بيبتيدي

وبولي بيتيد تميزي بين السلالات المختلفة لبكتيريا H.Pylori ، كما يمكن تعريف

مكونات نوعية للسلالات وظيفياً بواسطة قدراتها على استنباط او التفاعل مع

اجسام مضادة تميز انتقائياً سلالة أو أكثر من سلالات بكتيريا H.Pylori .

١٥ بتجسيد آخر ، يوفر الاختراع احماض نووية بما فيها مجسات ، وتسلسلات بيبتيدي

وبولي بيبتيدي شائعة او مشتركة لكافة سلالات بكتيريا H.Pylori ، لكنها ليست

موجودة في أجناس بكتيرية أخرى .

« مثال نوعي : تحديد مولدات مضادات بروتين مرشح لتطوير جسم مضاد ولقاح » :

ويمكن اشتقاق انتقاء مولدات المضاد البروتينية المرشحة لتطوير لقاح من الأحماض

٢٠ النووية التي تشفر بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ، فأولاً يمكن تحليل الـ ORF'S

لمعروفة تشابهها مع بروتينات غشائية أو مع بروتينات أخرى مصدرة وتحليلها باستخدام التحليل التمييزي الموصوف بواسطة كلين وآخرين :
(Klein, P., Kanehsia M., and DeLisi, C. 1985 Bioch mica et Biophysica Acta 815, 468 - 476) .

٥ للتنبؤ ببروتينات غشائية أو ببروتينات مصدرة (خارجية) .

ويمكن تأدية ابحاث التشابه باستخدام خوارزمية (حبة) BLAST الموجودة في :
Wisconsin sequence Analysis Package (Genetic Computer Group, University Research park, 575 Science Drive, Madison, WI 53711)

لمقارنة كل تسلسل حامض أميني لـ ORF وتسلسلات بنك البيانات أظهرت علامة
١٠ احتمالية تدل على احتمال ايجاد هذا التسلسل بالصدفة في قاعدة البيانات وتمثل
ORF'S بتشابهية هامة (مثل احتمالات أقل عن 10^{-6} أن التشابه ناتج فقط عن
صدفة عشوائية) مع بروتينات غشائية أو مع بروتينات مصدرة مولدات مضادة
بروتين لتطوير لقاح .

ويمكن توفير فعاليات ممكنة لجينات بكتيريا H.Pylori ، مبنية على أساس تشابه

١٥ تسلسل لجينات مستنسخة أو مستنسله بعضويات أخرى .

ويمكن استخدام التحليل التمييزي (Klein, et al, supra) لاختبار تسلسلات حامض
أميني أـ ORF . وهذه النسبة تستخدم المعلومات الجوهرية المحتواة في تسلسل
حامض أمين أـ ORF ومقارنته بالمعلومات المشتقة من خصائص بروتين غشائي
معروف وبروتين مصدر . وهذه المقارنة تتنبأ بأي بروتين سوف يتم تصديره ، واي

٢٠ غشاء مرتبط أو بلازمي خلوي . وبذلك تكون تسلسلات حامض أمين أـ ORF المعرفة
كبروتينات مصدرة أو غشائية مرتبطة بواسطة هذه الحسبة ، مولدات مضادات

بروتين لتطوير لقاح .

وتمثل بروتينات غشائية خارجية مكشوفة الأسطح أفضل مولدات مضادات لتوفير

استجابة وقائية مناعية ضد بكتيريا H.Pylori ، ومن بين طرق الحسبة التي يمكن

استخدامها للمساعدة في التنبؤ بوجود مثل هذه البروتينات الغشائية الخارجية ،

تشمل وجود منطقة صفحية من بيتاً مستسلمة الجانبين عند أطرافها الكائنة على

شكل C . وهذه المنطقة التي تم اكتشافها في عدد كبير من بروتينات غشائية خارجية

في بكتيريا سالبة الغرام غالباً ما تتميز بأجزاء متبقية صادة رهابية (Pheor Tyr)

متكومة عند مواقع متعاقبة من الاطراف C (مثل : انظر شكل ٥ ، بلوك F ، شكل ٧

بلوك E) . وعلى نحو هام ، لم يتم اكتشاف هذه التسلسلات عند الطرف C - من

بروتينات بلازمية محيطة سامحاً بذلك بحدوث تمييز تمهيدي بين هذه الفئات من

البروتينات المبنية على بيانات تسلسل تمهيدي . وهذه الظاهرة تم اثباتها في السابق

بواسطة :

(Struyve et al. (J. Mol. Biol . 218 : 141 - 148, 1991)

كما أن هناك حوافز تسلسل حامض اميني اضافية موضحة في شكل ٥ ، وُجدت في

كثير من بروتينات غشائية خارجية لبكتيريا H.Pylori ، ويوضح ارتصاف تسلسل

الحامض الاميني في شكل ٥ أجزاء من تسلسل الخمسة بروتينات لبكتيريا H.Pylori ،

(موضحة برمز حامض أميني ذي حرف واحد) .

موسومة بالارقام الرجعية لتسلسلاتها الحامضية الامينية وبالطرف V للطرف C ،

يسار ليمين . كما وُجد أن خمسة أو ستة بلوكات (مميزة من A حتى E أو حتى F) من

بقايا حامض أميني مشابه محتوية على الأجزاء المتبقية الرهابية التمييزية (Phe

٥

١٠

١٥

٢٠

orTyr. أو F أو γ وفقا لرمز الحرف الواحد لأجزاء الحامض الأميني المتبقية) الموجودة

دائماً عند مواقع تقع بالقرب من النهايات C لبروتينات غشائية خارجية . كما ان وجود حوافز مشتركة متعددة يؤسس بوضوح التشابهية بين أعضاء هذه المجموعة من البروتينات .

٥ وهناك ارتصافات حامض أميني اضافية لاربعة بروتينات غشائية خارجية معزولة عن بكتيريا H.Pylori ، موضحة في شكل ٦ .

وعلى نحو متكرر تشارك بروتينات غشائية خارجية معزولة عن بكتيريا H.Pylori ، حوافز اضافية كما هو موضح لبروتينين اثنين في شكل ٧ التي تشارك ايضاً الاجزاء المتبقية من الرهابية من طرف C- ، وكما هو موضح لبروتينين في شكل ٨ لا يشاركا

١٠ في حافز الجزء الرهابي (للطرف C - بل يشاركا حافز طرفي لـ C - آخر .

وسوف يدرك المرء ذي المهارة في المجال بأن حوافز التسلسل المشتركة مهمة جداً وتقيم تشابهاً بين مجموعة هذه البروتينات .

وعلى نحو غير متكرر فانه من غير الممكن التمييز بين نكليوتيدات ممكنة متعددة عند موقع معين في تسلسل الحامض النووي . وفي هذه الحالات يشار إلى هذه الالتباسات بواسطة حرف هجائي مطول كما يلي :

١٥ وفيما يلي تجدون رموز اساسية لحرف - مفرد رسمي وهي IUB - IUPAC :

الوصف الاساسي :

الرمز

جوانين	G
أرينين	A
ثيمين	T
سيتوسين	C

٢٠

الوصف الاساسي :	الرمز
بيورين (G or A)	R
بيريميدين (U or T or C)	Y
أميني (C or A)	M
كيتون (T or G)	K
تفاعل قوي (G or C)	S
تفاعل ضعيف (T or A)	W
ليس G (T or C or A)	H
ليس A (T or G or A)	B
ليس T (ليس U) (G or C or A)	V
ليس C (T or G or A)	D
اي (T or C or A)	N

وتتسبب تحولات الحامض الاميني لهذا الاختراع في حدوث الالتباس في تسلسل

الحامض بواسطة تحول الراموز الغامض (الالتباسي) على انه الحرف (X) . وفي جميع

الحالات تكون الاجزاء المتبقية من الحامض الاميني المسموح به واضحة من اختبار ١٥

تسلسل الحامض النووي المبني على أساس الرمز الجيني القياسي .

V . انتاج أجزاء ومماثلات من أحماض نووية وبولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori :

استناداً إلى اكتشاف منتجات جينات بكتيريا H.Pylori وفقاً للاختراع والموفرة في

قائمة التسلسلات يستطيع أصحاب المهارة في المجال تغيير التركيب المكشوف عن

٢. (من بينات بكتيريا H.Pylori) ، مثل مثلاً بواسطة انتاج أجزاء أو مماثلات ،

واختبار التراكيب المنتجة حديثاً لمعرفة فعاليتها . وهناك أمثلة على الاساليب

الفنية المعروفة لاصحاب المهارة في المجال المقصود تسمح بانتاج واختبار الأجزاء والمماثلات يمكن استخدامها لعمل وفحص سلاسل البولي بيبتيديات مثل سلاسل بيبتيديات عشوائية أو سلاسل أجزاء أو مماثلات من بروتينات خلوية لمعرفة قدرتها على ربط بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ومثل هذه الاختبارات الجماعية مفيدة

٥ لتعريف مدافع بكتيريا H.Pylori .

توليد الاجزاء :

يمكن انتاج أجزاء من بروتين بطرق متعددة ، مثل طريقة اعادة التوحيد ، بواسطة الهضم الذي يحلل البروتين ، أو بواسطة التخليق الكيميائي ويمكن توليد اجزاء داخلية أو طرفية من بولي بيبتيديات بواسطة نزع بولي بيبتيدي واحد أو أكثر من طرف واحد (لجزء طرفي) او من كلا الطرفين (بالنسبة لجزء داخلي) من حامض نووي

١٠ يشفر البولي بيبتيدي . وتجسيد DNA مولد التحول الخلقي ينتج أجزاء بولي بيبتيديات . وهكذا يستطيع الهضم مع انزيمات نووية باطنية « بقضم طرفي » أن يولد DNA'S التي تشفر اجزاء بروتين بواسطة القص العشوائي ، هضم تقييدي أو جمع من الطرق السابق بحثها . كما يمكن تخليق أجزاء البروتين كيميائياً باستخدام اساليب

١٥ فنية معروفة في المجال مثل كيمياء تقليدية لـ :

" Merrifield solid Phase - f - Moc or t Boc "

فعلى سبيل المثال تقسيم بيبتيديات الاختراع الحالي عشوائياً إلى أجزاء ذات طول مرغوب فيه بدون تشابك الاجزاء ، أو يمكن تقسيمها إلى أجزاء متشابكة ذات اطوال مرغوب فيها .

٢٠ « تغيير أحماض نووية وبولي بيبتيديات : طرق عشوائية » : يمكن تحضير تسلسلات

أحماض أمينية مختلفة بواسطة تولد تحول خلقي عشوائي من DNA الذي يشفر

بروتين أو مجال خاص أو منطقة بروتين تشمل الطرق المفيدة لذلك طريقة تولد التحول الخلقي أو الطفرة PCR واشباع هذا التولد الخلقي .

كما يمكن توليد سلسلة من أنواع تسلسلات حامض أميني عشوائية أيضاً بواسطة تخليق مجموعة من تسلسلات اوليجو نكليوتيدات منحلة .

٥ علماً ان طرق فحص البروتين في سلسلة أنواع موجودة هنا في مكان آخر)

(أ) تولد التحول الخلقي PCR :

في تولد التحول الخلقي PCR تستخدم دقة أداء مخفضة البوليميريز Taq لتقديم تحولات عشوائية في أجزاء مستنسخة من DNA وفقاً لما ورد في :

(Leung et al., 1989 Technique 1 : 11 - 15)

١٠ ويتم تكبير منطقة DNA المطلوب توليد التحول الخلقي بها باستخدام تفاعل سلسلة

بوليميريز PCR تحت ظروف تخفض دقة تخليق DNA واسطة بوليميريز Taq DNA

مثل : واسطة استخدام نسبة dGTP:LDATP لخمسة وإضافة Mn^{2+} لتفاعل PCR .

وعندئذ يتم إدخال مجموعة أجزاء DNA المكبرة في نواقل استنساخية مناسبة

لتوفير سلاسل متحولة عشوائياً .

١٥ (ب) تولد تحول خلقي اشباعي :

يسمح التولد التحولي الخلقي الاشباعي بالتقديم السريع لعدد ضخم من استبدلات

مبنية على أساس فردي في أجزاء DNA مستنسخة (وفقاً لما ورد في :Mayers)

et al., 1985 Science 229 : 242

وهذا الاسلوب الفني يتضمن توليد تحولات مثل بواسطة معالجة كيميائية او تعريض

٢٠ DNA أحادي القياس في انبوب زجاجي للإشعاع . وتخليق جديدة DNA تكميلية .

ويمكن تضمين ترددية التحول بواسطة تضمين شدة المعالجة ، وجوهرياً ، يمكن الحصول علي كل الاستدالات . القاعدية . ونظراً لان هذا الاجراء لا يتضمن انتقاء جيني لأجزاء التحول ، فانه من الممكن الحصول على كلا البدائل المتعادلة ، بالاضافة إلى كل تلك البدائل التي تغير الوظيفة . علماً بان توزيع التحولات الدالة ليس متحيزاً نحو عناصر تسلسل مُصانة . ٥

(ج) أوليجو نكليوتيدات منحلة :

يمكن ايضاً توليد سلسلة من مماثلات من مجموعة تسلسلات أوليجو نكليوتيدات منحلة . ويمكن تنفيذ التخليق الكيميائي للتسلسلات المنحلة في مخلق DNA ألي حيث يتم عندئذ ربط الجينات التخليقية في ناقل تجسيد مناسب . وتخليق اوليجو نكليوتيدات منحلة معروف في المجال (انظر مثلاً : ١٠

Narange, SA 1983 Tctrabdron 39 : 3 Itakurq et al., (1989) Recombinant DNA, Proc 3rd Clcave land sympos. Macromolecules, ed. AG Welton, Amesterdam : Elsevier P P 273 - 289; Itakura et al. (1984) Annu. Rev. Biochem. 55 : 323; Itakura et al. (1984) Science 198: 1056; lKe et al. (1983) Nucleic Acid Res. 11:477.).

ومثل هذه الأساليب الفنية تم استخدامها في التطور الموجه لبروتينات أخرى (انظر مثلاً : ١٥

Scott et al. (1990) Science 249 : 386 - 390 Robats et al. (1992) PNAS 89: 2429 - 2433; Devlin et al. (1990) Science 249 : 404 - 406; Cwirla et al. (1990) PNAS 87 : 6378 - 6382;

٢. بالاضافة لبراءات الاختراع الامريكية ارقام ٥.٩ر٢٢٣ر٥ ، ٣٤٦ر١٩٨ر٥ و ٨١٥ر٩٦.٥) .

« تغيير أحماض نووية وبولي بيبتيديات : طرق لتوليد التحول الخلقي الموجه!!

يمكن استخدام تقنيات تولد تحول خلقي غير عشوائية أو موجهة بغرض توفير تسلسلات نوعية أو تبدلات في مناطق نوعية . ويمكن استخدام هذه التقنيات

(أساليب فنية) لخلق أنواع مختلفة تتضمن مثل : حذف ، إدخال ، استبدالات أجزاء متبقية من تسلسل حامض أميني معروف من بروتين . ويمكن تعديل المواقع الخاصة بالتحويل اما على نحو فردي أو بمتسلسلات ، مثل مثلاً بواسطة : (١) الاستبدال أولاً مع احماض امينية محفوظة ومن ثم بخيارات شفية أكثر استناداً إلى النتائج المتحققة ، (٢) حذف الفضلة الهدفية ، أو (٣) إدخال الفضلة (اجزاء متبقية) من نفس الفئة او من فئة مختلفة بجوار الموقع المحدد ، او جمع من الخيارات ١ - ٣ .

(أ) تولد التحول الخلقي الفاحص للالانين :

إن استخدام تولد التحول الخلقي الفاحص للالانين لهو طريقة مفيدة للتعريف بأجزاء متبقية معينة او بمناطق من بروتين مرغوب تعتبر كمواقع مفضلة او كمجالات لتكون التحول الخلقي ، وفقاً لما ذكره :

(Cunningham and Wells (science 244 : 1081 - 1085, 1989)

وفي الفحص الالانيني ، يتم التعريف بجزء متبقي أو بمجموعة من اجزاء هدفية

متبقية (مثل اجزاء متبقية مشحونة مثل : Arg , AsP , His , Lys , Glu)

واستبدالها بحامض أميني مشحون بتبادل او على نحو سالب (والمفضل على

الاطلاق الانين أو بولي الانين) . ويمكن ان يؤثر استبدال حامض أميني على تفاعل

الاحماض الامينية مع البيئة المائية المحيطة في او خارج الخلية . وهذه المجالات التي

تظهر حساسية وظيفية للبدائل يتم عندئذ تنقيتها بواسطة تقديم انواع اخري او

مختلفة على او لمواقع الاستبدال . وبذلك وبينما تم تحديد موقع لتقديم نوع تسلسل

حامض اميني مختلف ، مسبقاً تحديده الا ان طبيعية التحول لاتحتاج لان يتم

تحديدها مسبقاً . فمثلاً لرفع اداء التحول لحده الامثل في موقع معين ، يمكن وصل

الالانين او وصل مولد تحول خلقي عشوائي عند الراموز (الوحدة الاساسية للرمز

الوراثي) الهدفي أو في منطقته ويتم اجراء فحص جماعي للانواع المختلفة من

الوحدات الفرعية البروتينية المرغوبة المجسدة لمعرفة الجمع الامثل للفعالية المرغوبة .
تولد التحول الخلقي الذي تتوسطه اوليجو (قليل) نكليوتيد : إن التولد التحولي
الخلقي الذي يتوسطه اوليجو نكليونيد لهو طريقة مفيدة لتحضير استبدال ، حذف ،
ادخال انواع مختلفة من DNA انظر مثلاً :

٥ (Adelman et al., (DNA : 183 , 1983) باختصار يتم تغيير الـ DNA المرغوب

بواسطة تهجين اوليجو نكليوتيد يشفر تحول معيرة DNA ، حيث تكون المعيرة شكل
مجدول واحد من بلازميد أو من ملتهم بكتيريا محتوي على تسلسل DNA الاصلي او
غير المتغير من البروتين المرغوب فيه وبعد التهجين يستخدم بوليميريز DNA
لتخليق جديلة تكميلية ثانية كلية من المعيرة التي سوف تندمج مع ممهد الاوليجو

١٠ نكليونيد ، وسوف تشفر التغيير المنتقى في DNA البروتين المرغوب . عموماً .

تستخدم اوليجو نكليوتيدات ذات ٢٥ نكليوتيد في الطول على الاقل .
وعليه فسوف يتضمن اوليجو نكليوتيد مثالي ١٢ - ١٥ نكليوتيد تكون تكميلية
بالكامل للمعيرة على كل جانب من جوانب النكليوتيد (او النكليوتيدات) اتي تشفر
التغيير أو التحول . وهذا الامر يضمن تهجين الاوليجو نكليوتيد بدقة مع جزئ

١٥ معيرة DNA ذي الجديلة المفردة . وتخليق الاوليجو نكليوتيدات امر سهل باستخدام
اساليب فنية معروفة في المجال كتلك الاساليب التي وصفها :

(Crea et al. (Proc. Natl. Acad Sci. USA, 75 : 5765 [1978]).

(ج) تولد التحول الخلقي الكاسيت (المغلف) أو الحامل :

هناك طريقة أخرى تحضير المتخلفات ، تولد تحول خلقي مغلف ، وحامل مبينة على

٢٠ أساس الاسلوب الفني الذي وصفه :

(Wells et al. (Gene, 34 : 315 [1985])

وتكون مادة البدء بلازميد (أو ناقل آخر) يحتوي على DNA الوحدة الفرعية

البروتينية المطلوب تحويلها . علماً بأن الراموز او الراموزات في DNA الوحدة الفرعية للبروتين المطلوب تحويلها يتم التعريف بها . ويجب ان يكون هناك .

موقع انزيم نكليوز داخلي تقييدي فريد على كل جانب من جوانب الموقع (أو المواقع) التحويلية المعرفة . وإن لم يوجد مثل هذه المواقع التقييدية فيمكن توليدها

باستخدام طريقة التولد التحويلي الخلفي التي تتوسطها الاوليجو نكليوتيدات ٥

السابقة الذكر لتقديمها على أو عند مواقع مناسبة في DNA الوحدة الفرعية

للبروتين المرغوب . وبعد تقديم مواقع التقييد في البلازميد ، يتم قص البلازميد عند

هذه المواقع لجعله خطياً . ويتم تخليق اوليجو نكليوتيد ذي جديلة مزدوجة يشفر

تسلسل الـ DNA بين مواقع التقييد لكنها محتوية على التحول أو (التحولات)

المرغوبة باستعمال اجراءات قياسية . ويتم تخليق الجديلتين على نحو منفصل ومن ١٠

ثم تهجينها معاً باستخدام اساليب فنية قياسية . ويشار إلى هذا الاوليجو

نكليوتيد المزدوج الجديلة على أنه «الكاسيت» (المغلف أو الحامل) وهذا الحامل أو

الكاسيت يصمم لكي يتضمن أطراف ٣' و ٥' قابلة للمقارنة مع أطراف البلازميد الذي

تم جعله خطياً ، بحيث يمكن ربطه مباشرة بالبلازميد . وهكذا يصبح هذا البلازميد

الآن محيوي عى تسلسل DNA الوحدة الفرعية البروتينية المرغوبة المتحولة . ١٥

(د) تولد التحول الخلفي الاتحادي :

يمكن كذلك استخدام التولد التحويلي الخلفي الاتحادي لتوليد التحولات (حسب ما

ورد في براءة الاختراع دبليو أوه رقم ٦٦٣٠/٨٨ للمخترع لاندر وآخرين)

وفي هذه الطريقة ، تصطف تسلسلات الحامض الاميني لمجموعة او الممتاثلات أو

لبروتينات معينة أخرى ، يفضل لرفع التماثلية إلى حدها الاقصى الممكن . ويمكن ٢٠

انتقاء كل الاحماض الامينية التي تظهر على موقع معين من التسلسلات المصطفة

لخلق مجموعة منحلّة من تسلسلات تجميعية . أما السلسلة الملونة أو المجموعة من المتخالفات فيتم توليدها بواسطة تولد تحول خلقي اتحادي أو تجميعي وتكون مشفرة بواسطة سلسلة جين ملون .

فمثلاً ، يمكن ربط مخلوط من اوليجو نكليوتيدات تخليقية انزيميا في تسلسلات جين بحيث تكون المجموعة المنحلّة من تسلسلات كامنة قابلة للتجسيد كبيبتيدات فردية ، أو على نحو بديل ، كمجموعة بروتين صهر أكبر محتوية على مجموعة التسلسلات المنحلّة .

» تعديلات أخرى لأحماض نووية ولبولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori :

١٠ من الممكن تعديل تركيب بولي بيبتيدي H.Pylori لأغراض مثل زيادة الذوبانية ، تعزيز الثباتية (مثل صلاحية الاستخدام خارج الجسم الحي في المستودع ، والمقاومة لتحلل البروتين الحال في الجسم الحي) ويمكن انتاج بروتين أو بيبتيدي بكتيريا H.Pylori معدل يكون تسلسل الحامض الامينين فيه قد تغير ، مثل بواسطة استبدال حامض أميني ، أو حذف ، أو اضافة وفقاً لما سبق وصفه .

١٥ كما يمكن تعديل بيبتيدي بكتيريا H.Pylori أيضاً بواسطة تبديل الاجزاء المتبقية من السيستين يفضل بالانين أو بسيرين أو بثريونين ، أو بليوسين أو بأجزاء متبقية من حامض غلوتاميك بغرض تقليل الديمرة (عملية اتحاد جزيئين متشابهين لتكوين جزيء واحد كبير باضافة أحدهما للآخر) بواسطة روابط ثنائي الكبريتيد . بالاضافة لذلك يمكن تعديل السلاسل الجانبية الحامضية الامينية من اجزاء بروتين الاختراع الحالي كيميائياً . وهناك تعديل آخر هو تخليق البيبتيدي . ولتعزيز الثباتية و/أو التفاعلية

٢٠ يمكن تعديل بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori لدمج واحدة أو أكثر من تعددية الاشكال في تسلسل حامض أمين البروتين الناتج من أي اختلاف أليلي طبيعي . بالاضافة لذلك يمكن استبدال احماض امينية - D احماض أمينية غير طبيعية ، أو مماثلات غير

حامضية أمينية ، أو اضافتها لانتاج بروتين معدل يقع ضمن نطاق الاختراع الحالي .
علاوة على ذلك يمكن تعديل بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori باستخدام غليكول بولي
اثيلين (PEG) وفقاً لطريقة :

A. Sehon and coworkers (Wie et al., supra)

٥ لانتاج بروتين مقترن بغليكول بولي اثيلين . واطافة لذلك ، يمكن اضافة غليكول بولي
اثيلين أثناء التخليق الكيمائي للبروتين . تشمل تعديلات أخرى لبروتينات
H.Pylori اختزال / الكلة / وفقاً لما ورد في :

Tarrm Methods of protein Microchar a cterization, J.E. Silver ed., Humana Press,
clifton N J 155-194 (1986)

١٠ وتشمل أسيلة (وفقاً لما ورد في (Tarr, supra) ، كما تشمل قرن (وربط بناقل مناسب
كما ورد في :

Mishell and Shiigi, eds, Selected Methods in Cellular Immunology, WH Freeman,
San Francisco, Cn 1980,

وكما ورد في براءة الاختراع الامريكية رقم ٢٣٩٩٣٩٩ ر ٤ ، أو المعالجة بفورمالي

١٥ معتدل وفقاً لما ذكر في :
(Marsh (1971) Int. Arch. of Allergy and Appli. I mmunol., 41 : 199 - 215)

وبغرض تسهيل تنقية وزيادة ذوبانية بروتين بكتيريا H.Pylori أو بيبتيدي فانه من
الممكن اضافة شطر صهر من حامض أميني لأصل البيبتيدي . فمثلاً ، يمكن اضافة
سداسي - هيستيدين للبروتين لتنقيته بواسطة الفه ايون فـلـزي ثابت

٢٠ كروموتوغرافياً كما ورد في :
Hochuli E, et al., (1988) Bio / Technology, b : 1321 - 1325) .

بالإضافة لذلك ، ولتسهيل عزل بيببتيدات خالية من تسلسلات ليست وثيقة الصلة ، يمكن تقديم مواقع انشطار بروتينز داخلي نوعية بين تسلسلات شطر الصهر والبيبتيدي .

- و للمساعدة على نحو كامن في تصنيع مولد المضاد لمحددات مولدات مضاد ضمن بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، فإنه يمكن هندسة مواقع حساسة لبروتينز معترف بها بين المناطق ، حيث تتضمن كل منها محدد مولد مضاد "epitope" واحد على الأقل بواسطة طرق معيدة اتحاد أو بواسطة طرق تركيبية صناعية . فمثلاً يمكن تقديم أزواج حامض أميني مشحون مثل K K أو R R بين مناطق في بروتين أو أجزاء أثناء التركيب المعيد للاتحاد منها . ويمكن جعل البيبتيدي الناتج حساساً للانحطاط بواسطة انزيمات كاثيبسن و/ أو انزيمات أخرى مشابهة للتربسين تستطيع توليد أجزاء من البروتين المحتوي على محدد مولد مضاد واحد أو أكثر . بالإضافة لذلك تستطيع مثل بقايا الحامض الأميني المشحونة هذه أن تؤدي إلى زيادة زوبانية البيبتيدي .
- « طرق أولية لفحص بولي بيببتيدات ومماثلات » :

- هناك اساليب فنية متنوعة معروفة في المجال لفحص جماعي او ومضاني لمنتجات جين متحولة متولدة . وغالباً ما تتضمن الاساليب الفنية الخاصة بالفحص الومضاني لسلاسل جينات كبيرة استنساخ سلسلة الجين إلى ناقل تجسيد قابل للتكرار ، وتحويل خلايا مناسبة مع السلسلة الناتجة من النواقل . وتجسيد الجينات تحت ظروف يسهل فيها اكتشاف فعالية مرغوبة ، مثل : كما في هذه الحالة الربط ببولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori أو بروتين متفاعل عزل سهل نسبياً للناقل المشفر للجين الذي تم اكتشاف ناتجه . وكل من الاساليب الفنية الموصوفة لاحقاً عرضة لتحليل بيئي عالي لفحص اعداد كبيرة من تسلسلات تم تخليقها مثل : بواسطة الاساليب الفنية الخاصة

بتولد التحول الخلقي العشوائي .

(أ) انظمة هجين ثنائي :

يمكن استخدام اختبارات هجين ثنائي مثل النظام الموصوف بعاليه (كما هو الحال مع طرق الفحص الجماعي أو الفحص الومضاني الموصوفة هنا) لتعريف البولي

بيبتيدات : مثل : أجزاء أو مماثلات من بولي بيبتيدات بكتيريا H.Pylori . ٥

(ويستخدم نطاق بكتيريا H.Pylori كبروتين طعم ويتم تجسيد سلسلة المتخالفات

كبروتينات صهر سمك) . وفي نمط مماثل ، يمكن استخدام اختبار هجين ثنائي (كما

هو الحال مع طرق الفحص الجماعي أو الومضاني الاخرى الموضوكة هنا) لايجاد البولي

بيبتيدات التي تربط بولي بيبتيد بكتيريا H.Pylori .

١٠ (ب) سلاسل عرض :

بمدخل واحد لمعايرات او لاختبارات فحص جماعي او ومضاني ، يتم عرض البيبتيدات

المرشحة على سطح خلية او جسيم جرثومي ، ويتم اكتشاف مقدرة خلايا خاصة او

جسيمات فيروسية في ربط بروتين مستقبل مناسب بواسطة المنتج المعروض من

خلال وعائي (Pamning assay) فمثلاً يمكن استنساخ سلسلة الجين إلى جين لبروتين

غشائي سطحي لخلية بكتيرية ، وبروتين الصهر الناتج المكتشف بالوعائية كما ورد ١٥

في براءة الاختراع دبليواوه رقم ٦٦٣٠/٨٨ للمخترع لاندر وآخرين ، وكما ورد في :

Fuchs et al (1991) Bio / Technology g : 1370 - 1371 , and Goward et al. (1992) TiBs 18 : 136 - 140) .

وبنمط مشابه يمكن استخدام ربيطة مميزة بطريقة اكتشافية للفوز بتمـاثلات

بيبتيد وظيفية بشكل كامن أما الروابط المميزة على نحو لاصف مثل مستقبلات ٢٠

فيمكن استخدامها لاكتشاف تماثلات تحتجز فعالية رابطة للروابط . واستخدام

الروابط الاصقة (المستشفه) المميزة يسمح للخلايا بأن يتم فحصها بصريا وفصلها

تحت ميكروسكوب اشعاعي ، أو وحيث يتم فصلها بواسطة فارز خلية :

Garrard et al, PCT Publication Wo92/09690, Marks et al. (1992) J. Biol. chen . 267 : 16007-16010; Griffiths et al. (1993) EmBoJ 12 : 725 - 734, Clackson et al. (1991) Natures 352 : 624 - 628, and Barbaset al. (1992) PNAS 89 : 445-7-4461).

٥ وهناك مدخل عام ، يستخدم مستقبل المالتوز من E.Coli (بروتين غشائي خارجي ،

(Lam B) كشريك صهر بيبتيدي . كما ذكر في - (Charbitet al. 1986 EMBO 5,302p - 3037).

كما تم ادخال اوليجو بيبتيديات في بلازميدات تشفرجين أـ LamB لانتاج بيبتيديات متوفرة للربط بروابط مثل : ربطها بأجسام مضادة ، وتستطيع استخراج استجابة

١٠ مناعية عندما تعطي الخلايا للحيوانات . وبروتينات سطحية لخلايا أخرى مثل :
(Schorret al. (1991) Vaccines 9/, PP387-392) OmpA" (Agterberg et al. 1990, gene 88,37-45 (كما ورد في PhoE) ومثل (Fuchs et al. 1991, Bio/Tech 9 1369-1372 ومثل PAL (كما ورد في

١٥ بالإضافة لتركيبات سطحية بكتيرية ضخمة عملت كنواقل محفوز بالاشعة وذلك حيثما تسمح مورفولوجية الخلية بذلك . ويمكن تجسيد سلسلة جين كبروتين صهر على سطح جسيم فيروسي .

فمثلاً في نظام الملتهم الفتيلي ، يمكن تجسيد تسلسلات بيبتيدي غريبة على سطح الملتهم المصاب ، مما يؤدي إلى الاشتراك في فائدتين هامتين :

أولاً : نظراً لأن مثل هذه الملتهمات يمكن استخدامها لـ (affinity matrices) على

٢٠ تركيزات جيدة تزيد عن ملتهم ١٠^{١٣} لكل ميلتر ، فانه من الممكن فحص عدد كبير من ملتهمات في وقت واحد . ثانياً : نظراً لأن كل ملتهم مصاب يعرض منتج جين على سطحه ، وان تم استرجاع ملتهم معين منشأ ألفه في اذعان منخفض ، يمكن تكبير

الملتهم بواسطة جولة أخرى من الإصابة أو من العدوي ، وتستخدم مجموعة غالباً ما تكون ملتهمات فتيلية E Coli , fd , M13 , fl في سلاسل عرض الملتهمات ويمكن استخدام بروتينات مغطاة بملتهم gIII أو gVIII لتوليد بروتينات صهر بدون تمزيق التغليف الكلي للجسيم الفيروسي .

٥ ويمكن تجسيد محددات مولدات المضاد الغريبة عند نهاية الطرف -NH₂ من PIII ومن ملتهم يحمل مثل هذا المحددات مستردة من فائض كبير من ملتهم ينقصه هذه المحددات وفقاً لما ورد في :

Lander et al. PCT PuhLi Cation Wo/90/02909

لعرض بيبتييد . ويمكن صهر البيبتيدات مع البيلين ، بروتين يتيلمر لكي يشكل

٨. (Pilus - a conduit) لتبادل بكتيري داخلي من معلومات جينية كما ورد في :

Thiry et al. (1989) APPI . En viron. Microbiol . 55, 984 - 993)

ويسبب دورها في التفاعل مع خلايا أخرى ، توفر الشعرة اسناد مفيد لعرض بيبتيدات لبيئة الخلوية الخارجية . وهناك تركيب سطحي كبير آخر يستخدم لعرض بيبتييد هو العضو الحافز البكتيري الهدب المهتزة . ويقدم صهر بيبتيدات مع بروتين وحدة فرعية من هذب مهتز صف كثيف من نسخ بيبتيدات عديدة على الخلايا الحاضنة

(Ku wajima et al., (1988) Bio / Tech 6, 1080 - 1083)

كما أن بروتينات سطحية لأجناس بكتيرية أخرى أدت مهمتها كشركاء صهر بيبتييد .

والامثلة تشمل بروتين Staphylococcus A وبروتيز خارجي IgA من Neisserig كما

٢٠. ورد في :

(Hansson et al. (1992) J. Bacteriol. 174 4239-4245 and Klauser et al. (1990) EMBO J.9,1991- 1999).

وفي انظمة الملتهم الفتيلي وانظمة LamB الموصوفة بعاليه يحدث الارتباط الفيزيائي بين البيبتيد و DNA الذي يشفره بواسطة تلوث ألك DNA ضمن جسم (خلية او ملتهم) يحمل البيبتيد على سطحه . واحتجاز البيبتيد يحتجز معه الجسم و DNA .

٥ وخطة بديلة تستخدم بروتين ألك DNA الرابط LacI لتشكيل ربط بين بيبتيدين و DNA كما ورد في :

Cull et al (1992) PNAS USA 89 : 1865 - 1869) .

وهذا النظام يستخدم بلازميد يحتوي على جين LacI مع موقع استنساخ اوليجو نكليوتيد عند طرفه ٣ . وتحت الحث المنضبط بواسطة أرابينوز ، ينتج بروتين صهر بيبتيد LacI . ١٠

وهذا الصهر يحتجز القدرة الطبيعية لـ LacI ليرتبط مع تسلسل DNA قصير معروف على أنه عام LacO (LacO) .

وبتركيب نسختين من LacO على بلازميد التجسيد ، يرتبط صهر بيبتيد LacI باحكام مع بلازميد يشفره . ونظراً لان البلازميدات في كل خلية تحتوي على تسلسل وحيد لاوليجو نكليوتيد وتجسد كل خلية تسلسل بيبتيد واحد ، فان البيبتيدات تصبح مرتبطة نوعياً وبشكل ثابت مع تسلسل DNA يوجه تخليقها وتنحل خلايا السلسلة بلطف وتعرض مركبات DNA البيبتيد لمنشأ من مستقبل ثابت للاستعادة المركبات المحتوية على بيبتيدات فعالة وعندئذ يتم اعادة إدخال DNA بلازميد مرتبط إلى خلايا للتكبير وللسلسلة DNA لتحديد تطابقية روابط البيبتيد . ١٥

وكاثبات على الفائدة العملية للطريقة جرى اعداد سلسلة عشوائية كبيرة من

بيبتيدات عفجية وانتقائها على جسم مضاد احادي الاستنساخ بارز بالنسبة لـ :

(Opioid Peptide dynorphin B)

كما تم استرجاع فصائل من البيبتيدات ، تتعلق بتسلسل متفق عليه يطابق لجزء ذي

٥ ستة اجزاء متبقية من dynorphin B ، كما ورد في :

(Cull et al. (1992) Proc. Natl Acad. sci. U.S.A 89 - 1869) .

وهذه الطريقة التي يشار إليها أحياناً على انها بيتبتيدات - على - بلازميدات ،

تختلف طريقتين هامتين عن طرق عرض الملتهم . أولاً : تكون البيبتيدات مرتبطة

طرف C من البروتين الصاهر ، مما يؤدي إلى عرض أعضاء السلسلة كبيبتيدات

١٠ محتوية على طرف كربوكس حر طليق . وكلا البروتينات المغلفة بمالتهم فتيلي

PIII و P VIII ، مثبتة بالملتهم من خلال نهاياتها الطرفية ، والبيبتيدات النزيلة

توضع في المجالات الطرفية - N الممتدة خارجياً وفي بعض التصاميم ، تظهر

البيبتيدات المعروضة الملتهم مباشرة على الطرف الاميني من بروتين الصهر . كما

ورد في :

١٥ (wirla, et al. (1990) proc. Natl Acad. sei U.S.A 87, 6378-6382)

وهناك فرق ثان وهو مجموعة الانحيازات البيولوجية التي تؤثر على جمهرة

البيبتيدات الموجودة فعلاً في السلاسل . وتكون جزئيات صهر LacI محصورة مع

سيتوبلازم الخلايا الحاضنة . وتكون انصهارات طبقة الملتهم مكشوفة للسيتوبلازم

أثناء التحول لكنها مخفية عبر الغشاء الداخلي في المقصورة البلازمية المحيطة .

٢٠ وتبقى راسية في اغشاء بواسطة المجالات الرهابية الطرفية C الخاصة بها مع كون

الاطراف N محتوية على البيبتيدات بارزة في البلازم المحيطي بينما تنتظر

التجمع في جسيمات ملتهم . ويمكن للبيبتيدات في LacI وفي سلاسل المتهمة أن تختلف بشكل كبير كنتيجة لتعرضها لفعاليات حالة للبروتين مختلفة . وتتطلب البروتينات المغلفة بملتهم التحول عبر الغشاء الداخلي وتكون البيبتيديس الاشارية سائرة كمقدمة للاندماج مع الملتهم . وتمارس بيبتيدات معينة تأثيراً ضاراً على هذه

العمليات وتكون تحت التمثيل في السلاسل كما ذكر في :

(Gallop et el. (1994) J. chem. 37 (9) : 12 33 - 1251)

وهذه الانحيات الخاصة ليست عامل في نظام العرض LacI . إن عدد البيبتيدات الصغيرة المتوفر في سلاسل عشوائية معيدة اتحاد لهو عدد ضخم . تحضر سلاسل من نساءل مستقلة ٧١ - ٩١ بطريقة روتينية . والسلاسل الكبيرة ككبر ١١٠ معيدات

١٠ اتحاد تم تخليقها ، لكن هذا الحجم يتجاوز الحد العملي لسلاسل النساءل . ويحدث هذا

الحد في حجم السلسلة عند خطوة تحويل ألك DNA المحتوي على أجزاء جعلت عشوائية إلى خلايا بكتيرية حاضنة . وللتغلب على هذا الحد تم حديثاً تطوير نظام بداخل الجسم الحي مبني على أساس عرض بيبتيدات ناشئة حديثة التولد في مركبات عديدة الريباسات .

١٥ وطريقة سلسلة العرض هذه تحتوي قدرة انتاج سلاسل تبلغ ٣-٦ أضعاف مكبرة أكثر

من سلاسل الملتهم / Phagemid المتوفرة حالياً أو من سلاسل بلازميد . علاوة على ذلك ، يتم تركيب السلاسل تجسيد البيبتيدات والفحص الجماعي او الومضاني في شكل خال من الخلايا تماماً .

وفي استخدام واحدة لهذه الطريقة كما ورد في :

٢٠ Gallop et al. (1994) J. Med. Chem. 37 (9) : 1233 - 1251

تم انشاء سلسلة DNA جزيئي تشفر عشرة بيبتيدات ١٢١٠ وتم ربط السلسلة المجسدة

في E. Coli S₃₀ في الجسم الحي مع نظام نسخ/تحويل . وتم اختيار الظروف المناسبة لايقاف او لتأخير الريبوسومات على أـ mRNA ، مما سبب تراكم نسبة أساسية من RNA في الريباسيات المتعددة وسبب انتاج مركبات محتوية على بيبتيديات حديثة التولد لازالت مربوطة بـ RNA التشفيري لها . وهذه الريباسات المتعددة قوية على التنقية على مستقبلات ثابتة ونفس الطريقة التي يتم فيها فحص سلاسل عرض بيبتيديات معيدة اتحاد تقليدية . ويتم كذلك استرجاع أـ RNA من المركبات وتحويله إلى cDNA ، وتكبيره بواسطة PCR كلي ينتج نموذجاً للجولة القادمة للتخليق ولل فحص الجماعي او الومضاني . ويمكن ربط طريقة عرض الريباسات المتعددة بنظام عرض الملتهم . وبعد اتباع جولات متعددة من الفحص الجماعي او الومضاني ، تم استنساخ cDNA من التجمع الغني الريباسات المتعددة إلى ناقل Phagemid . وهذا الناقل يؤدي مهمته كناقل تجسيد بيبتيدي ويعرض بيبتيديات مصهورة على البروتينات المغلقة ، وكناقل لسلسله DNA للتعريف بالبيبتيدي . وبتجسيد البيبتيديات المشتقة من متعدد الريباسات على الملتهم ، يستطيع المرء إكمال اجراء انتقاء الألفة في هذا الشكل او يستطيع اختبار البيبتيديات على نساءل فردية لمعرفة الفعالية الرابطة في ملتهم ELISA ، أو لمعرفة المواصفة الرابطة في اكمال ملتهم ELISA كما ذكر :

(Barret et al., (1992) An al, Biochem, 204, 257 - 364) .

وللتعريف او لتحديد تسلسلات البيبتيديات الفعالة ، على المرء ان يسلسل أـ DNA الناتج عن الحاضن الملتهم (Phagemid) .

- « فحص جماعي او فحص ومضاني ثانوي لبوليبيبتيدات ولماثلات » :
- يمكن إتباع الاختيارات الموضوعية بينياً بعاليه بواسطة اختبارات تصفية ثانوية لكي يتم تعريف فعاليات بيولوجية أخرى كالتى سوف تسمح مثلاً لصاحب المهارة في المجال ان يميز بين انقباضات ومضادات الانقباضات وسوف يعتمد نوع الغريلة
- ٥ الثانوية على الفعالية المرغوبة التي تحتاج إلى اختبار . فمثلاً ، يمكن اجراء اختبار يستخدم فيه مقدرة منع حدوث تفاعل بين بروتين معني وبربيطته المرتبطة والمعنية به لمعرفة وتحديد مضادات من مجموعة اجزاء بيبتيدي معزولة عبر أحد الاختبارات الرئيسية الموصوفة بعاليه ولذلك فطرق توليد اجزاء وماثلات واختبارها لمعرفة فعاليتها لهي طرق معروفة في المجال . وبمجرد التعرف على التسلسل المركزي يصبح
- ١٠ الحصول على ماثلات له وعلى اجزاء منه مسألة روتينية لصاحب المهارة في هذا المجال .
- «مقلدات بيبتيدي لبولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori » يوفر الاختراع كذلك تخفيضاً لمجالات او لنطاقات رابطة للبروتين لبولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori لتوليد مقلدات مثل بيبتيدي او مثل عوامل غير بيبتيدي . ومقلدات البيبتيدي لها القدرة على تمزيق ربط البولي بيبتيديات بربيطتها المضادة مثل : في حالة كون بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori لتوليد مقلدات مثل بيبتيدي او مثل عوامل غير بيبتيدي .
- ١٥ ومقلدات البيبتيدي لها القدرة على تمزيق ربط البولي بيبتيديات بربيطتها المضادة مثل : في حالة كون بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori مربوط بربيطة حادثة بشكل طبيعي . ويمكن تحديد الاجزاء المتبقية الحرجة من بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori من تلك الاجزاء المدرجة في تمييز جزيئي لبولي بيبتيدي . واستخدامها لتوليد
- ٢٠ مقلدات بيبتيديو مشتقة من بكتيريا H.Pylori والتي تمنع ربط بولي بيبتيدي

بكتيريا H.Pylori والتي تمنع ربط بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori تنافسياً أو غير تنافسياً مع بولي بيبتيدي متفاعل (انظر مثلاً طلبات البراءة الاوروبية EP - ٤١٢٧٦٢ أ، و EP - B - ٨٠.٨٠ ر١٣١).

فمثلاً، يمكن استخدام تولد التحول الخلقي الماسح لمسح (معرفة) أجزاء متبقية من حامض اميني من بولي بيبتيدي H.Pylori متورط في ربط بولي بيبتيدي متفاعل ، ويمكن توليد مركبات مقلدة بيبتيدي (مثل مشتقات ديازيبين أو ايسوكينولين) تستطيع تقليد هذه الأجزاء المتبقية في ربطها ببولي بيبتيدي متفاعل ، والتي تستطيع منع حدوث ربط بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ببولي بيبتيدي متفاعل على مما يؤدي إلى تدخلها مع وظيفة بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori .

١٠. فعلي سبيل المثال يمكن توليد مماثلات بيبتيدي غير قابلة للتحلل بالماء من مثل هذه الاجزاء المتبقية باستخدام بنزوديازيبين (مثل انظر :

(Freidinger et al. , Peptides: chemistry and Biology, G.R. Marshall ed., ESCOM Publisher: Leiden Netherlands 1988),

أو باستخدام أريبين ، انظر مثلاً :

١٥ (Huffman et al. in Peptides: chemistry and Biology, G.R. Marshall ed., ESCOM Publisher: Leiden Netherlands, 1988),

أو باستخدام حلقات لاكتام جاماً متبدلة كما ورد في :

Garvey et al. in Peptides: chemistry and Biology, G.R. Marshall ed., ESCOM Publisher : Leiden, Netherlands , 1988).

٢٠. أو باستخدام بولي بيبتيديات غير حقيقية من ميثلين - كيتو كما ورد في :

Ewenson et al., (1986) J. Med. chem 29:295 and Ewenson et al., in Peptides: structure and Function (proceedings of the 9th American Peptide symposium) Pierce chemical Co. RockLand IL, 1985.)

أو استخدام أجزاء مركزية من بيبتيدي ثنائي ذي دوربيتا كما ورد في :
(Nagai et al (1985) Tectrahedron Lett 26:647 and Sato et al. (1986) J. chem soc Perkin Trans 1 : 1231),

أو استخدام كحولات أمينية من بيتاً ، كما ذكر :

Gordon et al. (1985) Biochem Biophys Res Commun 126:419; and Dann et al.,
1986) Biochem Biophys Res Commun 134 : 71).

٥

VI صياغات لقاح لأحماض أمينية ولبولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori
هذا الاختراع يصف كذلك تركيبات او صياغات (تستخدم هنا على نحو تبادلي)
للقاية من الإصابة ببكتيريا H.Pylori ولمعالجة الإصابة ببكتيريا H.Pylori وكما
هو مستخدم هنا فان مصطلح « معالجة الإصابة او العدوى ببكتيريا H.Pylori يشير
إلى معالجة دوائية لإصابة او لعدوى موجودة او تأسست .

١٠

اما مصطلح « الوقاية ضد عدوى ببكتيريا H.Pylori » او مصطلح « معالجة وقائية »
فهو يشير إلى استخدام صياغة لقاحية من بكتيريا H.Pylori لتقليل خطر الإصابة
او لمنع إصابة في جسم معرض لخطر العدوى ببكتيريا H.Pylori . تجسد واحد ، تحتوي
صياغات اللقاح على مكون واحد أو أكثر من مولد مناعة ، مثل بروتين سطحي ، من
بكتيريا H.Pylori او من بروتين منها وناقل مقبول صيدلانياً .

١٥

فمثلاً وبتجسيد واحد ، تحتوي الصياغات اللقاحية وفقاً للاختراع علي بولي بيبتيدي
واحد على الأقل او على جمع بولي بيبتيديات من بكتيريا H.Pylori أو علي اجزاء
منها من نفس مولدات مضادات بكتيريا H.Pylori التي سيتم استخدامها في
الصياغات اللقاحية وفقاً للاختراع الاحماض النووية والبولي بيبتيديات المبينة في

٢٠

قائمة التسلسلات ويفضل تلك الاحماض النووية لبكتيريا H.Pylori التي تشفر بروتينات سطحية أو أجزاء منها . فمثلاً ينتقى حامض نووي وبولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori مفضل للاستخدام كصياغة لقاح وفقاً للاختراع الحالي من مجموعة الأحماض النووية التي تشفر بروتينات غلاف خلية ، وبروتينات غلاف خلية بكتيريا

٥ H.Pylori وفقاً لما هو موضح في جدول ١ . على أية حال يمكن في الاختراع الحالي استخدام أية حامض نووي يشفر بروتين مولد مناعي لبكتيريا H.Pylori واستخدام اي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori أو جزء منه . وهذه اللقاحات لها فوائد علاجية و/أو فوائد وقائية .

يوفر مظهر واحد للاختراع تركيبة لقاح للوقاية من العدوى ببكتيريا H.Pylori حيث تحتوي هذه التركيبة على جزء واحد مولد للمناعة من بروتين بكتيريا H.Pylori وعلى ناقل مقبول صيدلياً . أما الأجزاء المفضلة فتحتوي على بيبتيديات ذات طول مكون من عشرة أجزاء متبقية من حامض أميني يفضل أجزاء متبقية من حامض أميني قدرها ١٠ - ٢٠ في الطول يفضل أكثر أجزاء متبقية من حامض أميني قدرها ١٢ - ١٦ في الطول .

١٥ وعلى سبيل المثال ، يمكن الحصول على المكونات المولدة للمناعة وفقاً للاختراع الحالي بواسطة الكشف المسحي عن بولي بيبتيديات بطريقة معيدة للاتحاد ناتجة عن الأجزاء المطابقة من الحامض النووي الذي يشفر الطول الكلي لبروتين بكتيريا H.Pylori . علاوة على ذلك يمكن تخليق الأجزاء كيميائياً باستخدام اساليب فنية معروفة في المجال مثل :

٢. (Conventional Merrifield solid Phase f - Moc or t - Boc chemistry.)

- بتجسيد واحد ، تتحدد مكونات مولدات المناعة بواسطة قدرة البيببتيد على حفز خلايا «تي» والبيببتيدات التي تحفز خلايا «تي» كما هو محدد بواسطة تكاثر خلية «تي» أو افراز حركة خلوية ، معرفة هنا على انها تحتوي على محدد (epitope) خلية تي واحد على الاقل . ويعتقد بان محددات مولدات المضادات لخلية تي تدخل في بداية وفي تخليد الاستجابة المناعية لألرجن البروتين المسئول عن الاعراض السريرية اللاسريرية . ويعتقد بأن محددات مولدات المضادات لخلية تي هذه تقدر أحداث مبكرة على مستوى مساعد خلية تي بواسطة الارتباط بجزيئ HLA مناسب على سطح الخلية التي تمثل مولد مضاد ، مما يؤدي إلى حفز الجهمرة الفرعية للخلية تي بمستقبل خلية تي المقصود لمحدد مولد المضاد . وهذه الوقائع تؤدي إلى تكاثر خلية تي افراز ليمفوكين ، تفاعلات التهابية موضوعية تطويع خلايا مناعية اضافية لموقع تفاعل مولد المضاد. خلية تي ، وحفز شلال خلية «بي» مما يؤدي إلى انتاج أجسام مضادة.
- كما أن محدد المولد المضاد خلية تي هو عنصر أساسي ، أو هو أصغر وحدة تميز بواسطة مستقبل خلية تي ، حيث يتضمن محدد المولد المضاد أحماض امينية اساسية لتمييز المستقبل (مثل تقريباً ٦ ، ٧ أجزاء متبقية من حامض أميني) .
- علماء بان تسلسلات حامض اميني من تلك التي تقلد تسلسلات حامض اميني لمحددات مولدات مضادات للخلية تي تندرج ضمن نطاق الاختراع الحالي .
- بتجسيد آخر ، يتم التعريف بمكونات مولدات المضاد وفقاً للاختراع من خلال تلقيح او تطعيم مجيني . والبروتوكول الأساسي مبني على أساس ان فكرة س——لاسـل التجسيديات التي تتكون من جميع أو من بعض أجزاء مجين ممرض ، مثل مجين بكتيريا H.Pylori تستطيع منح الحماية عندما تستخدم في تحصين حاضن جينياً .

وهذا التحصين السلسلي التجسيدي (ELI) متماثل للاستنسال التجسيدي ويتضمن تقليل سلسلة تجسيد مجينية من ممرض - مثل بكتيريا H.Pylori إلى بلازميدات تستطيع ان تقوم بمهمة لقاحات جينية . كما يمكن تصميم البلازميدات لكي تشفر مساعدات جينية تستطيع بشكل مدهش حفز الاستجابة الخلوية .

٥ ويمكن تقديم هذه المساعدات الجينية في مواقع بعيدة وجعلها تؤدي مهمتها بطريقة خلوية خارجية وخلوية داخلية .

وهذا مدخل حديث لانتاج لقاح له العديد من فوائد ممرضات حية/ مرفقه وبدون خطر العدوي . وتستخدم سلسلة تجسيد من DNA ممرض لتطعيم حاضن مما يؤدي إلى انتاج تأثيرات عرض مولد مضاد للقاح حي بدون الخطر . فمثلاً ، في الاختراع الحالي ، يمكن استخدام اجزاء عشوائية من مجين بكتيريا H.Pylori أو من كوزميد أو نسلات بلازميد ، بالاضافة لاستخدام مركبات من PCR من جينات مميزة بواسطة سلسلة مجينية بغرض تحصين حاضن . واحتمالية هذا المدخل تم اثباتها بـ Mycoplasma Pulmonis ، وفقاً لما ورد في :

(Barry et al., Nature 377 : 632 - 635, 1995)

١٥ حيث وفرت حتى سلاسل تجسيد جزئي من My coplasma Pulmonis ممرض طبيعى في قوارض الحماية ضد التحدي القادم من الممرض .

إن (ELI) هو أسلوب فني يسمح بانتاج لقاح متعدد الاجزاء غير معدي . حتى ولو كان القليل هو المعروف عن بيولوجية الممرض ، لان ELI يستخدم نظام المناعة لفحص الجينات المرشحة . وبمجرد العزل ، يمكن استخدام هذه الجينات كلقاحات جينية او يمكن استخدامها لتطوير لقاحات بروتينية معيدة اتحاد .

٢٠

- وهكذا ، يسمح ELI بانتاج لقاحات بنمط جهازي ممكن بشكل كبير .
- يمكن انجاز فحص مكونات مولدة مناعة باستخدام اختبارات معايرة واحد أو أكثر من اختبارات المعايرة المختلفة المتعددة . فمثلاً في خارج الجسم الحي ، يجري اختبار فعالية حافزة لبببتيد خلية تي بواسطة ملامسة بببتيد معروف على انه مولد مناعة
- ٥ او مشكوك في ذلك عنه مع خلية تقدم مولد مضاد يقدم جزئيات MHC مناسبة في زريعة خلية تي . وتقديم بببتيد مولد مناعة من بكتيريا H.Pylori بالارتباط مع جزئيات MHC مناسبة خلايا تي تحفز انتاج مستويات متزايدة من حركات خلوية ، خاصة من انترلوكين -٢ ، وانترلوكين - ٤ .
- ويمكن الحصول على عائم الزريعة واختباره لمعرفة انترلوكين - ٢ أو اية حركات خلوية اخرى معروفة . فمثلاً يمكن استخدام أي من الاختبارات التقليدية المتعددة
- ١٠ للانترلوكين - ٢ ، مثل الاختبار الموصوف في :
(Proc. Natl. Acad. Sci USA 86 : 1333 - (1989) .
- الدمجة أجزاؤها هنا على سبيل الذكر والمرجعية . كما أن طقم عدة لاية معايرة او لاي اختبار لانتاج انترفيرون - متوفر ايضاً من :
- ١٥ (Genzyme Corporation Cambridge, M A)
- على نحو بديل ، يستتبع اختبار عام لتكاثر خلية تي قياس دمج ثيميدين محتوي على تريتيوم . ويمكن قياس تكاثر خلايا تي في الجسم الحي بواسطة تحديد كمية تيميدين المميزة بـ 3H المدمجة في DNA مكرر من خلايا مزروعة . لذلك يمكن قياس متوسط تخليق DNA ، وبالمقابل قياس تقسيم الخلية .
- ٢٠ يفضل لتركيبات او لصياغات اللقاح وفقاً للاختراع المحتوية مكون واحد أو أكثر من مكونات مولدات مناعة (مثل بولي بببتيد H.Pylori أو جزء منه أو حامض نووي

يشفر بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori (أو جزء منه) ان يحتوي على ناقل مقبول صيدلانياً . ومصطلح « ناقل مقبول صيدلانياً » مقصود به أنه يشمل اي من المذيبات وكل المذيبات ، واسطة تشتيت ، أغلفة ، عوامل مضادة بكتيرية وعوامل مضاد للفطريات ، عوامل متساوية التوتر وعوامل تأخير امتصاص ، ما شابه ذلك ، متوافقة مع التعاطي الصيدلاني . ٥

وعلي سبيل المثال تشمل نواقل مقبولة صيدلانياً ، نوع أو أكثر من ماء ، محلول مالح ، محلول ملحي مفصول بفوسفات ، دكستروز ، غليسيرول ، إيثانول وماشابه ذلك ، بالإضافة لجموع منها . كما يمكن للنواقل المقبولة صيدلانياً أن تحتوي ايضاً على كميات ضئيلة من مواد مساعدة مثل عوامل ترطيب أو استحلاب ، عوامل حافظة أو عوامل حازمة ، تعزز مدة صلاحية التخزين أو فعالة الحامض النووي لبكتيريا H.Pylori أو لبولي بيبتيدي . أما بالنسبة لصياغات لقاح الاختراع المحتوية على بولي بيبتيديات H.Pylori فيفضل اعطاء البولي بيبتيديات بالاشتراك مع مساعد مناسب و/أو مع نظام ايصال موصوف هنا . ١٠

سوف يتضح لاصحاب المهارة في هذا المجال بأن الكمية الفعالة علاجياً من DNA أو من بروتين الاختراع ، سوف تعتمد ، من ضمن ما تعتمد عليه من اشياء اخرى ، على برنامج التعاطي والجرعة من حامض نووي أو من بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori المعطاه ، وتعتمد علي مدى إعطاء البروتين او الحامض النووي متحدة مع عوامل علاجية أخرى من عدمه ، وعلى الحالة المناعية وصحة المريض ، وعلى الفعالية العلاجية للبروتين الخاص او للحامض النووي . ١٥

٢٠ أما الصياغات اللقاحية تعطي تقليدياً عن طريق الحقن ، مثل الحقن تحت الجلد أو الحقن بداخل الوريد . وطرق التحصين عن الطريق الوريدي موصوفة في :

Wolff et al. (1990) Science 247 1465 - 1468

وموصوفة في : Sedegah et al. (1994) Immunology 91 9866 - 9870 .

وطرق أخرى للتعاطي تشمل صياغات عن طريق الفم وصياغات عن طريق الرئة ،
وتحاميل ، واستخدامات عبر الأدمة . لكن التحصين عن طريق الفم مفضل على طرق

التعاطي بالحقن وذلك لحث وقاية ضد العدوى . بواسطة بكتيريا H.Pylori كما ورد ٥

في : (Czinn et . al. (1993) Vaccine 11 637 : 642)

وتشمل الصياغات عن طريق الفم سواغات مستخدمة طبيعياً مثل مثلاً درجات
صيدلانية ما نيتول ، لاكتوز ، نشا ، سيترات مغنيسيوم ، سكرين صوديوم ،
سيلولوز ، كربونات مغنيسيوم وما شابه ذلك .

١٠ بتجسيد واحد ، تشمل صياغة اللقاح ، على مساعد ، كناقل مقبول صيدلانياً . ومن
الأمثلة على المساعدات المناسبة للاستخدام في الصياغات اللقاحية وفقاً للاختراع
تشمل ما يلي دون حصر :

هيدروكسيد ألومينيوم ، N - أسيتيل - ميوراميل - L - ثريونيل - D -

ايسوجلوتامين (thr- MDP) ; N - أسيتيل - nor - ميوراميل - L - ألانيل - D - ايو

١٥ جلوتامين (CGP 11637, re ferred to as nor - MDP) ; N - أسيتيل ميورامي - L -

ألانيل - D - ايسوجلوتامينيل - L - ألانين - ٢ - (١ - ٢ ثنائي بلميتويل - sn -

جليسيرو - ٣ - هيدروكسي فوز - فوريلوكسي) - إثيل أمين (CGP 19835A) يشار

إليه بـ (a MTP - PE) , RIBI ، الذي يحتوي على ثلاثة مكونات من بكتيريا ، من

شحم A أحادي فوسفوريل ، نزيها لوز ثنائي ميكوليت ، هيكل جدار خلية :

(MPL + TDM + CWS)

في ٢٪ من سكوالين / مستحلب توين ٨٠ ، وتكسين كوليرا . ومن المساعدات الأخرى التي يمكن استخدامها مشتقات غير سامة من تكسين كوليرا بما في ذلك وحدتها الفرعية بي ، و/أو . متقارنات أو صهارات مهندسة جينياً من بولي بيبتيديد بكتيريا

٥ H.Pylori مع تكسين كوليرا ووحدتها الفرعية بي ، Procholeragenoid ، بولي سكريدات فطرية ، بما في ذلك شيزوفيلان ، ثنائي بيبتيديد ميوراميل ، مشتقات ثنائي بيبتيديد ميوراميل ، استرات فوروبول ، تكسين لابيل من E.Coli منحللات بكتيرية غير بكتيريا H.Pylori بوليمرات كتلية أو صابونين (مجموعة من السكريدات موجودة في عالم النبات) .

١٠ بتجسيد آخر ، تشمل صياغة لقاح ، على نظام ايصال ، كناقل مقبول صيدلانياً . أما انظمة الايصال المناسبة للاستخدام في صياغات لقاحية وفقاً للاختراع فهي تشمل ميكروكبسولات قابلة للانحلال بيولوجياً أو مركبات حافزة للمناعة (ISCOMs) ، قوقعيات (حلزونيّات) ، أو جسيمات شحمية ، نواقل نشطة مرفقة مهندسة جينياً مثل فيروسات أو بكتيريا وجسيمات معيدة اتحاد شبيهة بالفيروس (خيصرية) مثل "

١٥ " bluetongue بتجسيد آخر للاختراع ، تشتمل صياغة اللقاح على كلا نظام ايصال وعلى مساعد .

ويمكن لانظمة الايصال في البشر ان تتضمن كبسولات تتسبب معوياً مغلفة مولد

المضاد من البيئة الحامضية للمعدة ومحتوية على بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori

في شكل غير قابل للذوبان كبروتينات صهر . ومن النواقل المناسبة للقاحات

٢٠ الاختراع كبسولات مغلفة معوياً وكريات دقيقة بولي لاكتيد - غليكوليد والمخففات

المناسبة هي 0.2N NaHCO₃ و/أو محلول مالح .

يمكن تعاطي لقاحات الاختراع الحالي كعامل وقائي رئيسي (أولي) لدى البالغين أو لدى الأطفال ، كمنع ثانوي ، بعد استئصال ناجح لـ H.Pylori في حاضن مصاب ، أو كعامل علاجي بهدف حث استجابة مناعية في حاضن مشكوك فيه لمنع الإصابة بواسطة بكتيريا H.Pylori وتعطي لقاحات الاختراع بكميات سهل تحديدها من قبل أصحاب مهارة عادية في المجال . وهكذا تكون الجرعة المناسبة للبالغين ضمن معدل يتراوح ما بين ١٠ ميكروجرام إلى ١٠ جرام ، يفضل ما بين ١٠ ميكروجرام - ١٠٠ ميلجرام ، كأن تكون مثلاً ما بين ٥٠ ميكروجرام - ٥٠ ميلجرام . كما أن جرعة مناسبة للبالغين سوف تكون أيضاً ضمن معدل يتراوح ما بين ٥ ميكروجرام - ٥٠٠ ميلجرام - ومعدلات جرعات مماثلة سوف تكون قابلة للتطبيق على الأطفال . ٥

أما كمية المادة المساعدة المستخدمة فسوف تعتمد على نوع المساعد المستخدم فمثلاً عندما يكون المساعد تكسين كوليرا ، فإنه يستخدم على نحو مناسب بكمية تتراوح ما بين ٥ ميكروجرام و ٥٠ ميكروجرام كأن تكون ١٠ - ٣٥ ميكروجرام مثلاً . وعندما يستخدم في شكل كبسولات دقيقة ، فسوف تعتمد الكمية المستخدمة على الكمية المستعملة في منشأ الكبسولات الدقيقة لتحقيق الجرعة المرغوبة . وتحديد هذه الكمية تقع ضمن مهارة شخص ذي مهارة عادية في المجال . ١٥

وسوف يدرك أصحاب المهارة في هذا المجال بأن الجرعة المثلى قد تزيد وقد تنقص استناداً إلى وزن المريض ، وإلى المرض ، وإلى طريقة تعاطي اللقاح ، واستناداً إلى عوامل أخرى . كما أن أصحاب المهارة في هذا المجال سوف يدركون أيضاً بأنه من الممكن الحصول على مستويات جرعة مناسبة استناداً إلى النتائج الصادرة عن لقاحات عن طريق الفم معروفة مثل مثلاً لقاح مبني على أساس حصىلة انحلال خلايا ٢٠

E. Coli (٦ ميلجرام كجرعة يومية وحتى ٥٤٠ ميليجرام) ، ومع مولد مضاد منقي

من مولد تكسين معوي من E. Coli (٤ جرعات من ١ ميليجرام) كما ورد في :

(Schulman et al. , J Urol. 150 : 917 - 921 (1993); Boedecker et al., american Gastroen-terological Assoc, 999 A-222 (1993))

٥ وسوف يعتمد عدد الجرعات على المرض ، وعلى الصياغة ، وعلى بيانات الكفاءة والفعالية المستنبطة من التجارب السريرية . وبدون أن نقصد أي تحديد لمجموعة جرعات تعطي لمعالجة مريض فانه من الممكن تعاطي المعالجة ٢ - ٨ جرعات لجدول تحصين أولي لمدة ١ شهر ، كما ذكر في :

(Boedeker, american Gastroenterlogical Assoc, 888 : A-222 (1993))

١٠ وفي تجسيد مفضل ، يمكن تأسيس تركيبة لقاح على مستحضر كلي مقتول من

بكتيريا E.Coli مع جزء مولد مناعة من بروتين بكتيريا H.Pylori وفقاً للاختراع

مجسد من على سطحه ، او يمكن تأسيسه على حصىلة انحلال خلايا E. Coli مع جزء

مولد مناعة من بروتين بكتيريا E.Coli المقتولة بمهمة ناقل أو مساعد .

سوف يكون واضحاً لأصحاب المهارة في هذا المجال ، أن بعض تركيبات اللقاح وفقاً

١٥ للاختراع مفيدة في منع الإصابة بـ H.Pylori وبعضها مفيد فقط في معالجة الإصابة

ببكتيريا H.Pylori ، وبعضها مفيد لكلا منع ومعالجة الإصابة ببكتيريا H.Pylori

وفي تجسيد مفضل يوفر تركيبة اللقاح وفقاً للاختراع الحالي ، الوقاية من الإصابة

ببكتيريا H.Pylori بواسطة حفز مناعة متوسطة خلية أو خلطية ضد بكتيريا

H.Pylori . ومما يجب فهمه ان التحسن في أي من أعراض الإصابة ببكتيريا

٢٠ H.Pylori لهو هدف سريري مرغوب ، بما في ذلك تقليل جرعة العقار المستخدم لمعالجة

امراض تسببها بكتيريا H.Pylori أو زيادة في انتاج الاجسام المضادة في مصل أو في الاغشية المخاطية للمرضى .

VII . أجسام مضادة تتفاعل مع بولي بيبتيدات بكتيريا H.Pylori :

يتضمن الاختراع كذلك اجسام مضادة خاصة اجسام مضادة تفاعلية مع بولي بيبتيد بكتيريا H.Pylori ويمكن تحضير مضاد مصل مضاد بروتين / مضاد بيبتيد أو اجسام مضادة أحادية الاستنساخ بواسطة طرق قياسية انظر مثلاً :
(Antibodies : A Laboratory manual ed. by Harlow and Lane (cold Sping Harbor Press: 1988))

ويمكن تحصين ثدييات مثل الجرذان ، الهامستر ، أو الارنب بشكل مولد مناعة من البيبتيد . والاساليب الفنية لمنح توليد المناعة على بروتين او على بيبتيد تشمل اقتران مع النواقل أو اساليب فنية أخرى معروفة في المجال .

ويمكن إعطاء بروتين مولد مناعة من بوي بيبتيد بكتيريا H.Pylori بوجود مساعد . ويمكن مراقبة تقدم التحصين بواسطة تتبع معايير أجسام مضادة في البلازما أو في المصل . ويمكن استخدام ELISA القياسية أو معايير أو اختبارات مناعية أخرى مع مولد المناعة كمولد مضاد لتقييم مستويات الاجسام المضادة .

في تجسيد مفضل تكون الاجسام المضادة علاج مناعي لحدودات مولدات الضد لبولي بيبتيد الاختراع المحتواة في قائمة التسلسلات أو مماثل بشري مرتبط بها باحكام أو مماثل ثديي غير بشري (كأن يكون ٩٠٪ مماثل تركيبياً ، يفضل أكثر عى الأقل ٩٥٪ مماثل تركيبياً) وفي تجسيد مفضل آخر للاختراع ، لا تتفاعل الاجسام المضادة ضد

٢٠ . بكتيريا H.Pylori بشكل تبادلي أساسياً (اي تتفاعل نوعياً) مع بروتين أقل ٨٠٪ تماثل لتسلسل الاختراع المحتوي في قائمة التسلسلات نعني بمصطلح « لا يتفاعل

تبادلياً على نحو اساسي» أن الاجسام المضادة لها ألفة ربط لبروتين غير متماثل بأقل من ١٠٪ يفضل أكثر ، بأقل من ٥٪ ويفضل أكثر وأكثر بأقل من ١٪ من الألفة الرابطة لبروتين الاختراع المدرج في قائمة التسلسلات .

وفي تجسيد أكثر تفضيلاً ، لا يوجد تفاعلية تبادلية بين مولدات مضادات ثديية وبكتيرية . ٥

وكما هو مستخدم هنا فان مصطلح جسم مضاد مقصود به أنه يشمل أجزاء منه تفاعلية نوعياً هي الأخرى مع بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori . كما يمكن تجزيء الاجسام المضادة باستخدام أساليب فنية تقليدية والاجزاء هذه تفحص بنفس الطريقة الموصوفة لكل الاجسام المضادة . فمثلاً يمكن توليد أجزاء هذه تفحص بنفس

١٠ الطريقة الموصوفة لكل الاجسام المضادة . فمثلاً يمكن توليد أجزاء من $F(ab^1)_2$ بواسطة معالجة الاجسام المضادة ببسين . ويكن معالجة أجزاء $F(ab^1)_2$ الناتجة لتخفيض الوصلات ثنائية الكبريتيد لانتاج أجزاء Fab^1 . كما أن الاجسام المضادة للاختراع مقصود بها أن تشمل جزئيات نوعية ثنائية ووهمية محتوية على بروتين مضاد لبكتيريا H.Pylori .

١٥ وكلا الاجسام المضادة احادية النسيلة ومتعددة النسائل (Ab) الموجهة ضد بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori . أو أشكاله مختلفة من بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori وأجزاء أجسام مضادة مثل (Fab1) ومثل $F(ab^1)_2$ يمكن استخدامها لمنع فعل بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori . وتسمح بدراسة دور بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori خاص من الاختراع في اشارة زائغة او غير مرغوب منها بداخل الخلية ، بالاضافة إلى

وظيفة خلوية عادية لبكتيريا H.Pylori وبواسطة حقن بسيط من اجسام مضادة لبولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori وفقا للاختراع .

كما يمكن كذلك استخدام اجسام مضادة تربط على نحو نوعي محددات بكتيريا H.Pylori ، في صبغ كيماوي نسيجي مناعي من عينات نسيج لتقييم وفرتها ولتقييم

نمط تجسيد جينات مضادة لبكتيريا H.Pylori ، ويمكن كذلك استخدام الاجسام

المضادة ضد بولي بيبتيديدات بكتيريا H.Pylori ، تشخيصياً في ترسيب مناعي وفي

صبغ مناعي لتتبع وتقييم مستويات بكتيريا H.Pylori ، في نسيج او في سائل

جسدي كجزء من إجراء فحص او كشف سريري وبالمثل تسمح مقدرة مراقبة

مستويات بولي بيبتيديدات بكتيريا H.Pylori ، في شخص بتحديد فعالية حمية

معالجة معينة لشخص مبتلى بمثل هذا الاضطراب . ويمكن قياس مستوى بولي

بيبتيديد بكتيريا H.Pylori ، في خلايا موجودة في سائل جسدي ، مثل في عينات

البول ، أو يمكن قياسها بالانسجة ، مثل ما ينتج عن خزعة معدية . تستطيع

الاختبارات التشخيصية التي تستخدم اجسام مضادة ضد بكتيريا H.Pylori ، مثلاً

استخدام اختبارات مناعية مصممة للمساعدة في التشخيص المبكر للاصابات

ببكتيريا H.Pylori ، كما يمكن استخدام الاختراع الحالي ايضاً كطريقة لاكتشاف

اجسام مضادة محتواه في عينات مأخوذة من أفراد مصابين بهذه البكتيريا وذلك

باستخدام جينات مضادة لبكتيريا نوعية H.Pylori .

وهناك استخدام آخر لاجسام مضادة لبولي بيبتيديدات H.Pylori ، مضادة وفقاً

للاختراع وهو في الفحص المناعي لسلاسل cDNA المبينة في نواقل تجسيد مثل

- ، ويمكن للسلاسل الساعية من هذا النوع ، λ ORF8 و λ zap , λ gt18-23 ' λ gtll محتوية على تسلسلات تشفير داخلية في اطار القراءة الصحيحة وفي اطار الاتجاه أو التوجيه الصحيح ، ان تنتج بروتينات صهر . فمثلاً ، سوف ينتج λ gtll بروتينات صهر تتكون اطرافها الامينية من تسلسل حامض اميني بيتا ج جلاكتوسيديس ، وتتكون اطرافها الكربوكسي من بولي بيبتيدي غريب . وعندئذ يمكن تتبع محددات جينات مضادة من بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، بأجسام مضادة مثل ، مثلاً ، مراحش نيتروسلولوز تفاعلية مرفوعة من ألواح مصابة بأجسام مضادة لبولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ، مضادة ، وعندئذ يمكن عزل الملتهم عن اللوحة المصابة . وهكذا يمكن اكتشاف وجود مماثلات جينية من بكتيريا H.Pylori ، واستنساخها من أجناس أخرى ، كما يمكن اكتشاف اشكال أسوية تبادلية (بما في ذلك مخالفات وصل بالجدل او بالتراكب) واستنساخها .
- ١٠ VIII" : أطقم عدة محتوية على أحماض نووية ، بولي بيبتيديان أو اجسام مضادة من الاختراع» :
- من الممكن تجميع الحامض النووي ، وبولي بيبتيديات والاجسام المضادة للاختراع مع كواشف أخرى ومع أدوات لتشكيل «أطقم عدة» للاستعمال الشخصي والأطقم هذه لأغراض تشخيصية تتضمن نموذجياً على الحامض النووي ، بولي بيبتيديات أو اجسام مضادة في قوارير او في أوعية أخرى مناسبة ، والأطقم نموذجياً تتضمن كواشف أخرى لتأدية تفاعلات تهجين تفاعلات سلسلة بوليميريز (PCR) او لإعادة تركيب المكونات المجففة بالتجميد ، مثل واسطة مائية أملاح ، مواد فاصلة ، وما شابه ذلك .
- ٢٠ كما يمكن أن تحتوي أطقم العدد على كواشف لمعالجة عينات مثل مطهرات ، أملاح

- Chaotropic ، أو ما شابه ذلك . كما يمكن لتلك الأطقم أن تحوي على وسيلة تصنيف مثل أصباغ كواشف تظهير نظائر شعاعية عوامل ومضائية ، عوامل لمعانية أو عوامل لمعانية كيماوية ، انزيمات عوامل إقحام وما شابه ذلك . ومع معلومات تسلسل الحامضي الأميني والحامض النووي التي تم توفيرها في هذا البحث يستطيع الأشخاص من ذوي المهارات في هذا المجال جميع أطقم لخدمة أغراضهم الخاصة . ٥
- علاوة على ذلك يمكن للأطقم المذكورة أن تتضمن تعليمات استخداماتها .
- IX . اختبارات غربلة (تصفية) العقار باستخدام بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori: يجعل بولي بيبتيديات بكتيريا H.Pylori ، منقاة ومعيدة اتحاد يوفر الاختراع الحالي اختبارات يمكن استخدامها لغربلة العقاقير التي تكون إما شادات أو مضادات شد للوظيفة الخلوية العادية في هذه الحالة من بولي بيبتيديات H.Pylori ، او من دورها في التأشير بداخل الخلية . ومثل هذه المانعات او الفعاليات يمكن ان تكون مفيدة كعوامل علاجية حديثة لمقاومة الاصابات ببكتيريا H.Pylori ، بشكل عنيف وسوف تكون تشكيلة من الاختبارات كافية ، وفي ضوء الاختراعات الحالية ، سوف تكون مفهومة لدى أصحاب المهارة في هذا المجال . ١٠
- وفي برامج غربلة العقاقير العديدة التي تفحص سلاسل مركبات وخلصات طبيعية تكون الاختبارات البينية مرغوبة كثيراً بغرض تكبير عدد المركبات التي تم مسحها في فترة زمنية محددة والاختبارات التي تؤدي في أنظمة خالية من الخلايا ، كمثال تلك التي يمكن اشتقاقها ببروتين منقاة أو شبه منقاة ، هي المفضلة دائماً لأنها تصفيات "أولية" من حيث انه يمكن توليدها لكي تسمح بتظهر سريع وباكتشاف سهل نسبياً لتغيير في الهدف الجزئي الذي يتم توسطه بواسطة مركب اختبار . ١٥
- علاوة على ذلك ، يمكن تجاهل تأثيرات سمية خلوية و/أو توفرية احيائية لمركب ٢٠

- الاختبار عموماً في نظام «الانبوب الزجاجي» وبدلاً من تركيز الاختبار بشكل رئيسي على تأثير العقار على الهدف الجزيئي كما يمكن توضيحه في تغيير ألفة رابطة مع بروتينات أخرى ، أو مع تغير في الخصائص الانزيمية للهدف الجزيئي .
- وبناء على ذلك ، وفي اختبار غربلة أو تصفية نموذجي وفقاً للاختراع الحالي فإنه يتم
- ٥ ملامسة المركب المعني أي مركب الاختبار مع بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، معزول ومنقي .
- ويمكن اجراء اختبارات التصفية في «الانبوب الزجاجي» ببولي بيبتيدي H.Pylori ، منقى أو بجزء منه مثل بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، محتوي على فعالية انزيمية بحيث تنتج فعالية البولي بيبتيدي مركب تفاعل قابل للتتبع وللكشف . وكفاءة
- ١٠ المركب يمكن اختبارها بواسطة توليد منحنيات استجابة جرعة من البيانات التي تم الحصول عليها باستخدام تركيزات متنوعة من مركب الاختبار علاوة على ذلك يمكن تأدية اختبار ضبط لتوفير خط رئيسي للمقارنة .
- والمركبات المناسبة تشمل تلك المركبات بامتصاص تميزي بتألق أو بخصائص تنويرية كيماوية مثل مثلاً لأن الاكتشاف يمكن جعله ألياً . ويمكن اختبار تشكيلة
- ١٥ واسعة من مركبات تركيبية أو حادثة بشكل طبيعي في الاختبار الخاص بتحديد تلك المركبات التي تمنع أو تقوي فعالية بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori ، وبعض من هذه المركبات الفعالة يمكن مباشرة أو بتغييرات كيميائية ان تعزز منفذية غشائية أو قابلية ذوبانية ان تمنع ايضاً أو تقوي نفس الفعالية (مثل فعالية انزيمية) ككل ، في خلايا بكتيريا H.Pylori ، وبعض من هذه المركبات الفعالة يمكن مباشرة أو
- ٢٠ بتغييرات كيميائية ان تعزز منفذية غشائية أو قابلية ذوبانية ان تمنع ايضاً أو تقوي نفس الفعالية (مثل فعالية انزيمية) ككل في خلايا بكتيريا H.Pylori ، الحية .

وهذا الاختراع موضح اكثر بواسطة الامثلة التالية والتي يجب عدم اعتبارها على انها مقيدة للاختراع ومحتويات كل المراجع واستخدامات البراءات المنشورة التي ذكرت على مدى هذا الطلب مدمجة هنا على سبيل المرجعية .

« التوضيح بأمثلة »

٥ I استنساخ وسلسلة DNA بكتيريا H.Pylori :

تم فصل الـ DNA الكروموزومي من بكتيريا H.Pylori وفقاً لاجراء أساسي لـ DNA ورد في :

(Schleif R. F. and Wensink P. C., Practical Methods in Molecular Biology, P.98, springer-Verlag Ny., 1981)

١٠ وبتعديلات طفيفة . باختصار ، جرى تكوير الخلايا ، واعادة تعليقها في TE (١٠ ميلي

مول Tris ، ١ ميلي مول EDTA ، درجة حموضة ٧.٦) تلا ذلك إضافة منظم منحل

GES (ثيوسبانيت جوانديام ١٨ ره تركيز جزيئي غرامي ، EDTA بتركيز ١٠. جزيئي

غرمي ، درجة حموضة ٨ ، و N - لوريل - ساركوسين ٠.٥ ٪) ، وتبريد المعلق ثم اضافة

أسيئات أمونيوم (NH₄Ac) لتركيز نهائي قدره ٢ جزيئي غرامي ، واستخلاص DNA

١٥ مع ايسو بروبانول ، وغسله مرتين بـ ٧٠٪ من EtOH ، وتجفيفه واعادة تعليق في TE.

بعد الفصل او العزل ، تم تحويل كل DNA المجيني (المتعلق بمجموعة العوامل

الوراثية) من بكتيريا H.Pylori إلى رذاذ وفقاً لما ذكر :

(Bodenteich et al., automated DNA Sequencing and Analysis (J.C. Venter, ed.), Academic Press 1994)

إلى حجم متوسط قدره ٢٠٠٠ bp . بعد التحويل إلى رذاذ جرى تركيز الـ DNA وفصله على ١٪ جل أغاروز قياسي ، وإزالة أجزاء متعددة تتطابق مع أحجام تقريبية ٩٠٠ - ١٣٠٠ bp ، ١٣٠٠ - ١٧٠٠ bp ، ١٧٠٠ - ٢٢٠٠ bp ، ٢٢٠٠ - ٢٧٠٠ bp من الجل

وتنقيتها بواسطة طريقة Gene Clean (Bib1ol Inc.) . وعند ذلك كانت أجزاء الـ DNA

المنتقة متبلدة باستخدام بوليمريز T₄DNA . وتم ربط الـ DNA الذي تم معالجته

بمهايئات رابطة فريضة من نوع BstXI-Linker في حوالي ١٠٠ - ١٠٠٠ طيه من فائض

جزيئي . وهذه الروابط تكميلية لنواقل pMPX مقطوعة الـ BstX1 ، بينما الاجزاء

الناثلة ليست ذاتية التكميل . ولذلك لن تعود النواقل المقطوعة باعادة ربط نفسها

بسهولة . كما تم فصل الحشوات التي تتبنى الروابط عن الروابط غير المدمجة على الـ

١٠. ١٪ جل اغاروز وتنقيتها باستخدام Gene Clean .

وعندئذ تم ربط الحشوات التي تتبنى الروابط بكل من النواقل العشرين من نوع

pMPX لانشاء متسلسلة «قذف» من سلاسل نسائل فرعية .

تحتوي النواقل على جين lacZ خارج الاطار على موقع الاستنساخ تصبح داخل الاطار

في حالة استنساخ مثنوي (مركب مزدوج الصيغة الجزيئية) مهائى ، سامحا بتجنب

١٥ النواقل بواسطة الوانها الزرقاء .

وجميع الخطوات التالية كانت مبنية على طرق سلسلة DNA المتعددة الواردة في :

(Church G. M. and Kieffer - Higgins S. science 240: 185-188, 1988)

وتم التركيز على التعديلات الاساسية للطرق فقط . وباختصار ، تم عندئذ نقل الـ ٢٠

ناقل إلى خلايا مؤهلة (DH5 ألفا) (وفقا لطريقة تحويل Gibco/BRL DH5a) وجرى

تقييم السلاسل بواسطة بسطها على صفائح مضادة محتوية على أمبيسيلين ،
ميثيسيلين و على IPTG/Xgal . تم جرى احتضان الصفائح طوال الليل على ٣٧ درجة
مئوية ، تم عندئذ استخدام تحويلات ناجحة لبسط النسائل وتجميعها في المجمعات
المتعددة ، وتم التقاط النسائل وتجميعها في وسائط زرع نمو ذات ٤٠ ميلتر ، وتنمية
الزرائع طوال الليل على ٣٧ درجة حرارة مئوية ، وتنقية ألك DNA باستخدام أحقم
Qiagen-Midi-Prep وأعمدة Tip - 100 (Qiagen l n c.) وبهذه الطريقة تم الحصول على
١٠٠ ميكرو جرام من DNA لكل تجمع كما تم توليد صفائح عددها ١٥ ولها ٩٦ تجويف
للحصول على وفرة تسلسل ذي ٥ - ١٠ طية تتولى متوسط اطوال اساسية ٢٥٠ - ٣٠٠ .
تلا ذلك سلسلة عينات ألك DNA ألتقاة هذه باستخدام سلسلة DNA متعددة مبنية

١٠ على طريقه تحليل كيميائي :

(church G.M. and Kieffer - Higgins S., Science 240 : 185 - 188, 1988)

أو بواسطة سلسلة ثنائي راويوكسي Sequitherm (Epicenter-Technologies) ،
واستشراد تفاعلات السلسلة ونقلها إلى أغشية نايلون بواسطة استشراد نقل مباشر
من جلات ٤٠ سنتيمتر :

١٥ (Richterich P. and church G.M, Methods in Enzymology 218 : 187 - 222, 1993)

أو بواسطة التلطيخ الكهربائي كما ورد في (church, supra) واستخدمت ٢٤ عينة
لكل جل . وتم انتاج ٤٥ غشاء ناجح بواسطة السلسلة الكيميائية ، وانتاج ٨ أغشية
بواسطة سلسلة ثنائي ديوكسي . وكان ألك DNA مقيد تساهمياً بالأغشية بواسطة
التعريض لضوء فوق بنفسجي ، وتهجينه مع اوليجو نكليوتيدات مصنفة تكميلية

٢٠ لتسلسلات تمييزية على النواقل (Chwch, supra) وغسلت الاغشية لتنظيفها من

مجسات مقيدة غير نوعية ، وتعريضها لفيلم أشعة X لرؤية سلالم التسلسل الفردية . وبعد ذلك أزيل المجس المهجن بالحضن على ٦٥ درجة مئوية وأعيدت دورة التهجين مع تسلسل آخر حتى تم جس الاغشية ٣٨ مرة لأغشية سلسلة كيميائية و ١٠ مرات لأغشية سلسلة ثنائي ريوكسي . وهكذا أنتج كل جل عدداً ضخماً من الافلام ، كل منها يحتوي على معلومات سلسلة حديثة . وكلما كانت تعالج لطخة جديدة كان يتم جسها مبدئياً لتسلسل قياسي داخلي مضاف لكل من المجمعات .

كما تم توليد صور رقمية من الافلام باستخدام مقياس كثافة مسح بالليزر

(Moleculr Dynamics, Sunnyvale, CA) .

عولجت الصور الرقمية على محطات كومبيوتر (VaxStation 4000's) باستخدام

البرنامج (REPLICA™) ، كما ورد في : ١٠

(Church et al., Automated DNA sequencing and Analysis (J. C. venter, ed. Academic Press, 1994)

تضمنت معالجة الصور جعل الممرات مستقيمة ، وتعديلات لتخفيف الفروق في الكثافة ، وتعزيز انحلال بواسطة نزع التافافية وحدة الحث المغناطيسية على نحو

متكرر . وعندئذ التقطت التسلسلات أوتوماتيكيا في (REPLICA™) ، وعرضت ١٥

لتصحيح تجارب تفاعلية قبل تخزينها في قاعدة بيانات . تم انجاز تصحيح التجارب بواسطة تفتيش (مسح) مرئي سريع لصور الفيلم تبعه طقطقات فأرة المسح على الصور المعروضة لتعديل الاشارات وتصحيحها لان قراءات تسلسل متعددة تغطي

نفس الجزء من الـ DNA أُلجيني توفر وفرة تسلسلات كافية للنشر . وعندئذ تُلقي كل

تسلسل رقم تعريفى او مرجعي . وهذا الرقم يقوم بمهمة معرف دائم للتسلسل ليكون ٢٠

من الممكن دائماً تعريف أصل اي تسلسل خاص بدون الاستعانة بقاعدة بيانات

متخصصة . تم التجميع الرويتين لتسلسلات بكتيريا H.Pylori باستخدام برنامج

FALCON كما ورد في :

(Church, Church et al., automated DNA Sequencing and Analysis (J.C. Vent er ed.), Academic press 1994).

٥ أثبت هذا البرنامج أنه سريع وموثوق به لمعظم التسلسلات كما تم عرض المماسات

المجمعة باستخدام نسخة معدلة من "Gel Assemble" طورها :

Genetics Computer Group (GCG) (Devereux et al., Nucleic Acid Res. 12 : 387 - 95, 1984)

والتي تتفاعل مع (REPLICA™). وهذا فتح المجال امام نشر متكامل يسمح لصور

١٠ جل تسلسلات متعددة بأن تطلب في الحال من قاعدة بيانات (REPLICA™)، وتعرض

بغرض اجراء تفتيش ، (مسح) سريع للمماسات وللقراءات التجريبية لاثار الجل حيث

تحدث تناقضات بين قراءات تسلسلات مختلفة في المجموعة .

II . تعريف - استنساخ وتجسيد تسلسلات DNA بكتيريا H.Plori معيدة اتحاد :

لتسهيل الاستنساخ أو الاستنسال ، تم اختيار تجسيد وتنقية أغشية وبروتينات

١٥ مفرزة من H.Pylori وهو نظام تجسيد جينات قوي ، ونظام أل p ET (Novagen)

لاستنساخ وتجسيد بروتينات معيدة توحيد في بكتيريا E.Coli كذلك جرى صهر

تسلسل DNA يشفر رمز بيبتيد وهو أل His - Tag ، في الطرف ٣ من تسلسلات

DNA ذات الأهمية لتسهيل تنقية مركبات البروتين المعيدة الاتحاد . أما الطرف ٣

فقد تم اختياره للصهر لتجنب تغير أي تسلسل اشارة طرفية ٥ . والاستثناء لما سبق

٢٠ كان ppiB ، جين مستنسخ للاستخدام كضابط في دراسات التجسيد ، في هذه

الدراسة يحتوي التسلسل لـ *ppiB* بكتيريا *H. Pylori* على تسلسل DNA يشفر His - Tag مصهور للطرف ٥' من الطول الكلي للجين ، لان مركب البروتين من هذا الجين لا يحتوي على تسلسل اشارة هو مجسد كبروتين Cytosolic .

تكبير PCR واستنساخ تسلسلات DNA المحتوية على ORF's لأغشية ولبروتينات

مفرزة من سلالة J99 من بكتيريا "Helicobacter Pylori" : ٥

جرى تحضير التسلسلات المنتقاة (من قائمة تسلسلات أـ DNA وفقاً للاختراع) للاستنساخ من سلالة J99 من بكتيريا *H. Pylori* ، لتكبير الاستنساخ بواسطة تفاعل سلسلة بوليميريز (PCR) . كما كانت ممهدات أوليجونوكليوتيدات تركيبية (جدول ٣) خاصة للاطراف ٥' ، و ٣' ، من (ORF's) مصممة ومشتراة من :

GibcoBRL Life Technologies, Gaithersburg, MD, U.S.A.) . ١٠

وكل الممهدات الأمامية (خاصة للطرف ٥' من التسلسل) كانت مصممة لكي تحتوي على موقع استنساخ NcoI عند الطرف الاقصى ٥' ، ، ماعدا HpSeq. ٤٨٢١.٨٢ حيث استخدم NdeI . وكانت هذه الممهدات مصممة لكي تسمح بمنع تحول بروتين عند فضلة متبقية من ميثيونين متعاً بفضلة متبقية من فالين وبالتسلسل التشفيري

لبقية تسلسلات DNA بكتيريا *H. Pylori* ، الاصلية . ١٥

والاستثناء كان تسلسل ٨٢١.٨٢ ٤ لبكتيريا *H. Pylori* ، حيث كان الميثيونين الباديء متبوعاً مباشرة ببقية تسلسلات DNA بكتيريا *H. Pylori* ، الاصلية واحتوت كل الممهدات الاحتياطية (خاصة للطرف ٣' ، من أي ORF لبكتيريا *H. Pylori*) موقع

EcoRI عند الطرف الاقصى 'ه' للسماح باستنساخ كل تسلسل H.Pylori ، إلى RF من pET-28b .

يوفر الناقل pET-28b تسلسل يشفر ٢٠ حامض أميني ذي طرف كربوكسي (١٩) حامض أميني فقط في Hp Seq رقم ٣١٨. ٢٦٣٨ وفي Hp Seq رقم ٦٣٧. ١٤٦٤)

٥ محتوية على ستة أجزاء متبقية من هيستيدين (عند الطرف الاقصى C-) الذي يحتوي على ألك His - Tag والاستثناء لما سبق ، كما لوحظ من قبل ، هو تركيب الناقل لجين ألك ppib ، وهناك ممهد لوليغو نكليوتيد تركيبى نوعي للطرف 'ه' من جين ppiB شفر موقع BamHI على طرفه الاقصى 'ه' والممهد الخاص الطرف '٣' من جين ppiB شفر موقع XhoI على طرفه الاقصى 'ه' .

ممهات اوليجو نكليوتيدات مستخدمة لتكبير PCR تسلسلات DNA لبكتريا ، H.Pylori

Outer membrane Proteins	Forward primer 5' to 3'	Reverse Primer 5' to 3'
Protein 16225006	5'-TATACCATGGTGGG CGCTAA-3' (SEQ ID NO:147)	5'-ATGAATTCGAGTAAG GATTTTGTG-3' (SEQ ID NO:148)
Protein 26054702	5'-TTAACCATGGTGAAA AGCGATA-3' (SEQ ID NO:149)	5'-TAGAATTCGCATAAC GATCAATC-3' (SEQ ID NO:150)
Protein 7116626	5'-ATATCCATGGTGAGT TTGATGA-3' (SEQ ID NO:151)	5'-ATGAATTCAATTTTT TATTTTGCCA-3' (SEQ ID NO:152)
Protein 29479681	5'-AATTCCATGGTGGGG GCTATG-3' (SEQ ID NO:153)	5'-ATGAATTCTCGATAG CCAAAATC-3' (SEQ ID NO:154)
Protein 14640637	5'-AATTCCATGGTGCAT AACTTCCATT-3' (SEQ ID NO:155)	5'-AAGAATTCTCTAGCA TCCAAATGGA-3' (SEQ ID NO:156)
Periplasmic/ Secreted Proteins		
Protein 30100332	5'-ATTTCCATGGTCATG TCTCATATT-3' (SEQ ID NO:157)	5'-ATGAATTCCATCTTT TATTCCAC-3' (SEQ ID NO:158)
Protein 4721061	5'-AACCATGGTGATTT TAAGCATTGAAAG-3' (SEQ ID NO:159)	5'-AAGAATTCCACTCA AAATTTTTTAACAG-3' (SEQ ID NO:160)
Other Surface Proteins		
Protein 4821082	5'-GATCATCCATATGTT ATCTTCTAAT-3' (SEQ ID NO:161)	5'-TGAATTCAACCATTT TAACCCTG-3' (SEQ ID NO:162)
Protein 978477	5'-TATACCATGGTGAA ATTTTTCTTTTA-3' (SEQ ID NO:163)	5'-AGAATTCAATTGCG TCTTGTAAG-3' (SEQ ID NO:164)
Inner Membrane Protein		
Protein 26380318	5'-TATACCATGGTGAT GGACAACTC-3' (SEQ ID NO:165)	5'-ATGAATTCCTCACTT GGGGCGATA-3' (SEQ ID NO:166)
Cytoplasmic Protein		
ppi	5'-TTATGGATCCAAAC CAATTAAACT-3' (SEQ ID NO:167)	5'-TATCTCGAGTTATA GAGAAGGGC-3' (SEQ ID NO:168)

تم استخدام DNA مجيني محضر من سلالة Jqq من بكتيريا H.Pylori ATCC# 55679 ، من :

Genome Therapeutics Corporation, 100 Beavor Street, Waltham, MA 02154)

كمصدر DNA نموذجي لتفاعلات تكبير PCR

٥ (Current Protocols in Molecular Biology John Wiley and sons 1ns. F.Ausubel et al. eds 1994).

ولتكبير تسلسل DNA محتوي على ORF بكتيريا H.Pylori ، تم إدخال DNA مجيني (٥٠ نانو جرام) في قارورة التفاعل المحتوية على ٢ Mgcl2 ميلي مول ، وممهدات اوليجونكليوتيدات ذات ١ جزيئي غرمي دقيق (ممهدات امامية وخلفية) ١٠. تكميلية لـ ومجاورة لـ ORF بكتيريا H.Pylori ، ٢٠ ميلي مول من كل ثلاثي فوسفات ديوكسي نكليوتيد و dATP , dGTP , dCTP , dTTP و ٢٠ وحدة من بوليميريز DNA ثابت الحرارة :

(Amplitaq, Roche Molecular Systems, Inc. Branchbury, NJ, USA)

في حجم نهائي قدره ١٠٠ ميكروليتر . كما استخدمت شروط التدوير الحراري ١٥ التالية للحصول على منتجات DNA مكبرة لكل ORF باستخدام مدور حراري من نوع :

(Perkin Elmer Cetus/ Gene Amp PcR System 9600)

— :

٢٠ « بروتين ٢٦.٥٤٧.٢ ، بروتين ٧١١٦٦٢٦ ، بروتين ٢٩٤٧٩٦٨١ بروتين ٣٠١٠٠٣٣٢ ، وبروتين ٤٨٢١.٨٢ » .

تغير الجوهر الطبيعي او مسخ الخواص الطبيعية على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة .

٢ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، ٣ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية و ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

٢٣ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، ٥٥ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية و ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

٥ جرت التفاعلات على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٦ دقائق .

بروتين ۶.۰۰ ۱۶۲۲۵ :

مسح الخواص الطبيعية او تغير الجوهر الطبيعي على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة .

٢٥ دورة على ٩٥ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، ٥٥ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥

١٠. ثانية ، ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .
جرى التفاعل على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٦ دقائق .

بروتین ۶۱.۷۲۱ :

١٥ وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

٢٣ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٦٠ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

جرت التفاعلات على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٦ دقائق .

بروتين ٣١٨. ٢٦٣٨.

تغيير الخواص الطبيعية على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة . ٢ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٣٨ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

٥ ٢٣ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٦٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .
جرت التفاعلات على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٦ دقائق .

بروتين ٦٣٧. ١٤٦٤ :

تغيير الخواص الطبيعية على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة .
١٠ ٢ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٣٣ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .
٣. دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، ٥٥ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية و ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .
جرت التفاعلات على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٦ دقائق .

١٥ «شروط تكبير ppiB بكتيريا H.Pylori :

تغيير الخواص الطبيعية على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة .
٢ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، ٣٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية و ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .
٢٥ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ٥٦ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية
٢. و ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

جرت التفاعلات على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٦ دقائق .

وباكتمال تفاعلات التدوير الحراري تم غسل كل عينة من DNA مكبر وتمت تنقيتها باستخدام طقم تنقية من نوع :

(Qiaquick Spin PCR) ، متوفر لدى :

(Qiagen, Gaithersburg, MD, USA)

٥

وجرت تعريض كل عينات الـ DNA المكبرة للهضم مع قيود انزيمات نووية داخلية NcoI و EcoRI متوفرة لدى :

(NEW England BioLabs, Beverly, MA, USA)

أوفي حالة HPSeq ٨٢ . ٨٢١ ٤ (تسلسل ذي الرقم المرجعي ١٣٠٩) ، ب NdeI و EcoRI

١٠. كما ورد في :

(Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley and Sons Inc. F. Ausubel et al. eds 1994)

ثم تلا ذلك تعريض عينات DNA للاستشراء على ١٪ (FMC Bioproducts, Rockland ME USA) Nu Seive

جلات أغاروز . وقد تم إبداء DNA لعينان بواسطة تعريضها

١٥ لبروميد الاثيديوم ولموجة طويلة uv من الاشعاع . وتم تنقية DNA الموجود في

شرائح مفصولة عن جل اغاروز باستخدام طريقة طقم (Bio 101 Gene Clean) من

(Bio 101 Vista CA U.S.A)

"استنساخ تسلسلات DNA بكتيريا H.Pylori في ناقل تجسيد بدائي النواة

: pET-28b

جري تحضير ناقل pET-28b للاستنساخ بواسطة الهضم مع NcoI و EcoRI ، أو في

حالة بروتين ٨٢. ٨٢١ ٤ بكتيريا H.Pylori مع NcoI و EcoRI : وفقاً لـ:

Current protocols in Molecular Biology, John wiley and sons Inc., F. Ausubel et al., ed5., 1994).

٥ وفي حالة استنساخ ppiB ، تم استخدام الناقل PET-28q ، الذي يشفر His-Tag

والذي ينصهر عند اطرف ٥' من جين داخل ، وتم تحضير موقع الاستنساخ للاستنساخ

بجين ppiB بواسطة الهضم مع BamHI و XhoI وهي قيود أنزيمات نووية باطنية .

بعد الهضم ، جرى استنساخ مدخلات DNA وفقاً لـ:

Current Protocols in Molecular Biology John Wiley and Sons Inc. F. Ausubel et al., eds. 1994).

١٠.

في ناقل التجسيد PET-28b الذي سبق هضمه ، باستثناء الحشوة المكبرة لـ ppiB

التي تم استنساخها إلى ناقل تجسيد pET-28q . وعندئذ تم استخدام مركبات تفاعل

الربط لتحويل سلالة BL21 من بكتيريا E.Coli وفقاً لـ:

Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley and Sons, Inc. F. Ausubel et al. eds 1994)

١٥

كما هو موصوف لاحقاً .

«تحويل بكتيريا مؤهلة ببلازميدات معيدة اتحاد»

تم تحويل بكتيريا مؤهلة من سلالة BL21 من بكتيريا E.Coli ، أو من سلالة (DE₃)

BL21 من بكتيريا E.Coli ببلازميدات تجسيد pET معيدة اتحاد مع تنفيذ

٢٠ التسلسلات المستنسخة من H.Pylori وفقاً للطرق القياسية الواردة في :

(Current protocols in Molecular, doh Wiley and Sons Inc., F. Ausubel et al., eds 1994).

باختصار ، جرى خلط ١ ميكروليتر من تفاعل ربط مع ٥٠ ميكروليتر من خلايا مؤهلة

كهربائياً وتعريضها لنبضات فولطية عالية ، بعدها ، تم احتضان العينات في واسطة

٥ SOC (٤٥.٠ ميلي ليتر) (خلاصة خميرة ٥٠٪ ، ٢٪ تريبتون ، ١٠ ميلي مول NaCl ،

٢٥.٠ ميلي مول KCl ، ١٠ ميلي مول $MgCl_2$ ، ١٠ ميلي مول $MgSO_4$ و ٢٠ ميلي

مول غلوكوز) علي ٣٧ درجة حرارة مئوية مع التقليب لمدة ١ ساعة بعد ذلك تم نشر

العينات على صفائح ١ غار LB محتوية على ٢٥ ميكروجرام /مليتر من كبريتات

كاناميسين للنمو طوال الليل . عندئذ جرى التقاط المستعمرات المتحولة من BL21

١٠ وتحليلها بغرض تقييم الحشوات المستنسخة كما هو موصوف لاحقاً .

« تعريف بلازميدات تجسيد pET معيدة اتحاد تحمل تسلسلات بكتيريا H.Pylori :

جرى تحليل نسائل BL21 الفردية المتحولة مع ORFs بكتيريا H.Pylori ، pET-28b

بواسطة تكبير PCR الحشوات او المدخلات المستنسخة باستخدام نفس المهدات

الامامية والخلفية خاصة لكل تسلسل بكتيريا H.Pylori ، والتي تم استخدامها في

١٥ تفاعلات استنساخ تكبير PCR الاصلي أثبت التكبير الناجح تكامل تسلسلات

بكتيريا H.Pylori ، في ناقل التجسيد وفقاً لـ :

(Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley and Sons Inc., F. Ausubel et al., eds 1994)

« عزل وتحضير DNA بلازميد من محولات BL21 »

٢٠ جرى تناول نسائل فردية من نواقل pET-28b معيدة اتحاد تحمل ORFs بكتيريا

H.Pylori ، مستنسخة بشكل صحيح واحتضانها في ٥، مل من LB broth زائد ٢٥ ميكروجرام/ ميليلتر من كبريتات كاناميسين طوال الليل وفي اليوم التالي تم عزل DNA البلازميد وتنقيته باستخدام طريقة تنقية بلازميد وفقاً لـ :
"Qiagen" (Qiagen Inc. chatsworth CA, U.S.A)

٥ «تجسد تسلسلات بكتيريا H.Pylori ، معيدة اتحاد في بكتيريا E.Coli

يمكن توالد الناقل pET في اية سلالة من بكتيريا E.Coli K-12 مثل DH5 , JM109, HB 101 , HMS174 ، الخ ، بغرض الاستنساخ او لتحضير بلازميد . تشمل حاضنات التجسيد سلالات E.Coli محتوية على نسخة كروموزومية من الجين لبوليميريز T7RNA . وهذه الحاضنات هي جنيات انحلال من ملتهم بكتيري DE3 ، مشتق لامي (ملتقى الدرز السهمي بالدرز اللامي) ينل جين أل IacI ، ومعرض أل Lac UV5 ، والجين الخاص لبوليميريز T7RNA . ويتم حث بوليميريز T7RNA بواسطة اضافة ايسوبروبيل - D - B - ثيوغلاكتوسيد (IPTG) ، وبوليميريز أل T7RNA الذي ينسخ أي بلازميد هدهي ، مثل pET-28b حاملاً معرض T7 وجين معني والسلالات المستخدمة تشمل :

١٥ (BL21 (DE3) (Studier, F.W ROSENBERG, A.H., Dunn, J. J. and Dubendorff J. W. (1990) Meth. Enzymol. 185, 60 - 89).

ولتجسيد تسلسلات بكتيريا H.Pylori ، معيدة اتحاد ، تم استخدام ٥٠ نانوجرام من DNA بلازميد معزول كما سبق وصفه لتحويل بكتيريا مقتدرة او مؤهلة BL21 (DE3) كما سبق وصفه (مدفلة بواسطة Novagen كجزء من طقم نظام تجسيد pET) . وتم تجسيد جين LacZ (بيتا جلاكتوسيديس) في نظام pET- كما هو موصوف

لانشاءات معيدات اتحاد بكتيريا H.Pylori ، وتم زرع الخلايا المتحولة في واسطة SOC لمدة ١ ساعة وعندئذ تم نشر الزريعة على صفائح LB محتوية على ٢٥ ميكروجرام / ميللتر سلفات كاناميسين . وفي اليوم التالي ، تم تجميع مستعمرات بكتيرية وتنميتها في واسطة LB محتوية على سلفات كاناميسين (٢٥ ميكروجرام/ميللتر) لكثافة بصرية على وحدات من ٦٠٠ نانومتر من ٠.٥ - ١ قطر خارجي (O.D) حيث يضاف عند هذه النقطة ١ ميلي جزيئي غرامي من IPTG للزريعة لمدة ٢ ساعات لحث تجسيد جين من تركيبات DNA معيدة اتحاد من بكتيريا H.Pylori .

وبعد الحث الخاص بتجسيد جين مع IPTG تم تكوين البكتيريا بواسطة الطرد المركزي في فرازة أو نابذة من نوع Sorvall RC-3B على $3500 \times g$ لمدة ١٥ دقيقة وعلى ٤ درجة حرارة مئوية . ثم أعيد تعليق الكريات في ٥٠ ميلي ليتر من ١٠ ميلي مـول من Tris-HCl ، بدرجة حموضة ٨ ، و NACL ٠.١ مـول تركيز جزيئي غرامي و ٠.١ ميلي مول EDTA (sTEbuffer) وعندئذ تم طرد الخلايا مركزياً على $2000 \times g$ لمدة ٢٠ دقيقة على ٤ درجات حرارة مئوية . تم وزن الكريات المبتلة وتجميدها على - ٨٠ درجة حرارة مئوية حتى اصبحت جاهزة لتنقية بروتين .

III - " تنقية بروتينات معيدة اتحاد من بكتيريا E.Coli "

طرق تحليلية :

قيست كميات تركيزات مستحضرات بروتينات منقاة بواسطة سبكتروفوتوميتر : (مقياس الشدة النسبية لأجزاء الطيف) باستخدام معاملات امتصاصية معدودة من

محتويات حامض أميني وفقاً لما ورد في :

(Perkins S.J. 1986 Eur. J.Biochem. 157 169-180)

كما قيست تركيزات البروتين بواسطة طريقة :

(Bradford, M.M. (1976) Anal. Biochem. 72, 248-254 and Lowry, O.H.

Rosebrough N., Farr, A. L. and Randall, R.J. (1951) J. Biol. chem. 193 Pares 265-275)

باستخدام أ ح (ألبومين) مصل بقري كمقياس .

وتم شراء جلات SDS - بولي اكريلاميد (١٢٪ أو ٤ - ٢٥٪ جلات منحدرية من اكريلاميد) من :

(BioRad, Hercules, CA USA)

وصبغها بأزرق Coomassie . واحتوت مؤشرات الوزن الجزيئي الغراممي ميوسين

عضل هيكلي لارنب (٢٠٠ kDa) ، (- جلاكتوسيديس (١١٦ kDa) من بكتيريا E.Coli ،

فوسفوريليس B عضل ارنب (٩٧٤ kDa) . أ ح او زلال مصل بقري (٦٦٢ kDa) زلال

بيض (٤٥ kDa) ، انهيدريس كربونيك بقري (٣١ kDa) مانع تربسين فول الصويا

(٢١٥ kDa) خميرة حالة من بياض البيض (١٤٤ kDa) ، وأبروتينين بقري (٦٥ kDa)

(kDa

I . تنقية البروتينات القابلة للذوبان :

جري تنفيذ كل الخطوات على ٤ درجات حرارة مئوية وتم تذويب الخلايا المجمدة وإعادة

تعليقها في ٥ أحجام من منظم انحلال (٢٠ ميلي مول Tris ، درجة حموضة ٧.٩ ، NaCl

٢٠ ني ٢ تركيز جزيئي جراي ، ٥ ميلي مول مع ١٠٪ غليسيرول ، ١٠٪ من ٢ - ميركبتو

إثانول ، ٢٠٠ ميكروجرام/ ميللتر خميرة حالة ، ١ ميلي مول فلوريد فينيل ميثيل

سلفونيل (PMSF) ، و ١٠ ميكروجرام/ ميليلتر لكل من ليوبيببتين ، أبروتينين ،
بيبتاتين ، L - ١ - كلورو - ٣ - [٤ - طوسيل أميدو] - ٧ - أمينو - ٢ - هيبтанون
(TLCK) ، L - ١ - كلورو - ٢ - [٤ - طوسيل أميدو] - ٤ - فينيل - ٢ - بوتانون
(TPCK) ، ومانع تريپسين فول صويا ، وتفتيتها بواسطة عدة ممرات عبر مسيل

٥ ميكرو ذي حجم صغير

(Model - M - llos, Microfluidics International Corporation, Newton, MA)

ونائج التجانس تم جعله ١٪ Brij35 ، وطرده مركزياً على ١٠٠.٠٠٠ g لمدة ١ ساعة
للحصول على مادة عائمة صافية (مستخلص خام) .

وبعد الترشيح من خلال مرشح من نوع "Supor" ذي ٨ ر . ميكرومتر متوفر من

١٠ (Gelman Sciences, FRG) ، تم تحميل الخلاصة الخـام مباشرة على

Ni 2+ - nitrilotriacetate- agarose (NTA) بحجم قاعدي قدره ٥ ميلي لير وفقاً لما
ورد في :

(Hochuli, E., Dbeli, H, and Schacheer, A. (1987) J. Chromatography 411, 177-184) .

١٥ مع موازنتها مسبقاً في منظم حال محتوي على ١٠٪ غليسيرول ، ١٠٪ Brij35 و١

ميلي مول من PMSF . تم غسل العمود ب ٢٥٠ ميليلتر (٥٠ مقدار طبقي) من منظم

حال محتوي على ١٠٪ غليسيرول ، ١٠٪ Brij35 ، وتم شطفه بخطوات متعاقبة من

منظم حال محتوي على ١٠٪ غليسيرول ، ٥٠٪ Brij35 ، ١ ميلي مول PMSF ، و ٢٠٠ ،

١٠٠ ، ٢٠٠ ، ٥٠٠ ميلي مول اميدازول بالتعاقب ، وتمت مراقبة الاجزاء بواسطة

الامتصاص على $OD_{280\text{ nm}}$ ، وتحليل الاجزاء العلوية بواسطة sDs - PAGE وغسلت

الاجزاء المحتوية على بروتين معيد اتحاد في ١٠٠ ميلي مول ١ ميدازول .

"بروتين ٦٣٧ ٤٦٤٠ ١ معيد اتحاد وبروتينات ، بيتا جلاكتوسيديس (LacZ)

وايسومريز بينيتديال - بروليل Cis-trans "

٥ جرى تجميع الاجزاء المحتوية على بروتينات معيدة اتحاد من أعمدة أل - NTA - Ni^{2+}

agarose وتركيزها لوالي ٥ ميليلتر بواسطة الترشيح بالطرد المركزي (Centriprep)

10, Amicon, MA) وتحميلها على عمود ١٨٠ - ميليلتر (٩١×١٦ سنتيمتر) واسطة

ترشيح جل من (SePh ac ry1- S - 100 HR) .

ثم موازنتها في Buffer A (١٠ ميلي مول Hepes ، درجة حموضته ٧.٥ ، ١٥٠ ميلي

١٠ مول NaCl ، ٠.١ ميلي مول EGTA) وتسييرها في BuffuA على ١٨ ميليلتر/ساعة .

كما تم تحديد الاجزاء المحتوية على بروتين معيد اتحاد بواسطة الامتصاص على ٢٨٠

نانوميتر والتحليل بواسطة SDS - PAGE . وتم تجميع الاجزاء وتركيزها بواسطة

الترشيح بالطرد المركزي .

« بروتين ٦٢٦ ١١٦ ٧ معيد اتحاد » :

١٥ جرى تجميع الاجزاء المحتوية على بروتين معيد اتحاد من عمود أل - NTA - Ni^{2+}

agarose ، وديلزتها (إجراء فصل غشائي لها) طول الليل على ١ ليتر من منظم ديلزة

(١٠ ميلي مول MORs ، درجة حموضة ٦.٥ ، ٥٠ ميلي مول من NaCl ، ٠.١ ميلي مول

من EGTA ، ٠.٢٪ من Brij35 و ١ ميلي مول من PMSF) وفي الصباح - أزيل

مترسب أبيض دقيق بواسطة الطرد المركزي وتم تحميل المادة العائمة الناتجة على

عمود فصل كروماتوغرافي سائل عالي الأداء من نوع Monos ذي ٨ ميليلتر (٨×٧٥

ميلمتر) متوفر لدى :

(Pharmacia Biotechnology Inc. Piscataway, NJ, USA)

وموازنته في منظم B (١٠ ميلي مول من MoPs ، درجة حمضته ٦٫٥ ، ١٫٠ ميلي مول

٥ من MEGA) محتوي على ٥٠ ميلي مول من NaCl تبع ذلك غسل العمود بعشرة

أحجام طبقية رقيقة من المنظم B المحتوي على ٥٠ ميلي مول من NaCl وتظهره مع

٥٠ ميللتر من NaCl (٥٠ - ٥٠٠ ميلي مول) . تم شطف بروتين ٦٢٦ ١١٦ ٧ معيد اتحاد

كقمة حادة بحوالي ٣٠٠ ميلي مول NaCl .

٢ . « تنقية بروتينات غير قابلة للذوبان من اجسام تضمين » نفذت الخطوات التالية

١٠ على ٤ درجات حرارة مئوية أعيد تعليق كريات أو حبيبات الخلية في منظم حال مع

١٠٪ غليسيرول ، ٢٠٠ ميكروجرام خميرة انحلال ، ٥ ميلي مول من EDTA ، ١ ميلي

مول من PMSF و ١٪ ميركبتو ايثانول .

وبعد تمريرها في مفتت خلايا ، تم جعل المتجانس الناتج ٢٪ ديوكسي كوليت -

والتقليب لمدة ١٠ دقائق ، ثم الطرد المركزي على ٢٠٠٠ × ق لمدة ٣٠ دقيقة ، وغسل

١٥ الكريات بمنظم حال محتوي على ١٠٪ غليسيرول ، ١٠ ميلي مول من EDTA ١٪

Triton X-100 ، ١ ميلي مول من PMSF ، ١٪ - ميركبتو ايثانول ، تبعه عدة غسولات

بمنظم حال محتوي علي يوريا بتركيز جزئي غرامي ١ و ١ ميلي مول من PMSF ، و

١٪ من ٢ - ميركبتو ايثانول . كانت الكريات البيضاء الناتجة مؤلفة من

أجسام ضمنية ، خالية من خلايا غير مفتتة ومن مواد غشائية « البروتينات ٧.٢ ٥٤ .
٢٦ ، ٠.٦ ، ١٦ ٢٢٥ ، ٣٣٢ ، ١٠٠ ، ٣٠ ، ٦١ ، ٧٢١ ٤ معيدة الاتحاد » :

نفذت الخطوات التالية على درجة حرارة الغرفة . أذيبت الاجسام الضمنية المنقاة في
٢. ميللتر من يوريا ذات تركيز جزيئي غرامي ٨ ، في منظم انحلال مع ١ ميلي مول

٥ من PMSF و ١.٠٪ من ٢ - ميركبتو ايثانول ، واحتضانها على درجة حرارة الغرفة
لمدة ١ ساعة . أزيلت المواد التي لم تذب بواسطة الطرد المركزي . تلا ذلك ترشيح المادة
العائمة الصافية وتحميلها على عمود من Ni^{2+} NTA agarose متوازن مسبقاً في
يوريا ذات تركيز جزيئي غرامي قدره ٨ في منظم تحليل ، وغسل العمود بحوالي ٢٥٠
ميللتر (من ٥٠ حجم طبقي) من منظم الانحلال المحتوي على يوريا بتركيز جزيئي

١٠. غرامي ٨ ، وعلى ١ ميلي مول من PMSF ، وعلى ١.٠٪ من ٢ - ميركبتو ايثانول ،
وتظهيرها بخطوات متتابة من منظم انحلال محتوي على يوريا ذات تركيز جزيئي
غرامي قدره ٨ ، وعلى ١ ميلي مول من PMSF ، وعلى ١.٠٪ من ٢ - ميركبتو ايثانول
وعلى ٢٠ ، ١٠٠ ، ٢٠٠ ، ٥٠٠ ميلي مول من ١ ميدازول بالتتابع . روقبت الاجزاء
بواسطة الامتصاص علي OD_{280 nm} ، وتم تحليل الاجزاء العلوية بواسطة SDS

١٥ PAGE ، وغسل الاجزاء المحتوية على بروتين معيد اتحاد بحوالي ١٠٠ ميلي مول من ١
ميدازول .

« بروتينات ٢٩٤٧٩٦٨١ ، ٣١٨ ، ٨٣ ، ٢٦ معيدة اتحاد » أذيبت الكريات المحتوية على

أجسام ضمنية في المحلول المنظم B المحتوي علي يوريا بتركيز جزيئي غرامي قدره ٨ ،

و ١ ميلي مول من PMSF و ١.٠٪ من ميركبتو ايثانول ، واحتضانها لمدة ١ ساعة على

٢. درجة حرارة الغرفة ، تلا ذلك إزالة المواد غير القابلة للذوبان بواسطة الطرد المركزي

على ٢٠.٠ g لمدة ٢٠ دقيقة ، وتم تحميل المادة العائمة الصافية على عمود Sp-
 Sepharose ١٥ ميللتر (١٦×٧٥ سنتيمتر) متوازن مسبقاً في المحلول المنظم B ،
 يوريا ذات تركيز جزيئي غرامي ١.٦ ميلي مول من PMSF ، و ٠.١٪ - ميركبتو
 ايثانول . وبعد غسل العمود ما بعشرة أحجام طبقية رقيقة تم تظهِر ————— يرة بمنحدر
 مستقيم من صفر إلى ٥٠٠ ميلي مول NaCl .

« ديلزة وتركيز عينات البروتين »

أزيلت اليوريا ببطة من عينات البروتين بواسطة الديلزة على محلول مالح
 Tris-buffered (TBS ، ١٠ ميلي مول Tris ، درجة حموضة ٨ ، ١٥٠ ميلي مول NaCl)
 محتوي على ٠.٥٪ ديوكسي كوليت (DOC) مع خفض تناوبي في تركيز اليوريا كما
 يلي : ٦ تركيزات جزيئية غرامية ، ٤ تركيزات جزيئية غرامية ، ٣ تركيزات جزيئية
 غرامية ، ٣ تركيز جزيئي غرامي ، ١ تركيز ، ٠.٥ تركيز جزيئي غرامي وأخيراً TBs
 بدون أي يوريا . وكانت كل خطوة ديلزة . فصل غشائي) تجري مدة ٤ ساعات على الأقل
 وعلى درجة حرارة الغرفة وبعد الديلزة ، تم تركيز العينات بواسطة ترشيح الضغط
 باستخدام خلايا مقلبة بالأميكون قيس تركيزات البروتين باستخدام طرق :

١٥ . Anal. Biochem . (1976) Bradford (157, 169 - 180) ur. J. biochem . (1986 Perkins)
 72 248 - 254) and Lowry ((1951) J. Biol. Chem. 193 Paycs 265-275)

والبروتينات معيدة الاتحاد المنقاة بواسطة الطرق الموصوفة بعالية ملخصة في
 جدول ٤ .

جدول ٤

			Bacterial cell			Final	
	Homolog	Gene symbol	fraction used to		Relative MW	concentration	
J99 Sequence	identified	of	purify recombinant	Method of	on SDS-PAGE	of purified	Composition
Identifier	by Blast	Homolog	proteins	purification	gel	protein	of buffer
Outer Membrane Proteins							
16225006	P28635	YEAC	Inclusion bodies	His-Tag	18 kDa	5 mg/ml	B
26054702	P15929	flgH	Inclusion bodies	His-Tag	37 kDa	1.18 mg/ml	B
						----	as dry pellet
7116626	P26093	e(P4)	Soluble fraction	His-Tag	29 kDa	0.8 mg/ml	A
						1.85 mg/ml	C
29479681	P13036	fecA	Inclusions bodies	SP-Sepharose	23 kDa	2.36 mg/ml	B
						0.5 mg ml	B
						----	as dry pellet
14640637	P16665	TPF1	Soluble fraction	His-Tag	17 kDa	2.4 mg/ml	A
				gel filtration S100 HR			
Periplasmic/Secreted Protein							
3010032	P23847	dppA	Inclusion bodies	His-Tag	11 kDa	2.88 mg/ml	B

4721061	P36175	GCP	Inclusion bodies	His-Tag	38 kDa	2.8 mg/ml	B
Other Surface Proteins							
4821082	P08089	M protein	Inclusion bodies	His-Tag	20 kDa	1.16 mg/ml	B
978477	L28919	FBP54	Inclusion bodies	SP-Sepharose	44 kDa	2.56 mg/ml	B
						0.3 mg/ml	B
Inner Membrane Proteins							
26380318	P15933	flgG	Inclusion bodies	SP-Sepharose	11 kDa	22 mg/ml	B
Control Proteins with His-Tag							
	P00722	lacZ	Soluble fraction	His-Tag	116 kDa	10 mg/ml	A
				gel filtration S200 HR			
		ppiB	Soluble fraction	His-Tag	21 kDa	4.4 mg/ml	A
				gel filtration S100 HR			
Buffer compositions:							
A= 10 mM Hepes pH 7.5, 150 mM NaCl, 0.1 mM EGTA							
B= 10 mM Tris pH 8.0, 150 mM NaCl, 0.5 % DOC							
C= 10 mM MOPS pH 6.5, 300 mM NaCl, 0.1 EGTA							

IV تحليل بروتينات بكتيريا H.Pylori مرشحة لأن تكون لقاحات لتقصي التأثير الخاص بالتضمنين المناعي لبروتينات H.Pylori ، تم استخدام فأر/ نموذج بكتيريا H.Pylori في كثير من المظاهر . والتركيز انصب على تأثير التطعم عن طريق الفم في حيوانات مصابة ببكتيريا H.Pylori بغرض اختبار فكرة المدادة المناعية للعلاج عن طريق الفم .
٥
الحيوانات :

تم شراء فئران اناث من نوع SPF BALABIC من مركز Bromholt Breeding في الدنمرك ، ووضعت في أقفاص Makrolon العادية مع إعطاءها فرصة تناول الطعام والماء كيفما تشاء . كان عمر الحيوانات هذه عند وصولها حوالي ستة أسابيع .
١٠. الاصابة :

بعد مضي اسبوع على الاقل علي تأقلمها ، تم اصابتها بسلالة نوع ٢ (VacA negative) من بكتيريا H.Pylori (سلالة ٢٤٤ ، معزولة أصلاً من مريض بالقرحة . وتحت أيدينا ، أثبتت هذه السلالة سابقاً على أنها مستعمر جيد لمعدة الفأر . تم تنمية البكتيريا طوال الليل في حساء من Brucella مضاف إليه ١٠٪ مصل عجل جنيني وعلى ٣٧ درجة حرارة مئوية في جو محب للهواء (١٠٪ ثاني أكسيد الكربون ، ٥٪ أكسجين) أعطيت الحيوانات جرعة من أميبرازول عن طريق الفم (٤٠٠ ميكروجرام/كيلوجرام) وأعطيت بعد ٣ - ٥ ساعات من ذلك ، تلقيح او تطعيم عن طريق الفم من بكتيريا H.Pylori في حساء (حوالي ١٠^٨ /cfu الحيوان) ، وبعد التلقيح هذا بحوالي ٢ - ٣ أسابيع تم فحص مدى الاصابة الايجابي لبعض الحيوانات .
١٥

«مولدات المضادات»

جرى انتقاد مولدات مضادات بكتيريا H.Pylori المعيدة الاتحاد على أساس ارتباطاتها بالاغشية الخلوية من بكتيريا H.Pylori ، المعرضة للخارج . وتم انتقاء هذه المولدات من المجموعات التالية :

٥ (١) : بروتينات أغشية خارجية (٢) بروتينات مفرزة / سيتوبلازمية (٣) بروتينات سطحية خارجية ، (٤) بروتينات أغشية داخلية .

وقد تم انشاء كل البروتينات المعبدة الاتحاد مع hexa-His tag لاسباب تتعلق بالتنقية . وتم انشاء بروتينات الضبط الغير H.Pylori b) - جلاكتوسيديس من بكتيريا E.Coli ، LacZ) بنفس الطريقة ظهرت مولدات المضادات جميعها في شكل

١٠ قابل للذوبان اي أذيبت إما في محول منظم من HEPES أو في محول منظم محتوي على ٥٠٪ ريوكسي كوليت (DOC) .

ومولدات المضادات مدرجة في جدول ٥ .

« جدول ٥ »

بروتينات بكتيريا Helicobacter Pylori :

١٥ بروتينات أغشية خارجية :

بروتين ٧١١٦٦٢٦

بروتين ٤٧٢١.٦١

بروتين ١٦٢٢٥.٠٦

بروتين ٢٩٤٧٩٦٨١

٢٠ بروتين ١٤٦٤.٦٣٧

بروتينات مفرزة / سيتوبلازمية :

بروتين ٣.١٠.٣٣٢

بروتينات غلافة خلية أخرى :

بروتين ٤٨٢١.٨٢

٥ بروتينات مرتبطة ب Flagella :

بروتين ٢٦٣٨.٣١٨

بروتينات ضبط :

ط - جلاتوسيديس (LacZ)

التحصينات :

١٠. تم تحصين الحيوانات في كل مجموعة ٤ مرات على مدى ٣٤ يوم (اليوم ١، ١٥، ٢٥، ٣٥)، أعطيت مولدات المضادات المنقاة سواء في محلول أو في معلق بجرعة قدرها ١٠٠ ميليجرام/فأر . وكمساعد ، أعطيت الحيوانات أيضاً ١٠ ميكروجرام/ فأر من سم الكوليرا CT مع كل تحصين . كما تم إعطاء الحيوانات أميبرازول (٤٠٠ ميلي مول/ كيلوجرام) عن طريق الفم قبل التحصين بحوالي ٣ - ٥ ساعات كوسيلة لحماية مولدات المضادات من تحلل حامضي . أما الحيوانات المصابة الخاصة بالضبط فقد تلقت محلول منظم من CT + HEPES أو محلول منظم من CT + DOC وتمت التضحية بالحيوانات في غضون ٢ - ٤ أسابيع بعد التطعم . وجدول ٦ مبين فيه نتيجة هذه الدراسة :
- ١٥

جدول ٦

نتيجة الدراسة ، تحصين علاجي :

كانت جميع الفئران قد أصيبت ببكتريا H.Pylori سلالة Ah244 في اليوم الثلاثين :

<u>Substance</u>	<u>Mouse strain</u> <u>n=10</u>	<u>Dose/mouse</u>	<u>Dates for</u> <u>dosing</u>
1. Controls, PBS	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
2. Cholera toxin, 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
3. Protein 16225006, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
4. Protein 26054702, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
5. Protein 26380318, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
6. Protein 29479681, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
7. Protein 30100332, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
8. Protein 4721061, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
9. Protein 4821082, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
10. Protein 7116626, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34
11. Protein 14640637, 100 µg + CT 10 µg	Balb/c	0.3 ml	0, 14, 24, 34

تحليل العدوي (الاصابة) :

اصابة أو عدوى مخاطية :

تمت التضحية بالفئران باستخدام ثاني أكسيد الكربون والنزع العنقي وفتح البطن وأزيلت المعدة . وبعد قطع المعدة على طول منحناها تم شطفها بمحلول مالح . وتم كشط الغشاء المخاطي من التجويف وتم كشط جزء من البطن قدره ٢٥ ميليمتر مربع على انفصال بموضع جراحي ، وتم تعليق الغشاء المخاطي في محلول Brucella ونشره على صفائح انتقائية من Blood Skirrow . وتم حضن الصفائح تحت ظروف محبة للهواء لمدة ٣ - ٥ أيام وعندئذ تم عد المستعمرات . وتم تأكيد هوية بكتيريا H.Pylori بواسطة اختبار أنزيم اليوراز وأنزيم الكتالاز (انزيم مؤكسد) وبواسطة التنظير المجهرى المباشر أو بواسطة الصبغ أو التلطix الجرامي . ١٠

واختبار انزيم اليوراز فقد تمت تأديته على النحو التالي تم شراء الكاشف مركز قاعدي من أغاريوريا من معامل DiFCO دينزويت ميامي (كاتا لوج رقم ٤٨٤ - ٦١ - ٣) ، وتم تخفيف المركز القاعدي من أغاريوريا ١ : ١٠ بالماء . وتم خلط ١ ميليلتر من المركز المخفف مع ١٠٠ - ٢٠٠ ميليلتر من خلايا نامية على نحو نشيط من بكتيريا

H.Pylori . تغير اللون إلى الأرجواني دل على أن الخلايا كانت موجبة أنزيم اليوراز . ١٥
أما اختبار انزيم الكتالاز فقد تم اجراؤه من الناحية الجوهرية على النحو التالي . تم شراء الكاشف N , N , N , N , - رباعي ميثيل - p - فينيلين ثنائي أمين من Sigma ، سنيت لويس (كاتالوج رقم T3134) . وجرى تحضير من الكاشف (١٪ وزن

في حجم في الماء) وجرى جرف خلايا بكتيريا H.Pylori على ورقة مرشح What man ٢٠
وغُطيت بـ ١٪ محلول . تغير اللون إلى الأزرق الداكن دل على أن الخلايا كانت موجبة

انزيم الكتالاز .

أجسام مضادة مصلية (من المصل) :

كان المصل من الفئران الذي تم تحضيره من الدم مسحوب بواسطة ثقب القلب . وتم التعريف بأجسام مضادة من المصل بواسطة اساليب فنية نظامية من ELISA حيث تم

٥ نشر مولدات المضاد النوعية من بكتيريا *Helicobacter Pylori* .

أجسام مضادة من أغشية مخاطية :

تم تأدية الكشوطات الخفيفة لجزء محدد من الجسم ولاربعة سنتيمترات من الاثنا عشر في ٥٠٪ من الفئران بغرض اكتشاف وجود أجسام مضادة في الغشاء المخاطي . وتم تحديد معايير الجسم المضاد بواسطة تقنيات نظامية من ELISN كما هو الحال

١٠ النسبة للأجسام المضادة من الأمصال .

تحليل إحصائي :

تم استخدام اختبار نظام اشارة "Wilcoxon - Mann - Whitney" لتحديد التأثيرات الهامة لمولدات المضادات على استعمار بكتيريا *H.Pylori* واعتبر المعيار P أكثر من ٥.٠ ر. وعلي أنه هام . ولأن التجويف هوالموقع الرئيسي لاستعمار *Helicobacter* جرى وضع معظم التأكيد على التغيرات في المستعمرة الجيبية (المتعلقة بالجيوب الانفية) .

١٥

النتائج :

أجسام مضادة في مصل :

كل مولدات المضادات التي تم اختبارها والمعالجة ب CT أعطت ارتفاعاً في معيار نوعي قابل للقياس في المصل . وأعلى الاستجابات شوهدت مع بروتين ٦٢٦ ١١٦ ٧ ،

بروتين ٦١. ٧٢١ ، بروتين ٣١٨. ٢٦٣٨ ، بروتين ٦٣٧. ١٤٦٤ ، بروتين ٨٢. ٨٢١ ٤
(انظر شكل ١) .

أجسام مضادة في الغشاء المخاطي :

في كشوطات الغشاء المخاطي ، شوهدت أجسام مضادة نوعية ضد كل مولدات المضادات
التي تم اختبارها . وإلى حد بعيد ، شوهدت الاستجابة الأقوى مع بروتين ٣٣٢. ١٠٠ ٥
تبعه بروتين ٦٣٧. ١٤٤٠٦ ، وبروتين ٣١٨. ٢٦٣٨ (انظر شكل ٢) .
تأثيرات التحصين العلاجي :

استعمرت كل حيوانات الضبط (فئران BALB/C) جيداً بكتيريا H.Pylori (سلالة
AH244) في كلا تجويف و بدن المعدة . ومن بين مولدات المضاد التي تم اختبارها
أعطت ثلاثة بروتينات (بروتين ٦١. ٧٢١ ، بروتين ٨٢. ٨٢١ ، بروتين ٦٣٧. ١٤٦٤) ١٠
خفضاً جيداً وهاماً ، و/أو أعطت إبادة لاصابة بكتيريا H.Pylori . وكانت درجة اصابة
او استعمار التجويف أقل بعد التحصين ببروتين ٦٢٦. ٧١١٦ ، وبروتين ٣١٨. ٢٦٣٨
مقارنة ببروتينات الضبط . ولم يختلف تأثير البروتينات ٦٠٠. ١٦٢٢٥ ، ٦٨١. ٤٧٩ ٢٩
و ٣٣٢. ١٠٠ عن بروتينات الضبط . ولم يكن لبروتين الضبط lacZ ، أي البروتين

غير الـ H.Pylori . وكل البيانات مبينة في شكل ٣ و ٤ للبروتينات المذابة في ١٥
HEPES وفي DOC على التوالي . والبيانات مبينة على انها قيم متوسطة هندسية .
 $n = 8 - 10$ اختبار نظام اشارة P = wilcoxon - Mann - Whitney أو أكبر من ٠.٥ ،
 $X / 10 =$ عدد الفئران التي أظهرت إبادة بكتيريا H.Pylori من بين العدد الكلي
للفئران التي تم اختبارها .

- أما البيانات المقدمة فتدل على أن كل البروتينات المرتبطة ببكتيريا *H.Pylori* والمدرجة بهذه الدراسة تؤدي إلى حفز استجابة مناعية عندما تستخدم كمولدات مناعة تعطي عن طريق الفم بالاقتران مع المساعد الفمي CT وفقاً لما تم قياسه بواسطة مصل نوعي وأجسام مضادة غشائية مخاطية . وغالبية البروتينات أدت إلى خفض ، وفي بعض الحالات أدت إلى إبادة تامة لاستعمار ببكتيريا *H.Pylori* في هذا النموذج من الحيوانات . ومما تجدر ملاحظته بان خفض او إبادة ذلك كان ناتجاً عن الحماية المختلفة الاصل أو المختلفة التكوين بدلا عن الحماية المماثلة (كانت البولي بيبتيديات مبنية على أساس تسلسل سلالة J٩٩ من ببكتيريا *H.Pylori* والمستخدمه في الدراسات العلاجية التحصينية ضد سلالة متحدية مختلفة (AH244) موضحة
١٠. قدرة اللقاح ضد تشكيلة واسعة من سلالات ببكتيريا *H.Pylori* .
- وأعلى استعمار (إصابة) في تجويف المعدة شوهد في الحيوانات التي عولجت ببروتين LacZ غير *Helicobacter* ، مما يدل على أن التأثيرات التي شوهدت مع مولدات مضادات ببكتيريا *H.Pylori* كانت نوعية .
- وبالنظر إلى هذه البيانات معاً يدعم استخدام بروتينات ببكتيريا *H.Pylori* ، بشدة في صياغة صيدلانية للاستخدام في البشر لعلاجهم و/أو لمنع إصابتهم ببكتيريا
- ١٥ *H.Pylori* .

V: «تحليل اختلاف تسلسل جينات في سلالات ببكتيريا *H.Pylori*»

جرى استنساخ أربعة جينات وسلسلتها من سلالات متنوعة من ببكتيريا *H.Pylori*

لمقارنة تسلسلات ألد DNA وتسلسلات حامض اميني التي تم الاستدلال عليها . وهذه المعلومات استخدمت لتحديد اختلاف التسلسل بين سلالة J٩٩ من بكتيريا H.Pylori وسلالات أخرى من بكتيريا H.Pylori من تلك التي تم عزلها عن مرضى من البشر .

تحضير DNA الكروموزومي :

- ٥ تم تنمية زرائع من سلالات بكتيريا H.Pylori (كما هو مدرج في جدول ٩) في BLBB (٨٪ تريبتون ، ٨٪ بيبتامين ، ٨٪ جلوكوز ، ٢٪ خلاصة خميرة ، ٥٪ كلوريد صوديوم ، ٥٪ مصّل بقرى جنيني) لـ OD₆₀₀ ذي ٢.٠. تلا ذلك طرد الخلايا مركزياً في نابذة Sorvall RC-3B على ٣٥٠٠ × g ، على ٤ درجات حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة ، وأعيد تعليق الكريات في ٩٥.٠ مل من ١.٠ ميلي مول من Tris-Hcl ، ومن ٨.٠ ميلي مول من EDTA (TE) وإضافة خميرة حالة لتركيز نهائي من ١ ميلي جرام/ملي لتر جنباً إلى جنب مع SDS لـ ٨٪ و RNase ATTI لـ ٥.٠ ميلي جرام/ملي لتر و ٥ وحدات/ملي لتر على التوالي ، والاحتضان على درجة حرارة ٣٧ لتركيز نهائي مكون من ٤.٠ ميلي جرام/ملي لتر ، واحتضان العينة على ٥٥ درجة حرارة مئوية لمدة تزيد عن ١ ساعة وإضافة Nacl للعينة لتركيز مكون من ٦٥.٠ تركيز جزيئي جرامي ، مع
- ١٥ الخلط بدقة ، وإضافة ١٥.٠ ميليلتر من ١٠٪ من CTAB في Nacl ذي تركيز جزيئي جرامي ٧.٠ (والنهائي ٨٪ CTAB / ٧.٠ ميلي مول من Nacl) تبعه الاحتضان على ٦٥ درجة حرارة مئوية لمدة ٢٠ دقيقة . وعند هذا النقطة جرى استخلاص العينات بكلوروفورم : كحول ايسول أميل ، واستخلاصها بفينول ، ثم استخلاصها مرة أخرى

بكلوروفورم : كحول ايسو أميل ، وترسيب DNA إما بواسطة EtOH (١٥×أحجام) أو بواسطة ايسو بروبانول (٦.٠× أحجام) وعلى - ٧٠ درجة حرارة مئوية لمدة ١٠ دقائق .
والغسل بما نسبته ٧٠٪ EtOH وإعادة التعليق في TE .
« تكبير PCR واستنساخه »

٥ جرى استخدام DNA مجيني محضر من ١٢ سلالة من بكتيريا H.Pylori كمصدر لـ DNA نموذجي لتفاعلات تكبير PCR وفقاً لما ورد في :
(Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley and sons, Inc. F. ausubel et al., editors 1994) .

ولتكبير تسلسل DNA محتوي على ORF بكتيريا H.Pylori تم إدخال DNA
١٠ مجيني (١٠ نانوجرام) في قارورة تفاعل محتوية على ٢ ميلي مول من Mgcl₂ ، وعلى
ممهات اوليجو نكليوتيد تركيبية ذات ١ ميكروجزيئي غرامي (ممهات امامية
وخلفية انظر جدول ٧) تكميلية لـ ومحيط بـ ORF بكتيريا H.Pylori ، و ٢.٠ ميلي
مول من كل من فوسفات ثلاثي ديوكسي نكليوتيد ، dATP ، dGTP ، dCTP ، dTTP ،
و ٥.٠ وحدات من بوليميريز DNA ثابت للحرارة متوفر لدى :

١٥ (Amplitaq, Roche Molecular Systems Inc. Branchburg, NJ, USA).
في حجم نهائي مكون من ٢٠ ميكروليتر في تفاعلات مزدوجة .

« جدول ٧ »

« مميزات اوليجو نكليوتيدات مستخدمة لتكبير PCR تسلسلات DNA بكتيريا

. H.Pylori

Outer membrane Proteins	Forward primer 5' to 3'	Reverse Primer 5' to 3'
Protein 26054702 (for strains AH4, AH15, AH61, 5294, 5640, AH18, and AH244)	5'-TTAACCATGGTGAAAAGCG ATA-3' (SEQ ID NO:169)	5'-TAGAATTCGCCTCTAAAACCTTAG-3' (SEQ ID NO:170)
Protein 26054702 (for strains AH5, 5155, 7958, AH24, and J99)	5'-TTAACCATGGTGAAAAGCG ATA-3' (SEQ ID NO:171)	5'-TAGAATTCGCATAACGATCA ATC-3' (SEQ ID NO:172)
Protein 7116626	5'-ATATCCATGGTGAGTTTGA TGA-3' (SEQ ID NO:173)	5'-ATGAATTCAATTTTTTATTTT GCCA-3' (SEQ ID NO:174)
Protein 29479681	5'-AATTCCATGGCTATCCAAAT CCG-3' (SEQ ID NO:175)	5'-ATGAATTCGCCAAAATCGTA GTATT-3' (SEQ ID NO:176)
Protein 346	5'-GATACCATGGAATTTATGAA AAAG-3' (SEQ ID NO:177)	5'-TGAATTCGAAAAAGTGTAGT TATAC-3' (SEQ ID NO:178)

٥ كما تم استخدام شروط التدوير الحراري لحصول على منتجات DNA مكبرة لكل

ORF باستخدام مدور حراري من :

(Perkin Elmer Cetus / gene Amp PCR System 9600).

بروتين ٧١١٦٦٢٦ وبروتين ٣٤٦

تغيير الخواص الطبيعية على ٩٤ درجة مئوية لمدة ٢ دقيقة ٢ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٣٠ درجة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

٢٣ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٥٥ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة جرت التفاعلات على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٦ دقائق .

بروتين ٢٦.٥٤٧.٢ للسلاسل AH5 ، ٥١١٥ ، ٧٩٥٨ ، AH24 و J٩٩ :

تغيير الخواص الطبيعية على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة ٢ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٣٠ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة .

٢٥ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٥٥ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ دقيقة جرى التفاعل على ٧٢ مئوية لمدة ٦ دقائق .

بروتين ٢٦.٥٤٧.٢ وبروتين ٢٩٤ ٧٩٦ ٨١٣ للسلاسل AH14 ، AH15 ، AH61 ، ٥٢٩٤ ، ٥٦٤. HP244 ، AH16 .

١٥ تغيير الخواص الطبيعية على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة ، ٢ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، على ٣٠ درجة حرارة مئوية لمدة ٢٠ ثانية ، وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة .

٢٥ دورة على ٩٤ درجة حرارة مئوية لمدة ١٥ ثانية ، وعلى ٥٥ درجة حرارة مئوية لمدة ٢٠ ثانية وعلى ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٢ دقيقة .

٢. جرت التفاعلات على ٧٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٨ دقائق . وبمجرد اكتمال تفاعلات التدوير الحراري ، تم توحيد كل زوج من العينات واستخدامه مباشرة للاستنساخ

إلى ناقل استنساخ PCR كما هو موصوف لاحقاً :

استنساخ تسلسلات DNA بكتيريا H.Pylori إلى ناقل استنساخ pCRTA .

تم استنساخ كل المدخلات المكبرة إلى ناقل ٢١١ pCR بواسطة الطريقة الموصوفة في :
(Original TA Cloning Kit (Invitrogen, San Diego, CA).

٥ كما تم عندئذ استخدام مركبات تفاعلات الربط لتحويل سلالة TOPIOF' (INVaF')
في حالة تسلسل ٢٥٠ من بكتيريا H.Pylori (من بكتيريا E.Coli كما هو موصوف
فيما بعد .

تحويل بكتيريا مؤهلة ببلازميدات معيدة اتحاد .

جرى تحويل بكتيريا مؤهلة سلالة TOPIOF' من بكتيريا E.Coli أو سلالة INVaF'

١٠ من بكتيريا E.Coli ببلازميدات تجسيد pCR معيدة اتحاد تحمل تسلسلات
مستنسخة من بكتيريا H.Pylori وفقاً للطرق القياسية :

(Current protocols in Molecular Biology, John Wiley and Sons Inc., F. Ausubel et
al. editors, 1994)

وباختصار ، أشيف ٢ ميكروليتر من BME ذي ٥٠ . ميكرو جزيئي جرامي إلى كل

١٥ قارورة ذات ٥٠ ميكروليتر من خلايا مؤهلة . وبعد ذلك ، تم خلط ٢ ميكروليتر من
تفاعل الربط مع الخلايا المؤهلة والاحتضان على الجليد لمدة ٣٠ دقيقة . تلا ذلك تعريض
الخلايا ومخلوط الربط إلى «صدمة حرارية» علي ٤٢ درجة حرارة مئوية لمدة ٣٠ ثانية ،
ووضعت علي الجليد لمدة ٢ دقيقة أخرى تم بعدها احتضان العينات في واسطة SOC ،

٤٥ . ميليلتر (٥٠٪ خلاصة خميرة ، ٢٪ تريبتون ، ١٠ ميلي مول NaCl ، ٢٥ ميلي

٢٠ . مول KCl ، ١٠ ميلي مول Mgcl2 ، ١٠ ميلي مول Mgso4 و ٢٠ ميلي مول جلوكوز)

على ٣٧ درجة حرارة مئوية مع التقليب لمدة ١ ساعة . تلا ذلك نشر العينات على صفائح
 أغار LB محتوية على ٢٥ ميكروجرام/ ميليلتر سلفات كاناميسين أو ١٠٠
 ميكروجرام/ميليلتر أمبيسيلان للنمو وذلك طوال الليل ، والتقاط المستعمرات
 المحولة من TOPIOF' أو من INVaF وتحليلها لتصميم الحشوات أو المدخلات المنسوخة
 ٥ كما هو موصوف فيما بعد .

«تعريف أو تحديد بلازميدات PCR معيدة اتحاد تحمل تسلسلات بكتيريا H.Pylori :

جرى تحليل النسائل الفردية في TOPIOF' أو من INVaF' المحولة مع ORFs , PCR
 بكتيريا H.Pylori معيد اتحاد بواسطة تكبير PCR الخاص بمدخلات مستنسخة أو
 مستنسخة باستخدام نفس المهارات الامامية والخلفية ، الخاصة بكل تسلسل من

١٠ تسلسلات بكتيريا H.Pylori ، التي تم استخدامها في تفاعلات استنساخ تكبير PCR
 الاصلية . أثبت التكبير الناجح تكامل تسلسلات بكتيريا H.Pylori في الناقل
 الناسخ وفقاً لما ورد في :

(Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley and Sons Inc. F. Ausubel et
 al editors 1994)

١٥ كما تم تناول النسائل الفردية من نواقل PCR معيدة الاتحاد التي تحمل ORFs
 مستنسخة من بكتيريا H.Pylori بغرض تحليل تسلسلاتها . وتمت تأدية تحليل
 التسلسلات على مسلسلات ABI باستخدام طرق قياسية (Perkin Elmer) التي

تستخدم مهادت نوعية النواقل (كما وجد في PCRi أو في :

PCR 2.1, Introgen, San diego CA).

٢٠ ومهادت مسلسلة خاصة بأل ORF كما هو مدون في جدول ٨ اللاحق .

« جدول ٨ »

« مميزات اوليجو نكليوتيد مستخدمة لسلسلة تسلسلات DNA بكتيريا H.Pylori :

Outer membrane Proteins	Forward primers 5' to 3'	Reverse Primers 5' to 3'
Protein 26054702	5'-CCCTTCATTTTAGAAATCG-3' (SEQ ID NO:179) 5'-ATTTCAACCAATTCAATGCG-3' (SEQ ID NO:180) 5'-GCCCCCTTTTGATTGGAAGCT-3' (SEQ ID NO:181) 5'-TCGCTCCAAGATACCAAGAAGT-3' (SEQ ID NO:182) 5'-CTTGAATTAGGGGCAAAGATCG-3' (SEQ ID NO:183) 5'-ATGCGTTTTTACCCAAAGAAGT-3' (SEQ ID NO:184) 5'-ATAACGCCACTTCCTTATTGGT-3' (SEQ ID NO:185)	5'-CTTTGGGTAAAAACGCATC-3' (SEQ ID NO:186) 5'-CGATCTTTGATCCTAATTCA-3' (SEQ ID NO:187) 5'-ATCAAGTTCCTATGCTGA-3' (SEQ ID NO:188)
Protein 7116626	5'-TTGAACACTTTTGATTATGCGG-3' (SEQ ID NO:189) 5'-GGATTATGCGATTGTTTTACAAG-3' (SEQ ID NO:190)	5'-GTCCTTAGCAAAAATGGCGTC-3' (SEQ ID NO:191) 5'-AATGAGCGTAAGAGAGCCTTC-3' (SEQ ID NO:192)
Protein 29479681	5'-CTTATGGGGGTATTGTCA-3' (SEQ ID NO:193) 5'-AGCATGTGGGTATCCAGC-3' (SEQ ID NO:194)	5'-AGGTTGTTGCCTAAAGACT-3' (SEQ ID NO:195) 5'-CTGCCTCCACCTTTGATC-3' (SEQ ID NO:196)
Protein 346	5'-ACCAATATCAATTGGCACT-3' (SEQ ID NO:197) 5'-ACTTGGAAGGCTCTGCA-3' (SEQ ID NO:198)	5'-CTTGCTTGTCATATCTAGC-3' (SEQ ID NO:199) 5'-GTTGAAGTGTGGTGCTA-3' (SEQ ID NO:200)
	5'-CAAGCAAGTGTTTGGTTTTAG-3' (SEQ ID NO:201) 5'-TGGAAAGAGCAAATCATTGAAG-3' (SEQ ID NO:202)	5'-GCCCATAATCAAAAAGCCCAT-3' (SEQ ID NO:203) 5'-CTAAAACCAAACCACTTGCTTGTC-3' (SEQ ID NO:204)
Vector Primers	5'-GTAAAACGACGGCCAG-3' (SEQ ID NO:205)	5'-CAGGAAACAGCTATGAC-3' (SEQ ID NO:206)

النتائج :

لانشاء معدل خطأ PCR في هذه التجارب ، تم سلسلة خمسة نسايل فردية من بروتين
٢٦.٥٤٧.٢ ، محضرة من خمسة أخلاط تفاعل PCR منفصلة من سلالة J٩٩ من

بكتيريا H.Pylori على مدى طول إجمالي من ٨٩٧ نكليوتيد ، لحوالي ٤٤٨٥ أساس

٥ اجمالي تراكمي من تسلسلات DNA . ثم جرت مقارنة تسلسلات DNA للنسائل

الخمس بتسلسلات DNA التي تم الحصول عليها سابقاً بواسطة طريقة مختلفة ، أي

طريقة استنساخ عشوائية فجائية وسلسلة عشوائية فجائية أيضاً .

تم تحديد معدل خطأ PCR للتجارب الموصوفة هنا على انه ٢ تغير أساسي من أصل

٤٤٨٥ أساس ، وهو ما يرادف معدل خطأ تقديري أقل من او يساوي ما نسبته ٠.٤ ٪ .

١٠ تم تأدية تحليل تسلسل DNA على أربعة اطارات قراءة مفتوحة مختلفة ORF معرفة

على انها جنيات ومكبرة بواسطة طرق PCR من درزن سلاسل مختلفة من بكتيريا

H.Pylori . أظهرت تسلسلات الحامض الاميني الناتجة من ثلاثة اطارات قراءة مفتوحة

من بين الاطارات المفتوحة البالغ عدده (٤) والتي تم انتقاءها لمثل هذه الدراسة ،

تماثل BLAsT هام احصائياً للبروتينات المحددة في أجناس بكتيرية أخرى . احتوت

١٥ هذه ألك ORFs على ما يلي :

بروتين ٢٦.٥٤٧.٢ ، متماثل مع جينات Val A and B التي تشفر ناقل ABC في

F.novicida ، بروتين ٧١٦٦٢٦ ، متماثل مع البروتين الشحمي e(P4) الموجود في

الغشاء الخارجي لـ H.influenzae بروتين ٢٩٤٧٩٦٨١ ، متماثل مع fecA مستقبل غشاء

خارجي في نقل ثنائي ستيران (III) حديد في بكتيريا E.Coli ، تم تحديد بروتين ٢٤٦ على أنه الاطار غير المعروف من القراءة المفتوحة ، لأنه أظهر تماثل منخفض مع تسلسلات في قواعد البيانات العامة .

ولتقييم مدى الحفظ أو الاختلاف في أـ ORF's عبر سلالات متنوعة من بكتيريا

٥ H.Pylori ، جرت مقارنة تغيرات في تسلسلات DNA وتسلسلات البروتينات الناتجة

مع تسلسلات DNA وتسلسلات البروتينات الناتجة التي وجدت في سلالة J٩٩ من

بكتيريا H.Pylori (انظر جدول ٩ لاحقاً) . جرى تقديم النتائج ككينونة نسبة مئوية

لسلالة J٩٩ من بكتيريا H.Pylori تم سلسلتها بواسطة الاستنساخ المفاجئ

العشوائي. ولضبط الاختلافات في تسلسلات أـ J٩٩ تم استنساخ كل من الأربعة

١٥ ORFs وسلسلتها مرة أخرى من سلالة بكتيريا J٩٩ وجرت مقارنة معلومات هذه

التسلسلات مع معلومات التسلسلات التي تم تجميعها من المدخلات المستنسخة

بواسطة السلسلة العشوائية الفجائية لسلالة J٩٩ . تثبت البيانات بأن هناك

اختلافاً في تسلسل أـ DNA يتراوح ما بين ٠.١٢٪ اختلاف (بروتين ٣٤٦ سلالة J٩٩)

إلى حوالي ٧٪ تغير (بروتين ٢٦٠.٥٤٧.٢ - سلالة AH5) . كما أظهرت تسلسلات

٢٠ البروتين

الناتجة إما عدم اختلاف (بروتين ٣٤٦ ، سلالات AH18 و AH24) ، أو ما نسبته

٧٦.٧٪ تغيرات أحماض أمينية (بروتين ٢٦٠.٥٤٧.٢ ، سلالة AH5) .

جدول ٩

« تحليل تسلسل DNA لسلالة مزدوجة من مرشحات لقاح من بكتيريا H.Pylori »

<u>J99 Protien #:</u>	26054702	26054702	7116626	7116626	29479681	29479681	346	346
<u>-Length of Region Sequenced:</u>	248 a.a.	746 nt.	232 a.a.	696 nt.	182 a.a.	548 nt.	273 a.a.	819 nt.

Strain Tested

	AA identity	Nuc. identity	AA identity	Nuc. identity	AA identity	Nuc. identity	AA identity	Nuc. Identity
J99	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	100.00%	99.63%	99.88%
AH244	95.16%	95.04%	n.d.	n.d.	99.09%	96.71%	98.90%	96.45%
AH4	95.97%	95.98%	97.84%	95.83%	n.d.	n.d.	97.80%	95.73%
AH5	92.34%	93.03%	98.28%	96.12%	98.91%	96.90%	98.53%	95.73%
AH15	95.16%	94.91%	97.41%	95.98%	99.82%	97.99%	99.63%	96.09%
AH61	n.d.	n.d.	97.84%	95.98%	99.27%	97.44%	n.d.	n.d.
5155	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	99.45%	97.08%	98.53%	95.60%
5294	94.35%	94.37%	98.28%	95.40%	99.64%	97.26%	97.07%	95.48%
7958	94.35%	94.10%	97.84%	95.40%	n.d.	n.d.	99.63%	96.46%
5640	95.16%	94.37%	97.41%	95.69%	99.09%	97.63%	98.53%	95.48%
AH18	n.d.	n.d.	98.71%	95.69%	99.64%	97.44%	100.00%	95.97%
AH24	94.75%	95.04%	97.84%	95.40%	99.27%	96.71%	100.00%	96.46%

n.d. = not done

VI . طريقة التجريب الفجائية لتحديد الجينات الاساسية لبكتيريا H.Pylori

٥ كأهداف علاجية فعالة «

تنتقي الاهداف العلاجية من الجينات التي تبدو مركباتها البروتينية تلعب أدوراً

تنتقي الاهداف العلاجية من الجينات التي تبدو مركباتها البروتينية تلعب أدوراً جوهرية في مسارات خلايا أساسية مثل تركيب غلاف خلية ، تركيب DNA ، تحويل او نسخ ، نقل ، تنظيم واستعمار / خُبث (مقدار حدة الجرثومة)

وطريقة حذف بروتينات جينات H.Pylori / ORFs وتولد المطفّر أو التبديل الخلقي الحشوي من مغلف مقاومة كانا ميسين بغرض تحديد الجينات الاساسية للخلية معدلة من الطرق المنشورة سابقاً :

Labigne-Roussel et al., 1988, J. Bacteriology 170, PP 1704 - 1708, Cover et al., 1994 J. Biological Chemistry 269 PP. 10566-10573 , Reyrat et al., 1994, Proc. Nall. Acad. Sci.92 PP 8768 - 8772).

١٠ . والنتيجة جين " Knock out " «فجائي» أو غير مدروس .

«تعريف واستنساخ تسلسلات جينات بكتيريا H.Pylori»

تحدد تسلسلات الجينات أو أُلـ ORF's المنتقاة كأهداف فجائية من تسلسلات مجينية لبكتيريا H.Pylori وتستخدم لتصميم مهادت بغرض تكبير الجينات / ORF's . وكل مهادت الاوليجو نكليوتيدات التركيبية مصممة بمساعدة برنامج

١٥ OLIGO من :

(National Biosciences Inc., Plymouth mN 55447 USA).

ويمكن شراء من :

(gibco/BrL Life Technologies Gaithersburg MD, USA)

وان كان أُلـ ORF أصغر من ٨٠٠ - ١٠٠٠ زوج قاعدي يتم انتقاء المهادت خارج إطار

٢٠ القراءة المفتوحة (ORF) ويستخدم DNA مجيني من سلالة ٩٩ HPJ من بكتيريا

Genome therapeutics Corporation 100 Beaver street, Waltham MA 02154

كمصدر DNA نموذجي لتكبير ORFs بواسطة (تفاعل سلسلة بوليميريز) PCR وفقاً لما ورد في :

(Current protocols in Molecular Biology, John Wiley and Sons Inc. F. Ausubel et al., editois 1994) .

٥

ولتحضير ألك DNA المجيني من بكتيريا H.Pylori انظر مثال ١ . ينفذ تكبير PCR بإدخال ١٠ نانوجرام من HPJ DNA مجينين إلى قارورة تفاعل محتوية على ١٠ ميلي مول $Mg Cl_2$ ، ٢ ميكروجزيئي غرامي من مهادات اوليجونكليوتيد تركيبية (امام = F1 وخلف = R1) ، ٢.٠ ميلي مول من كل فوسفات ثلاثي ديوكسي نكليوتيد ١. $dTTP$, $dCTP$, $dGTP$, $dATP$) ، و ١٢٥ وحدة من بوليميريز DNA ثابت الحرارة متوفر لدى :

(Amplitaq, Roche Molecular Systems, Inc. Branchburg, NJ, USA) .

في حجم نهائي قدره ٤٠ ميكروليتر . ينفذ ألك PCR بواسطة نظام المدورات الحرارية المعروف باسم :

(Perkin Elmer Cetus/Gene Amp PcR System 9600) .

١٥

وبمجرد إكمال تفاعلات التدوير الحراري ، تظهر كل عينة من DNA المكبر على بقعة جل اغاروز من ٢٪ من TAE مع بروميد ايثيديوم وفقاً لما ذكر في :

Current Protocols in Molecular Biology John Wiley and sons Inc. F.Ausubel et al., editors, 1994)

لتحدد بأن ناتج اشارة من الحجم المتوقع نتج عن التفاعل . وعندئذ يجري غسل ألد
DNA المكبر وينقى باستخدام طقم تنقية PCR المعروف باسم Qiaquick Spin ،
والمتوفر لدى :

QIAGEN GAITHERS BURG, MD, USA).

٥ تستنسخ مركبات PCR إلى ناقل T - من نوع PT7Blue كاتالوج رقم ٦٩٨٢ - ١ من:
(Novagen, Inc., Madison, WI, USN)

باستخدام استراتيجية الاستنساخ TA وفقاً لما ورد في :

CURRENT PROTOCOLS IN Molecular Biology, John Wiley and sons Inc. F.
Ausubel et al., editors 1994).

١٠ ويتم انجاز ربط ناتج PCR الناقل بواسطة خلط فيض جزئي جرامي ذي ٦ طيات من

ناتج PCR ، ١٠ نانوجرام من ناقل PT7Blue-T (Novagen) ، ١ ميكروليتر من محلول

منظم من T4 DNA Ligase المتوفر لدى :

(New England Biolabs, Beverly, MA, USA)

و ٢٠٠ وحدة من T4DNA Ligase (New England Biolabs) في مقدار التفاعل النهائي

١٥ المكون من ١٠ ميكروليتر .

ويسمح للربط لكي يحدث لمدة ١٦ ساعة على ١٦ درجة حرارة مئوية .

أما نواتج الربط فيتم حثها كهربائياً وفقاً لما ورد في :

(Currnt Protocols in Molecular Biology, John wiley and Sons Inc. F. , Ausubel et
al editors, 1994)

٢٠ في تأهيل حث كهربائي XL - L BLue أو في خلايا DH5-a من بكتيريا

. (Clontech Lab, Inc. Palo Alto, CA, USA) E.Coli

. (Clontech Lab, Inc. Palo Alto, CA, USA) E.Coli

باختصار ، يتم خلط ١ ميكروليتر من تفاعل ربط مع ٤٠ ميكروليتر من خلايا مؤهلة كهربائياً وتعريضه لنبضة فولطية عالية (25 Micro Farads, 2.5 kv. 200 ohms) يتم بعد ذلك احتضان العينات في ٤٥ ر. ميلتر من واسطة SOC (٥ ر.٪ خلاصة خميرة ٢٪ تريبتون ، ١٠ ميلي مول Nacl ، ٢٥ ميلي مول KC1 ، ١٠ ميلي مول Mgcl2 ، ١٠ ميلي مول Mg So4 و ٢٠ ميلي مول جلوكوز) على ٣٧ درجة حرارة مئوية مع التقليب لمدة ١ ساعة . بعد ذلك يجري نشر العينات على صفائح LB (١٠ جرام /بكتد تريبتون ، ٥ جرام /بكتو خلاصة خميرة ، ١٠ جرام / ١ كلوريد صوديوم) محتوية على ١٠٠ ميكروجرام / ميلتر من أمبيسيلين ، ٣ ر.٪ من X-gal ، و ١٠٠ ميكروجرام / ملتر من IPTG ، ويتم احتضان هذه الصفائح طوال الليل على ٣٧ درجة حرارة مئوية . ثم تنتقي المستعمرات المقاومة للامبيسيلين ذات اللون الأبيض ، ويتم تنميتها في ٥ ميلتر من سائل LB محتوي على ١٠٠ ميكروجرام / ميلتر من أمبيسيلين ، ويعزل DNA بلازميد باستخدام طريقة التحضير الصفيرة . (Qiagen, Gaithersburg MO, USA) Qiagen

١٥ وإثبات أن حشوات أو مدخلات DNA بكتيريا H.Pylori الصحيحة قد تم استنساخها ، يتم استخدام DNAs بلازميد PT7BLUE هذه كنماذج لتكبير PCR لمدخلات مستنسخة باستخدام نفس المهدات الامامية والخلفية المستخدمة للتكبير الأولى لتسلسل J٩٩ بكتيريا H.Pylori . ويعتبر ادراك المهدات وناتج PCR من

تأكيداً على أن المدخلات الصحيحة قد تم استنساخها . ويتم الحصول على ٢ - ٦ من هذه النسائل (المستنسخات) لكل هدف فجائي ، ويتم تجميعها على - ٧٠ درجة مئوية لتخزينها . ولخفض الأخطاء الناتجة عن PCR يتم تجميع DNA بلازميد من هذه النسائل ، ويستخدم في خطوات استنساخ تالية . تستخدم تسلسلات جينات/ORFs

٥ مرة أخرى لتصميم أزواج أخرى من مهادت تحيط بمنطقة DNA بكتيريا H.Pylori لتتم مقاطعتها أو حذفها (حتى ٢٥٠ زوج أساس) ضمن ألك ORFs لكنها متجهة بعيداً عن بعضها البعض .

وتستخدم تجمعات DNAs بلازميدات رائية من النسائل المعزولة مسبقاً كنماذج لهذه الدورة من PCR .

١٠ ونظر لان اتجاه تكبير هذا الزوج من مهادت محذوبة بعيد عن بعضه البعض ، فان

جزء ألك ORF الواقع بين المهادت لا يتواجد في ناتج PCR . علماً بأن ناتج ألك PCR عبارة عن قطعة مستقيمة من DNA و DNA بكتيريا H.Pylori على كل طرف ومع أصل الناقل PT7BLue بينهم الذي في جوهره ، يؤدي إلى حذف جزء من ألك ORFs .

ويشاهد ناتج ألك PCR على جل أغاروز مصبوغ ب ١٪ TAE بروميد ايثيديوم ليؤكد ١٥ بأن ناتج مفرر من الحجم الصحيح تم تكبيره فقط . ويربط حامل مقاومة كانا ميسين (وفقاً لما ورد في :

Labigne- Roussel et al., 1988, J. Bacteriology 170 1704 - 1708) .

بناتج هذا ألك PCR بواسطة طريقة TA للاستنساخ المستخدمة في السابق والوارد ذكرها في :

(Current Protocols in Mol Cular Biology, John wiley and Sons Ins. F. Ausubel et al., editors 1994) .

ويتم الحصول على حمل الكاناميسين المحتوي على جين مقاومة كاناميسين Compyloba بواسطة تنفيذ هضم EcoRI من PCTB8 يد معيد اتحاد : kan كما ورد

٥ في :

ويكون اجزاء الصحيح (١٤ kb) معزول على جل TAE ١٪/ ومعزول باستخدام طقم خلاصة جل QIAquick ,

(Qiagen Gaithersburg, MD, USA) .

ويكون هذا الجزء مصحح عند طرفه باستخدام طريقة تعبئة Klenow الذي يتضمن

١٠ خلط ٤ ميكروجرام من جزء أَل DNA ، ١ ميكروليتر من , dGTP , dCTP , dTTP

dTATP على ٥٠ . ميلي مول ، ٢ ميكروليتر من محلول منظم من Klenow (متوفر

لدى New England Bio labs) ، و ٥ وحدات من بوليميريز Klenow DNA بجزء ١

كبير من (Klenow) متوفر لدى (New England biolabs) في ٢٠ ميكروليتر تفاعل ،

مع الاحتضان على ٣٠ درجة مئوية لمدة ١٥ دقيقة ، ومع عدم تفعيل الانزيم بواسطة

١٥ التسخين إلى ٧٥ درجة حرارة مئوية لمدة ١٠ دقائق . وعندئذ تم تنقية حامل

الكاناميسين هذا ذي الطرف المتبدل من خلال عمود QIAquick (Qiagen Gaithersburg, MD, USA)

للتخلص من النكليوتيدات . وعندئذ يتم توليد المعلق "T" بواسطة خلط

٥ ميكروغرامات من حامل كانا ميسين ذي الطرف المتبدل، ١٠ ميلي مول Tris ، درجة

حموضة ٨.٣ ، ٥٠ ميلي مول KCl ، ٢ ميلي مول MgCl₂ ، ٥ وحدات بوليميريز DNA،

من (Ampiltaq, Roche Molecular Systems, Inc. Branchburg, NJ, USA) .
 و ٢٠ ميكروليتر من ٥ ميلي مول dTTP ، في ١٠٠ ميكروليتر تفاعل مع احتضان
 التفاعل لمدة ٢ ساعة على ٣٧ درجة حرارة مئوية ثم تجري تنقية حامل "Kan-T"
 باستخدام عمود QiAquick متوفر لدى : (Qiagen Gqithersburg MD, USA) .

٥ ويتم ربط ناتج أل PCR من مهادات الحذف (F2 and R2) بحامل أل "Kan-T"
 بواسطة خلط ١٠ - ٢٥ نانوجرام من ناتج PCR مهاد الحذف ، و ٥٠ - ٧٥ نانوجرام من
 DNA حامل "Kan-T" و ميكروليتر من مخلوط تفاعل T4 X1. DNA Ligase ،
 و ٥٠ ميكروليتر من T4 DNALigase متوفر (المدى
 New England Biolabs Beverly MA, USA) في تفاعل ذي ١٠ ميكروليتر من
 ١٠ الاحتضان لمدة ١٦ ساعة على ١٦ درجة حرارة مئوية .

ويتم تحويل نواتج الربط إلى XL-1 BLue أو إلى خلايا DH5-a E.Coli بواسطة الحث
 الكهربائي كما سبق وصفه . وبعد الاسترداد في SOC ، يتم نشر الخلايا على صفائح LB
 محتوية على ١٠٠ ميكروجرام/ ميللتر أمبيسيلين مع تنميتها طوال الليل على ٧٣
 درجة حرارة مئوية . ثم تنشر هذه الصفائح ذات النسخة المطابقة على صفائح محتوية
 ١٥ على ٢٥ ميكروجرام/ ميللتر كاناميسين ويسمح لها بالتنامي طوال الليل . والجينات
 الناتجة تتضمن جينات مقاومة الأمبيسيلين الموجودة في الناقل pT7 Blue ،
 وجينات مقاومة الكاناميسين الناتجة حديثاً . ويتم تناول المستعمرات في LB
 محتوي على ٢٥ ميكروجرام/ ميللتر كاناميسين ويُعزل DNA بلازميد عن الخلايا
 المزروعة باستخدام طريقة

"Qiagen Miniprep" (Qiagen Gaithersburg, MD, USA)

جرت اختبارات متعددة بواسطة تكبير PCR على هذه البلازميدات لإثبات أن الكاناميسين مدرج في جينات/ORF على بكتيريا H.Pylori ، ولتحديد اتجاه إدخال جينات مقاومة كانا ميسين النسبة لجينات / ORF بكتيريا H.Pylori .

٥ ولإثبات أن حامل الكاناميسين داخل في تسلسل بكتيريا H.Pylori ، تستخدم DNAs ابلازميدات كنماذج لتكبير PCR مع استخدام مجموعة المهدات أساسياً لاستنساخ جينات / ORFs بكتيريا H.Pylori . وناتج PCR الصحيح هو حجم الجين / ORFs المحذوف ، لكنه يزداد في الحجم بواسطة اضافة ٤١ كيلوبيز (Kilobase) من حامل كاناميسين ولتجنب تأثيرات قطبية محتملة لحامل مقاومة الكاناميسين على

١٠ تجسيد جينات H.Pylori ، يتحدد اتجاه جينات مقاومة الكاناميسين بالنسبة للجينات / ORF الفجائية ويستخدم كلا الاتجاهين فعلياً في تحويلات بكتيريا H.Pylori (انظر لاحقاً) . ولتحديد اتجاه دخول جينات مقاومة الكاناميسين تصمم

المهدات من أطراف جينات مقاومة الكاناميسين

("Kan-1" 5' - ATCTTACCTATCACCTCAAAT-3')

١٥ (تسلسل برقم مرجعي ٢٠٧) ، و :

"Kan-1" 5'- AGACAGCAACATCTTTGTGAA-3'

(تسلسل ذي رقم مرجعي ٢٠٨) . وباستخدام كل ممهدات الاستنساخ بالارتباط مع كل من ممهدات أل Kan (٤ اتحادات من ممهدات) ، فإنه يتحدد اتجاه حامل كاناميسين بالنسبة لتسلسل بكتيريا H.Pylori . أما النسائل الموجبة فتصنف إما في الاتجاه

"A" (نفس اتجاه النسخ موجود لكلا جينات بكتيريا H.Pylori ولجينات مقاومة كاناميسين)، أو في اتجاه "B" (اتجاه النسخ لجينات بكتيريا H.Pylori معاكس لاتجاه جينات مقاومة الكاناميسين). وتتجمع النسائل التي تشترك بنفس الاتجاه (A أو B) استعداداً لتجار تالية وتتحول بطريقة مستقلة إلى بكتيريا H.Pylori.

٥ "تحول DNA لازميد إلى خلوي H.Pylori"

تستخدم سلالتين من H.Pylori للنسخ :

ATCC 55679 ، المعزول السريري الذي وفر أَل DNA الذي يتم الحصول منه على قاعدة بيانات تسلسلات H.Pylori وسلالة AH244 ، وهي معزول تم تمريره وله القدرة على استعمار معدة الفأر . تم تنمية الخلايا المطلوب تحويلها ، وعلى ٣٧ درجة حرارة

١٠ مئوية ، ١٠٪ ثاني أكسيد الكربون ، ١٠٠٪ رطوبة إما على صفائح أغار Sheep-Blood

أو في سائل Brucella Broth . وتتكاثر الخلايا لطور أسي ، وتفحص مجهرياً لتحديد مدى كون الخلايا «سليمة» (أي خلايا متحركة بنشاط وليست ملوثة . وإن نمت على الصفائح يتم جنيها بواسطة خلايا كاشطة من الصفائح بعروة معقمة معلقة في ١ ميليلتر من سائل Brucella Broth مجدولة (١ دقيقة سرعة قصوي في طارد اونبذ

١٥ دقيق) ويعاد تعليقها في ٢٠٠ ميكروليتر من سائل Brucella Broth . وإن نمت في

سائل BrucellaBroth ، يتم طرد الخلايا مركزياً (١٥دقيقة على ٣٠٠٠ دورة/دقيقة في

نابذة Beckman TJ 6) ويعد تعليق كرية الخلية في ٢٠٠ ميليلتر من سائل Brucella

يؤخذ قسم تام (بدون باقي) من خلايا لتحديد الكثافة البصرية على ٦٠٠ نانوميتر ،

بغرض احتساب تركيز الخلايا . يوضع قاسم تام (١-٥ OD₆₀₀ وحدة/ ٢٥ ميكروليتر) من خلايا المعاد تعليقها على صفيحة الأغار Sheep- Blood ألسبقة لتسخين ، ويتم احتضان الصفائح ايضاً على ٣٧ درجة حرارة مئوية ، ٦٪ ثاني أكسيد الكربون ١٠٠٪ طوبة لمدة ٤ ساعات . وبعد هذا الاحتضان يتم وضع بفق من ١٠ ميلكروليتر من DNA بلازميد (١٠٠ ميلكروجرام لكل ميكروليتر) على هذا الخلايا . ويجري تنفيذ ضبط موجب (DNA بلازميد مع جينات H من ريبونيوكلاياز مفتتت بواسطة جينات مقومة كاناميسين) وضابط سالب) بدون DNA بلازميد) بالتوازي وتُعاد الصفائح إلى ٣٧ درجة حرارة مئوية، ٦٪ ثاني أكسيد الكربون لمدة ٤ ساعات أخرى من الاحتضان . وعندئذ تنشر الخلايا على الصفائح باستخدام جرف مبتل في سائل

١٠. Brucella ، وتنمى لمدة ٢٠ ساعة على ٣٧ درجة حرارة مئوية ، ٦٪ ثاني أكسيد الكربون . وعندها يتم تحويل الخلايا لصفائح أنمار Sheep - Blood المحتوية على ٢٥ ميكروغرام/ ميللتر كاناميسين ، ويسمح لها بالتنامي لمدة ٣ - ٥ أيام على ٣٧ درجة مئوية ٦٪ ثاني أكسيد الكربون ، ١٠٠٪ رطوبة . وإن ظهرت المستعمرات يتم تناولها واعادة تنميتها كدفعات على صفيائح أنماذ طازجة من Sheep - Blood محتوية على ٢٥ ميكروجرام/ ميللتر كاناميسين.

تنفذ ثلاثة مجموعات اختبارات PCR لاثبات أن مستعمرات المحولات نشأت من اعادة اتحاد مماثلة على الموقع الكروموزومي الصحيح . ويتم الحصول على نموذج لـ RCR (DNA من المستعمرات) بواسطة طريق تحضير DNA يغلي بسرعة كما يلي . ويتم إدخال قاسم تام من المستعمرات في ١٠٠ ميكوليتر من ١٪ Triton X-100 ، ٢٠ ،

ميلي مول Tris ، درجة حموضة ٨.٥ وعليةا لمدة ٦ دقائق . ويضاف مقدار مساوي من فينول : كلوروفورم (١:١) ويتم تحريكه على نحو دوامي . عندئذ يجري نبذ أو طرد دقيق للمخلوط لمدة ٥ دقائق ويستخدم المادة العائمة كنموذج أو كمعيار DNA لـ PCR مع اتحادات المهدات التالية لاثبات اتحاد مماثل على الموقع الكروموزومي

٥ الصحيح .

اختبار ١ : يستخدم PCR بمهدات استنساخ المستخدمة أصلاً لتكبير جينات / ORFs . ويجب أن تبين نتيجة ايجابية لاعادة اتحاد مماثل على الموقع الكروموزومي الصحيح إل ناتج منفرد من PCR المتوقع حجمه لأن يكون حجم الجينات / ORFs المحذوفة لكنه متزايد بالحجم باضافة ١٤ كيلوبيز من ناقل كاناميسين . وناتج PCR

١٠ من نفس حجم الجين / ORF هو برهان على أن الجينات لم يتم إخراجها وعلى أن المحولات ليست نتيجة لاعادة اتحاد مماثل على موقع الكروموزومات الصحيح .

اختبار ٢ : PCR و F3 (مهد مصمم من تسلسلات عليا من الجين / ORF وغير موجود على البلازميد) والمهد Kan-1 أو Kan-2 (مهدات مصممة من أطراف جينات مقاومة كاناميسين) اعتماداً على مدى كون DNA البلازميد المستخدم "A" أو "B" .

١٥ من حيث الاتجاه . سوف يؤدي اعادة اتحاد مماثل على الموقع الكروموزومي الصحيح إلى انتاج منفرد من PCR من الحجم المتوقع (أي من موقع F3 إلى موقع الإدخال الخاص بادخال جينات مقاومة الكاناميسين) . لن يثبت ناتج PCR ذات حجم أو أحجام غير صحيحة بأن البلازميد لم يتكامل على الموقع الصحيح وان الجينات لم يتم إخراجها أو قذفها فجأة .

اختبار ٣ : PCR مع R3 (ممهد مصمم من تسلسلات سفلية من جين/ORF وغير موجود على البلازميد) و ممهد Kan - 1 أو Kan - 2 استناداً على مدى كون DNA البلازميد المستخدم ذي اتجاه "A" أو "B" . وسوف يؤدي إعادة اتحاد مماثلة على الموقع الكروموزمي الصحيح إلى ناتج PCR مفرد من الحجم المتوقع (أي من موقع

٥ دخول جينات مقاومة كناميسين إلى الموقع السفلي من R3) .

ومرة أخرى ، لن يثبت ناتج PCR أو نواتج PCR ذات الحجم أو الاحجام غيرالصحيحة بأن البلازميد لم يندمج على الموقع الصحيح وأن الجينات لم يتم إخراجها (أو تعطيلها).

١٠ تدل المحولات التي تبين نتائج ايجابية للثلاثة اختبارات السابقة على أن الجين ليس أساسياً للحياة في الانبوب الزجاجي . وتدل النتيجة السلبية في أي من الاختبارات الثلاث بعاليه جرت لكل محول بأن الجين لم يتفتت ، وأن الجين أساس للحياة في الانبوب الزجاجي (في المختبر).

وفي حالة عدم ظهور مستعمرات من تحويلين مستقلين بينما ينتج الضبط الايجابي

١٥ مع DNA بلازميد H ريبونكليوز مفتت محولات فانه يتم تحليل DNA من جمهرة المحولات قبل بسط أو نشر معلومات المستعمرة . وهذا الامر سوف يبرهن على أن

البلازميد يستطيع دخول الخلايا ويتحمل إعادة اتحاد مماثل على الموقع الصحيح . باختصار ، يتم احتضان DNA بلازميد وفقاً لطريقة التحويل الموصوفة سابقاً .

ويستخلص DNA من خلايا بكتيريا H.Pylori فوراً بعد الاحتضان مع DNAs

بلازميدات ومع أَل DNA المستخدم كنموذج لاختبار ٢ ولاختبار ٣ . سوف تثبت

نتائج اختبار ٢ واختبار ٣ الايجابية بأن DNA البلازميد يستطيع دخول الخلايا وتحمل اعادة اتحاد مماثل على الموقع الكروموزمي الصحيح . وان كانت الاختبارات ٢ و ٣ ايجابية فعندئذ يدل الفشل في الحصول على تحولات قابلة للنمو على أن الجين أساسي ، وعلى أن الخلايا التي تعاني التفتت في ذلك الجين غير قادرة على توفير معلومات مستعمرة .

٥

VII " اختبار غربلة أو تصفية عقر شامل "

"استنساخ ، تجسيد وتنقية بروتين "

يجري تنفيذ استنساخ ، تحويل ، تجسيد وتنقية الجين المستهدف من بكتيريا

H.Pylori ومنتجة من البروتين مثل انزيم بكتيريا H.Pylori للاستخدام في اختبار

١٠. تصفية عقاقير عالي الشمولية كما هو موصوف في المثالين II و III بعاليه على

نحو جوهري . وتطور واستخدام اختبار تصفية لمنتج جين بكتيريا H.Pylori معين ،

أو لايسومريز بيبتيدي بيوليل Cis trans ، موصوف لاحقاً كمثال خاص .

اختبار إنزيمي :

الاختبار أساساً كما وصفه فيشر في :

Fisher (Fisher, G. et al., (1984) Bioned. Biochim. Acta 43 : 1101 - 1111).

١٥

وهذا الاختبار يقيس ايسومرة Cis-trans لرابطة Ala-Pro في بيبتيدي اختبار :

(N - succinyl - Ala - Ala - Pro - Phe - p - nitroaorilide (Sigma # S-7388, lot # 84H5805))

ويجري ربط الاختبار بألفا - شايومتريبيسين ، حيث تحدث مقدرة البروتيز على

٢٠. اختراق بيبتيدي الاختبار عندا تكون رابطة " Ala - Pro " في " trans " وتحويل

بيبتيد الاختبار إلى ايسومور " trans " يحدث على ٣٩٠ نانوميتر على سبكتوفوتوميتر من نوع :

(Beckman Model D u - 650.)

ويتم تجميع البيانات كل ثانية مع معدل مسح زمني قدره ٥ ر. ثانية . وتنفذ الاختبارات في ٣ ميلي مول Hepes درجة حموضة ٨ ، في مقدار نهائي مكون من ٤٠٠ ميكروليتر ، مع ١٠ ميكرومول ألفا . شاياموتريبتسين (نوع ١ - ٥ ، من بنكرياس بقري قطعة رقم C-7762 مجموعة 23H 7020) و ١ نانومولن PPIase . ولبدء التفاعل ، يضاف ١٠ ميكروليتر من مادة خميرة (٢ ميلي مول من : N - Succinyl - Ala - Ala - Pro - Phe - P - nitroanilide in DMSO).

١٠ إلى ٣٩٠ ميكروليتر من مخلوط التفاعل وعلى درجة حرارة الغرفة .

" اختبار أنزيمي في خلاصة بكتيرية خام "

يجري جني ٥٠ ميللتر زريعة من بكتيريا H.Pylori (سلامة Jqq) في سائل Brucella على (mid-log Phase (OD600nm ~L) ويعاد التعليق في محلول منظم حال مع موانع البروتيز التالية :

١٥ ١ ميلي مول من PMSF ، ١٠ ميكروجرام/ ميللتر من كل من : ابروتينين ليوبيببتين ، بيبستاتين ، TLCK , TPCK ومانع تريبتسين فول صويا . يلي ذلك تعريض المعلق لثلاثة دورات تجميد - إذابة (١٥ دقيقة على - ٧٠ درجة حرارة مئوية ، ثم ٣٠ دقيقة على درجة حرارة الغرفة) ، ولاشعة صوتية (ثلاثة مرات ٢٠ ثانية كل مرة منها) ، وطرّد ناتج الانحلال مركزياً (١٢٠٠٠ × g × ٣٠ دقيقة) واختبر المادة العائمة لمعرفة الفعالية

٢٠ الانزيمية كما سبق وصفه .

ويمكن تجسيد الكثير من انزيمات بكتيريا H.Pylori على مستويات عالية في شكل فعال في بكتيريا E.Coli ومثل هذا التوفير العالي من بروتينات منقاة يفسح المجال أمام اختبارات غربلة عقاقير متنوعة عالية الشمولية .

"مرادفات" :

٥ سوف يدرك أصحاب المهارة في هذا المجال بأنه بإمكانهم استخدام تجارب روتينية للحصول على مرادفات للتجسيديات الخاصة وللطرق الموصوفة هنا . لكن مثل هذه المرادفات تندرج ضمن نطاق الاختراع المحدد بعناصر الحماية التالية .

SEQUENCE LISTING

1) GENERAL INFORMATION:

- 5 (i) APPLICANT:
(A) NAME: Astra Aktiebolag
(B) STREET: S-151 85
(C) CITY: Sodertalje
(D) STATE:
10 (E) COUNTRY: Sweden
(F) POSTAL CODE (ZIP)
- (ii) TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES
RELATING TO HELICOBACTER PYLORI AND
15 VACCINE COMPOSITIONS THEREOF
- (iii) NUMBER OF SEQUENCES: 208
- 20 (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE:
(B) COMPUTER:
(C) OPERATING SYSTEM:
(D) SOFTWARE:
- 25 (v) CURRENT APPLICATION DATA:
(A) APPLICATION NUMBER
(B) FILING DATE:
- 30 (vi) PRIOR APPLICATION DATA:
(A) APPLICATION NUMBER: US 08/739,150
(B) FILING DATE: 28-OCT-1996
- 35 (vii) PRIOR APPLICATION DATA:
(A) APPLICATION NUMBER: US 08/759,739
(B) FILING DATE: 06-DEC-1996
- (viii) PRIOR APPLICATION DATA:
(A) APPLICATION NUMBER: US 08/891,928
40 (B) FILING DATE: 14-JULY-1997
- (ix) CORRESPONDENCE ADDRESS:
(A) ADDRESSEE: LAHIVE & COCKFIELD
(B) STREET: 28 State Street
45 (C) CITY: Boston
(D) STATE: Massachusetts
(E) COUNTRY: USA
(F) ZIP: 02109-1875
- 50 (x) ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
(A) NAME: Mandragouras, Amy E.
(B) REGISTRATION NUMBER: 36,207
(C) REFERENCE/DOCKET NUMBER: GTN-001CP10SA
- 55 (xi) TELECOMMUNICATION INFORMATION:
(A) TELEPHONE: (617)227-7400
(B) TELEFAX: (617)227-5941

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:1:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 561 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...561

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:1:

```

25 ATGATTAAAA GAATTGCTTG TATTTTAAGC TTGAGCGCGA GTTTAGCGTT AGCTGGCGAA      60
   GTGAATGGGT TTTTCATGGG TCGGGGTTAT CAACAAGGTC GTTATGGCCC TTATAACAGC      120
   AATTACTCTG ATTGGCGTCA TGGCAATGAC CTTTATGGTT TGAATTTCAA ATTAGGTTTT      180
   GTAGGCTTTG CCAATAAATG GTTTGGGGCT AGGGTGTATG GCTTTT TAGA TTGGTTTAAC      240
   ACTTCAGGGA CTGAACACAC CAAAACCAAT TTGCTCACCT ATGGCGGCGG TGGCGATTTG      300
   ATTGTCAATC TCATTCTTTT GGATAAATTC GCTCTAGGTC TCATTGGTGG CGTTCAATTA      360
30 GCCGGAAACA CTTGGATGTT CCCTTATGAT GTCAATCAAA CCAGATTCCA GTTCTTATGG      420
   AATTTAGGCG GAAGAATGCG TGTTGGGGAT CGCAGTGCCT TTGAAGCGGG CGTGAAATTC      480
   CCTATGGTTA ATCAGGGTAG CAAAGATGTA GGGCTTATCC GCTACTATTC TTGGTATGTG      540
   GATTATGTCT TCACTTTCTA G                                     561

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:2:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 351 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...351

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:2:

```

TTGATGCGCA TTATCATAAG GTTACTTTCA TTAAATGA ACGCTTTTTT AAAACTCGCG      60
CTCGCTTCTT TGATGGGGGG GCTTTGGTAT GCTTTCAATG GCGAAGGCTC TGAGATTGTC      120

```

GCTATAGGGA TTTTGTGTT GATCTTGTTT GTTTTTTTTA TCCGCCCTGT GAGTTTCCAA 180
 GACCCAGAAA AACGAGAAGA ATACATAGAA CGGCTTAAAA AAAACCATGA GAGGAAAATG 240
 ATCTTACAAG ACAAGCAAAA AGAAGAGCAA ATGCGCCTCT ATCAAGCCAA AAAAGAGCGA 300
 GAGAGCAGGC AAAACAAGA CCTTAAAGAA CAAATGAAAA AATACTCATA A 351

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:3:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1038 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1038

10

15

20

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:3:

ATGGTTAAAC ACTATCTTTT CATGGCGGTT TCGCAGGTCT TTTTCTCCTT CTTTTTAGTG 60
 CTGTTTTTTA TCTCTCCAT TGTGTTATTA ATCAGTATTG CAAGCGTAAC GCTCGTGATT 120
 AAAGTGAGCT TTTTGATCT GGTGCAACTC TTTTGTATT CCTTGCCAGG AACCATTTTT 180
 TTTATTTTGC CGATCACTTT TTTGCGGCT TCGCCTTGG GGCTTTCAAG GCTTAGCTAT 240
 GACCATGAAT TGTTAGTGTT TTTCTCTTTA GGGTTTCGC CTAAAAAAT GACTAAAGCG 300
 TTTGTGCCTT TAAGTTTGTT AGTGAGCGCG ATTTTATTAG CGTTTTCGCT CATCTTAATC 360
 CCCACTTCTA AGAGCGCTTA TTACGGGTTT TTGCGTCAAA AAAAAGACAA GATTGACATT 420
 AACATCAGAG CGGGTGAATT CGGGCAAAAA TTAGGCGATT GGCTCGTGTA TGTGGATAAG 480
 ACTGAAAACA ATTCTATGA TAATTGGTG CTTTTTCTA ATAAAAGTCT CTCTCAAGAA 540
 AGCTTTATTT TGGCTCAAAA AGGCAATATC AACAATCAA ACGGCGTGTT TGAATTGAAT 600
 TTGTATAACG GGCATGCGTA TTTCACTCAA GGCGATAAAA TGCCTAAGGT TGATTTTGAA 660
 GAATTGCATT TGCGCAACAA GCTCAAGTCT TTCAATTCTA ATGATGCGGC TTATTTGCAA 720
 GGCACGGATT ATTTGGGTTA TTGGAAAAAA GCCTTTGGTA AAAACGCTAA TAAAAATCAA 780
 AAACGCCGTT TTTCTCAAGC GATCTTAGTT TCCTTGTTCC CTTTAGCGAG CGTGTTTTTA 840
 ATCCCTTAT TTGGCATCGC CAACCCGCGA TTCAAACGA ATTGGAGTTA TTTCTATGTC 900
 CTTGGAGCGG TTGGGGTTTA TTTTTAATG GTGCATGTGA TTTCTACGGA TTTGTTTTTG 960
 ATGACCTTTT TCTTCCCCTT TATTGGGCG TTTATTTCTT ATTTATTGTT TAGAAAAATC 1020
 ATTTTAAAGC GTTATTAA 1038

30

35

40

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:4:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 831 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

50

55

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...831

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:4:

```

15  ATGAAGAAAA AAGCAAAAGT CTTTGGTGT TGTTTTAAAA TGATTCGTTG GTTGTATTTG      60
    GCGGTCTTTT TTTTGTGAG CGTATCAGAC GCTAAAGAAA TCGCTATGCA ACGATTTGAC      120
    AAACAAAACC ATAAGATTTT TGAAATCCTT GCGGATAAAG TGAGCGCCAA AGACAATGTG      180
    ATAACCGCCT CAGGGAATGC GATCCTATTG AATTATGACG TGTATATTCT AGCGGATAAG      240
    GTGCGTTATG ACACCAAGAC TAAAGAAGCG TTATTAGAAG GCAATATTAA GGTTTATAGG      300
    GGCGAGGGCT TGCTCGTTAA AACCGATTAT GTGAAATTGA GTTTGAACGA AAAATATGAG      360
    ATCATTTTCC CCTTTTATGT CCAAGACAGC GTGAGCGGGA TTTGGGTGAG CGCGGATATT      420
    GCTAGCGGGA AGGATCAAAA ATATAAGATT AAAAACATGA GCGCTTCAGG GTGCAGCATT      480
20  GACAACCCCA TTTGGCATGT CAATGCGACT TCAGGCTCAT TTAACATGCA AAAATCGCAT      540
    TTGTCAATGT GGAATCCTAA GATTTATGTC GGCGATATTC CTGTATTGTA TTTGCCCTAT      600
    ATTTTCATGT CCACGAGCAA TAAAGAAGCT ACCGGGTTTT TATACCCTGA GTTTGGCACT      660
    TCCAACTTAG ACGGCTTTAT TTATTTGCAA CCCTTTTATT TAGCCCCCAA AAACATCATGG      720
    GATATGACCT TTACCCACA AATCCGTTAC AAAAGGGGTT TTGGCTTGAA TTTTGAAGCG      780
25  CGCTACATCA ACTCTAAGAC GCAGTTTTTT ATTCAATGCG CGCTATTTTA G              831

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:5:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 675 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...675

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:5:

```

50  ATGATTAGAT TAAAGGTTT GAATAAAACT TAAAAACAA GCTTATTAGC TGGGGTTTTA      60
    CTAGGTGCTA CTGCTCCCTT AATGGCAAAG CCTTTATTAA GCGATGAAGA CTTATTGAAA      120
    CGAGTAAAC TACACAATAT CAAAGAAGAT ACGTGACTA GCTGTAATGC TAAGGTGGAC      180
    GGCTCTCAAT ACTTGAATAG TGGTTGGAAT TTATCTAAAG AATTTCGCA AGAATATAGA      240
    GAAAAGATTT TTGAATGCGT AGAAGAAGAA AAACATAAAC AAGCCCTTAA TTTAATCAAT      300
55  AAAGAAGACA CTAAAGATAA AGAAGAACTT GCAAAAAAAA TCAAAGAAAT TAAAGAAAAA      360
    GCTAAAGTTT TAAGGCAAAA ATTTATGGCT TTTGAAATGA AAGAACACTC TAAAGAATTC      420
    CCAAATAAAA AGCAACTTCA AACCATGCTT GAGAACGCTT TTGATAATGG AGCTGAAAGT      480
    TTTATTGATG ATTGGCACGA ACGCTTGGG GGTATAAGTA GAGAGAATAC TTATAAAGCA      540
    CTTGGCATTA AAGAATATAG TGATGAAGGA AAGATATTGC CTTTGGCGAA AGAAGTTATA      600

```

TTAGACAATA TAAAAAAGAT TTTGAAGAAA GCACTTATGA TACTAGACAA CCCTTATCTG
CTATGGCTAG TATGA

660
675

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:6:

5

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1290 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular

10

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

15

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

20

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...1290

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:6:

ATGCCATACG CCTTAAGAAA AAGATTTTTC AAACGCCTTT TATTGTTTTT TTTAATTGTT	60
TGTATGATAA ATTTGCATGC CAAAAGCTAT CTGTTTCTC CTTTGCCCCC AGCGCACCAG	120
CAAATCATT AAGACAGAGCC TTGCTCTTGG GAGTGCTTGA AAGACTTGAT GCTGCAAAAT	180
CAAATCTTTT CTTTGTATC CCAATACGAT GATAACAACC AAGATGAGAG CCTTAAACT	240
TATTACAAGG ACATCTTAAA CAACTCAAC CCCGTATTCA TCGCTTCTCA AACTCCAGCT	300
AAAGAAAGCT ATGAGCCTAA GATTGAATTA GCGATTTTAC TGCCTAAAAA GGTGGTGGGC	360
CGTTATGCGA TTTTAGTGAT GAACACCCTT TTAGCGTATT TGAACACCAG AAACAACGAT	420
TTCAATATCC AAGTCTTTGA CAGCGATGAA GAAAGCCCTG AAAAAATTAGA AGAAACCTAT	480
AAAGAAATTG AAAAAAGAAA ATTCCCTTTT ATCATCGCTT TATTGACTAA AGAGGGCGTG	540
GAAAAATTTG TCCAAATAC GACTATCAAT ACCCTACTT ATGTGCCTAC GGTGAATAAA	600
ACGCAATTAG AAAATCATAC CGAGCTTTCT TTAAGCGAGC GCTTGTATTT TGGGGGGATT	660
GATTATAAAG AGCAATTAGG CATGCTCGCA ACTTTCATTA GCCCTAATTC GCCCGTGATT	720
GAATACGATG ATGATGGCCT GATAGGTGAA CGCTTGAGGC AAATCACGGA GTCTTTAAAC	780
GTTGAAGTCA AACACCAAGA AAACATTTCT TACAAACAAG CGACCAGTTT TTCTAAAAAT	840
TTTAGAAAAA ATGATGCGTT TTTTAAAAAT TCTACCTTAA TTTTGAACAC CCCTACCACT	900
AAAAGCGGTC TGATCCTTTC TCAAATAGGG CTTTLAGAGT ATAAGCCTCT TAAAATCCTT	960
TCCACACAAA TCAATTTCAA CCCCTCTTTA CTCTTGCTCA CCCAGCCTAA AGACAGGAAA	1020
AATTTATTCA TTGTCAATGC CTGCAAAAC AGCGATGAAA CGCTGATAGA ATACGCTTCC	1080
TTATTAGAGA GCGATTTAAG GCATGATTGG GTGAATTATT CCAGCGCGAT AGGGCTAGAG	1140
ATGTTTTTAA ACACGCTAGA TCCGCATTTT AAAAAGTCTT TTCAAGAGAG TTTGGAAGAC	1200
AATCAAGTCC GTTACCACAA TCAAATTTAT CAGGCTTTAG GGTATTCTTT TGAGCCGATA	1260
AAAAACGAAA GCGAAACAAA AAAAGAATAA	1290

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:7:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1368 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular

55

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

5 (vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
10 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...1368

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:7:

15	GTGTTAAAAT TTCAAAAATT ACCCTTATTG TTTGTTTCCA TTCTTTATAA TCAAAGCCCT	60
	TTATTGGCTT TTGATTATAA GTTTAGTGGG GTAGCGGAAT CTGTTTCTAA AGTGGGGTTT	120
	AACCATTTCCA AACTCAATTC CAAAGAAGGG ATTTTCCCTA CAGCCACCTT TGTAACCGCC	180
	ACGATCAAGC TTCAAGTGGG TTCCAATCTG CTCCTTAAAA ACATTGAAAA ACACAGCTTA	240
	AAAATAGGCG TTGGGGGGAT TTTAGGAGCG CTCGCTTACG ATTCCACCAA AACGCTCATA	300
	GACCAAGCCA CGCATCAAAT CTATGGCTCA GAACCTTTTT ACCTCATAGG GCGTTGGTGG	360
20	GGGTTTTTAG GCAACGCTCC TTGGAAAGAC TCCCTCATAG AATCTGACGC TCACACCCGT	420
	AATTATGTGC TGTATAATTC CTATCTGTTT TATTCTTATG GCGATAAAAT CCACCTAAAA	480
	TTAGGGCGTT ATCTCTCTAA CATGGATTTT ATGAGTTCCT ACACACAGGG TTTTGAAGCT	540
	GATTATAAAA TCAATTCTAA AATAGCGTTA AAATGGTTTA GCTCTTTTGG GAGGGCGTTG	600
	GCTTTTGGGC AATGGATACG GGATTGGTAT GCCCCTATTG TAACTGAAGA TGGCAGAAAA	660
25	GAAGTTTATG ATGGCATCCA TGCCGCGCAA CTCTATTTTT CTAGCAAGCA TGTTCAAGTC	720
	ATGCCTTTTG CTTATTTTTC GCCTAAGATT TACGGAGCGC CCGGTGTTAA AATCCATATT	780
	GATAGCAACC CGAAATTCAA AGGCTTAGGG TTAAGGGCTC AAACCACTAT TAATGTGATT	840
	TTCCCTGTTT ATGCTAAAGA TTTATACGAT GTGTATTGGC GTAACCTCTA GATTGGCGAG	900
	TGGGGCGCAT CGCTTTTGAT CCACCAACGC TTTGACTACA ACGAATTTAA CTTTGGCTTT	960
30	GGTTATTACC AAAATTTTGG CAACGCTAAC GCAAGGATTG GCTGGTATGG TAACCCCATC	1020
	CCTTTTAATT ATAGAAATAA CAGCGTTTAT GGTGGGGTCT TCAGTAACGC TATTACCGCA	1080
	GACGCCGTTT CTGGGTATGT CTTGGTGTTG GGGGTGTATA GAGGGTTTTT ATGGGGTATT	1140
	TTAGGCAGAT ACACTTATGC CACTAGAGCG AGCGAAAGAT CCATCAACTT GAACTTGGGC	1200
	TATAAATGGG GTTCTTTTGC TAGAGTTGAT GTGAATTTAG AATACTATGT GGTCAGCATG	1260
35	CACAACGGCT ATAGATTAGA CTATCTCACC GGCCCTTTCA ACAAAGCCTT TAAGGCTGAC	1320
	GCACAAGATA GGAGTAACCT TATGGTTAGC ATGAAATTCT TTTTTTAA	1368

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:8:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 849 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
45 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

50 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

55 (ix) FEATURE:
(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...849

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:8:

```

ATGGGGTGTGTT CGTTTATCTT TAAAAAGTT AGGGTTTATT CTAAATGTT GGTGCTTTG      60
GGGCTTTCAA GCGTGTGAT CGTTGCGCG ATGAATCCAA GCGCTGAGAC AAAAAACCA      120
AATGACGCCA AAAACCAACA ACCAGTTCAA ACTCATGAAA GAATGACAAC AAGTTCTGAA      180
5 CATGTTACGC CACTAGATTT TAATTACCG GTGCATATTG TTCAAGCCCC ACAAACCAT      240
CATGTTGTAG GTATTTTAAT GCCACGCATT CAAGTGAGCG ATAATCTAAA ACCCTATATT      300
GATAAGTTTC AAGACGCTTT AATTAATCAA ATCCAACTA TTTTGAAAA AAGAGGCTAT      360
CAAGTGTTGC GTTTTCAAGA TGAAAAAGCT TTGAATGTGC AAGATAAGAA AAAGATTTTT      420
TCCGTTTTGG ATTTGAAAGG GTGGGTAGGA ATCTTAGAAG ATTTGAAAAT GAATTTAAAA      480
10 GATCCCAATA GTCCCAATTT AGACACGCTA GTGGATCAAA GCTCAGGCTC TGTATGGTTT      540
AATTTTTATG AACCAGAAAG CAATCGTGTC GTCCATGATT TTGCTGTAGA AGTAGGAACT      600
TTTCAGGCAA TAACATACAC ATACACCTCT ACTAATAACG CTTCAGGAGG GTTTAATTCT      660
TCAAAAAGCG TTATCCATGA AAATTTGGAT AAGAATAGAG AAGACGCGAT ACACAAGATT      720
TTAAACAGAA TGTATGCGGT TGTATGAAA AAAGCTGTAA CAGAACTTAC AAAAGAAAAT      780
15 ATCGCCAAAT ACAGAGACGC TATTGATAGA ATGAAAGGCT TTTAAAGTTC TATGCCTCAA      840
AAAAAGTAG
849

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:9:

```

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 843 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: circular
25 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
    (iii) HYPOTHETICAL: NO
30 (iv) ANTI-SENSE: NO
    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
35 (ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...843

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:9:

```

40 ATGAAACTGA GAGCAAGTGT TTTAATCGGT GTGGCAATTC TGTGCTTAAT TTAAAGTGCG      60
TGCAGTAAGT ATGCGAAAAA AGTGGTGAAA CAAAAGAACC ATGTTTATAC GCCTGTGTAT      120
AATGAACTGA TAGAGAAGTA TAGTGAGATC CCTTAAATG ACAAACCTCA AGACACACCA      180
TTCATGGTGC AAGTGAAGTT GCCAAATTAC AAGGACTATT TGTGGATAA TAAACAAGTT      240
45 GTACTAAGTT TCAAAGTTGT TCACCATCTT AAAAAGATTA CGCTCATAGG CGATGCCAAT      300
AAGATCCTCC AATACAAGAA TTACTTCCAA GCTAACGGGG CAAGATCTGA CATTGATTTT      360
TACTTGCAAC CCACTTTGAA TCAAAAGGGT GTGGTGATGA TAGCGAGTAA CTACAATGAT      420
AATCCCAACA ACAAAGAAAA ACCACAGACC TTTGATGTGT TGCAAGGAAG TCAGCCAATG      480
CTAGGAGCTA ACACAAAAAA CTTGCATGGC TATGATGTGA GTGGAGCAAA CAACAAGCAA      540
50 GTGATCAATG AAGTGGAAG AGAAAAAGCT CAGCTAGAAA AAATCAATCA GTATTACAAG      600
ACTCTCTTGC AAGACAAGGA ACAAGAATAT ACCACTAGGA AAAATAACCA ACGAGAAATT      660
TTAGAAACAT TGAGTAATCG TGCAGGTTAT CAAATGAGGC AGAATGTGAT TAGTTCTGAG      720
ATTTTAAAGA ATGGCAACTT GAACATGCAA GCCAAAGAAG AAGAAGTTAG GGAGAAGCTA      780
CAAGAAGAAA GAGAGAATGA ATACTTGCGC AATCAATCA GAAGTTTGCT CAGTGGAAG      840
55 TGA
843

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:10:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1179 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

5

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

10

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

15

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...1179

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:10:

20

ATGAGAAAAC	TATTCATCCC	ACTTTTATTA	TTCAGCGCTT	TAGAAGCGAA	CGAGAAAAAC	60
GGCTTTTTCA	TAGAAGCCGG	CTTTGAAACT	GGGCTATTAG	AAGGCACACA	AACGCAAGAA	120
AAAAGACACA	CCACCACAAA	AAACACTTAC	GCAACTTACA	ATTATTTACC	CACAGACACG	180
ATTTTAAAAA	GAGCGGCTAA	TTTATTCACC	AATGCCGAAG	CGATTTCAAA	ATTAAAAATTC	240
25	TCATCTTTAT	CCCCTGTTAG	AGTGTGTAT	ATGTATAATG	GTCAATTAAC	300
TTCTTGCCTT	ATAATTTAAA	TAATGTAAAG	CTTAGTTTTA	CAGACGCTCA	AGGCAATGTG	360
ATCGATCTAG	GCGTGATAGA	GACTATCCCC	AAACACTCTA	AGATTGTTTT	GCCCGGAGAG	420
GCATTTGATA	GTCTAAAAAT	TGACCCCTAT	ACTTTATTTT	TTCCAAAAAT	TGAAGCCACT	480
AGCACTTCTA	TTTCTGACGC	TAACACGCAG	AGGGTGTTTG	AAACGCTCAA	TAAGATTAAG	540
30	ACAAATTTGG	TCGTAAATTA	TAGGAATGAA	AACAAATTTA	AAGATCACGA	600
GAAGCCTTTA	CCCCACAAAC	CGCAGAAGAA	TTCATAATT	TAATGTTGAA	CATGATCGCT	660
GTTTTAGACT	CCCAATCTTG	GGGCGATGCG	ATCTTAAACG	CTCCTTTTGA	GTTCACTAAC	720
AGCCCAACAG	ATTGCGATAA	TGATCCTTCA	AAATGCGTAA	ATCCTGGGAC	AAACGGGCTT	780
GTCAATTCTA	AAGTCGATCA	AAAATATGTG	TTAAACAAAC	AAGACATTGT	CAATAAATTT	840
35	AAAAACAAAG	CGGATCTTGA	TGTAATTGTT	TTAAAGGATT	CAGGGGTTGT	900
AGTGATATTA	CCCCTAGCAA	CAATGATGAT	GGCAAGCATT	ATGGCCAGTT	AGGGGTAGTA	960
GCTTCTGCTT	TAGATCCTAA	AAAACCTCTT	GGCGATAACC	TTAAGACTAT	CAATTTAGAG	1020
GATTTAAGAA	CCATCTTGCA	TGAATTCAGC	CACACTAAAG	GCTATGGGCA	TAACGGGAAT	1080
ATGACCTATC	AAAGAGTGCC	GGTAACGAAA	GATGGTCAAG	TGGAAAAGGA	TAGTAATGGC	1140
40	AAGCCAAAAG	ATTCTGATGG	CCTCCCCTAT	AATGTGTGT		1179

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:11:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45

(A) LENGTH: 813 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

50

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

55

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...813

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:11:

```

5      ATGAAAAAGT TTGTAGCTTT AGGGCTTCTA TCCGCGGTTT TAAGCTCTTC GTTGTTAGCC      60
      GAAGGTGATG GTGTTTATAT AGGGACTAAT TATCAGCTTG GACAAGCCCG TTTGAATAGC      120
      AATATTTATA ATACAGGGGA TTGCACAGGG AGTGTGTAG GTTGCCCCCC AGGTCTTACC      180
      GCTAATAAGC ATAATCCAGG AGGCACCAAT ATCAATTGGC ACTCCAAATA CGCTAATGGG      240
10     GCTTTGAATG GTTTTGGGTT GAATGTGGGT TATAAGAAAT TCTTCCAATT CAAGTCGCTA      300
      GATATGACAA GCAAGTGGTT TGGTTTTAGA GTGTATGGGC TTTTGTGATTA CGGGCATGCC      360
      GATTTAGGTA AACCAAGTTTA TGCACCTAAT AAAATCCAGT TGGATATGGT CTCTTGGGGT      420
      GTGGGGAGCG ATTTGTTAGC TGATATTATT GATAAAGACA ACGCTTCTTT TGGTATTTTT      480
      GGTGGGGTCG CTATCGGCGG TAACACTTGG AAAAGCTCTG CAGCAAATA TTGGAAAGAG      540
15     CAAATCATTG AAGCCAAAGG TCCTGATGTT TGTACCCCTA CTTATTGTAA CCCTAATGCC      600
      CCTTATAGCA CCAACACTTC AACCGTCGCT TTTCAAGTGT GGTGAATTT TGGGGTGAGA      660
      GCCAATATCT ACAAGCATAA TGGCGTGGAA TTTGGCGTGA GAGTGCCGCT ACTCATCAAT      720
      AAATTTTTGA GCGCGGGTCC TAACGCTACT AACCTTTATT ACCATTTGAA ACGGGATTAT      780
20     TCGCTTTTATT TGGGGTATAA CTACACTTTT TAA      813

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:12:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

```

25     (A) LENGTH: 423 base pairs
      (B) TYPE: nucleic acid
      (C) STRANDEDNESS: double
      (D) TOPOLOGY: circular

```

30 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

35 (vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

```

40     (A) NAME/KEY: misc_feature
      (B) LOCATION 1...423

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:12:

```

45     ATGCATCCTA TAATGTTTGC CTATATCGCT AACGCGCTCG CTCAAGCTAG AAAGATCAAC      60
      GGAACACTTT GCATGGCGTT TCAAAAATA TCTCAAGTCA AAGAATTAGG CATTGATAAA      120
      GCAAAGAGTT TGATAGGCAA CCTTCTCAA GTGATTATCT ACCCCACAAA AGATACTGAT      180
      GAATTAATAG AATGTGGCGT CCCATTAAGC GATAGTGAAA TCAATTTCTT ACACAACACG      240
      GACATGAGAG CCAGACAAGT GCTAGTAAAA AATATCGTTA CAAACGCTTC AGCTTTTATT      300
      GAAATTGATT TAAAAAAGAT TTGCAAGAAC TACTTTATAT TCTTGATAGC AATGCTGGTA      360
50     ATAGAAAAAT CCTCAATGAT CTTAAAAAAG CAAACCAAGA AACTTATAAG GAAGAGTATT      420
      TAA      423

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:13:

```

55     (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
      (A) LENGTH: 771 base pairs
      (B) TYPE: nucleic acid
      (C) STRANDEDNESS: double
      (D) TOPOLOGY: circular

```

IV.

```

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

5 (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

10 (ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...771

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:13:

    ATGTTGGGGA GCGTCAAAAA AGCGGTTTTT AGGGTTTTGT GTTTGGGGGC GTTGTGTTTA      60
    TGCGGGGGGT TAATGGCAGA GCAAGATCCT AAAGAGCTTA TATTTTCAGG TATAACTATT      120
    TACACGGATA AAAATTTCAC TAGAGCTAAG AAATATTTTG AAAAAGCTTG CAAATCAAAC      180
20  GATGCTGATG GCTGTGCAAT CTTAAGAGAG GTTTATTCTA GTGGTAAAGC CATAGCGAGA      240
    GAAAACGCAA GAGAGAGCAT TGAAAAAGCT CTTGAACACA CCGCTACTGC TAAAGTTTGT      300
    AAATTAAACG ATGCTGAAAA ATGCAAGGAC TTAGCAGAGT TTTATTTTAA TGTAAACGAT      360
    CTTAAAAATG CTTTAGAATA TTACTCTAAA TCTTGTAAGT TAAATAATGT TGAAGGGTGT      420
    ATGCTGTCAG CAACTTTTTA TAACGATATG ATAAAGGGTT TGAAAAAAGA TAAAAAAGAT      480
25  CTAGAATATT ATTCTAAAGC TTGCGAGTTA AATAACGGTG GAGGGTGTTT TAAATTAGGA      540
    GGGGATTATT TTTTGGTGA AGGCGTAACA AAAGATTTC AAAAAAGCTTT TGAATATTCT      600
    GCCAAAGCTT GTGAGTTGAA CGATGCTAAA GGGTGTTACG CTCTAGCAGC GTTTTATAAT      660
    GAGGGTAAAG GCGTGGCAA GGTGAAAAAG CAAACGACAG AAAACCTTGA AAAGAGTTGC      720
    AAGCTAGGAT TAAAAAGAAG ATGCGATATT CTCAAAGAAC AAAACAATA A              771

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:14:

    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 729 base pairs
35  (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

40 (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

45 (vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
50  (B) LOCATION 1...729

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:14:

55  ATGAAAAAAT TTTTTTCTCA ATCTTTGTTA GCTCTTATTA TCTCTATGAA TGCGGTATCT      60
    GGCATGGATG GTAATGGCGT TTTTTTAGGG GCGGGTTATT TGCAAGGACA GGCGCAAATG      120
    CATGCGGATA TTAATTCTCA AAAACAAGCC ACCAACGCTA CGATCAAAGG CTTTGACGCG      180
    CTCTTGGGGT ATCAATTTTT CTTTGAAAAA CACTTTGGCT TACGCCTTTA TGGGTTTTTT      240
    GACTACGCTC ATGCCAATTC TATTAAGCTT AAAAACCTTA ACTATAATAG CGAAGCGGCG      300
    CAAGTGGCTA GTCAAATTCT TGGGAAACAA GAAATCAATC GTTTAACAAA CATTGCCGAT      360

```

5 CCCAGAACTT TTGAGCCGAA CATGCTCACT TATGGGGGGG CTATGGACGT GATGGTTAAT 420
 GTCATCAATA ACGGCATCAT GAGTTTGGGG GCTTTTGGCG GGATACAATT GGCCGGCAAT 480
 TCATGGCTTA TGGCGACACC GAGCTTTGAG GGCATTTTAG TGGAACAAGC CCTTGTGAGC 540
 AAGAAAGCCA CTTCTTTCCA ATTTTATTC AATGTGGGGG CTCGCTTAAG GATCTTAAAA 600
 CATTCTAGCA TTGAAGCGGG CGTGAAATTC CCCATGCTAA AGAAAAACCC CTACATCACT 660
 GCAAAAAATT TGGATATAGG GTTAGGCGC GTGTATTCGT GGTATGTGAA TTACGTGTTC 720
 ACTTTCTAG 729

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:15:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 804 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

15 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

20 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

25 (ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...804

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:15:

ATGAACTACC CTAATCTACC TAACAGCGCT TTAGAGATAA GCGAACAGCC AGAAGTGAAA 60
 GAAATCACTA ACGAGCTTTT AAAGCAATTA CAAAACGCTT TAAGGAGCAA CGCGCATTTT 120
 AGCGAGCAAG TGGGAATTAAG CCTTAAATGC ATCGTTAGGA TTTTAGAAGT GCTTTTGAGT 180
 35 TTGGATTTTT TTAAGAATGC GAATGAGATT GATAGCAGTT TAAGAAATTC CATTGAGTGG 240
 CTGACTAACG CCGCGGAGAG CTTGAAATTA AAAATGAAAG AATACGAGCG CTTTTTTCAGC 300
 GAGTTTAATA CGAGCATGCA TGCCAACGAG CAGGAAGTAA CCAATACCTT AAACGCTAAC 360
 GCCGAGAACA TTAAAAGCGA AATTAAAAAG CTAGAAAATC AATTGATAGA AACCACGACA 420
 AGACTTTTAA CGAGCTATCA AATCTTTTAA AACCAAGCCA GAGATAACGC TAACAACCAA 480
 40 ATCACAAAAA ACAAACCCA AAGCCTTGAA GCGATTACAC AAGCTAAAAA CAACGCTAAT 540
 AATGAAATAA GCAACAATCA AACGCAAGCG ATAATAATA TCACCGAAGC GAAAACGAAC 600
 GCTAATAATG AAATAAGCAA CAATCAAACG CAAGCGATAA CTAACATTAA CGAAGCCAAA 660
 GAAAGCGCTA CAACGCAAAT AAACGCCAAT AAGCAAGAAG CAATAAATAA CATCACGCAA 720
 GAAAAAACCC AAGCCACAAG CGAGATCACC GAAGCGAAAA AGACCGATCA TTATCAAAAC 780
 45 ATTGATTTTT TTGAGTTTGA ATAA 804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:16:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50 (A) LENGTH: 1632 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

55 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO


```

(vi) ORIGINAL SOURCE:
      (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

5      (ix) FEATURE:
      (A) NAME/KEY: misc_feature
      (B) LOCATION 1...1632

      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:16:
10
      GTGATAGAGA CCATCCCCAA ACACTCTAAG ATTGTTTAC CCGGGGAGGC GTTTGATAGT      60
      TTTAAAGAGG CGTTTGATAA AATTGACCCC TATACTTCT TTTTCCAAA ATTTGAAGCC      120
      ACTAGCACTT CTATTTCTGA TACTAACACG CAGAGGGTGT TTGAAACGCT CAATAACATT      180
      AAAACAAATC TTATAATGAA ATATAGTAAT GAAATCCAA ACAATTTCAA CACTTGTCCT      240
15      TACAATAATA ATGGTAATAC AAAAAATGAT TGTGGGCAA ATTTACCCC ACAAAACGCA      300
      GAAGAATTCA CCAATTTAAT GTTGAACATG ATCGCTGTCT TAGACTCCA ATCTTGGGGC      360
      GATGCGATCT TAAACGCTCC TTTTGAATTC ACTAACAGCT CAACAGATTG CGATAGCGAT      420
      CCTTCAAAAT GCGTAAATCC CGGAGTAAAT GGGCGTGTG ATACTAAAGT CGATCAACAA      480
      TATATACTCA ACAACAAGG TATTATTAAT AATTTTAGAA AAAAAATAGA AATTGATGCG      540
20      GTTGTTTTAA AAAATTCAGG GGTGTAGGG TTAGCCAATG GATATGGCAA TGATGGTGAA      600
      TATGGCACAT TAGGGGTAGA AGCCTATGCT TTAGATCCTA AAAAACTCTT TGGCAACGAC      660
      CTTAAGACTA TCAATTTAGA AGATTTAAGA ACCATCTTGC ATGAATTCAG CCACACTAAA      720
      GGCTATGGGC ATAACGGGAA TATGACCTAT CAAAGAGTGC CGGTAACGAA AGATGGTCAA      780
      GTGGAAAAGG ATAGTAATGG CAAGCCAAAA GATTCTGATG GCCTCCCCTA TAATGTGTGT      840
25      TCGCTTTATG GGGGATCCAA TCAGCCCGCT TTCCCTAGCA ACTACCCTAA TTCCATCTAT      900
      CACAATTGTG CGGATGTCCC GGCTGGCTTT TTAGGGGTAA CAGCAGCGGT TTGGCAGCAG      960
      CTCATCAATC AAAACGCCTT GCCGATCAAC TACGCTAACT TGGGGAGTCA AACAACTAC      1020
      AACCTAAACG CTAGTTTAAA CACGCAAGAT TTAGCCAATT CCATGCTCAG CACCATCCAA      1080
      AAAACCTTTG TAATTCTAG CGTTACCAAC CACCATTTTT CAAACGCATC GCAAAGTTTT      1140
30      AGAAGCCCTA TTTTAGGGGT TAACGCTAAA ATAGGCTATC AAAACTACTT TAATGATTTT      1200
      ATAGGGTTGG CTTATTATGG CATCATCAAA TACAATTACG CTAAAGCTGT TAATCAAAAA      1260
      GTCCAGCAAT TGAGCTATGG TGGGGGGATA GATTTGTTAT TGGATTTTAT CACCACTTAC      1320
      TCCAATAAAA ATAGCCCTAC AGGCATTCAA ACCAAAAGGA ATTTTCTTCT ATCTTTTGGT      1380
      ATCTTTGGGG GGTAAAGGGG CTTGTATAAC AGCTATTATG TGTTGAACAA AGTCAAAGGA      1440
35      AGCGGCAATT TAGATGTGGC TACCGGGTTG AACTACCGCT ATAAGCATTC TAAATATTCT      1500
      GTAGGGATTA GCATCCCTTT AATCCAAAGA AAAGCTAGCG TCGTTTCTAG CGGTGGCGAT      1560
      TATACGAAC TTTTGTGTTT CAATGAAGGG GCTAGCCACT TTAAGGTGTT TTTCAATTAC      1620
      GGTGGGTGTT TT
      1632

40      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:17:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
      (A) LENGTH: 1071 base pairs
      (B) TYPE: nucleic acid
45      (C) STRANDEDNESS: double
      (D) TOPOLOGY: circular

      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

50      (iii) HYPOTHETICAL: NO

      (iv) ANTI-SENSE: NO

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
55      (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
      (A) NAME/KEY: misc_feature
      (B) LOCATION 1...1071

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:17:

5	TTGATGAAAA GCATTTTGCT CTTTATGATT TTTGTAGTTT GTCAGTTAGA AGGCAAAAAA	60
	TTTTTACAAG ATAATTTTAA GGTGGATTAT AACTACTATT TGCGCAAACA GGATTGTCAC	120
	ATCATTAAAA CGCAAAACGA TTTGTCCAAT GCCTGGTATC TCCCTCCACA AAAAGCCCCC	180
	AAAGAACATT CTGGGGTGGA TTTTGCTAAA AAATATTTAA ACATGATGGA TTATCTAGGC	240
	ACTTATTTTT TGCCTTTTTA TCATAGTTTC ACCCCCATTT TTCAATGGTA CCACCCTAAT	300
10	ATCAACCCCT ACCAACGCAA TGAGTTTAAG TTCCAAATCA GTTTTAGAGT GCCTGTATTT	360
	AGGCATATTC TTTGGACTAA AGGCACGCTT TATCTGGCTT ATACCCAAAC TAACTGGTTT	420
	CAAATTTATA ATGACCCTCA ATCCGCCCCC ATGCGAATGA TCAATTTTCAT GCCTGAACTC	480
	ATCTATGTTT ATCCTATTAA TTTTAAACCT TTTGGGGGTA AAATAGGGAA TTTTCTGAA	540
	ATTTGGATAG GTTGGCAGCA CATTCTAAT GGTGTGGGGG GTGCGCAATG TTACCAGCCT	600
15	TTTAATAAAG AAGGTAATCC TGAAAACCAAG TTCCAGGAC AACCTGTAAT CGTTAAAGAT	660
	TATAACGGGC AAAAAGATGT GCGCTGGGGG GGGTGTCKTT CGGTGARCSC GGGCAACSCC	720
	CTGTGTTTCG TTTTGGTGTG GGAAAAGGGA GGCCTAAAAA TCATGGTCGC TTATTGGCCC	780
	TATGTCCCTT ATGATCAATC CAACCCTCAA TTGATTGATT ACATGGGGTA TGGTAACGCT	840
	AAAATTGATT ACAGGAGAGG GCGCCACCAT TTTGAATTGC AACTTTATGA TATTTTCACG	900
	CAATACTGGC GTTATGATCG CTGGCATGGA GCTTTCCGCT TAGGCTATAC CTACCGCATT	960
20	AACCCTTTTG TGGGGATTTA TGCGCAGTGG TTTAACGGCT ATGGCGATGG CTTGTATGAA	1020
	TACGATGTTT TTTCCAATCG TATAGGGGTA GGAATACGCT TGAACCCTTA A	1071

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:18:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2028 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

30 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

35 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

40 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...2028

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:18:

45	TTGTCTAAAG GTTTGAGTAT CGGTAATAAA ATCATATTGT GCGTGGCGTT GATTGTGATC	60
	GTGTGCGTGA GCATTTTAGG GGTGTCTTA AACAGCAGGG TGAAAGAGAT TTTAAAAGAA	120
	AGCGCTCTGC ATTCAATGCA AGATAGTTTG CATTTCAGG TTAAGGAAAT GCAAAGTGTT	180
	TTGGAACA CTTATACGAG CATGGGCATT GTCAAAGAAA TGCTCCCTGA AGACACCAA	240
50	AGAGAAATCA AAATCCAGTT GTTAAAAAAC TTCATTTTAG CCAATTCGCA TGTCGCTGGG	300
	GTGAGCATGT TTTTAAAGA CAGAGAGGAT TTGAGATTGA CGCTTTTACG AGATAACGAT	360
	ACGATCAAGT TGATGAAAA CCCGTCATTA GGGAGTAACC CTTTAGCGCA AAAAGCGATG	420
	AAAAATAAAG AAATTCTTAA AAGCTGCCT TATTACAGGA AAATGCCTAA CGGGGCGGAA	480
	GTTTATGGCG TGGATATTCT TTTACCACTA TTCAAGGAAA ACACGCAAGA AGTGGTGGGG	540
55	GTTCTGATGA TTTTCTTTT CATTGACAGC TTCAGTAATG AAATCACTAA AAACAGGAGC	600
	GATTTATTTT TAATTGGCGT TAAAGGTAAA GTGCTTTTGA GCGCAATAA AAGCTTGCAA	660
	GACAAATCCA TCACCGAAAT TTATAAAGC GTGCCATAAG CCACTAATGA AGTGATGGCT	720
	ATTTTAGAAA ATGGCTCTAA AGCGACTTTA GAATACTTGG ATCCCTTTAG CCATAAGGAG	780
	AATTTTTTAG CCGTTGAAAC CTTTAAATG CTAGGCAAAA CAGAAAGTAA AGACAATCTT	840

```

AATTGGATGA TCGCTTTGAT CATTGAAAAA GACAAGGTCT ATGAGCAAGT GGGATCGGTG      900
CGTTTTGTGG TGGTTGCAGC GAGTGCTATC ATGGTGTTAG CCTTAATCAT AGCGATCACT      960
CTTTTAATGC GAGCGATCGT GAGCAATCGT TTGGAAGTCG TTTCTAGCAC CTGTCTCAT      1020
TTCTTTAAAT TATTGAACAA TCAAGCCCAT TCTAGCGACA TTAAATTGGT TGAAGCGCGA      1080
5 TCTAATGACG AATTAGGGCG CATGCAACA GCGATCAATA AAAATATCTT GCAAACCCAA      1140
AAAACCATGC AAGAAGACAG GCAAGCCGTC CAAGACACCA TTAAAGTGGT TTCAGACGTG      1200
AAAGCGGGGA ATTTTGCGGT GCGCATCACG GCTGAACCCG CAAGCCCTGA TTTGAAAGAA      1260
TTGAGAGACG CGCTAAATGG GATCATGGAT TATTTGCAAG AAAGCGTAGG GACTCACATG      1320
CCAAGCATTT TCAAAATCTT TGAAAGCTAT TCTGGCTTGG ATTTTAGAGG GCGGATCCAA      1380
10 AACGCTTCGG GTAGGGTGA ATTGGTTACT AACGCTTTAG GGCAAGAAAT CCAAAAAATG      1440
CTAGAACTT CGTCTAATTT TGCCAAAGAT CTAGCGAACG ATAGCGCGAA TTTAAAAGAA      1500
TGCGTGCAAA ATTTAGAAAA GGCTTCAAAAC TCCCAACACA AAAGCCTGAT GGAACTTCC      1560
AAAACGATAG AAAATATCAC CACTTCCATT CAAGGCGTGA GCTCTCAAAG TGAAGCCATG      1620
ATTGAACAAG GGAAAGACAT TAAAAGCATT GTAGAAATCA TTAGAGATAT TGCCGATCAA      1680
15 ACGAATCTAT TAGCCCTAAA CGTGCTATT GAAGCCGCAC GAGCCGGCGA GCATGGCAGA      1740
GGCTTTGCGG TGGTGGCTGA TGAGGTGAGG AAGCTCGCTG AAAGGACGCA AAAATCCCTC      1800
AGTGAGATTG AAGCCAATAT TAATATTCTC GTTCAAAGCA TTTCAGACAC GAGCGAAAGC      1860
ATTAAAAACC AGGTTAAAGA AGTAGAAGAG ATCAACGCTT CTATTGAAGC CTTAAGATCG      1920
GTTACTGAGG GCAATCTAAA AATCGCTAGC GATTCTTTAG AAATCAGTCA AGAAATTGAC      1980
20 AAAGTCTCTA ACGATATTTT AGAAGATGTG AATAAAAAGC AGTTTTAA      2028

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:19:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 816 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...816

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:19:

```

45 ATGAACATAT TCAAGCGTAT TATTTGCGTA ACCGCTATTG TTTTAGGTTT TTTTAACCTT      60
TTAGACGCCA AACACCACAA AGAAAAAAGA GAAGACCACA AAATCACTCG TGAGCTTAAA      120
GTGGGCGCTA ACCCTGTGCC GCATGCGCAA ATCTTGCAAT CAGTTGTGGA TGATTTGAAA      180
GAGAAAGGGA TCAAATTAGT GATCGTGTCT TTTACGGATT ATGTGTTGCC TAATTTAGCG      240
CTCAATGACG GCTCTTTAGA CGCGAATTAC TTCCAGCACC GCCCTTATTT GGATCGGTTT      300
50 AATTTGGACA GAAAAATGCA CCTTGTTGGT TTGGCCAATA TCCATGTGGA GCCTTTAAGA      360
TTTTATTCTC AAAAAATCAC AGACATTAAA AACCTTAAAA AAGGCTCAGT GATTGCTGTG      420
CCAAATGATC CGGCCAATCA AGGCAGGGCG TTGATTTTAC TCCATAAACA AGGCCTTATC      480
GCTCTCAAAG ACCCAAGCAA TCTATACGCT ACGGAGTTTG ATATTGTCAA AAATCCTTAC      540
AACATCAAAA TCAAACCCCT AGAAGCTGCG TTATTGCCTA AGGTTTTAGG GGATGTGGAT      600
55 GGGGCTATCA TAACAGGGAA TTATGCCTTG CAAGCAAAAC TCACCGGAGC CTTATTTTCA      660
GAAGATAAGG ACTCGCCTTA TGCTAATCTT GTAGCCTCTC GTGAGGATAA TGCGCAAGAT      720
GAAGCGATAA AAGCGTTGAT TGAAGCCTTA CAGAGCGAAA AGACCAGGAA ATTCATTTTG      780
GATACCTATA AGGGGGCGAT TATCCCGGCT TTTTAA      816

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:20:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 486 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...486
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:20:

```

25 ATGTTTTTTTA AAACCTTATCA AAAATTACTG GGC GCGAGCT GTTTGGCGCT GTATTTAGTG      60
   GGCTGTGGGA ATGGTGGTGG CCGTGAATCG CCGTTGAGA TGATTGCAA TAGCGAGGGT      120
   ACGTTTCAA TCGACTCCAA AGCAGATAGC ATTACTATTC AAGGCGTGAA GCTTAATAGA      180
   GGTAATTGTG CTGTCAATTT TGTTCAGTA AGTGAGACGT TTCAAATGGG TGTTTAAAGT      240
   CAAGTTACTC CAATCTCTAT ACAGGATTTT AAAGATATGG CAAGCACTTA TAAGATATTT      300
   GATCAAAAGA AAGGGTTGGC AAACATAGCA AATAAAATTT CTCAATTAGA GCAAAAGGGT      360
30 GTGATGATGG AACCTCAAAC CCTTAATTTT GGAGAAAGTT TAAAAGGCAT TTCTCAAGGG      420
   TGCAATATTA TAGAGGCAGA AATACAAACC GACAAAGGCG CTTGGACTTT TAACTTTGAT      480
   AAATAA                                         486

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:21:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1014 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1014
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:21:

```

ATGATTAGAT TAAAAGGTTT GAATAAACT TAAAAACAA GCTTATTAGC TGGGGTTTTA      60
CTAGGTGCTA CTGCTCCCTT AATGGCAAAG CCTTTATTAA GCGATGAAGA CTTATTGAAA      120
CGAGTAAAC TACACAATAT CAAAGAAGAT ACGCTGACTA GCTGTAATGC TAAGGTGGAC      180

```

```

GGCTCTCAAT ACTTGAATAG TGGTTGGAAT TTATCTAAAG AATTTCCGCA AGAATATAGA 240
GAAAAGATT TTGAATGCGT AGAAGAAGAA AAACATAAAC AAGCCCTTAA TTTAATCAAT 300
AAAGAAGACA CTGAAGATAA AGAAGAACTT GCAAAAAAAAA TCAAAGAAAT TAAAGAAAAA 360
GCTAAAGTTT TAAGGCAAAA ATTTATGGCT TTTGAAATGA AAGAACACTC TAAAGAATTC 420
5 CCAAATAAAA AGCAACTTCA AACCATGCTT GAGAACGCTT TTGATAATGG AGCTGAAAGT 480
TTTATTGATG ATTGGCACGA ACGCTTTGGG GGTATAAGTA GAGAGAATAC TTATAAGCA 540
CTTGGCATT AAGAATATAG TGATGAAGGA AAGATATTAG CCTTTGGCGA AAGAAGTTAT 600
ATTAGACAAT ATAAAAAGA TTTTGAAGAA AGCACTTATG ATACTAGACA AACCTTATCT 660
GCTATGGCTA ATATGAGTGG CGAAAACGAT TATAAAATTA CTTGGTTAAA ACCCAAATAT 720
10 CAGCTCCATA GTTCAAATAA TATTAAACCC TTAATGTCAA ACACAGAGTT GTTAAATATG 780
ATAGAGCTAA CCAATATCAA AAAAGAATAT GTTATGGGCT GTAATATGGA AATAGATGGT 840
TCTAAATATC CCATTCTATA AGATTGGGGA TTTTTTGGTA AGGCAAAAGT CCCAGAAACT 900
TGGAGAAATA AGATTTGGGA ATGTATTAAG AATAAAGTAA AGTCCTATGA CAACACTACC 960
GCTGAAATAG GAATAGTTTG GAAAAAAAT ACTTATTCTA TCTCTCATCA CTAA 1014
15

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:22:

```

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 1251 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: circular
20

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
25

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

30 (vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...1251
35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:22:

```

```

ATGAAAAAAT TAGTTTTTAG CATGCTTTTA TGTGTGAAAA GCGTGTGTTGC AGAGGGGGGAA 60
40 ACTCCTTTGA TTGTCAATGA CCCAGAAACC CATGTAAGTC AAGCCACTAT CATAGGCCAA 120
ATGGTAGATA GTATCAAAAG ATACGAAGAG ATTATTTCTA AGGCTCAAGC TCAAGTCAAT 180
CAGTTACAAA AAGTCAATAA CATGATAAAT ACGACTAATT CTTTGATTAG TAGTAGTGCT 240
ATCACTTTAG CCAATCCTAT GCAAGTTTTA CAAAACGCTC AGTATCAAAT AGAGAGCATT 300
45 AGATACAAC ATGAGAATTT AAAGCAAAGC ATAGAAAATT GGAACGCACA AAATTTGTTA 360
AGAAACAAAT ACTTACAGCA ACAATGCCCT TGGCTTAATG TCAATGCTCT TACTAACAAT 420
AAGATTGTCA ATCTTAAAGA TCTCAATAAC CTAATCACCA AAAATGGCGA ACAAACCCAA 480
ACCGCAAGAG ATGTGCAAAA TCTCATTAG TCCATTAGTG GCAGTGGCTA TGGAAACATG 540
CAATCACTTG CTGGGGAATT GAGTGGTAGA GCGTGGGGGG AAATGTTGTG TAAATGGTA 600
AACGATAGTA ATTATGAAAG CGAGCAAGCT CTTTGTAGCA CAGGCAATAA CCCAGAAGAG 660
50 CAAAAACGAA GATTTTTGCT TAGAGTAAAG AAAAAGGTTA ATGATAATAA GCAGTTAAAA 720
GATAAACTTG ACCCATTTCT AAAAAGACTT GATGTCCTAC AAAGTGAAGT TGGTGTAAGT 780
GACCCTACAG CTAACCATAA TAAGCAAGGG ATACATTATT GCACAGAAAA TAAAGAGACA 840
GGTAAATGCG ACCCTATTAA AAATGTATTT AGGACAACCT GCTTAGATAA CGAATTAGAA 900
CAAGAAATCC AAACGCTCAC ACTTGATTTA ATCAAAGCCT CCAATAAAGA CGCTCAAAGC 960
55 CAAGCCTACG CAAATTTCAA TCAAAGGATT AAATTACTTA CTCTAAAATA TTTAAAAGAA 1020
ATTACCAATC AAATGCTCTT TTAAATCAA ACAATGGCAA TGCAAAGCGA GATTATGACA 1080
GATGATTATT TTAGGCAAAA TAATGATGGC TTTGGGGAAA AAGAAAACCA TATAGACAAA 1140
CAATTAACGC AAAAAAGAAT AAACGAAAGA GAAAGAGCTA GAATATACTT TCAAAACCCCT 1200
AATGTAAAT TTGACCAATT TGGCTTTCCC ATTTTGTAGTA TATGGGATTA A 1251

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:23:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1131 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1131
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:23:

25	GTGAATAAGT GGATTAAAGG GCGGTTGTT TTTGTAGGGG GTTTTGCAAC GATTACAACC	60
	TTTTCTTTAA TCTACCACCA AAAGCCAAAA GCCCCCTAA ATAACCAGCC TAGCCTTTTG	120
	AATGACGATG AGGTGAAATA CCCCTTACAA GACTACACTT TCACTCAAAA CCCACAGCCA	180
	ACTAACACGG AAAGCTCCAA AGACGCTACC ATCAAAGCCT TACAAGAACA GCTCAAAGCC	240
	GCTTTAAAAG CCCTAAACTC CAAAGAAATG AATTATTCCA AAGAAGAGAC TTTTACTAGC	300
30	CCTCCCATGG ATCCAAAAAC AACCCCCCT AAAAAAGACT TTTCTCCAA ACAATTAGAT	360
	TTACTGGCCT CTCGCATCAC CCCTTTCAAG CAAAGCCCTA AAAATTACGA AGAAAACCTG	420
	ATTTTCCCTG TGGATAACCC TAATGGCATT GATAGTTTCA CTAACCTTAA AGAAAAGAC	480
	ATCGCCACTA ATGAAAACAA GCTTTTACGC ACCATTACAG CTGACAAAAT GATACCCGCT	540
	TTTTTGATTA CGCCCATTTT TAGCCAGATC GCTGGTAAAG TGATTGCGCA AGTGGAGAGC	600
35	GATATTTTTG CAAGCATGGG CAAAGCCGTC TTAATCCCCA AAGGCTCTAA AGTCATAGGC	660
	TATTACAGCA ACAATAACAA AATGGGCGAA TACCGCTTGG ATATTGTATG GAGTCGAATC	720
	ATCACTCCCC ATGGCATTAA TATCATGCTC ACTAACGCTA AAGGGGCGGA CATTAAAGGC	780
	TATAACGGCT TAGTGGGGGA ATTGATTGAA AGGAATTTCC AACGCTATGG CGTGCCGTTA	840
	CTGCTTTCTA CGCTCACTAA CGGCCTATTG ATTGGGATCA CTTGCGCTTT AAACAACAGA	900
40	GGCAATAAAG AAGAGGTGAC TAATTTCTTT GGGGATTATC TTTTATTGCA ATTGATGAGG	960
	CAAAGCGGCA TGGGGATCAA TCAAGTGGTC AATCAAATTT TAAGAGACAA GAGCAAGATC	1020
	GCCCCATTG TGGTGATTAG AGAGGGGAGT AGGGTCTTCA TTTCGCCCAA TACTGACATC	1080
	TTCTTCCCTA TACCCAGAGA GAATGAAGTC ATCGCTGAGT TTTTGAAGTG A	1131

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:24:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2751 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

5 (B) LOCATION 1...2751

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:24:

10	GTGGATTGGA GGATCCAATC TAAAGAAGTC AGTCATAATT TAAAGGAATT ATCAAAAACG	60
	CTAATCAGCT ATCCTTTTGA AAAACATGTA GAAGCTTTAG GGAACAATG CAGTAAC TTC	120
	GTTTCTATTC CCATTAACAA TGACGACTAT TCAAATATT GCACCTTTGT GAGTGATTTT	180
	ATAAATCTTA TAGCTTCTTA CAATTTATTA GAATCATTTT TAGATTTTAA TAAAGATAAA	240
	TTAAATTTGA GCGAGCTTGT AACTGAATAT GCCAACGTAA CCAATAATCT GCTTTTCAAA	300
	AAATTAATCA AACATTTAAG CGGCAACAAT CAATTGGTTA AAAATTTTAA TCAGTGATATA	360
15	AGAGAAATTA TAAAATACAA CGCCCCTAAT AAAGAATACA AACCCAATCA ATTTTTTATA	420
	ATAGGGAAG GCAAACAAA ACAATTAGCA AAAATTTATT CTCATTTAAA AGAACTTAGT	480
	GCAAGTGAAA TTAAACCACA AGATATGGAA GACATCTTAA AAAAGCTAGA GGAATTAGAT	540
	AAAATTTTAA AAATACCGA CTTTACAAA TTCACACCAA AAATGAAAT TAAGGATATT	600
	ATTAAAGAAA TAGACGAAA ATACCTATC AATGAAAATT TTAAACGGCA ATTTAATGAG	660
20	TTTGAATCAA ATATTGAAA ACATGATGAA ATAAAAAGG ATTTTGAGCG AAACAAAGAG	720
	TCGCTGATCC GAGAAATTGA AAATCACTGC AAAATGAAT GCAATAGCGA AGAAGAGCCG	780
	GAGTATAAGA TTAATGATCT GCTCAAAAAT ATCCAACAAA TATGCAAAA TTATATAGAA	840
	AGTCATGCCG TTAATGATGT GTCTAAAGAT ATTAAATCCA TGATGTGTCA GTTTTATTGT	900
	AAACAGATAG ATTTATTAGT CAATTCAGAA ATTTGCGCAT ACAGATACAG CAATCTTTT	960
25	GAACCAATAC AAAGATCTTT ATGGGAGAGT ATAAAAATT TAGATAATGA AAGTGCGATT	1020
	TATTTGTTCC CTAAAAATAT TGGTGAAATC AAGGATAAAT TTGAAGCAA CAAGGAAAAA	1080
	TTCAAACAAA GCAAAAATGT TTCTGAGTTC GCAGAATATT GCCGAGAGTG TAACCCCTAT	1140
	ACAGCGTTTA ACTTTTCATCT AAATATAAAT AATGGTTTAT CTCATCAATT TGAATAATTC	1200
	GTGCCAATCA TGAAAGAATA CAAAGAGCCA AAAATCACAG ATAATGACCT TGAAGCCATA	1260
30	TCAACCAAAG AGACTGGTCT TGCTAGCCAA TTATCTGGGC ACTGGTTTTT TCAGCTTTCG	1320
	TTATTTAATA AAACAAACTT TAATCCTAAT AAAATTTGGA TTCCTTTAGA GTTCAATAAA	1380
	AGATCAAAA TAAAGTTTGA TAAAGATTTA GAAATCTATT TTGATAGTCA TGAATCGTTC	1440
	AATATCTCTA AAAAAATCTT GCAAGAAAT GATCAAGAAT CACTAAAAA GATCAACAA	1500
	TCAAAAGATT TTTTTTCAAT TCAAAAAATA GAGAGTAAGC ATGATAATA CGATATACTG	1560
35	CAACTTGAAT TTTTGTAGAA TGATACAAGT TTTCTTTTGG CTAAAGGAAG TTTTGCAGAA	1620
	ATTTTAGAAT ACAACATGCA ATTAATAAATA GATTCTTTAA TTACAAAAGA ATTTAATAAG	1680
	CTTTTAGCGA TCGTTCAAGA TAGTCCCCAA GATAGTTACC AATTAAAAAT TCGTGCCGA	1740
	CATAACAATA AGTTCCTAG AGAGAAATAT ACGGAACATG AAATAAACT TGAAGTTTAT	1800
	GATTGCAGAA AATCCACGA TCACAATGAG CCAATCATCT TAAGCCAGCA AAGCACCAGC	1860
40	TTCCAATGGG CGTTTAATTT CATGTTTGGC TTTCTTTATA ATGTGGGATC ACATTTTAGT	1920
	TTTAACCATA ATATTATCTA TGTCATGGAC GAGCCAGCCA CTCATTTGAG CGTGCCAGCC	1980
	AGAAAGGAGT TTAGGAAATT TTTAAAAGAA TACGCTCATA AAAATCATGT TACTTTTGTT	2040
	TTAGCCACCC CAGACCCCTT TTTAGTGGAT ACGGATCATT TAGATGAAAT AAGGATTGTG	2100
	GAAAAGGAAA CAGAAGGCTC TGTAATTAAG AATCACTTTA ACTATCCCCT AAATAATGCA	2160
45	AGCAAAGACT CCGACGCTTT GGACAAAATC AAACGCTCTT TAGGAGTGGG CCAGCATGTT	2220
	TTTCATAACC CCCAAAAACA CCGAATCATT TTTGTAGAAG GCATCACGGA TTATTGTTAT	2280
	TTGAGCGCTT TTAAATTGTA TTTGCGTTAC AAAGAATACA AGGACAACCC CATTCTTTT	2340
	ACTTTCTTAC CCATTTTCAGG GCTTAAAAAC GATTCAAACG ATATGAAAGA AACCATTGAA	2400
	AAACTTTGCG AGTTAGACAA TCACCCTATT GTTTTGACAG ACGATGACAG AAAATGCGTT	2460
50	TTTAACCAAC AAGCAACGAG CGAACGATTT AAAAGAGCTA ATGAAGAAAT GCATGATCCC	2520
	ATCACCATCC TACAACCTCTC AGACTGCGAT AGGCATTTCA AACAAATTGA AGATTGTTTC	2580
	AGCGCAAACG ATAGAAACAA ATACGCTAAA AATAAGCAA TGGAATTGAG CATGGCTTTT	2640
	AAAACAAGGC TTTTGTATGG CGGAGAAGAT GCGATAGAAA AACAAACAAA AAGAAATTTT	2700
55	TTAAATTTAT TCAATGGAT TGCATGGGCT ACAAATTTGA TCAAAAACCTA A	2751

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:25:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 531 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

- 5 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 (iii) HYPOTHETICAL: NO
 (iv) ANTI-SENSE: NO
 10 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
 (ix) FEATURE:
 15 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...531

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:25:

20	ATGACTGCAA TGATGCGTTA TTTTCACATC TATGCGACCA CTTTTTCTT CCCTTTGGCG	60
	CTTCTTTTTG CGGTTAGTGG GCTTTCATTG CTCTTTAAAG CGCGCCAAGA CACTGGCGCT	120
	AAGATCAAAG AATGGGTTTT AGAAAAATCC TTAAAAAAG AAGAACGATT GGACTTTTAA	180
	AAAGGCTTTA TAAAGAAAA CCATATCGCT ATGCCTAAAA AGATAGAGCC TAGAGAGTAT	240
	AGGGGAGCGT TAGTCATTGG CACGCCTTTG TATGAAATCA ACCTTGAAAC TAAAGGCACT	300
25	CAAACGAAAA TCAAGACCAT TGAAAGGGGC TTTTATAGGCG CGCTCATCAT GCTGCATAAG	360
	GCTAAGGTGG GCATCGTGTT TCAGGCGCTT TTAGGGATTT TTTGCGTGTT TTTATTGTTG	420
	TTTACTTTGA GCGCGTTTTT AATGGTGGCT TTTAAAGACA CTAAACGCAT GTTTATAAGC	480
	GTTTAAATAG GGAGCGTGGT GTTCTTTGGA GCGATCTATT GGTCTTTGTA G	531

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:26:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 669 base pairs
 35 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 40 (iii) HYPOTHETICAL: NO
 (iv) ANTI-SENSE: NO
 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 45 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...669

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:26:

	ATGTTTAAAA ACGCTTTAAA TATACAAGAT TTTTCATTTA AAAATCATAC TAGTACAGCC	60
	ATTATTTGGCA CAAATGGTGC TGGAAATCA ACGCTTATCA ACACTATTCT AGGCATTAGA	120
55	TCAGACTATA ATTTTAAAGC ACAAACAAT AATATTCCAT ACCACGACAA TGTATATACCA	180
	CAACGCAAGC AATTGGGAGT TGTCTCTAAC CTATTCAACT ACCCACCTGG ATTAAACGCA	240
	AACGACCTTT TTAAATTCTA TCAATTTTTT CACAAAACT GCACTCTAGA TTTGTTTGAA	300
	AAAAATCTTT TAAATAAAAC CTACGAACAC CTAAGCGACG GACAAAAACA GCGCTTAAAA	360
	ATTGACTTAG CTCTTAGCCA TCACCCACAA TTAGTTATTA TGGATGAACC AGAAACCACT	420

5 TTAGAGCAAA ACGCTCTTAT AAGACTATCA AATCTCATAA GCTTGCGCAA CACCCAACAA 480
 CTTACAAGTA TCATCGCCAC TCATGATCCT ATTGTCTTAG ATAGTTGCGA ATGGGTATTG 540
 CTCCTTAAGA ATGGCAACAT TGCTCAATAC AAACCTTTAA ATTCTATATT AAAATCTGTA 600
 GCTAAAACTT TTAACCTTTAA AGAAAAACCA ACCACAAAAG ACTTATTAGC GTTACTAAAG 660
 GATATTTTAA 669

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:27:

- 10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1221 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
 15 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 (iii) HYPOTHETICAL: NO
 (iv) ANTI-SENSE: NO
 20 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
 (ix) FEATURE:
 25 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1221

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:27:

30 ATGTATGCGG CTCATCCTAT TAAACCCATA AAAGCCCCTA AACTCAAATC TCAATTTTTA 60
 AGGCGTGTGT TTGTGGGCGC GTCCATTAGG CGCTGGAATG ACCAAGCATG CCCTTTGGAA 120
 TTTGTGGAAT TAGACAAGCA AGCCCATAAA GCGATGATTG CGTATCTGCT CGCTAAAGAT 180
 TTAAAAGATA GGGGTAAAGA TTTAGATTTA GATCTTTTAA TCAAATATTT TTGCTTTGAG 240
 TTTTGGAGC GCTTGGTTTT AACCGATATT AAACCCCTA TTTTACGC CCTCCAACAA 300
 35 ACGCATAGTA AAGAGTTAGC TTCCTATGTT GCGCAAAGTT TGCAAGATGA AATCAGTGCG 360
 TATTTTCTT TAGAGGAAC CAAAGAGTAT TTAAGCCACA GGCCTCAAAT TTTAGAAACT 420
 CAAATTTTAG AGAGCGCGCA TTTTATGCG TCTAAGTGGG AGTTTGATAT TATCTATCAT 480
 TTTAACCCCA ACATGTATGG CGTGAAAGAG ATTAAGATA AAATTGACAA GCAACTCCAC 540
 AATAACGATC ATTTGTTTGA AGGCTTTTTT GGGGAAAAAG AAGATTGAA AAAATTGGTG 600
 40 AGCATGTTTG GGCAGTTGCG TTTCCAAAAG CGCTGGAGCC AAACCCCAAG AGTGCCACAA 660
 ACCAGTGTTT TAGGGCATA TTTATGCGTG GCGATTATGG GGTATTTATT GAGTTTGGAC 720
 TTGAAAGCTT GTAAAAGCAT GCGGATCAAT CATTTTTTGG GCGGGCTTTT CCATGATTTA 780
 CCCGAAATTT TAACCCGAGA CATTATCACG CCCATCAAAC AAAGCGTTGC AGGGCTTGAT 840
 CATTGCATTA AAGAGATTGA AAAAAAGGAA ATGCAAAACA AAGTCTATTC CTTTGTGTCT 900
 45 TTGGGCGTTC AAGAAGATTT GAAATATTTT ACCGAAAACG AGTTTAAAAA CCGCTACAAA 960
 GACAAGTCTC ATCAAATCGT TTCACTAAA GACGCTGAAG AATTATTCAC GCTTTATAAT 1020
 AGCGATGAAT ATCTTGGGGT TTGCGGGGAG CTTTGAAGG TGTGCGATCA TTTGAGCGCG 1080
 TTTTTAGAAG CCCAAATCTC TCTTCTCAT GGCATTCTA GCTACGATTT AATCCAAGGA 1140
 GCTAAAAACC TTTTAGAATT GCGATCCCAA ACGGAACTGC TTGATTGGA TTTAGGGAAA 1200
 50 TTGTTTAGAG ATTTTAAGTA A 1221

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:28:

- 55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1008 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 (iii) HYPOTHETICAL: NO
 5 (iv) ANTI-SENSE: NO
 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
 10 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1008

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:28:

```

15 GTGTTGTGGG TGCTATATTT TTTAACCAGT TTATTTATTT GCTCTTTGAT TGTTTTGTGG      60
   TCTAAAAAAT CCATGCTCTT TGTGGATAAC GCTAATAAAA TCCAAGGCTT CCATCATGCA      120
   AGAACCCAC GAGCCGGGGG GCTTGGGATC TTTCTTTCTT TTGCGTTGGC TTGTTATCTT      180
   GAACCTTTTG AGATGCCTTT TAAGGGGCCT TTTGTTTTCT TAGGGCTATC GCTAGTGTTT      240
20 TTGAGCGGTT TTTTAGAAGA CATTAACTTT TCATTAAGCC CAAAATACG CCTTATTTTG      300
   CAAGCTGTAG GGGTCGTTTG CATCATTTCA TCAACGCCTT TAGTGGTGAG CGATTTTTCG      360
   CCCCTTTTTA GCTTGCCTTA TTTTCATCGCT TTTTATTCG CTATTTTAT GCTGGTGGGT      420
   ATCAGTAACG CTATTAATAT CATTGACGGG TTTAACGGGC TTGCATCTGG GATTTGCGCG      480
   ATCGCGCTTT TAGTCATTCA TTATATAGAC CCTAGCAGTT TGTCTTGTTT GCTCGCTTAC      540
25 ATGGTGCTTG GGTATATGGT GTTAAATTTT CCTTCAGGAA AGATTTTTTT AGGCGATGGG      600
   GGGGCGTATT TTTTGGGTTT GGTGTGCGGG ATTTCTCTCT TGCATTTGAG TTTGGAGCAA      660
   AAAATCAGCG TGTTTTTTTG GCTCAATTTA ATGCTTTATC CGGTCATAGA GGTGCTTTTT      720
   AGTATCCTTA GGCGCAAAAT AAAACGCCAG AAAGCCACCA TGCCGGATAA TTTGCATTTG      780
   CACACCCTTT TATTTAAATT CTTGCAACAA CGCTCTTTCA ATTACCCTAA CCCTTTATGC      840
30 GCGTTTATCC TTATTCTATG CAACCTGCCT TTTATTTTAA TAAGCGTTTT GTTTCGCTTG      900
   GACGCTTATG CGCTCATTGT GATTAGCCTA GTCTTTATCG CATGCTATTT AATAGGCTAT      960
   GCTTATTTGA ATAGGCAAGT TTGCGCTTTA GAAAAGCGGG CGTTTTAA      1008
  
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:29:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 291 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: circular
 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 (iii) HYPOTHETICAL: NO
 45 (iv) ANTI-SENSE: NO
 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
 50 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...291

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:29:

```

55 ATGAAAAAGG TTATTGTGGC TTTAGGCGTT TTGGCGTTTC CAAATGTTTT AATGGCAACC      60
   GATGTTAAGG CTCTTGTAAG AGGTTGTGCC GCTTGCCATG GGGTTAAGTT TGAAGAGAAA      120
   GCTTTAGGTA AAAGCAAAAT CGTTAACATG ATGAGCGAAA AAGAGATTGA AGAGGATCTT      180
  
```

ATGGCTTTTA AAAGCGGTGC CAACAAGAAT CCTGTCATGA CCGCGCAAGC TAAAAAATTA 240
AGCGATGAAG ACATCAAAGC TTAGCCAAA TACATCCCCA CTCTCAAATA A 291

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:30:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 471 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular

10

- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

- (iii) HYPOTHETICAL: NO

15

- (iv) ANTI-SENSE: NO

- (vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

20

- (ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...471

25

- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:30:

ATGCGAGATT TCAATAACAT TCAAATCACA CGCTTAAAAG TCGTCAAAA TGCCGTTTTT 60
GAAAACTGG ATCTGGAGTT TAAAGATGGC TTGAGCGCGA TTAGTGGGGC TAGTGGGGTG 120
GGGAAAAGCG TCCTTATTGC GAGCCTTTTA GGGGCGTTTG GGCTTAAAGA GAGCAACGCT 180
30 TCAAACATTG AAGTGAATT GATCGCGCCT TTTT TAGACA CGGAAGAATA CGGCATTTTT 240
AGAGAAGATG AGCATGAACC CTTAGTTATT AGCGTGATTA AAAAAGAAAA AACACGCTAT 300
TTTTTAAACC AAACAAGCCT ATCTAAAAAC ACGCTCAAAG CGTTATTAAA GGGGCTTATT 360
AAACGCTTAT CTAACGACAG ATTCAGCCAG AATGAACTCA ACGATATTTT AATGCTCTCC 420
TTATTAGATG GCTATATCCA AAATAAAAAT AGGCGTTTAG CCCCCTTTTA G 471

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:31:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 357 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular

40

- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

45

- (iii) HYPOTHETICAL: NO

- (iv) ANTI-SENSE: NO

- (vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

50

- (ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...357

55

- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:31:

GTGATGCTAA TGGCAATTTT TACCCCTTAT ATTCTTATTT TGAAATGAT GAAAAAGTCT 60

ATGAGTTTAT TCGCCAATAT GGGGTTGGAG CAAATTTTTT GCAACAGAGA CATTAAAGAT 120
 TTAAATGATT TTGTTTTTGG TATAGAAGTG GGGCTTGATA GCAATGCGAG AAAAAATCGT 180
 AGCAGAAAGG CTATGGAAAA TCATCTTATC GGTCTTTTTG TCCAAGCTCA ATTAAATTTT 240
 AAAGAACAAG TAGATATTAG AGAATTTGAG GATTACGCC AGGCTTTTGG AAATGATACT 300
 5 AAAAAATTG ATTTTGTTAT TTTTAGCAA GAGAAACTT ATTTTCATAG AAGCTAA 357

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:32:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 10 (A) LENGTH: 1068 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 25 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1068

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:32:

30 ATGAATATCA AAATTTTAAA AATATTAGTT GGAGGGTTAT TTTTTTTGAG CTTGAACGCC 60
 CATTTATGGG GGAAACAAGA CAATAGCTTT TTAGGGATTG GTGAAAGAGC CTATAAAAGC 120
 GGAATTATT CTAAAGCGGC GTCTTATTTT AAAAAAGCAT GCAACGATGG GGTGAGTGAA 180
 GGCTGCACGC AATTAGGAAT CATTTATGAA AACGGGCAAG GCACTAGAAT AGATTATAAA 240
 AAAGCCCTAG AATATTATAA AACCGCATGC CAGGCTGATG ATAGGGAAGG GTGTTTTGGC 300
 35 TTAGGGGGGC TTTATGATGA GGGTTTAGGC ACGGCTCAAA ATTATCAAGA AGCCATTGAC 360
 GCTTACGCTA AGGCATGCGT TTTAAAACAC CCTGAGAGTT GCTACAATT AGGCATCATT 420
 TATGATAGAA AAATCAAAGG CAATGCCGCT CAAGCGGTTA CTTACTATCA AAAAAGCTGT 480
 AATTTTGATA TGGCTAAGGG GTGTTATATT TTAGGCACTG CCTATGAAAA AGGCTTTTTA 540
 GAAGTCAAAC AGAGCAACCA TAAAGCCGTT ATCTATTATT TGAAAGCGTG CCGATTGAAT 600
 40 GAGGGGCAGG CTTGCCGAGC GTTAGGGAGT TTGTTTGAAA ATGGCGATGC AGGGCTTGAT 660
 GAAGATTTTG AAGTGGCGTT TGATTATTTG CAAAAAGCTT GCGCTTTAAA CAATTCTGGT 720
 GGTTCGCGCA GTTTAGGCTC TATGTATATG TTGGGCAGGT ATGTTAAAAA AGACCCCAA 780
 AAGGCTTTTA ACTATTTCAA GCAAGCATGC GATATGGGGA GCGCGGTGAG TTGCTCTAGG 840
 ATGGGCTTTA TGTATTCGCA AGGGGACACT GTTTCAAAAG ACTTGAGGAA AGCCCTTGAT 900
 45 AATTATGAAA GAGGTTGCGA TATGGGCGAT GAAGTGGGTT GCTTCGCTCT AGCGGGCATG 960
 TATTACAACA TGAAAGATAA AGAAAACGCC ATAATGATTT ATGACAAGGG CTGTAAATTG 1020
 GGCATGAAAC AGGCATGCGA AAATCTCACC AAACCTCAGG GGTATTAG 1068

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:33:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 50 (A) LENGTH: 582 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 55 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO

ATGCCTCCCT TAAAAGAAAC TTCGCAAACC TTTTATATATT ATTTTAAAAG CACTAATATT 840
TATTATATTA GTTACAATA TTTATTGTAA 870

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:35:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2007 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...2007

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:35:

ATGAGAAAAC	TATTCATCCC	ACTTTTATTA	TTCAGCGCTT	TAGAAGCGAA	CGAGAAAAAC	60
GGCTTTTTCA	TAGAAGCCGG	CTTTGAAACT	GGGCTATTAG	AAGGCACACA	AACGCAAGAA	120
AAAAGACACA	CCACCACAAA	AAACACTTAC	GCAACTTACA	ATTATTTACC	CACAGACACG	180
ATTTTAAAAA	GAGCGGCTAA	TTTATTCACC	AATGCCGAAG	CGATTTCAAA	ATTAAAAATC	240
TCATCTTTAT	CCCCTGTTAG	AGTGTTGTAT	ATGTATAATG	GTCAATTAAC	TATAGAAAAC	300
TTCTTGCCCT	ATAATTTAAA	TAATGTTAAG	CTTAGTTTTA	CAGACGCTCA	AGGCAACACG	360
ATTGATCTAG	GCGTGATAGA	GACCATCCCC	AAACACTCTA	AGATTGTTTT	ACCCGGGGAG	420
GCGTTTGATA	GTTTAAAAGA	GGCGTTTGAT	AAAATTGACC	CCTATACTTT	ATTTCTTCCA	480
AAATTTGAAG	CCACTAGCAC	TTCTATTTCT	GATACTAACA	CGCAGAGGGT	GTTTGAAACG	540
CTCAATAACA	TTAAACAAA	TCTTATAATG	AAATATAGTA	ATGAAAATCC	AAACAATTTT	600
AACACTTGTC	CTTACAATAA	TAATGGTAAT	ACAAAAAATG	ATTGTTGGCA	AAATTCACC	660
CCACAAACCG	CAGAAGAATT	CACCAATTTA	ATGTTGAACA	TGATCGCTGT	CTTAGACTCC	720
CAATCTTGGG	GCGATGCGAT	CTTAAACGCT	CCTTTTGAAT	TCACTAACAG	CTCAACAGAT	780
TGCGATAGCG	ATCCTTCAAA	ATGCGTAAAT	CCCGGAGTAA	ATGGGCGTGT	TGATACTAAA	840
GTCGATCAAC	AATATATACT	CAACAAACAA	GGTATTATTA	ATAATTTTAG	AAAAAAAATA	900
GAAATTGATG	CGGTTGTTTT	AAAAAATTCA	GGGGTTGTAG	GGTTAGCCAA	TGGATATGGC	960
AATGATGGTG	AATATGGCAC	ATTAGGGGTA	GAAGCCTATG	CTTAGATCC	TAAAAAACTC	1020
TTTGGAACG	ACCTTAAGAC	TATCAATTTA	GAAGATTTAA	GAACCATCTT	GCATGAATTC	1080
AGCCACACTA	AAGGCTATGG	GCATAACGGG	AATATGACCT	ATCAAAGAGT	GCCGGTAACG	1140
AAAGATGGTC	AAGTGGAATA	GGATAGTAAT	GGCAAGCCAA	AAGATTCTGA	TGGCCTCCCC	1200
TATAATGTGT	GTTGCTTTTA	TGGGGGATCC	AATCAGCCCG	CTTCCCTAG	CAACTACCCT	1260
AATTCCATCT	ATCACAATTG	TGCGGATGTC	CCGGCTGGCT	TTTAGGGGT	AACAGCAGCG	1320
GTTTGGCAGC	AGCTCATCAA	TCAAAACGCC	TTGCCGATCA	ACTACGCTAA	CTTGGGGAGT	1380
CAAAACAAC	ACAACCTAAA	CGCTAGTTTA	AACACGCAAG	ATTAGCCAA	TTCCATGCTC	1440
AGCACCATCC	AAAAAACCTT	TGTAACCTCT	AGCGTTACCA	ACCACCATTT	TTCAAACGCA	1500
TCGCAAAGTT	TAGAAGCCC	TATTTTAGGG	GTTAACGCTA	AAATAGGCTA	TCAAAACTAC	1560
TTTAATGATT	TCATAGGGTT	GGCTTATTAT	GGCATCATCA	AATACAATTA	CGCTAAAGCT	1620
GTTAATCAAA	AAGTCCAGCA	ATTGAGCTAT	GGTGGGGGGA	TAGATTGTGT	ATTGGATTTC	1680
ATCACCACCT	ACTCCAATAA	AAATAGCCCT	ACAGGCATTC	AAACCAAAAG	GAATTTTCT	1740
TCATCTTTTG	GTATCTTTGG	GGGGTTAAGG	GGCTTGATA	ACAGCTATTA	TGTGTTGAAC	1800
AAAGTCAAAG	GAAGCGGCAA	TTTAGATGTG	GCTACCGGGT	TGAACTACCG	CTATAAGCAT	1860
TCTAAATATT	CTGTAGGGAT	TAGCATCCCT	TTAATCCAAA	GAAAAGCTAG	CGTCGTTTCT	1920
AGCGGTGGCG	ATTATACGAA	CTCTTTTGTT	TTCAATGAAG	GGGCTAGCCA	CTTTAAGGTG	1980

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

5 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...582

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:33:

ATGAAAGAAA	AAAACCTTTG	GCCTTTAGGA	ATCATGAGCG	TGCTTATTTT	TGGGCTTGGG	60
ATCGTGGTGT	TTTLAGTGGT	GTTTGCCCTA	AAAAATTCGC	CTAAAAATGA	TTTAGTGTAT	120
15 TTCAAGGGTC	ATAACGAAGT	GGATTTAAAC	TTTAACGCCA	TGCTTAAAC	TTATGAAAAC	180
TTTAAATCCA	ATTATCGTTT	TTCAAGTGGT	TTAAAGCCTC	TTACCGAAAG	CCCTAAAACC	240
CCCATTTTGC	CCTATTTTTC	TAAAGGCACG	CATGGGGATA	AAAAAATCCA	AGAAAACCTT	300
TTAAACAACG	CTTTGATTTT	AGAAAAGTCC	AACACGCTTT	ATGCACAATT	GCAACCGCTC	360
AAACCCGCTT	TAGATTCGCC	AAATATTCAA	GTGTATTTAG	CGTTCTATCC	CAGCCAATCC	420
20 CAGCCCAGAT	TATTAGGAAC	GCTTGATTGT	AAAAACGCAT	GCGAACCTTT	AAAATTTGAT	480
TTGTTAGAGG	GCGATAAAGT	GGGGCGCTAT	AAGATCCTTT	TTAAATTTGT	TTTAAAAAT	540
AAAGAAGAAT	TGATTTTGGA	GCAACTGGCT	TTTTTTAAGT	AG		582

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:34:

25

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 870 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

30

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

35

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

40

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...870

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:34:

TTGGGTATCA	ATATGTGTTT	TAAAAAATA	AGAAATCTCA	TTTTATGCTT	TGGTTTTATT	60
TTAAGCTTGT	GCGCTGAAGA	AAATATCACC	AAAGAAAACA	TGACTGAAAC	GAACACGACT	120
GAAGAAAACA	CCCCTAAAGA	CGCTCCCAT	CTTTTGGAAG	AAAAACGCGC	CCAAACTCTA	180
50 GAGCTTAAAG	AAGAAAATGA	AGTGGCAAAA	AAGATTGATG	AAAAAAGCCT	GCTTGAAGAA	240
ATCCATAAGA	AAAAACGCCA	GCTTTACATG	CTCAAAGGGG	AATTGCATGA	AAAGAATGAA	300
TCCATCTTAT	TCCAACAAAT	GGCTAAAAAT	AAGAGCGGCT	TTTTTATAGG	CGTGATCCTT	360
GGCGATATAG	GGATTAACGC	TAATCCTTAT	GAGAAGTTTG	AACTTTTAAG	CAATATTCAA	420
GCTTCTCCCT	TGCTGTATGG	TTTAAGGAGC	GGGTATCAAA	AGTATTTTCG	TAACGGGATT	480
55 AGCGCCTTAC	GCTTTTATGG	GGAATATTTA	GGGGGGGCGA	TGAAAGGGTT	TAAAAGCGAT	540
TCTTTAGCTT	CTTATCAAAC	CGCAAGCTTG	AATATTGATC	TGTTGATGGA	TAAGCCTATT	600
GACAAAGAAA	AAAGGTTTGC	GTTAGGGATA	TTTGGAGGCG	TTGGAGTGGG	GTGGAATGGG	660
ATGTATCAAA	ATTTAAAAGA	GATTAGAGGG	TATTCACAGC	CTAACGCCTT	TGGGTTGGTG	720
TTAAATTTAG	GGGTGAGCAT	GACGCTCAAC	CTCAAACACC	GCTTTGAATT	AGCCCTAAAA	780

TTTTTCAATT ACGGGTGGGT GTTT TAG

2007

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:36:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 192 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 10 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- 15 (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- 20 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...192
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:36:

25 ATGAATACAG AAATTTTAAC CATCATGTTA GTTGCTCTCCG TGCTTATGGG ATTGGTAGGC 60
 TTAATAGCGT TTTTATGGGG GGTAAAAGC GGTCAAGTTG ACGATGAAAA ACGCATGCTT 120
 GAAAGCGTGT TGTATGACAG CGCGAGCGAC TTGAACGAAG CGATTTTACA AGAAAAACGC 180
 CAAAAGAATT AA 192

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:37:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1221 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 40 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- 45 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1221
- 50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:37:

55 ATGGTATTTT TTCATAAGAA AATTATTTTA AATTTTATCT ATTCTTTAAT GGTGCTTTT 60
 TTATTCATT TATCCTATGG GGTCTTTTAA AAAGCCGATG GAATGGCTAA AAAGCAAAC 120
 CTTTTAGTGG GTGAAAGGCT TGTGTGGGAT AAGCTCACGC TGTTAGGGTT TTTAGAAAAA 180
 AACCATATCC CCCAAAAACT CTACTACAAT TTGAGCTCTC AAGATAAAGA ATTGAGTGCT 240
 GAAATCCAAA GCAATGTTAC CTACTACACT TTAAGAGATG CAAATAACAC GCTCATTCAA 300
 GCCCTTATCC CTATTAGCCA GGATTGCAA ATCCATATTT ACAAAAAAGG AGAGGATTAT 360

```

TTTTTAGACT TTATCCCCAT TGTTTTCACT CGTAAAGAAA GAACCCTCCT TCTTTCCTTA 420
CAAACCTTCGC CCTATCAAGA TATTGTCAAA GCCACCAATG ACCCCCTTTT AGCCAACCAA 480
TTGATGAACG CGTATAAAAA AAGCGTGCCT TTAAACGCC TAGTGAAAAA CGATAAAATC 540
5 GCTATCGTTT ATACAAGGGA TTATCGTGTG GGGCAAGCGT TTGGCCAGCC GACCATCAAA 600
ATGGCGATGG TTAGCTCTCG TTTGCACCAA TACTATCTTT TTTCCCATTC AAACGGGCGT 660
TATTACGATT CAAAAGCGCA AGAAGTGGCA GGGTTTTTAC TAGAAACCCC GGTGAAATAC 720
ACCCGCATTT CTTCGCCTTT TTCGTATGGG AGGTTCCATC CTGTTTTTAA AGTTAAACGG 780
CCTCATTACG GCGTGGATTA TGCGGCTAAA CATGGCAGTT TGATCCATTC TGCTTCAGAC 840
GGCCGTGTGG GTTTTATAGG GGTAAAGGCG GGTATGGA AGGTGGTTGA AATCCATTG 900
10 AATGAATTGC GCTTGGTGTA TGCTCACATG AGCGCGTTCG CTAACGGATT AAAAAAAGGC 960
TCGTTTCGTTA AAAAAGGGCA AATCATAGGA AGAGTGGGAA GCACGGGTTT AAGCACC GGG 1020
CCGCATTTGC ATTTTGGCGT GTATAAAAC TCCCGCCCCA TTAATCCTTT AGGCTATATC 1080
CGCACCGCTA AAAGCAAGCT GCATGGCAAA CAAAGAGAGG TTTTTTTAGA AAAAGCTCAG 1140
TATTCTAAGC AAAAATTAGA AGAACTTTTT AAAACCCATT CTTTGTAAAA AAATTCATTT 1200
15 TATCTTTTAG AGGGTTTTTA A 1221

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:38:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 891 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...891

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:38:

```

40 TTGTTTTTTAG TCAAAAAAAT AGGCGTGTA ATAATGATTT TAGTCTGCTT TTAGCTTGCG 60
TCGCAAGAGA GCTTTATCAA AATGCAAAAA AAAGCCCAAG AGCAAGAAAA TGACGGCTCT 120
AAACGCCCCA GCTATGTGGA TTCGATTAT GAAGTCTTTA GCGAACGAT TTTTTTACAA 180
AACATGGTGT ATCAGCCTAT AGAGGAAAGA AACGCTTTTT TCCAACGAC TAAAGATGAA 240
GACAATTCTT TTAACCCTGA AAATTCCGTG ATTTTACTGA ATGAGCCAAG CGATAATAGT 300
45 GAAAAAACC TACTCTCATA CCCAACGAT CCAATAACA ATGAAGACAA CGCTAATAAT 360
AGTCAAAAAA ATCCGTTTCT TTACAAGCCC AAAAGAAAAA CAAAAAACC AAAACTCATT 420
GAATATTCCC AACAAGATTT CTACCCCTA AAAAATGGGG ATATTATCAT GAGTAAAGAA 480
GGGGATCAAT GGTGATAGA AATCCAATCC AAAGCCTTGA AGCGTTTTTT AAAAGATCAA 540
AACGATAAAG ATCGCCAGAT CCAAACTTTC ACTTTTAATG AACTAAAC GCAAATCGCG 600
50 CAAATTAAAG GCAAAATTTC TTCGTATGTT TATACCACCA ATAACGGTAG CTTGAGTTTA 660
AGGCCTTTTT ATGAATCGTT TTTGTTAGAA AAAAGAGCG ATAATGTTTA TACGATAGAG 720
AATAAGGCTT TAGATACTAT GGAGATTCA AAGTGTCAA TGGTGTTAAA AAAGCATCA 780
ACCGATAAAT TAGACAGCCA GCATAAGCC ATCAGTATTG ATTTGGATTT TAAAAAGAG 840
55 CGCTTTAAGA GCGATACGGA ACTCTTTTGA GAATGTCTTA AGGAAAGTTA G 891

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:39:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 747 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular

5 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

10

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

15

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...747

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:39:

20	GTGAGCTATG ACAACACCGA TGATTATTAT TTCCCTAGAA ATGGGGTTAT CTTTAGTTCC	60
	TATGCGACAA TGTCTGGTTT GCCAAGCTCT GGCACGCTCA ATTCTTGGA CGGGTTAGGC	120
	GGGAATGTCC GTAACACCAA AGTTTATGGT AAATTCGCCG CTTACCACCA TTGCAAAAA	180
	TATTTATTGA TAGATTTGAT CGCTCGTTTT AAAACGCAAG GGGGCTATAT CTTTAGGTAT	240
	AACACCGATG ATTACTTGCC CTAAACTCC ACTTTCTACA TGGGGGGCGT AACCACGGTG	300
25	AGAGGCTTTA GGAACGGCTC AATCACACCT AAAGATGAGT TTGGCTTGTG GCTTGGAGGC	360
	GATGGGATT TTACCGCTTC TACTGAATTG AGCTATGGGG TGTTAAAAGC GGCTAAAATG	420
	CGTTTAGCGT GGTTTTTTGA CTTTGGTTTC TTAACCTTTA AAACCCCAAC TAGGGGGAGT	480
	TTCTTCTATA ACGCTCCAC CACGACGGCG AATTTTAAAG ATTATGGCGT TGTAGGGGCT	540
	GGGTTTGAAA GGGCGACTTG GAGGGCTTCT ACAGGCTTAC AGATTGAATG GATTTGCCCC	600
30	ATGGGGCCTT TGGTGTGAT TTTCCCTATA GCGTTTTTCA ACCAATGGGG CGATGGCAAT	660
	GGCAAAAAT GTAAAGGGCT GTGCTTTAAC CCTAACATGA ACGATTACAC GCAACATTTT	720
	GAATTTTCTA TGGAACAAG GTTTTAA	747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:40:

35

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1008 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

40

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

45

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

50

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...1008

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:40:

GTGCAACACT TCAATTTCTT CTATAAAGAT TCTTTATTTT CTATCGCTTT ATTCACCTTC	60
ATTATCGCTC TTGTGATTTT ATTAGAACAG GCTAGAGCGT ATTTACCCCG AAAGAGAAAC	120
AAAAAATTTT TGCAAAAATT CGCCCAAAAT CAAAACGCCT ATGCGAGCAG CGAGAATTTA	180

	GACGAGCTTT TAAAGCATGC TAAAATTTCC AGTTTGATGT TTTTAGCTAG GGCGTATTCT	240
	AAAGCGGATG TGGAAATGAG CATTGAAATC TTAAAAGGGC TTTGAATCG CCCCTTAAAA	300
	GATGAAGAAA AAATCGCTGT TTTAGATTTA TTGGCTAAAA ATTATTTTAG CGTGGGGTAT	360
5	TTGCAGAAAA CAAAAGACAC CGTGAAAGAA ATTTTGCCTCT TTTCCCAAG GAATGTGGAA	420
	GCGTTGTTGA AGCTTTTGCA TGCGTATGAA TTAGAAAAAG ATTATTCAA GGCTTTAGAA	480
	ACTTTGGAAT GTTTGGAGA ATTAGAGGTG CCTAAAATTG AAACGATTAA AAATTACCTC	540
	TATTTAATGC ATTTAATAGA GAATAAGGAA GATGCGGCTA AAATCTTGCA TGTTTCAAAA	600
	GCGTCGTTAG ATTTGAAAAA AATCGCTCTG AATCACTTAA AATCGCATGA TGAAAATCTT	660
	TTTTGGCAAG AAATTGATAC AACCGAACGG CTAGAAAATG TGATCGATCT TTTATGGGAT	720
10	ATGAATATCC CTGCTTTTAT TTTAGAAAAA CATGCCCTTT TGCAGGACAT CGCGCGATCT	780
	CAAGGGTTGC TTTTGGATCA CAAACCTTGC CAAATTTTGG AATTAGAGGT TTTACGCGCT	840
	CTATTGCATA GCCCTATAAA AGCGAGTCTG ACTTTTGAAT ACCGCTGCAA GCATTGCAA	900
	CAAATCTTTC CTTTGGAAAG CCATAGGTGT CCTGTGTGTT ACCAGTTAGC GTTTATGGAT	960
15	ATGGTGCTTA AAATCTCTAA AAAACGCGAT GCTATGGGAG TGGATTAA	1008

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:41:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1242 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...1242
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:41:

40	ATGAGGAAAA TTTTTTCTTA TATTTCTAAG GTTCTATTAT TTATTGGGGT GGTTTATGCA	60
	GAGCCTGATT CTAAAGTGGA AGCCTTAGAA GGGAGGAAGC AAGAGTCTTC TTTGGATAAA	120
	AAAATCCGCC AAGAATTGAA GAGTAAGGAA TTGAAGAATA AGGAATTAAA GAATAAGGAT	180
	TTGAAAAATA AAGAAGAAAA GAAAGAAACA AAAGCCAAGA GAAACCCAG AGCAGAAGTC	240
	CATCATGGGG ACGCCAAAAA TCCCACTCCA AAGATCACGC CTCCTAAAAAT CAAAGGGAGT	300
	AGTAAGGGCG TTCAAAATCA AGGCGTTCAA AACAACGCGC CAAAACCTGA AGAAAAAGAT	360
45	ACAACCCCTC AAGCTACTGA AAAAAATAAG GAAACAAGCC CTAGCTCTCA ATTCAATTCC	420
	ATTTTTGGTA ATCCTAATAA CGCTACCAAC AACACCCCTG AAGATAAGGT CGTAGGGGGC	480
	ATTTTCATTG TTGTTAATGG TTCGCCTATC ACGCTGTATC AAATCCAAGA AGAGCAAGAA	540
	AAATCTAAAG TGAGTAAGGC TCAAGCTAGG GATCGTTTGA TCGCTGAACG CATTAAAAAC	600
	CAAGAAATTG AGCGCTTAAA AATCCATGTA GATGATGACA AGCTAGACCA AGAAATGGCG	660
50	ATGATGGCGC AACAACAAGG CATGGATTTA GACCATTTC AACAAGATGCT TATGGCTGAG	720
	GGGCATTATA AACTCTATAG AGATCAACTT AAAGAGCATT TAGAAATGCA AGAATTGTTG	780
	CGTAATATTT TGCTCACGAA TGTGGATACC AGCTCTGAAA CCAAAATGCG CGAATATTAC	840
	AACAAACACA AGGAGCAATT CAGTATCCCC ACAGAAATAG AAACCGTGCG CTACACTTCC	900
	ACCAATCAAG AGGATTTAGA AAGGGCTATG GCAGACCCTA ATTTGGAAGT CCCAGGGGTG	960
55	AGTAAGGCCA ATGAAAAAAT AGAGATGAA ACCCTAAACC CTCAAATCGC CCAAGTCTTT	1020
	ATTTTCGATG AGCAAGGCTC TTTCACGCCC GTTATGAATG GGGGTGGGGG GCAGTTCATC	1080
	ACCTTTTATA TCAAGGAAAA AAGGGGTAAA AATGAAGTGA GCTTCAGTCA GGCCAAGCAA	1140
	TTCATCGCCC AAAAATTAGT GGAAGAATCT AAGGATAAGA TTTTAGAAGA GCATTTTGAA	1200
	AAATTGCGCG TTAAGTCTAG GATTGTGATG ATCAGAGAGT GA	1242

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:42:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 5 (A) LENGTH: 561 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

10 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

15

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- 20 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...561

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:42:

25	ATGATTAAAA GAATTGCTTG TATTTTAAGC TTGAGCGCGA GTTTAGCGTT AGCTGGCGAA	60
	GTGAATGGGT TTTTCATGGG TGCGGGTTAT CAACAAGGTC GTTATGGCCC TTATAACAGC	120
	AATTACTCTG ATTGGCGTCA TGGCAATGAC CTTTATGGTT TGAATTTCAA ATTAGGTTTT	180
	GTAGGCTTTG CCAATAAATG GTTTGGGGCT AGGGTGTATG GCTTTTTAGA TTGGTTTAAAC	240
	ACTTCAGGGA CTGAACACAC CAAAACCAAT TTGCTCACCT ATGGCGGCGG TGGCGATTG	300
30	ATTGTCAATC TCATTCTCTT GGATAAATTC GCTCTAGGTC TCATTGGTGG CGTTCAATTA	360
	GCCGGAACA CTTGGATGTT CCCTTATGAT GTCAATCAAA CCAGATTCCA GTTCTTATGG	420
	AATTTAGGCG GAAGAATGCG TGTGGGGGAT CGCAGTGCGT TTGAAGCGGG CGTGAAATTC	480
	CCTATGGTTA ATCAGGGTAG CAAAGATGTA GGGCTTATCC GCTACTATTC TTGGTATGTG	540
35	GATTATGTCT TCACTTTCTA G	561

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:43:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 729 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

45

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

50

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- 55 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...729

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:43:

ATGAAAAAAT TTTTCTCTCA ATCTTTGTTA GCTCTTATTA TCTCTATGAA TGCGGTATCT	60

	GGCATGGATG	GTAATGGCGT	TTTTTTAGGG	GCGGGTTATT	TGCAAGGACA	GGCGCAAATG	120
	CATGCGGATA	TTAATTCTCA	AAAACAAGCC	ACCAACGCTA	CGATCAAAGG	CTTTGACGCG	180
	CTCTTGGGGT	ATCAATTTTT	CTTTGAAAAA	CACTTTGGCT	TACGCCTTTA	TGGGTTTTTT	240
5	GACTACGCTC	ATGCCAATTC	TATTAAGCTT	AAAAACCCTA	ACTATAATAG	CGAAGCGGCG	300
	CAAGTGGCTA	GTCAAATTCT	TGGGAAACAA	GAAATCAATC	GTTTAACAAA	CATTGCCGAT	360
	CCCAGAACTT	TTGAGCCGAA	CATGCTCACT	TATGGGGGGG	CTATGGACGT	GATGGTTAAT	420
	GTCATCAATA	ACGGCATCAT	GAGTTTGGGG	GCTTTTGGCG	GGATACAATT	GGCCGGCAAT	480
	TCATGGCTTA	TGGCGACACC	GAGCTTTGAG	GGCATTTTAG	TGGAACAAGC	CCTTGTGAGC	540
	AAGAAAGCCA	CTTCTTTCCA	ATTTTATTTC	AATGTGGGGG	CTCGCTTAAG	GATCTTAAAA	600
10	CATTCTAGCA	TTGAAGCGGG	CGTGAAATTC	CCCATGCTAA	AGAAAAACCC	CTACATCACT	660
	GCAAAAAATT	TGGATATAGG	GTTTAGGCGC	GTGTATTTCG	GGTATGTGAA	TTACGTGTTT	720
	ACTTTCTAG						729

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:44:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 771 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...771

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:44:

	ATGGGATACG	CAAGCAAATT	AGCTTTAAAG	ATTTGTTTGG	TAGGTTTATG	TTTATTTAGC	60
	ACCCTTGGTG	CAGAACACCT	TGAGCAAAAA	GGAATTATA	TTTATAAGGG	AGAGGAGGCT	120
40	TATAATAATA	AGGAATATGA	GCGAGCGGCT	TCTTTTATA	AGAGCGCTAT	TAAAAATGGT	180
	GAGTCGCTTG	CTTATATTCT	TTTAGGGATC	ATGTATGAAA	ATGGTAGGGG	TGTACCTAAA	240
	GATTACAAGA	AAGCGTTGA	ATATTCCAA	AAAGCTGTTG	ATAACGATAT	ACCTAGAGGG	300
	TATAACAATT	TGGGCGTGAT	GTATAAAGAG	GGTAAGGGAG	TTCTTAAAGA	TGAAAAGAAA	360
	GCGGTGGAAT	ATTTTAGAAT	AGCTACAGAG	AAAGGTTATA	CTAACGCTTA	TATCAACTTA	420
	GGCATCATGT	ATATGGAGGG	CAGGGGAGTT	CCAAGTAACT	ATGCGAAAGC	GACAGAATGT	480
45	TTTAGAAAAG	CGATGCATAA	GGGCAATGTG	GAAGCTTATA	TTCTCCTAGG	GGATATTTAT	540
	TATAGCGGGA	ATGATCAATT	GGGTATTGAG	CCGGACAAAG	ATAAGGCTGT	TGTCTATTAT	600
	AAAATGGCGG	CTGATGTGAG	TTCTTCTAGA	GCTTATGAAG	GGTTGTCAGA	GTCTTATCGG	660
	TATGGGTTAG	GCGTGGAAAA	AGATAAAAAA	AAGGCTGAAG	AATACATGCA	AAAAGCATGC	720
50	GATTTTGACA	TTGATAAAAA	TTGTAAGAAA	AAGAACACTT	CAAGCCGATA	A	771

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:45:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1974 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

5 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

10 (A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...1974

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:45:

```

15  ATGAGAAAAC TATTCATCCC ACTTTTATTA TTCAGCGCTT TAGAAGCGAA CGAGAAAAAC      60
    GGCTTTTTC TAGAAGCCGG CTTTGAAACT GGGCTATTAG AAGGCACACA AACGCAAGAA      120
    AAAAGACACA CCACCACAAA AAACACTTAC GCAACTTACA ATTATTTACC CACAGACACG      180
    ATTTTAAAAA GAGCGGCTAA TTTATTCACC AATGCCGAAG CGATTTCAAA ATTAAAATTC      240
    TCATCTTTAT CCCCTGTTAG AGTGTGTAT ATGTATAATG GTCAATTAAC TATAGAAAAC      300
20  TTCTTGCCTT ATAATTTAAA TAATGTTAAG CTTAGTTTTA CAGACGCTCA AGGCAATGTG      360
    ATCGATCTAG GCGTGATAGA GACTATCCCC AAACACTCTA AGATTGTTTT GCCCGGAGAG      420
    GCATTGATA GTCTAAAAAT TGACCCCTAT ACTTTATTTT TTCCAAAAAT TGAAGCCACT      480
    AGCACTTCTA TTTCTGACGC TAACACGCAG AGGGTGTTTG AAACGCTCAA TAAGATTAG      540
    ACAAATTTGG TCGTAAATTA TAGGAATGAA AACAAATTTA AAGATCACGA AAATCATTTG      600
25  GAAGCCTTTA CCCACAAAC CGCAGAAGAA TTCACTAATT TAATGTTGAA CATGATCGCT      660
    GTTTTAGACT CCCAATCTTG GGGCGATGCG ATCTTAAACG CTCCTTTTGA GTTCACTAAC      720
    AGCCCAACAG ATTGCGATAA TGATCCTTCA AAATGCGTAA ATCCTGGGAC AAACGGGCTT      780
    GTCAATTCTA AAGTCGATCA AAAATATGTG TTAAACAAAC AAGACATTGT CAATAAATTT      840
    AAAAACAAAG CGGATCTTGA TGTAATTGTT TTAAGGATT CAGGGGTTGT AGGGCTTGGG      900
30  AGTGATATTA CCCCTAGCAA CAATGATGAT GGCAAGCATT ATGGCCAGTT AGGGGTAGTA      960
    GCTTCTGCTT TAGATCCTAA AAAACTCTTT GGCAGATAAC TTAAGACTAT CAATTTAGAG      1020
    GATTTAAGAA CCATCTTGCA TGAATTCAGC CACACTAAAG GCTATGGGCA TAACGGGAAT      1080
    ATGACCTATC AAAGAGTGCC GGTAACGAAA GATGGTCAAG TGGAAAAGGA TAGTAATGGC      1140
    AAGCCAAAAG ATTCTGATGG CCTCCCCTAT AATGTGTGTT CGCTTTATGG GGGATCCAAT      1200
35  CAGCCCGCTT TCCCTAGCAA CTACCTAAT TCCATCTATC ACAATTGTGC GGATGTCCCG      1260
    GCTGGCTTTT TAGGGGTAAC AGCAGCGGTT TGGCAGCAGC TCATCAATCA AAACGCCTTG      1320
    CCGATCAACT ACGCTAACTT GGGGAGTCAA ACAAACCTACA ACCTAAACGC TAGTTTAAAC      1380
    ACGCAAGATT TAGCCAATTC CATGCTCAGC ACCATCCAAA AAACCTTTGT AACTTCTAGC      1440
    GTTACCAACC ACCATTTTTC AAACGCATCG CAAAGTTTTA GAAGCCCTAT TTTAGGGGTT      1500
40  AACGCTAAAA TAGGCTATCA AAACACTTTT AATGATTTC TAGGGTTGGC TTATTATGGC      1560
    ATCATCAAAT ACAATTACGC TAAAGCTGTT AATCAAAAAG TCCAGCAATT GAGCTATGGT      1620
    GGGGGGATAG ATTTGTTATT GGATTTTCATC ACCACTTACT CCAATAAAAA TAGCCCTACA      1680
    GGCATTCAA CCAAAAGGAA TTTTCTTCA TCTTTGGTA TCTTTGGGGG GTTAAGGGGC      1740
    TTGTATAACA CCAATTATGT GTTGAACAAA GTCAAAGGAA GCGGCAATTT AGATGTGGCT      1800
45  ACCGGGTTGA ACTACCGCTA TAAGCATTCT AAATATTCTG TAGGGATTAG CATCCCTTTA      1860
    ATCCAAAGAA AAGCTAGCGT CGTTTCTAGC GGTGGCGATT ATACGAACTC TTTTGTTTTC      1920
    AATGAAGGGG CTAGCCACTT TAAGGTGTTT TTCAATTACG GGTGGGTGTT TTAG      1974

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:46:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 504 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

5 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...504

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:46:

	ATGAAATTGG TGAGTCTTAT TGTAGCGTTA GTTTTTTGTT GTTTTTTAGG GGCTGTAGAG	60
	TTGCCTGGAG TTTATCAAAC TCAAGAATTT TTATACATGA AAAGCTCTTT TGTGGAGTTT	120
15	TTTGAGCATA ACGGGAAGTT CTATGCCTAT GGTATTTCTG ATGTGGATGG CTCTAAAGCC	180
	AAAAAAGACA AACTCAATCC TAACCCAAAG CTAAGGAATC GCAGCGATAA AGGCGTGGTG	240
	TTTTTAAGCG ATTTGATTAA GGTGGGGGAA CAATCTTATA AAGGCGGTAA GGCGTATAAT	300
	TTTTATGACG GCAAGACCTA CCATGTGAGA GTCACCTCAA ATTCAAACGG GGATTTGGAA	360
	TTCACCTTCAA GCTATGACAA ATGGGGGTAT GTGGGCAAAA CCTTCACCTG GAAACGCCTG	420
20	AGCGATGAAG AAATCAAAAA TCTAAAGCTC AAGCGTTTTA ACTTGGACGA AGTCCTTAAA	480
	ACCCTCAAAG ATAGCCCTAT TTAA	504

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:47:

25

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 885 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

30

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

35

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

40

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...885

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:47:

45

	ATGAGTAATC AAGCGAGCCA TTTGGATAAT TTTATGAACG CTAAAAATCC CAAAAGTTTT	60
	TTTGATAATA AGGGAATAC CAAATTCATC GCTATCACAA GCGGTAAGGG GGGCGTGGGG	120
	AAATCCAACA TTAGCGCTAA TTTAGCTTAC TCTTTATACA AGAAAGGTTA TAAGGTAGGG	180
	GTATTTGATG CGGATATTGG TTTAGCGAAT TTAGATGTCA TTTTGGGGT GAAAACCCAT	240
50	AAAAATATCT TGCATGCCTT AAAAGGCGAA GCCAAATTGC AAGAAATCAT TTGCGAGATT	300
	GAACCCGGGC TTTGCTTAAT CCCTGGGGAT AGCGGCGAAG AAATTTTAAA ATACATCAGC	360
	GGCGCGGAAG CTTTGGATCG ATTCTAGAT GAAGAGGGGG TTTTAAGCTC TTTAGATTAT	420
	ATTGTGATTG ATACGGGTGC TGGGATTGGG GCCACTACGC AAGCGTTTTT GAATGCGAGC	480
	GATTGCGTGG TGATTGTTAC CACACCCGAT CCTTCAGCGA TTACCGATGC GTATGCATGC	540
55	ATTAAATCA ACTCCAAGAA TAAAGATGAA TTGTTCTTAA TCGCTAACAT GGTAGCCCAA	600
	CCTAAAGAAG GCAGGGCGAC TTATGAAAGG CTATTCAAGG TGGCTAAAAA CAATATCGCT	660
	TCATTAGAAT TGCATATTT AGGGGCGATT GAAAACAGCT CCTTATTGAA ACGCTATGTG	720
	AGGGAGCGAA AGATTTTGTAG GAAAATAGCC CCTAACGATT TGTTTTTCGCA ATCCATTGAC	780
	CAGATAGCGA GCCTTTTAGT TTCTAAACTA GAAACCGCA CTTTAGAAAT ACCAAAAGAA	840

GGTTTAAAAA GCTTTTTTAA AAGGCTTTTG AAGTATTTGG GGTAG

885

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:48:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1119 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 10 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- 15 (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- 20 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1119

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:48:

25 TTGGAACCTT CAAGAAATCG CCTAAAACAT GCCGCCTTTT TTGTGGGGCT TTTTATCGTT 60
 TTGTTTTTAA TTATAATGAA GCACCAAACC TCCCCCTATG CTTTCACGCA TAATCAAGCC 120
 CTTGTCACTC AAACCCCCC CTATTTACAG CAACTCACTA TCCCTAAACC AAATGACGCT 180
 TTAAGCGCGC ATGCGAGCTC TTTAATCAGC TTGCCTAACG ACAATCTTTT GAGCGCTTAT 240
 30 TTTAGCGGCA CTAAAGAAGG GGCAAGGGAT GTGAAAATCA GCGCGAATCT TTTTGACAGC 300
 AAGACTAATC GCTGGAGCGA AGCCTTCATT CTTTTAACCA AAGAAGAGCT TTCTCATCAT 360
 TCGCATGAAT ACATCAAAAA ATTAGGTAAC CCCTTGCTTT TTTTGCATGA TAATAAAATT 420
 TTGTTGTTTG TCGTAGGGGT GAGCATGGGC GGGTGGGCCA CTTCTAAAAT CTATCAATTT 480
 GAAAGCGCTT TAGAGCCGAT TCATTTTAAG TTTGCGCGAA AACTCTCTTT AAGCCCTTTT 540
 35 TTAAATTTGA GCCATTTAGT AAGGAATAAG CCTTTAAACA CCACTGATGG CGGGTTTATG 600
 CTACCACTCT ATCACGAATT AGCCACCCAA TACCCTTGT TGTGAAATT TGACCAACAA 660
 AATAACCCAA GAGAGCTTTT AAGGCCTAAT ACCTTAAACC ACCAGCTCCA ACCAAGCTTA 720
 ACCCCCTTTA AAGACTGCGC TGTCATGGCG TTTAGAAACC ATTCTTTTAA AGATAGCCTC 780
 40 ATGCTAGAAA CCTGTAAAAC CCCCACTGAT TGGCAAAAAC CCATTCTAC AAATCTTAAA 840
 AACTTAGATG ATTCTTTTAA TTTACTCAAT TTAAATGGAA TATTGTATTT GATCCACAAC 900
 CCTAGCGATT TATCACTGCG TCGTAAAGAA CTTTGGCTTT CTAAATTAGA AACTCCAAC 960
 TCGTTTAAAA CCTTAAAAGT TTTGGATAAA GCGAATGAAG TGAGTTACCC AAGCTATAGC 1020
 CTTAATCCGC ATTTTATAGA TATTGTCTAT ACTTACAACC GCTCTCATAT CAAACACATC 1080
 45 CGTTTCAATA TGGCTTATTT AAATTCCTT CTCAAGTGA 1119

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:49:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2937 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 55 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

5 (A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...2937

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:49:

10	ATGAAGAAAA	GAAAACATGT	ATCCAAGAAA	GTGTTTAAATG	TCATTATCTT	GTTTGTGGCA	60
	GTATTCACTC	TTTTAGTCGT	CATTACAAAA	ACCCTTTCAA	ACGGCATTCA	CATACAAAAT	120
	TTAAAAATTG	GAAAAC TTGG	CATTTCTGAA	TTATACTTAA	AACTCAATAA	CAAGCTTTCT	180
	TTGGAAAGTTG	AGCGGGTTGA	TCTCTCTTCT	TTCTTCCATC	AAAAACCCAC	TAAAAAGCGT	240
	TTAGAAGTTT	CTGATTTGAT	TAAAAATATC	CGTTATGGCA	TTTGGGCGGT	GTCTTATTTT	300
15	GAAAAACTTA	AAGTCAAAGA	AATCATTTTA	GACGATAAAA	ATAAAGCCAA	TATCTTTTTT	360
	GATGGGAATA	AATACGAGTT	AGAATTTCCA	GGAATCAAAG	GGGAATTTTC	CCTAGAAGAC	420
	GATAAAAAATA	TCAAGCTTAA	AATCATCAAT	TTGCTTTTTA	AAGATGTTAA	AGTCCAAGTG	480
	GATGGCAACG	CCCACATTTC	ACCCAAAGCC	AGGAAAATGG	CGTTCAATTT	GATTGTCAAG	540
	CCCTTAGTTG	AACCCAGCGC	TGCAATTTAT	TTGCAAGGGC	TAACCGATT	AAAAACCATA	600
20	GAATTAAAAA	TTAACAACCTT	TCCAATGAAA	AGCCTAGCGT	TTTTAAAGCC	TCTTTTCCAA	660
	CGCCAATCGC	AAAAAAATTT	AAAAACGTGG	ATTTTTGACA	AGATCCAATT	TGCCAGCTTT	720
	AAGATTGATA	ACGCTTTAAT	CAAGGCTAAT	TTCACCTCTA	GCGAGTTTAT	CCCATCGCTT	780
	TTGGAAAATT	CTGTAGTTAA	AGCCACTTTG	ATTAAGCCTT	CAGTCGTTTT	TAATGATGGC	840
	TTATCGCCCCA	TTAAATGGA	TAAAACCGAA	TTGATTTTCA	AAAACAAACA	GCTCCTCATA	900
25	CAGCCCCAAA	AAATCACTTA	TGAAACCATG	GAATTAACCG	GCTCTTACGC	CACTTTTTCC	960
	AATTTGTTAG	AAGCCCCTAA	GTTGGAGGTT	TTTTTAAAAA	CGACCCCTAA	TTATTATGGC	1020
	GATAGCATT	AGGATTTATT	GAGCGCTTAT	AAAGTCGTTT	TACCTTTGGA	TAAAATCAGC	1080
	ATGCCATCTA	GCGCGGATTT	GAAGCTCACT	TTGCAATTCT	TAAAAAACAC	CGCCCCCTTA	1140
	TTTAGCGTTC	AAGGCAGCGT	TAATTTGCAA	GAAGGCATTT	TCTCGCTCTA	TAATATCCCC	1200
30	CTTTACACGC	AAAGCGCTCA	AATCAATTTG	GACATCGCCC	AAGAATACCA	ATACATCTAC	1260
	ATAGACACGA	TCCACACGCG	CTATGCAAAAC	ATGCTGGATT	TAGACGCTAA	AATCGCTTTA	1320
	GATTTAGGTC	AAAAAAACCT	TTCTTTGGAT	TCTTTAGTCC	ATAAAATCCA	AGTCAATACC	1380
	AATAACAATA	TCAACATGCG	CTCTTATGAT	CCCAATAACA	CTCAAGAAGA	TCCGCAAAC	1440
	AACTTTACTT	TGGATCTAAA	AAGCTTGCAT	TCTATCATTC	AAGAGGGTGA	AAATTCAGAA	1500
35	GTTTTTTAGAA	GAAAAATCAT	AGACACCATT	AAAGCCCAAA	GCGAAGATAA	ATTCACTAAA	1560
	GATGTTTTTTT	ACGCCACAGG	AGACACTCTC	AAAAGCCTGT	CGTTGAGTTT	TGATTTTTCC	1620
	AACCCCGATC	ACATACAATG	GAGCGTGCCA	CAACTCTTAT	TAGAAGGCGA	ATTTAAAGAT	1680
	AACGCCTATA	CTTTTAAAGT	CAAAGATTTG	AAAAAGATCA	AGCCCTATTC	CCCCATTATG	1740
	GACTATATTG	CCCTAAAAGA	CGGCTCTTTA	GAGGTTTCTA	CGAGCGATTT	TGTCAATATT	1800
40	GATTTTTTTTG	CTAAAGATTT	GAAAAATCAAC	TCCCCATTTT	ATAGGAGCGA	TGGATCGCAT	1860
	TTTGATTCTT	TTTCTTTATT	TGGCTCTATC	AATAAAGATG	AAATTTCTGT	CTATACTCCA	1920
	AGCAAAAGCA	TATCCATAAA	AGTTAAGGGG	GATCAAAAGG	ATATTACCCT	TAATAACATT	1980
	GATTTGAGTA	TTGATGATTT	CTTGGATAGT	AAAATGCCAG	CTATTGCGGG	ATTATTCTCA	2040
	AAAGAACGAA	AAGAAAAGCC	TAGCTCTAAA	GAAATCCAAG	ATGAAGATGT	TTTCATTAGC	2100
45	GCCAAACAAC	GCTATGAAAA	AGCCACAAAA	ATTATCCCCA	TCTCTACACG	CATCCATGCT	2160
	AAAGATGTCTG	TGCTGATCTA	TAAAAAAATG	CCTTTTCCTT	TAGAAAAATCT	TGATATTGTC	2220
	GCTCAAGACG	ATAGGGTGAA	AATTGATGGC	AATTATAAAA	ACGCCATGAT	CATGGCGGAT	2280
	TTAGTGATG	GGGCTTTGTA	TCTTAAGGCT	CATAATTTTA	GCGGGGATTA	TATCAACACC	2340
	ATTCTTCAAA	AAGATTTCTG	AGAAGGAGGC	TTATTCACGC	TTATTGGGGC	TCTTGAAGAT	2400
50	CAGGTTTTTCA	ATGGCGAATT	GAAATTCCAA	AACCAAGCT	TAAAGAATTT	CGCCCTCATG	2460
	CAAAACATGG	TCAATCTCAT	CAACACCATT	CCCTCCCTCA	TTGTCTTTAG	AAACCCCTCAT	2520
	TTAGGGGGCTA	ATGGCTATCA	AATCAAAACC	GGCTCCGTTG	TGTTTGGGAT	CACTAAAGAA	2580
	TATTTAGGGT	TAGAAAAAAT	TGATCTTGTC	GGCAAAACGC	TTGATATTGC	TGGCAATGGA	2640
	ATCATTGAAT	TAGACAAAAA	CAAATTAGAT	TTAAACTTAG	AAGTTTCCAC	TATCAAGGCT	2700
55	TTGAGTAATG	TCTTAAATAA	AATCCCTATC	GTGGGCTATC	TCGTTTTAGG	AAAAGGAGGT	2760
	AAAATCACCA	CTAACGTGAA	TGTCAAAGGC	ACGTTGGATA	AGCCTAAAC	CCAAGTAACT	2820
	TTAGCGTCAG	ATATTATCCA	AGCGCCTTTT	AAAATCTTAC	GCCGTATTTT	CACGCCTATT	2880
	GACATCATCG	TGGATGAAGT	CAAGAAAAAC	ATTGATTCAA	AAAGGAAATT	AAAATGA	2937

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:50:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1434 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1434

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:50:

25	ATGAATACTA TTATAAGATA TGCGAGTTTA TGGGGCTTGT GTATTACTCT AACTCTAGCG	60
	CAAACCCCTT CTAACCCCTT TGATGAAATC AAGCAAATCC TTAACAATTA TAGCCATAAG	120
	AATTTAAAGC TCATTGATCC GCCGACAAGT TCTTTAGAAG CGACACCGGG TTTTTTACCC	180
	TCGCCTAAAG AAACAGCGAC CACGATCAAT CAAGAGATCG CTAAATACCA TGAAAAAAGC	240
	GATAAAGCCG CTTTGGGGCT TTATGAATTG CTAAAGGGGG CTACCACCAA TCTCAGTTTG	300
	CAAGCGCAAG AACTCAGTGT CAAGCAAGCG ATGAAGAACC ACACCATCGC CAAAGCGATG	360
30	TTTTTGCCTA CTTTGAACGC GAGTTATAAT TTTAAAAATG AAGCTAGGGA TACTCCAGAA	420
	TATAAGCATT ATAACACCCA ACAACTCCAA GCTCAAGTCA CATTGAATGT GTTTAATGGC	480
	TTTAGCAATG TGAATAATGT CAAAGAAAAG TCTGCGACTT ACCGATCCAC TGTGGCTAAT	540
	TTAGAATATA GCCGCCAAG CGTGTATTTG CAAGTGGTGC AACAACTACTA CGAGTATTTT	600
	AACAATCTCG CTCGCATGAT CGCTTTGCAA AAGAAATTAG AGCAAATCCA AACCGACATT	660
35	AAAAGGGTTA CTAAGCTCTA TGACAAAGGG CTGACCACGA TTGATGATTT ACAAGCTTA	720
	AAAGCGCAAG GGAATTTGAG CGAATACGAT ATTTTGGACA TGCAATTTGC TTTGGAGCAA	780
	AACCGCTTGA CTTTAGAATA CCTCACTAAC CTCAGTGTGA AAAATTTGAA AAAGACCACG	840
	ATTGATGCGC CTAATTTGCA ATTAAGAGAA AGGCAGGATT TGGTTTCTTT AAGGGAGCAG	900
	ATTTCTGCAC TCAGATACCA AAACAAGCAA CTCAATTATT ACCCAAGAT AGATGTGTTT	960
40	GACTCATGGC TTTTTTGGAT CCAAAAACCC GCTTATGCCA CAGGGCGTTT TGGGAATTTT	1020
	TACCCAGGTC AGCAAAATAC GGCTGGGGTT ACTGCGACTT TGAATATTTT TGATGATATA	1080
	GGGTTGAGCT TGCAAAAACA ATCCATCATG CTAGGCCAAT TAGCGAATGA AAAGAATTTA	1140
	GCGTATAAAA AATTGGAGCA AGAAAAAGAC GAACAGCTTT ACAGAAAGTC GCTTGATATT	1200
	GCCAGAGCTA AGATTGAATC TTCAAAGGCT AGTTTGGATG CGGCCAATCT TTCTTTTGCC	1260
45	AATATTAAAA GGAAATACGA CGCTAATTTA GTGGATTTCa CTACCTATTT AAGGGGCTTA	1320
	ACCACGCGCT TTGATGCAGA AGTGGCTTAC AATTTAGCGC TCAACAATTA CGAAGTGCAA	1380
	AAAGCCAATT ACATTTTAA CAGCGGGCAT AAAATAGACG ACTATGTGCA TTAA	1434

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:51:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1239 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

5 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...1239

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:51:

	ATGCTATCTT TTATAAGCGC GTTTGATAAA AGGGGCGTTT CAATACGCCT TCTAACAGCC	60
	TTGTTACTGC TTTTGTAGTTT GGGTTTGGCT AAAGATTTAG AAATCCAAAC TTTTGTGGCT	120
15	AAATACCTTT CTAAAAATCA AAAAATACAA GCCCTACAGG AGCAAATTGA CGCTTTAGAT	180
	TCTCAAGAAA AAGTCGTTAG CAAATGGGAT AACCTTATTT TGTATTTAGG CTATAACAAC	240
	GCTAACGTGA GCGATTTTTT CAGGCTGGAT AGCACCTTAA TGCAAAACAT GAGCTTGGGT	300
	TTGTCTCAAA AAGTGGATTT AAATGGTAAA AAATCACGC AGTCTAAAAT GATCAATTTA	360
	GAAAAACAAA AAAAAATATT AGAGCTTAAA AAAACCAAGC AGCAATTGGT GATTAATTTA	420
20	ATGATAACG GCATTGAAAA CTATAAAAAC CAACAAGAAA TAGAGCTTTT AAACACAGCG	480
	ATTAAAAATT TAGAAAACAC CCTCTATCAA GCCAACCATT CCAGTTCGCC CGATTTAATA	540
	GCGATCGCCA AGTTAGAAAT TTTAAATCG CTATTAGAAA TCCAAAAAAA CGATTTAGAA	600
	GTAGCGCTCT CTAGCAGCCA TTATTCCATG GGCGAATTGA CTTTTAAAGA AAACGAGATT	660
	TTAAGCATTG CCCCTAAAAA TTTGAATTC AATAACGAGC AAGAGCTGCA TAACATTAGC	720
25	GCCACTAATT ACATATTGTC GATCGCCAGG CTTGATGAAG AAAAAGCACA AAAAGACATC	780
	ACTCTGGCTA AAAAAAGCTT TTTAGAAGAC ATAAACGTTA CCGGGGTGTA TTATTTCCGC	840
	TCCAAACAAT ACTATACTA CGACATGTTT AGCGTCGCTT TGTCTATCCC TTTACCTCTT	900
	TATGGCAAGC AGGCTAAATT AGTGGAGCAA AAGAAAAAAG AAAGCTTGGC GTTTAAAAGC	960
	GAAGTGGAAA ACGCCAAAAA CAAAACGCGC CACCTGGCCC TAAACTCCT TAAAAAATTA	1020
30	GAAACCTTGC AAAAAAACCT GGAATCGATC AATAAAATCA TCAACAGAA TGAAAAATC	1080
	GCGCAAATTT ATGCGCTTGA TTTGAAAACT AATGGCGATT ACAACGCTTA TTACAACGCC	1140
	TTGAATGACA AAATCACTAT TCAAATCACC CAGCTTGAAA CCTTAAGCGC TCTAAATAGT	1200
	GCTTATTTGT CCTTACAAAA TCTCAAAGGA TTAGAATGA	1239

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:52:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 414 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

40 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

45 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

50 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...414

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:52:

ATGCGTATAG TTAGAAATTT ATTTCTTGTA TCGTTTGTGG CGTATAGTAG TCGGTTTCGA	60
GCGGATTTAG AAACCGGAAC CAAAACGAC AAAAAGAGCG GTAAAAAATT TTACAACTC	120

```

CATAAAACC ATGGCTCAGA AACCGAGACT AAAAACGATA AAAAGCTTTA TGATTTCACT      180
AAAAATAGCG GATTAGAAGG CGTGGATTTA GAAAAAGCC CTAACCTTAA AAGCCATAAA      240
AAAAGCGATA AAAAGTTTAA TAAACAACTC GCTAAAAACA ATATCGCTGA AGGGGTGAGC      300
ATGCCGATTG TGAATTTCAA TAAAGCCCTA TCTTTTGGGC CTTATTTTGA AAGGACTAAA      360
5 AGCAAAAAAA CCAATACAT GGACGGCGGG TTGATGATGC ACATCCGTTT TTAA          414

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:53:

```

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 930 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: circular

15 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

20 (vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

    (ix) FEATURE:
25 (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...930

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:53:

```

30 TTGATGCCAC AAAACCAGCT TGTGATCACC ATCATTGATG AATCAGGCTC TAAGCAACTC      60
   AAATTTTCTA AAAATTTAAA ACGCAACCTC ATCATTTCTG TTGTCATTCT TTTATTGATC      120
   GTGGGGCTTG GCGTGGGGTT TTTAAAATTT TTAATCGCTA AAATGGATAC GATGACAAGC      180
   GAGAGGAATG CGGTTTTAAG GGATTTTAGG GGTTTGTATC AAAAAAATTA CGCCCTAGCG      240
   AAAGAGATTA AAAACAAGCG AGAAGAGCTT TTTATTGTGG GGCAAAAGAT CCGTGGGCTA      300
35 GAATCCTTGA TTGAAATCAA AAAGGGGGCT AATGGGGGAG GGCATCTCTA TGATGAAGTG      360
   GATTTAGAAA ATTTGAGCTT AAATCAAAAA CATTTAGCAC TCATGCTCAT TCCTAATGGC      420
   ATGCCCTTAA AAACCTATAG CGCTATCAAA CCCACTAAAG AAAGGAACCA CCCCATTAAA      480
   AAGATTAAGG GCGTTGAATC CGGGATCGAT TTTATCGCGC CATTGAACAC GCCTGTGTAT      540
   GCGAGCGCTG ATGGGATTGT GGATTTTGTG AAGACTCGTT CTAATGCGGG GTATGGGAAC      600
40 TTGTTGCGCA TTGAACATGC GTTTGGTTTC AGCTCCATT TACGCACTT AGATCATGTC      660
   AATGTGCAGC CTAAAAGCTT CATCCAAAAA GGGCAGTTGA TTGGCTATAG CGGGAAGAGC      720
   GGTAATAGCG GCGGCGAAAA ATTGCATTAT GAAGTGCGGT TTTTGGGTAA AATTTTAGAC      780
   GCAGAAAAAT TCCTAGCATG GGATTTGGAT CATTTTCAAA GCGCTTTAGA AGAAAAATAA      840
   TTTATTGAAT GGAAGAATCT GTTTTGGGTT TTAGAAGACA TCGTCCAGCT CCAAGAGCAT      900
45 GTGGATAAAG ACACCTTAAA AGGTCAGTAG                                     930

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:54:

```

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 999 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: circular

55 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

```

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

5

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...999

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:54:

10

GTGCTATATT	TTTAAACCAG	TTTATTATT	TGCTCTTTGA	TTGTTTTGTG	GTCTAAAAAA	60	
TCCATGCTCT	TTGTGGATAA	CGCTAATAAA	ATCCAAGGCT	TCCATCATGC	AAGAACCCCA	120	
CGAGCCGGGG	GGCTTGGGAT	CTTCTTTTCT	TTTGCGTTGG	CTTGTTATCT	TGAACCTTTT	180	
GAGATGCCTT	TTAAGGGGCC	TTTTGTTTTT	TTAGGGCTAT	CGCTAGTGTT	TTTGAGCGGT	240	
15	TTTTTAGAAG	ACATTAACCT	TTCATTAAGC	CCCAAATAC	GCCTTATTTT	GCAAGCTGTA	300
	GGGGTCGTTT	GCATCATTTT	ATCAACGCCT	TTAGTGGTGA	GCGATTTTTC	GCCCCTTTTT	360
	AGCTTGCCTT	ATTTTCATCG	TTTTTTATTC	GCTATTTTTA	TGCTGGTGGG	TATCAGTAAC	420
	GCTATTAATA	TCATTGACGG	GTTAACGGG	CTTGCACTG	GGATTTGCGC	GATCGCGCTT	480
	TTAGTCATTC	ATTATATAGA	CCCTAGCAGT	TTGTCTTGTT	TGCTCGCTTA	CATGGTGCTT	540
20	GGGTTTATGG	TGTTAAATTT	CCCTTCAGGA	AAGATTTTTT	TAGGCGATGG	GGGGGCGTAT	600
	TTTTTGCGTT	TGGTGTGCGG	GATTTCTCTC	TTGCATTGTA	GTTTGGAGCA	AAAAATCAGC	660
	GTGTTTTTTT	GGCTCAATTT	AATGCTTTAT	CCGGTCATAG	AGGTGCTTTT	TAGTATCCTT	720
	AGGCGCAAAA	TAAAACGCCA	GAAAGCCACC	ATGCCGGATA	ATTTGCATTT	GCACACCCTT	780
	TTATTTAAAT	TCTTGCAACA	ACGCTCTTTC	AATTACCCTA	ACCCTTTATG	CGCGTTTATC	840
25	CTTATTCTAT	GCAACCTGCC	TTTTATTTTA	ATAAGCGTTT	TGTTTCGCTT	GGACGCTTAT	900
	GCGCTCATTG	TGATTAGCCT	AGTCTTTATC	GCATGCTATT	TAATAGGCTA	TGCTTATTTG	960
	AATAGGCAAG	TTTGCGCTTT	AGAAAAGCGG	GCGTTTTTAA			999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:55:

30

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 816 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

35

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

40

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

45

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...816

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:55:

ATGAACATAT	TCAAGCGTAT	TATTTGCGTA	ACCGCTATTG	TTTTAGGTTT	TTTAACTT	60	
TTAGACGCCA	AACACCACAA	AGAAAAAAA	GAAGACCACA	AAATCACTCG	TGAGCTTAAA	120	
GTGGGCGCTA	ACCCTGTGCC	GCATGCGCAA	ATCTTGCAAT	CAGTTGTGGA	TGATTTGAAA	180	
55	GAGAAAGGGA	TCAAATTAGT	GATCGTGCT	TTTACGGATT	ATGTGTTGCC	TAATTTAGCG	240
	CTCAATGACG	GCTCTTTAGA	CGCGAATTAC	TTCCAGCACC	GCCCTTATTT	GGATCGGTTT	300
	AATTTGGACA	GAAAAATGCA	CCTTGTTGGT	TTGGCCAATA	TCCATGTGGA	GCCTTTAAGA	360
	TTTTATTCTC	AAAAAATCAC	AGACATTAAA	AACCTTAAAA	AAGGCTCAGT	GATTGCTGTG	420
	CCAAATGATC	CGGCCAATCA	AGGCAGGGCG	TTGATTTTAC	TCCATAAACA	AGGCCTTATC	480

Y..

```

GCTCTCAAAG ACCCAAGCAA TCTATACGCT ACGGAGTTTG ATATTGTCAA AAATCCTTAC      540
AACATCAAAA TCAAACCCCT AGAAGCTGCG TTATTGCCTA AGGTTTTAGG GGATGTGGAT      600
GGGGCTATCA TAACAGGGAA TTATGCCTTG CAAGCAAAAC TCACCGGAGC CTTATTTTCA      660
GAAGATAAGG ACTCGCCTTA TGCTAATCTT GTAGCCTCTC GTGAGGATAA TGCGCAAGAT      720
5 GAAGCGATAA AAGCGTTGAT TGAAGCCTTA CAGAGCGAAA AGACCAGGAA ATTCATTTTG      780
GATACCTATA AGGGGGCGAT TATCCCGGCT TTTTAA      816
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:56:

```

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 951 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: circular
15 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
    (iii) HYPOTHETICAL: NO
20 (iv) ANTI-SENSE: NO
    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
25 (ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...951
30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:56:
```

```

ATGCAAGAAT TCAGTTTGTG GTGCGATTTT ATAGAAAGGG ATTTTTTAGA AAACGATTTT      60
TTAAAGCTCA TCAATAAGGG GGCTATTTGC GGGGCGACGA GTAACCCTAG TTTGTTTTGC      120
GAAGCGATCA CAAAAGCGC GTTTTATCAA GATGAAATCG CTAAACTCAA AGGCAAAAAA      180
GCTAAAGAAA TTTATGAAAC TCTGGCACTA AAGGATATTT TACAAGCCTC TAGCGCGTTA      240
35 ATGCCTTTGT ATGAAAAAGA CCCTAACAAC GGCTACATCA GCCTAGAAAT TGACCCCTTT      300
TTAGAAGACG ATGCGATTAA AAGCATTGAT GAAGCCAAGC GGTTATTCAA AACATTAAAC      360
CGCCCCAATG TGATGATTAA AGTCCCGGCG AGTGAAAGCG CTTTGAAGT CATTAGCGCT      420
CTGGCTCAAG CCTCTATCCC CATTAAATGTA ACTTTAGTCT TTTCGCCTAA AATTGCCGGT      480
GAAATCGCTC AAATCTTAGC CAAAGAAGCA CGAAAAAGAG CGGTCATTAG CGTGTGTTGC      540
40 TCACGATTG ACAAAGAAAT AGACCCACTA GTGCCACAAA ATTTGCAAGC TCAAAGTGGG      600
ATCATGAACG CTACCGAGTG TTATTATCAA ATCAACCAGC ATGCTAATAA GCTAATAAGC      660
ACCCTTTTTG CATCCACCGG CGTTAAATCT AATTCTTTAG CTAAAGATTA CTACATTAAG      720
GCGCTGTGTT TTA AAAACTC TATCAACACA GCCCCCTAG ACGCCCTAAA CGCTTATTTG      780
CTTGACCCAA ACACCGAGTG TCAAACCCCT TTA AAAATCA CAGAAATTGA AGCGTTCAAA      840
45 AAAGAATTAA AAACGCACAA TATTGATTTA GAAAACACCG CCCAAAACT CCTTAAAGAA      900
GGCTTGATAG CGTTCAAACA ATCCTTTGAA AAGCTTTTAA GCAGTTTTTG A      951
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:57:

```

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 783 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: circular
55 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
    (iii) HYPOTHETICAL: NO
```

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

5

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...783

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:57:

	ATGAAAACAA ATGGTCATTT TAAGGATTTT GCATGGAAAA AATGCTTTTT AGGCGCGAGC	60
	GTGGTGGCTT TATTAGTGGG GTGTAGCCCG CATATTATTG AAACCAATGA AGTTGCTTTG	120
	AAATTGAATT ACCATCCAGC TAGCGAGAAA GTTCAAGCGT TAGATGAAAA GATTTTACTT	180
15	TTAAGGCCAG CTTTCCAATA CAGCGATAAT ATTGCTAAAG AGTATGAAAA CAAATTCAAG	240
	AATCAAACCA CGCTTAAAGT TGAAGAGATC TTGCAAAATC AGGGCTATAA GGTATTATTAAT	300
	GTGGATAGCA GCGATAAAGA CGATTTTTCT TTTGCGCAAA AAAAAGAAGG GTATTTGGCT	360
	GTCGCTATGA ATGGCGAAAT TGTTTTACGC CCCGATCCTA AAAGGACCAT ACAGAAAAAA	420
	TCAGAACCCG GGTTATTATT CTCCACTGGT TTGGATAAAA TGGAAAGGGT TTTAATCCCG	480
20	GCTGGGTTTG TCAAGGTTAC CATACTAGAG CCTATGAGTG GGAATCTTT GGATTCTTTT	540
	ACGATGGATT TGAGCGAGTT GGACATCCAA GAAAAATTCT TAAAAACCAC CCATTCAAGC	600
	CATAGCGGAG GGTTAGTTAG CACTATGGTT AAGGGGACGG ATAATTCTAA TGACGCAATT	660
	AAGAGCGCTT TGAATAAGAT TTTTGCAAGT ATCATGCAAG AAATGGATAA GAAACTCACT	720
	CAAAGGAATT TAGAATCTTA TCAAAAAGAC GCCAAGGAAT TAAAAAACAA GAGAAACCGA	780
25	TAA	783

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:58:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30

(A) LENGTH: 4149 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

35

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

40

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

45

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...4149

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:58:

50	TTGAATTTTA ATAACCTTAC GGCTAATGGG GCGTTAAATT TTAATGGTTA TGCGCCCTCT	60
	TTAACTAAGG CTTTAATGAA TGTCAGCGGG CAGTTTGTTT TAGGGAATAA TGGGGATATT	120
	AATTTATCTG ACATCAATAT CTTTGACAAC ATCACAAAAT CTGTAACCTA CAACATCTTA	180
	AACGCTCAAA AAGGGATTAC TGGCATTAGT GGGGCTAATG GCTATGAAAA AATCCTTTTT	240
	TATGGCATGA AAATCCAAAA CGCTACCTAT AGCGATAATA ACAACATCCA AACTTGGTCTG	300
55	TTTATAAACC CTCTCAATTC TTCTCAAATC ATTCAAGAGA GCATTAAAAA TGGGGATCTA	360
	ACCATAGAAG TTTTAAATAA CCCTAACTCG GCTTCCAACA CTATTTTAA TATCGCTCCT	420
	GAGCTTTATA ATTACCAAGA TTCTAAGCAA AATCCTACCG GCTATAGCTA TGATTATAGC	480
	GACAATCAAG CAGGCACTTA TTAATTGACA AGCAACATTA AAGGTCTTTT CACCCCTAAA	540
	GGCTCTCAAA CGCCTCAAAC CCCAGGCACT TATAGCCCAT TTAACCAGCC TTTGAATAGT	600

	TTGAATATCT	ACAATAAGGG	TTTTTCTAGC	GAGAATTAA	AAACGCTTTT	AGGGATCCTT	660
	TCTCAAAATT	CCGCCACCTT	AAAAGAAATG	ATTGAATCCA	ACCAACTAGA	CAATATCACT	720
	AACATTAATG	AAGTGTTGCA	ACTCTTAGAT	AAGATTAAAA	TCACCCAAGC	GCAAAAAGCAA	780
	GCGCTCCTAG	AAACGATCAA	CCATTGACT	GACAAACATCA	ATCAAACCTT	TAATAACGGG	840
5	AATCTCGTTA	TAGGCGCTAC	CCAAGATAAT	GTTACAAACT	CTACTAGCTC	TATATGGTTT	900
	GGGGGCAATG	GCTATAGCAG	CCCTTGCGCG	CTAGATAGCG	CCACTTGTTT	TTCTTTTAGA	960
	AACACTTACT	TGGGGCAATT	ATTAGGCTCA	ACTTCCCTT	ATTTAGGCTA	CATTAACGCT	1020
	GATTTTAAAG	CTAAAAGCAT	TTATATTACC	GGGACAATTG	GAAGTAGTAA	CGCTTTTGAA	1080
	AGCGGAGGGA	GCGCGGATGT	AACCTTTCAA	AGCGCTAATA	ACTTAGTGTT	GAATAAAGCT	1140
10	AACATAGAAG	CTCAAGCCAC	AGACAATATC	TTTAATCTTT	TGGGTCAAGA	AGGGATTGAT	1200
	AAAATCTTTA	ATCAGGGGAA	TTAGCGAAT	GTTCTTAGTC	AAATGGCTAT	GGAAAAATC	1260
	AAGCAAGCCG	GCGGTTTAGG	GAACTTTATA	GAAAAAGCTC	TAAGCCCTTT	GAGTAAGGAA	1320
	TTACCCGCTA	GCTTGCAAGA	TGAAACCTTA	GGCCAACTTA	TAGGTCAAAA	TAACCTTAGAT	1380
	GATTTATTGA	ATAATAGTGG	AGTCATGAAT	GAAATCCAAA	ACATTATCAG	TCAAAAACCTA	1440
15	AGCATTTTTG	GCAATTTTGT	TACCCCATCC	ATCATAGAAA	ACTACCTTGC	TAAGCAGTCT	1500
	TTAAAAAGCA	TGCTAGACGA	TAAAGGGCTT	TTGAATTTTA	TCGGTGGGTA	TATAGACGCT	1560
	TCTGAATTAA	GCTCTATTTT	AGGCGTGATT	TTAAAGGATA	TTACTAACCC	CCCTACAAGC	1620
	CTGCAAAAAG	ACATTGGTGT	GGTAGCGAAC	GACTTGTTGA	ACGAGTTTTT	AGGACAAGAT	1680
	GTTGTCAAAA	AGCTAGAAAG	TCAAGGCTTG	GTGAGTAATA	TCATCAATAA	TGTTATTTCCT	1740
20	CAAGGCGGGT	TGAGCGGCGT	TTATAATCAA	GGTTTAGGGA	GCGTGTTGCC	GCCCTCTTTA	1800
	CAAAACGCGC	TCAAAGAAAA	CGATTTAGGC	ACTCTTTTAT	CGCCTAGAGG	CTTGCATGAT	1860
	TTTTGGCAAA	AAGGGTATTT	TAACTTTTTA	AGCAATGGCT	ATGTTTTTGT	CAATAACAGC	1920
	TCTTTTAGTA	ACGCTACTGG	GGGTAGTTTG	AATTTTGTCG	CCAACAAGTC	TATTATCTTT	1980
	AATGGCGATA	ATACGATTGA	CTTAGCAAG	TATCAAGGCG	CATTGATTTT	TGCTTCTAAT	2040
25	GGTGTTTCTA	ATATCAATAT	CACCACCCTA	AACGCCACTA	ATGGCTTAAG	CCTTAATGCG	2100
	GGTTTGAATA	ATGTGAGCGT	TCAAAAAGGA	GAAATTTGTA	TCAATTTAGC	CAATTGCCCT	2160
	ACAACCAAAA	ACAGCTCTCC	TGCAAACTCT	AGCGTAACCC	CCACTAATGA	GTCTTTAAGC	2220
	GTGCACGCTA	ATAATTTTAC	TTTCTTAGGC	ACAATCATCT	CTAATGGGGC	TATTGATTTG	2280
	TCTCAAGTAA	CAAATAATAG	CGTTATAGGC	ACGCTCAATC	TCAATGAAAA	TGCGACCTTG	2340
30	CAAGCTAATA	ATTTAACGAT	CACCAACGCT	TTTAAACAAC	CCTCTAACTC	TACGGCTAAT	2400
	ATTGATGGTA	ATTTACACCT	AAACCAACAA	GCGACTTTAA	GCACTAACGC	TAGTGGTTTG	2460
	AATGTCATGG	GGAATTTTAA	TAGCTATGGC	GATTTGGTGT	TTAACCTCAG	TCATTCAAGT	2520
	AGTCATGCTA	TTATCAATAC	TCAAGGCACA	GCGACGATCA	TGGCCAATAA	TAACCCTTTG	2580
	ATCCAATTCA	ACGCTTCTTC	AAAAGAAGTG	GCTGATTACA	CGCTGATTGA	TAGCGCTAAA	2640
35	GCCATTTATT	ACGGGTATAA	CAACCAAATC	ACAGGAGGCA	GTAGCCTGGA	TAATTACCTT	2700
	AAGCTTTATG	CGCTCATTGA	TATTAATGGC	AAGCACATGG	TGATGACTGA	CAACGGCTTA	2760
	ACCTATAACG	GGCAAGCCGT	GAGCGTTAAA	GATGGCGGTT	TAGTTGTAGG	CTTTAAGGAC	2820
	TCTCAAAATC	AATACATTTA	CACTTCCATT	CTTTATAATA	AAGTGAAAAT	CGCTGTTTCT	2880
	AATGATCCTA	TCAATAACCC	ACAAGCCCCC	ACTTTAAAC	AATATATCGC	TCAAATTCAG	2940
40	GGCGTTCAAA	GCGTGATAG	CATCGATCAA	GCTGGGGGAA	ATCAAGCGAT	TAATTGGCTC	3000
	AATAAAATCT	TTGAAACTAA	AGGAAGCCCT	TTATTCGCTC	CCTATTATCT	AGAGAGCCAC	3060
	TCCACAAAAG	ATTTAACCAC	GATCGCTGGA	GATATTGCTA	ACACTTTAGA	AGTCATCGCT	3120
	AACCCTAATT	TTAAAAATGA	CGCCACTAAT	ATTTTACAGA	TCAACACCTA	CACGCAGCAA	3180
	ATGAGTCGTT	TAGCCAAAGCT	CTCTGACACT	TCAACTTTTC	CCCCTTCTGA	TTTCTTAGAA	3240
45	CGCTTAGAAG	CCCTTAAAAA	CAAGCGATTG	GCTGATGCGA	TCCCTAACGC	TATGGATGTG	3300
	ATTTTAAAT	ACTCTCAAAG	GAATAGAGTT	AAAAATAATG	TGTGGGCGAC	AGGAGTTGGA	3360
	GGGGCTAGTT	TCATTAGTGG	AGGTACTGGA	ACTTTATATG	GTATCAATGT	AGGGTATGAT	3420
	AGGTTTATTA	AGGGCGTGAT	TGTGGGAGGT	TATGCCGCTT	ATGGGTATAG	CGGGTTCCAT	3480
	GCAAACATCA	CTCAATCAGG	CTCTAGCAAT	GTCAATGTGG	GCGTTTATAG	CCGAGCGTTT	3540
50	ATCAAAAGAA	GCGAGCTAAC	CATGAGCTTG	AATGAGACTT	GGGGATACAA	TAAAACCTTC	3600
	ATCAACTCCT	ATGACCCCTT	ACTCTCAATC	ATCAATCAGT	CTTACAGATA	CGACACTTGG	3660
	ACGACTGACG	CTAAAATCAA	TTATGGCTAT	GATTTTCATG	TTAAAGATAA	AAGCGTTATT	3720
	TTTAAACCCC	AAGTAGGCTT	AAGCTATTAT	TACATTGGTT	TGTCTGGTTT	AAGGGGCATT	3780
	ATGGATGATC	CTATTTACAA	CCAATTCAGA	GCCAATGCTG	ACCCTAATAA	AAAATCCGTT	3840
55	CTAACGATCA	ATTTTGCCCT	AGAAAGTCGG	CATTATTTC	ATAAAAACTC	TTATTATTTT	3900
	GTGATTGCGG	ATGTGGGCAG	AGACTTATTC	ATTAATTCTA	TGGGGGATAA	AATGGTGCGT	3960
	TTCATCGGTA	ATAACACCC	AAGCTATAGA	GATGGTGGCA	GATACAACAC	TTTTGTAGC	4020
	ATTATCACAG	GCGGGGAGAT	AAGATTGTTC	AAAACCTTTT	ATGTGAATGC	GGGCATAGGG	4080
	GCTAGGTTTG	GGCTTGATTA	TAAAGATATT	AATATTACCG	GAAATATTGG	TATGCGCTAT	4140

GCTTTTTTAA

4149

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:59:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 789 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 10 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- 15 (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- 20 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...789
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:59:

25 ATGAAAAAAAA TTGGTTTGAG CTTGTGTTTG GTTTTGAGTT TGGGTTTTTT AAAAGCCCAT 60
 GAAGTGAGCG CTGAAGAGAT TGCGGATATT TTCTACAAAC TCAACGCCAA AGAGCCTAAA 120
 ATGAAAATCA ACCACACGAA GGGGTTTTGC GCTAAAGGCG TGTTCCTCCC TAACCCGCAA 180
 GCAAGAGAGG ATTTAGAGGT GCCACTACTC AATGAAAAAG AAATCCCTGC GTCTGTAAGG 240
 30 TATTCTTTAG GGGGCGTGGC GATGGACGAT AAAAGCAAGG TTAGGGGAAT GGCGTTAAAA 300
 CTAGAAAATC AAAACGCTAG TTGGACAATG GTGATGCTCA ATACAGAAAT CAATTTTGCC 360
 AAAAACCCCTG AAGAATTTCG CCAATTTTTT GAAATGAGAC TTCCTAAAAA TGGCAAGGTA 420
 GATGAAGCAA GAATCAAAAA GCTTTACGAA GAAGTCCCCT CTTATAGGAA TTTGCCGCGC 480
 TATATGAAAA CGATAGGGAT TAGCTCAAGC GTGGCTAATA CGCCTTATTA TAGCGTGCAT 540
 35 GCGTTCAAGT TTAAAGATAA GAAAGAAAAA TTATTGCCTG CGAGGTGGAA ATTTGTGCCT 600
 AAAGAGGGCG TTAAATACTT AAATCCTCAA GAATTAAAGC AAAAAGATTC AAATTATCTG 660
 CTCTCTTCAT TCCAACAACA CCTTAAAAAT AAACCCATAG AATACCAAAT GTATTGCTG 720
 TTTGCGAATC AAAATGATGC CACCAACGAC ACGACCGCGC TTTGGAAAGG CAGCATAAGG 780
 AATTATTAG 789

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:60:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 741 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 50 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- 55 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...741

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:60:

```

5  ATGAAACAAT TTAAAAAGAA ACCAAAAAAG ATAAAACGAT CGCATCAAAA TCAAAAAACA    60
   ATCTTAAAGC GTCCTTTATG GCTTATGCCT TTACTGATTG GCGGGTTTGC TAGTGGGGTG    120
   TATGCGGATG GAACAGACAT TTTGGGGCTT AGTTGGGGGG AAAAAAGCCA AAAGGTATGC    180
   GTGCATCGTC CATGGTATGC TATATGGAGT TGCGATAAAT GGGAGGAAAA AACACAACAA    240
   TTTACAGGAA ACCAACTCAT CACAAAAAAT TGGGCAGGGG GTAATGCGGC TAACTACTAC    300
10  CACTCTCAAA ACAACCAAGA CATCACAGCC AATTTAAAAA ATGATAACGG CACTTATTTT    360
   TTAAGCGGTC TGTATAACTA CACCGGAGGG GAATATAATG GGGGGAATTT AGACATTGAA    420
   TTAGGCAGTA ACGCTACTTT TAATCTAGGT GCGAGTAGTG GGAATAGCTT CACTTCTTGG    480
   TATCCTAATG GGCATACTGA TGTACTTTT AGCGCTGGGA CTATCAATGT GAATAACAGC    540
   GTAGAAGTGG GCAATCGTGT GGGATCGGGA GCTGGCACGC ACACCGGCAC AGCCACTTTA    600
15  AACTTGAACG CTAATAAGGT TACTATCAAT TCCAATATCA GCGCGTATAA AACTTCGCAA    660
   GTGAATGTAG CCAATGCTAA CAGCGTTATT ACCATTAATT CGGTTTCTTT AAATGGGGAA    720
   TACTTGCACT TCTTTAGCTA G                                741

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:61:

```

20  (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
      (A) LENGTH: 738 base pairs
      (B) TYPE: nucleic acid
      (C) STRANDEDNESS: double
25  (D) TOPOLOGY: circular

      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

      (iii) HYPOTHETICAL: NO

30  (iv) ANTI-SENSE: NO

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
      (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

35  (ix) FEATURE:
      (A) NAME/KEY: misc_feature
      (B) LOCATION 1...738

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:61:

```

ATGATAAAAA AGACCCTTGC ATCGGTTTTA TTAGGATTGA GTTTGATGAG TGTGTTAAAT    60
GCCAAAGAAT GCGTTTTCGCC CATAACAAGA AGCGTTAAGT ATCATCAGCA AAGTGCTGAG    120
ATCAGAGCCT TGCAATTACA AAGTTACAAA ATGGCGAAAA TGGCGCTAGA CAATAACCTT    180
45  AAGCTCGTTA AAGACAAAAA GCCAGCCGTC ATCTTGGATT TAGATGAAAC CGTTTGAAC    240
   ACTTTTGATT ATGCGGGGCTA TTTAGTCAAA AACTGCATTA AATACACCCC AGAAACTTGG    300
   GATAAATTTG AAAAAGAAGG CTCTCTTACG CTCATTCTTG GAGCGCTAGA CTTTTTAGAA    360
   TACGCTAATT CTAAGGGCGT TAAGATTTTT TACATTTCTA ACCGCACCCA AAAAAATAAG    420
   GCATTCACTT TAAAAACGCT CAAAAGCTTT AAGCTCCCCC AAGTGAGTGA AGAATCCGTT    480
50  TTGTTAAAGG AAAAAGGCAA GCCTAAAGCC GTTAGGCGGG AGTTAGTCGC TAAGGATTAT    540
   GCGATTGTTT TACAAGTGGG CGACACTTTG CATGATTTTG ACGCCATTTT TGCTAAAGAC    600
   GCTAAAAACA GCCAAGAACA ACAAGCCAAA GTCTTGCAAA ACGCTCAAAA ATTTCGGACA    660
   GAATGGATCA TTTTACCCAA CTCTCTTTAT GGCACATGGG AAGATGGGCC TATAAAAGCA    720
   TGGCAAAATA AAAAATAA                                738

```

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:62:

```

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  (A) LENGTH: 867 base pairs

```

(B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

5 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

10

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

15

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...867

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:62:

20	TTGTGGTGT TAAAAACCCC TATCATAGGG CATGGCATGA AGAAAAAAGC AAAAGTCTTT	60
	TGGTGTGT TAAAAATGAT TCGTTGGTTG TATTGGCGG TCTTTTTTTT GTTGAGCGTA	120
	TCAGACGCTA AAGAAATCGC TATGCAACGA TTTGACAAAC AAAACCATAA GATTTTGTAA	180
	ATCCTTGCGG ATAAAGTGAG CGCCAAAGAC AATGTGATAA CCGCCTCAGG GAATGCGATC	240
	CTATTGAATT ATGACGTGTA TATTCTAGCG GATAAGGTGC GTTATGACAC CAAGACTAAA	300
25	GAAGCGTTAT TAGAAGGCAA TATTAAGGTT TATAGGGGCG AGGGCTTGCT CGTTAAACC	360
	GATTATGTGA AATTGAGTTT GAACGAAAAA TATGAGATCA TTTTCCCCTT TTATGTCCAA	420
	GACAGCGTGA GCGGGATTG GGTGAGCGCG GATATTGCTA GCGGGAAGGA TCAAAAATAT	480
	AAGATTAAAA ACATGAGCGC TTCAGGGTGC AGCATTGACA ACCCCATTG GCATGTCAAT	540
	GCGACTTCAG GCTCATTTAA CATGCAAAAA TCGCATTTGT CAATGTGGAA TCCTAAGATT	600
30	TATGTCGGCG ATATTCCTGT ATTGTATTTG CCCTATATTT TCATGTCCAC GAGCAATAAA	660
	AGAACTACCG GGTTTTTATA CCCTGAGTTT GGCACCTCCA ACTTAGACGG CTTTATTTAT	720
	TTGCAACCCT TTTATTTAGC CCCCAAAAAC TCATGGGATA TGACCTTTAC CCCACAAATC	780
	CGTTACAAAA GGGGTTTTGG CTTGAATTTT GAAGCGCGCT ACATCAACTC TAAGACGCAG	840
35	GTTTTTATTC AATGCGCGCT ATTTTAG	867

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:63:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40

(A) LENGTH: 387 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

45

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

50

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

55

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...387

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:63:

TTGATGTTTA AAAAAATGTG TTTGAGCCTG CTAATGATAA GCGGTGTTTG TGTGGGGGCA	60

```

AAGGATTGTTGG ATTTCAAGCT GGATTATCGC GCGACTGGGG GGAAATTCAT GGGGAAAATG      120
ACGGACTCTA GTCTTTTAAAG TATCACTTCT ATGAACGATG AACCGGTGGT GATTAAAAAC      180
CTTATTGTCA ATAGGGGAAA TTCATGCGAA GCGACTAAAA AAGTAGAACC CAAATTGGGC      240
GATAAGTTTA AAAAAGAAAA ACTCTTTGAT CATGAATTAA AATACTCGCA ACAGATATTT      300
5 TACCGCCTGG ATTGCAAGCC TAACCAATTG TTAGAAGTTA AAATCATCAC GGACAAGGGC      360
GAATATTACC ATAAATTTTC CAAATAG                                     387

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:64:

- 10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 510 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 15 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- 20 (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- 25 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...510
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:64:

```

30 ATGCAAGCGT TAAAATCATT GCTTGAAGTG ATTACAAAAC TCCAGAATCT AGGCGGCTAT      60
TTGATGCATA TAGCTATTTT CATCATTTT ATTGGATTG GAGGGCTTAA GTTTGTGCCT      120
TACGAAGCTG AAGGGATCGC CCCTTTTGTG GCCAACTCCC CTTTCTTTTC TTTCATGTAT      180
AAATTGAAA AACCTGCATA CAAACAACAC AAAATGTCTG AATCCCAATC CATGCAAGAA      240
35 GAAATGCAAG ATAACCCTAA AATCGTTGAA AACAAAGAAT GGCATAAAGA AAACCGCACT      300
TATTAGTGG CTGAAGGTTT AGGGATTACG ATCATGATCC TAGGCATTTT GGTGCTTTTG      360
GGGCTTTGGA TGCCTTTAAT GGGCGTAGTT GGGGGCTTGC TTGTCGCTGG AATGACGATC      420
ACCACCCTAT TCTTTTAT TCACAACGCC AGAAGTGTTT GTCAATCAGC ATTTCCCATG      480
40 GCTTTCTGGG GCTGGAAGGC TAGTGGTTAA                                     510

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:65:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1464 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- 50 (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- 55 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature

Y.V

(B) LOCATION 1...1464

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:65:

```

5  ATGATTGAAT GGATGCAAAA TCATAGAAAG TATTTAGTGG TTACGATATG GATAAGCACG      60
   ATCGCTTTTA TTGCCGCCGG AATGATAGGT TGGGGGCAAT ACAGCTTTTC TTTAGATAGC      120
   GATAGCGCTG CCAAAGTGGG ACAGATTAAG ATTTCTCAAG AAGAATTAGC CCAAGAATAC      180
   CGCCGCCTTA AAGACGCCCTA TGCTGAGTCT ATCCCTGATT TTAAAGAACT CACCGAAGAT      240
   CAAATCAAAG CCATGCATTT AGAAAAAGC GCGCTAGATT CGCTCATCAA TCAAGCTTTA      300
10  TTGAGGAATT TCGCTTTAGA TTTAGGGCTT GGTGCTACCA AGCAAGAAGT GGCCAAAGAG      360
   ATCAGAAAAA CGAACGTTTT TCAAAAAGAT GGCGTTTTTG ATGAAGAATT GTATAAAAT      420
   ATCTTAAAC AAAGCCATTA CCGCCCCAAG CATTTTGAAG AAAGCGTTGA AAGGCTTTTA      480
   ATCCTTCAAA AAATCAGCGC TCTATTCCCC AAAACCACCA CCCCTTTGGA GCAATCCAGT      540
   CTATCGCTTT GGGCAAAATT GCAAGACAAA TTAGACATTC TTATCCTAAA TCCTAATGAT      600
15  GTTAAATCT CTCTCAATGA AGAAGAGATG AAAAAATATT ATGAAAACCA TAGAAAGGAT      660
   TTTAAAAGC CCACAAGCTT TAAAACACGC TCTTTATATT TTGACGCTAG TTTAGAAAAA      720
   ACTGATTGGA AAGAGTTGGA GGAATACTAC CATAAAAACA AGGTGTCTTA TTTGGACAAA      780
   GAGGGGAAAT TACAGGATTT TAAAAGCGTT CAAGAGCAAG TCAAGCATGA TTTAAACATG      840
   CAAAAGGCGA ATGAAAAGC CTTAAGGAGC TATATCGCTC TAAAAAAGGG GAACGCACAA      900
20  AACTACACCA CGCAAGATTT TGAAAAAAC AACTCCCCCT ATACTGCTGA AATCAGCCAA      960
   AAATCACCG CTCTCAAGCC CTTGAAGTCT CTAAAACCAG AGCCTTTTAA AGATGGTTTT      1020
   ATCGTGGTGC AGCTTGCTCT TCAAATTAAA GACGAATTGC AAAATTTTGA TGAAGCCAAA      1080
   AGCGCTCTTA AAACCCGTCT GACTCAAGAA AAAACCCTTA TGGCGTTGCA AACTTTAGCT      1140
   AAAGAAAAGC TTAAGGATTT TAAAGGAAA AGCGTGGGTT ATGTAAGCCC TAATTTTGGA      1200
25  GGCATATCA GTGAATTAA CCAAGAAGAG AGCGCGAAGT TTATCAACAC CCTTTTAAAC      1260
   CGCCAGGAAA AAAAAGGGTT TGTAACCATA GGTAATAAAG TGGTGCTTTA TCAAATCACA      1320
   GAGCAAAATT TCAATCACCC CTTTAGTGCA GAAGAAAACC AATACATGCA GCGTTTAGTC      1380
   AATAACACTA AAACGGATTT TTTTGATAAA GCGTTGATAG AAGAATTGAA AAAACGCTAT      1440
   AAGATAGTCA AATACATTCA ATAA                                     1464

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:66:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

```

35  (A) LENGTH: 429 base pairs
     (B) TYPE: nucleic acid
     (C) STRANDEDNESS: double
     (D) TOPOLOGY: circular

```

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

40

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

45

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

```

50  (A) NAME/KEY: misc_feature
     (B) LOCATION 1...429

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:66:

```

55  ATGAAAACGA ACTTTTATAA AATTAAATTA CTATTTGCTT GGTGTCTTAT CATTGGCATG      60
   TTTAACGCTC CGCTTAACGC TGACCAAAAC ACGGATATAA AAGATATTAG TCCTGAAGAT      120
   ATGGCGCTAA ATAGCGTGGG GCTTGTTTCT AGAGATCAGC TAAAAATAGA GATCCCTAAA      180
   GAAACCCTAG AGCAAAAAGT GGCCATACTC AATGACTATA ATGATAAGAA TGTTAATATC      240
   AAGTTTGACG ACATAAGTTT AGGGAGTTTC CAACCTAATG ATAATCTAGG TATCAATGCG      300
   ATGTGGGGCA TTCAAATCT TCTCATGAGC CAAATGATGA GCAATTACGG TCCAAACAAT      360

```

TCTTTCATGT ATGGCTATGC GCCAACATAC TCAGATTCAT CGTTTTTACC ACCGATCTTA 420
GGGTATTAA 429

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:67:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 627 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...627

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:67:

TTGATCAACA	ATAATAATAA	CAATAAAAAA	CTGAGAGGCT	TTTTTTTGAA	AGTTCTCTTA	60
AGTCTCGTTG	TTTTCAGTTC	GTATGGGTCA	GCAAATGACG	ATAAAGAAGC	CAAAAAAGAA	120
GCGCTAGAAA	AAGAAAAAAA	CACTCCCAAT	GGGCTTGTTT	ATACGAATTT	AGATTTTGAT	180
AGTTTAAAG	CGACTATCAA	AAATTTGAAA	GACAAGAAAAG	TAACTTTCAA	AGAAGTCAAT	240
CCCGATATTA	TCAAAGATGA	AGTTTTTGAC	TTCGTGATTG	TCAATAGAGT	CCTTAAAAAA	300
ATAAAGGATT	TGAAGCATT	CGATCCAGTT	ATTGAAAAAA	TCTTTGATGA	AAAGGGTAAA	360
GAAATGGGAT	TGAATGTAGA	ATTACAGATC	AATCCTGAAG	TGAAAGACTT	TTTTACTTTC	420
AAAAGCATCA	GCACGACCAA	CAAACAACGC	TGCTTTCTAT	CATTGCACGG	AGAAACAAGA	480
GAAATTTTAT	GCGATGATAA	GCTATATAAT	GTTTTATTGG	CCGTATTCAA	TTCTTATGAT	540
CCTAATGATC	TTTTGAAACA	CATTAGCACC	ATAGAGTCTC	TCAAAAAAAT	CTTTTATACG	600
ATTACATGTG	AAGCGGTATA	TCTATAA				627

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:68:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 738 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...738

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:68:

	ATGGCAGGCA	CACAAGCTAT	ATATGAATCA	TCTTCTGCAG	GATTCTTATC	GCAAGTCTCC	60
	TCAATCATCT	CAAGCACAAAG	TGGTGTGCGA	GGGCCATTTG	CAGGAATAGT	AGCGGGCGCT	120
5	ATGACAGCAG	CGATTATTCC	TATTGTTGTG	GGATTTACTA	ATCCGCAAAT	GACCGCTATC	180
	ATGACCCCAAT	ACAATCAAAG	CATCGCTGAA	GCTGTAAGCG	TGCCTATGAA	AGCCGCTAAC	240
	CAACAATACA	ACCAATTGTA	TCAAGGTTTT	AACGATCAAA	GCATGGCTGT	GGGGAACAAT	300
	ATCTTAAATA	TCAGCAAATT	AACAGGGGAA	TTTAACGCGC	AAGGCAACAC	GCAAAGCGCG	360
	CAAATTAGTG	CTGTCAATAG	TCAGATTGCA	AGCATTTTAT	CGAGTAACAC	TACCCCTAAA	420
10	AATCCTAGCG	CTATTGAAGC	TTATGCGACG	AATCAAATCG	CTGTTCTTAG	CGTGCCAACA	480
	ACGGTTGAAA	TGATGAGCGG	TATATTAGGC	AATATTACAA	GCGCAGCACC	AAAATACGCC	540
	CTAGCTCTAC	AAGAGCAACT	GCGTTCTCAA	GCAAGCAACA	GCTCAATGAA	TGATACAGCC	600
	GATTCCCTTG	ATAGCTGTAC	CGCTTTAGGC	GCACTTGTTG	GCTCATCAAA	AGTGTTTTTC	660
	AGTTGCATGC	AAATTTCTAT	GACTCCTATG	AGTGTCTCTA	TGCCCACTGT	TATGCCAAAT	720
15	ACCAGCGGTT	GCCACTAA					738

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:69:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1104 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

25 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

30 (vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

35 (A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...1104

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:69:

40	ATGATTAAAA	GCGTAGAGAT	TGAAAATTAC	AAAAATTTTG	AGCACCTTAA	AATGGAAAAT	60
	TTTAAACTCA	TCAACTTTTT	TACCGGTCAA	AACGATGCGG	GTAAAACCAA	TCTTTTAGAA	120
	GCTCTTTATA	CCAACACAGG	CCTTTGTGAT	CCTACTGCCA	ATCAAGTCAG	TCTTCCTCCT	180
	GAACATGCCG	TGAATATTAG	TGAATTCAGA	AAAATCAAAC	TCGATGCCGA	CAACCTAAAA	240
	ACCTTTTTTT	ATCAAGGAAA	CACCGCTAAT	CCCATTAGTA	TCCGCACTGA	ATTGAACAT	300
45	GCTACTATCC	CTCTTACTAT	CCAATACCCC	ACACAAACCA	GTTACAGCAA	AGACATCAAT	360
	TTGAATAGCG	ATGATGCTCA	TATGACAAAC	CTTATAAACA	CAACAATAAC	GAAGCCACAG	420
	CTCCAATTTT	CCTACAATCC	ATCCCTTTCC	CCCATGACAA	TGACTTATGA	ATTTGAAAGG	480
	CAAAACCTAG	GTTTAATCCA	TTCTAATTTA	GATAAAATCG	CTCAAACCTA	TAAAGAAAAT	540
	GCGATGTTTA	TTCCTATAGA	ATTATCTATT	GTTAATTCTC	TTAAAGCATT	GGAAAATTTA	600
50	CAATTAGCAA	GCAAAGAAAA	AGAATTGATT	GAAATCCTAC	AATGTTTCAA	CCCTAATATT	660
	TTAAATGCTA	ATACAATAAG	AAAGTCTGTC	TATATCCAAA	TCAAAGATGA	AAACACACCG	720
	CTAGAAGAAA	GTCCCAAAAG	GCTTTTAAAT	TTGTTTGGTT	GGGGTTTTAT	CAAATCTTTT	780
	ATTATGGTGA	GCATTCTTAT	AGACAATCGT	GTCAAGTATC	TTTTTATTGA	TGAAATAGAA	840
	AGCGGTTTGC	ACCATACAAA	AATGCAAGAG	TTTTTAAAAG	CTCTGTTTAA	GTTAGCTCAA	900
55	AAATTACAGA	TTCAAATTTT	TGCCACCACG	CAQAATAAGG	AATTTTATT	AAACGCCATC	960
	AACACGATAT	CCGATAATGA	AACGGGAGTT	TTTAAAGACA	TAGCCTTGTT	TGAGCTTGAA	1020
	AAAGAAAGCG	CTTCTGGCTT	TATCAGACAC	AGCTATTCTA	TGCTAGAAAA	AGCGCTTTAT	1080
	AGGGGTATGG	AGGTTAGAGG	CTGA				1104

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:70:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1230 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...1230

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:70:

25	ATGTCCTTGA	TTAGAGTGAA	TGGGGAAGCT	TTTAAACTCT	CTTTGGAAAG	TTTAGAAGAA	60
	GATCCTTTTG	AAACTAAAGA	AACGCTAGAA	ACGCTAGAAA	CGCTTATCAA	ACAAACGAGC	120
	GTTGTTTTAT	TGGCCGCTGG	GGAGTCTAAG	CGTTTTTCTC	GTGCGATTAA	AAAGCAGTGG	180
	CTACGCTCTC	ACCACACCCC	CTTATGGCTC	AGCGTGTATG	AAAGCTTTAA	AGAAGCCCTA	240
	GACTTTAAGG	AAGTCATTCT	AGTTGTAAGC	GAATTGGATT	ATGTTTATAT	CCAACGCCAT	300
	TACCCCAAAA	TCAAGCTTGT	AAAAGGCGGG	GCATCAAGGC	AAGAATCCGT	GCGTAACGCT	360
30	TTGAAAGTAA	TTGATAGCAC	TTACACGATC	ACCAGCGATG	TGGCTAGGGG	TTTAGCGAAT	420
	ATGGAAGCGC	TTAAAAGCTT	GTTTTTAACC	CTCCAACAAA	CGAGCCATTA	TTGCATCGCC	480
	CCTTACTTGC	CTTGCTATGA	CACAGCGATC	TATTATAACG	AGGCTTTAGA	TAGAGAAGCG	540
	ATCAAACTCA	TTCAAACCCC	GCAATTAAGC	CACACCAAAA	CGCTCCAATC	AGCCCTAAAC	600
	CAAGGGGGTT	TTAAAGATGA	AAGCAGCGCG	ATTTTACAAG	CTTTCCCTAA	CTCTGTGAGC	660
35	TATATTGAAG	GCAGTAAGGA	TTTGACAAA	CTCACCACAA	GCGGCGATT	AAAGTTTTTT	720
	ACGCCTTTTT	TTAACCAGC	AAAGGACACT	TTTATAGGCA	TGGGTTTTGA	TACGCATGCG	780
	TTCATTAAAG	ATAAGCCTAT	GGTTTTAGGG	GGGGTTGTTT	TGGATTGCGA	GTTTGGGTTA	840
	AAGGCTCATA	GCGATGGCGA	TGCTTTATTG	CATGCGGTTA	TTGATGCGAT	TTTAGGAGCG	900
	ATTAAAGGGG	GGGATATTGG	CGAATGGTTC	CCTGATAATG	ACCCCAAATA	CAAAAACGCC	960
40	TCTTCTAAAG	AGCTTTTAA	AATCGTGTTG	GATTTTTCTC	AAAGCATTGG	GTTTGAATTG	1020
	CTTGAAGATG	GAGCGACCAT	CTTTAGCGAA	ATCCCTAAAA	TCACTCCTTA	CAAACCGGCG	1080
	ATTTTAGAGA	ATTTGAGCCA	ACTTTTGGGT	TTAGAAAAAT	CTCAAATCAG	CTTGAAAGCC	1140
	ACTACAATGG	AAAAAATGGG	GTTTCATTGGC	AAACAAGAAG	GGCTGTTAGT	CCAAGCGCAT	1200
45	GTGAGCATGC	GTTATAAACA	AAAACTTTAA				1230

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:71:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 813 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- 5 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...813

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:71:

```

10 ATGAAAAAGT TTGTAGCTTT AGGGCTTCTA TCCGCGGTTT TAAGCTCTTC GTTGTTAGCC      60
   GAAGGTGATG GTGTTTATAT AGGGACTAAT TATCAGCTTG GACAAGCCCG TTTGAATAGC      120
   AATATTTATA ATACAGGGGA TTGCACAGGG AGTGTGTAG GTTGCCCCC AGGTCTTACC      180
   GCTAATAAGC ATAATCCAGG AGGCACCAAT ATCAATTGGC ACTCCAAATA CGCTAATGGG      240
   GCTTTGAATG GTTTTGGGTT GAATGTGGGT TATAAGAAAT TCTTCCAATT CAAGTCGCTA      300
15 GATATGACAA GCAAGTGGTT TGGTTTTAGA GTGTATGGGC TTTTGTGATTA CGGGCATGCC      360
   GATTTAGGTA AACAAGTTTA TGCACCTAAT AAAATCCAGT TGGATATGGT CTCTTGGGGT      420
   GTGGGGAGCG ATTGTATTAGC TGATATTATT GATAAAGACA ACGCTTCTTT TGGTATTTTT      480
   GGTGGGGTCG CTATCGGCGG TAACACTTGG AAAAGCTCTG CAGCAAATA TTGGAAAGAG      540
   CAAATCATTG AAGCCAAAGG TCCTGATGTT TGTACCCCTA CTTATTGTAA CCCTAATGCC      600
20 CCTTATAGCA CCAACACTTC AACCGTCGCT TTTCAAGTGT GGTGGAATTT TGGGGTGAGA      660
   GCCAATATCT ACAAGCATAA TGGCGTGGA TTTGGCGTGA GAGTGCCGCT ACTCATCAAT      720
   AAATTTTGA GCGCGGGTCC TAACGCTACT AACCTTTATT ACCATTGAA ACGGGATTAT      780
   TCGCTTTATT TGGGGTATAA CTACACTTTT TAA                                     813

```

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:72:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 30 (A) LENGTH: 1317 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

35 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- 40 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- 45 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...1317

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:72:

```

ATGGCTTACA AACCTAACAA AAAGAAGTTA AAAGAATTAA GAGAGCAACC GAATTTATTT      60
AGCATCTTAG ATAAGGGCGA TGTTGCAACA AACAATCCTG TTGAAGAGTC AGACAAGGCC      120
50 AATAAAATAC AAGAGCCACT CCCTTATGTC GTGAAAACGC AAATCAATAA AGCAAGCATG      180
   ATTTCTAGAG ATCCTATTGA ATGGGCAAAG TATTTAAGCT TTGAAAAACG AGTCTATAAG      240
   GATAATAGTA AAGAAGATGT CAATTTCTTT GCCAATGGTG AGATAAAAGA AAGTTCTCGT      300
   GTTTATGAAG CGAATAAAGA AGGGTTTGAA AGGCGCATCA CTAAAAGATA CGATCTGATT      360
   GATAGAAATA TTGATAGAAA TAGAGAATTT TTTATAAAAG AAATTGAAAT TCTAACCCAC      420
55 ACAAACAGCT TAAAGAATT GAAAGAGCAA GGGTTAGAAA TCCAATTGAC CCACCATAAT      480
   GAAACGCATA AGAAAGCCTT AGAAAATGGC AATGAAATCG TTAAAGAATA CGACCATCTT      540
   AAAGATATTT ACCAAGAAGT AGAAAGAACA AAAGATGGTG GATTGGTAAG AGAAATAATC      600
   CCCAGTATTT CTAGCGCTGA GTATTTCAAG CTTTACAACA AACTGCCTTT TGAATCAATA      660
   AACAATGAAA ATACCAAACCT GAATACTAAC GACAATGAAG AAGTTAAAAA ACTAGAATTT      720

```


	GAATTAGCTA AAGAAGTGCA TATTTTAATC CTAGAGCAAC AATTGCTTTC AGCAACAAAT	780
	TATTATTCTT GGATAGATAA AGATGATAAT GCGAATTTTG CTTGGAAAAT GCATAGGCTT	840
	ATCAATGAAA ATAACTCAA AGAAAACCAT CTCAGCGCCA ATAACGCTAA TAAGATTAAG	900
	CAATTTTCT TTAATAATGG TTCTATTTTA GGCTGGACTA AAGAAGAACA AAGCGCTATA	960
5	CAAGAAAACA GAGATTATTC TTTAAGAAGC GCTCTTTTAA GTTTAGAAGA AATCGCTCAA	1020
	GCAAAAATG AATTGCAAAA ATACTATGAA AGCGTTTATG TTAATGGTGA TGGGAATAAA	1080
	AGAGAAATCA AGCCTTTTAA AGAAATTTTA AGAGACACCA ACAATTTTGA AAAAGCTTAT	1140
	AAGGAGCGTT ATGACAAATT GGTAAGCTTG AGTGCAGCAA TCATTCAAGC TAAAGAGGGT	1200
	GGTAATGAGC GACCAAATTC TAGTGCAAAT AACAATAACC CTATTAAAAA TACAATAGAG	1260
10	ACTAATACTT CTAACAATAT TATTCAAAAT AATGATAATA TAATCATCCA AATTTAA	1317

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:73:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 648 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...648

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:73:

35	ATGCAAGCGT TAAAATCATT GCTTGAAGTG ATTACAAAAC TCCAGAATCT AGGCGGCTAT	60
	TTGATGCATA TAGCTATTTT CATCATTTT ATTGATTG GAGGGCTTAA GTTGTGCCT	120
	TACGAAGCTG AAGGGATCGC CCCTTTTGTG GCCAACTCCC CTTTCTTTTC TTTCATGTAT	180
	AAATTTGAAA AACCTGCATA CAAACAACAC AAAATGTCTG AATCCCAATC CATGCAAGAA	240
	GAAATGCAAG ATAACCCTAA AATCGTTGAA AACAAAGAAT GGCATAAAGA AAACCGCACT	300
40	TATTTAGTGG CTGAAGGTTT AGGGATTACG ATCATGATCC TAGGCATTTT GGTGCTTTTG	360
	GGGCTTTGGA TGCCTTTAAT GGGCGTAGTT GGGGGCTTGC TTGTCGCTGG AATGACGATC	420
	ACCACCCTAT CTTTTTTATT CACAACGCCA GAAGTGTGTTG TCAATCAGCA TTTCCCATGG	480
	CTTCTGCGG CTGGAAGGCT AGTGGTTAAA GACTTGCGCT TATTGCTGG AGGCTTGTTT	540
	GTGGCCGGAT TTGATGCGAA ACGCTATTTG GAGGGTAAAG GGTTTGCTT GATGGACCGC	600
45	TCATCGGTAG GGATTAAAC TAAATGCTCT AGCGGGTGTT GCTCTTAA	648

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:74:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 186 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...186

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:74:

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:75:

35

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 116 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

40

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

45

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...116

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:75:

```

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

```

```

      50          55          60
Arg Glu Glu Tyr Ile Glu Arg Leu Lys Lys Asn His Glu Arg Lys Met
65          70          75          80
Ile Leu Gln Asp Lys Gln Lys Glu Glu Gln Met Arg Leu Tyr Gln Ala
5          85          90          95
Lys Lys Glu Arg Glu Ser Arg Gln Lys Gln Asp Leu Lys Glu Gln Met
      100          105          110
Lys Lys Tyr Ser
      115

```

10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:76:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15

(A) LENGTH: 345 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

20

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

25

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...345

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:76:

30

```

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

```

225 230 235 240
 Gly Thr Asp Tyr Leu Gly Tyr Trp Lys Lys Ala Phe Gly Lys Asn Ala
 245 250 255
 5 Asn Lys Asn Gln Lys Arg Arg Phe Ser Gln Ala Ile Leu Val Ser Leu
 260 265 270
 Phe Pro Leu Ala Ser Val Phe Leu Ile Pro Leu Phe Gly Ile Ala Asn
 275 280 285
 Pro Arg Phe Lys Thr Asn Trp Ser Tyr Phe Tyr Val Leu Gly Ala Val
 290 295 300
 10 Gly Val Tyr Phe Leu Met Val His Val Ile Ser Thr Asp Leu Phe Leu
 305 310 315 320
 Met Thr Phe Phe Phe Pro Phe Ile Trp Ala Phe Ile Ser Tyr Leu Leu
 325 330 335
 15 Phe Arg Lys Phe Ile Leu Lys Arg Tyr
 340 345

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:77:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 276 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

 25 (ii) MOLECULE TYPE: protein

 (iii) HYPOTHETICAL: YES

 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 30 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...276

 35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:77:

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

```

180      185      190
Ile Pro Val Leu Tyr Leu Pro Tyr Ile Phe Met Ser Thr Ser Asn Lys
195      200      205
5  Arg Thr Thr Gly Phe Leu Tyr Pro Glu Phe Gly Thr Ser Asn Leu Asp
210      215      220
Gly Phe Ile Tyr Leu Gln Pro Phe Tyr Leu Ala Pro Lys Asn Ser Trp
225      230      235      240
Asp Met Thr Phe Thr Pro Gln Ile Arg Tyr Lys Arg Gly Phe Gly Leu
245      250      255
10 Asn Phe Glu Ala Arg Tyr Ile Asn Ser Lys Thr Gln Val Phe Ile Gln
260      265      270
Cys Ala Leu Phe
275

15  (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:78:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
            (A) LENGTH: 224 amino acids
            (B) TYPE: amino acid
20      (D) TOPOLOGY: linear

      (ii) MOLECULE TYPE: protein

      (iii) HYPOTHETICAL: YES
25

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
            (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
30      (A) NAME/KEY: misc_feature
            (B) LOCATION 1...224

      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:78:

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

```

195 200 205
Lys Lys Ala Leu Met Ile Leu Asp Asn Pro Tyr Leu Leu Trp Leu Val
210 215 220

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:79:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 429 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...429

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:79:

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

```

      275              280              285
Lys Asn Ser Thr Leu Ile Leu Asn Thr Pro Thr Thr Lys Ser Gly Leu
      290              295              300
5  Ile Leu Ser Gln Ile Gly Leu Leu Glu Tyr Lys Pro Leu Lys Ile Leu
   305              310              315              320
   Ser Thr Gln Ile Asn Phe Asn Pro Ser Leu Leu Leu Thr Gln Pro
      325              330              335
   Lys Asp Arg Lys Asn Leu Phe Ile Val Asn Ala Leu Gln Asn Ser Asp
      340              345              350
10  Glu Thr Leu Ile Glu Tyr Ala Ser Leu Leu Glu Ser Asp Leu Arg His
   355              360              365
   Asp Trp Val Asn Tyr Ser Ser Ala Ile Gly Leu Glu Met Phe Leu Asn
   370              375              380
15  Thr Leu Asp Pro His Phe Lys Lys Ser Phe Gln Glu Ser Leu Glu Asp
   385              390              395              400
   Asn Gln Val Arg Tyr His Asn Gln Ile Tyr Gln Ala Leu Gly Tyr Ser
      405              410              415
   Phe Glu Pro Ile Lys Asn Glu Ser Glu Thr Lys Lys Glu
      420              425
20

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:80:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

```

25  (A) LENGTH: 455 amino acids
     (B) TYPE: amino acid
     (D) TOPOLOGY: linear

```

(ii) MOLECULE TYPE: protein

30 (iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

35 (ix) FEATURE:

```

     (A) NAME/KEY: misc_feature
     (B) LOCATION 1...455

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:80:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:81:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 282 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

50 (iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

55 (ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...282

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:81:


```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:82:

40

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 280 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear

45

- (ii) MOLECULE TYPE: protein

- (iii) HYPOTHETICAL: YES

50

- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

- (ix) FEATURE:

55

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...280

- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:82:

Met Lys Leu Arg Ala Ser Val Leu Ile Gly Val Ala Ile Leu Cys Leu

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:83:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 393 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 45 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- 50 (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...393
- 55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:83:

```

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

```

۲۲۲

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:84:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 270 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

5

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...270

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:84:

```

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

```

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:85:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 140 amino acids

(B) TYPE: amino acid

50

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

55

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...140

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:85:

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

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:86:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 256 amino acids
(B) TYPE: amino acid
30 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:
(A) NAME/KEY: misc_feature
40 (B) LOCATION 1...256

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:86:

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

```

          115          120          125
Ser Lys Ser Cys Lys Leu Asn Asn Val Glu Gly Cys Met Leu Ser Ala
   130          135          140
5 Thr Phe Tyr Asn Asp Met Ile Lys Gly Leu Lys Lys Asp Lys Lys Asp
145          150          155          160
Leu Glu Tyr Tyr Ser Lys Ala Cys Glu Leu Asn Asn Gly Gly Gly Cys
   165          170          175
Ser Lys Leu Gly Gly Asp Tyr Phe Phe Gly Glu Gly Val Thr Lys Asp
   180          185          190
10 Phe Lys Lys Ala Phe Glu Tyr Ser Ala Lys Ala Cys Glu Leu Asn Asp
   195          200          205
Ala Lys Gly Cys Tyr Ala Leu Ala Ala Phe Tyr Asn Glu Gly Lys Gly
   210          215          220
15 Val Ala Lys Asp Glu Lys Gln Thr Thr Glu Asn Leu Glu Lys Ser Cys
225          230          235          240
Lys Leu Gly Leu Lys Glu Ala Cys Asp Ile Leu Lys Glu Gln Lys Gln
   245          250          255

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:87:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 242 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 25 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- 30 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 35 (B) LOCATION 1...242
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:87:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:88:

```

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 267 amino acids
    (B) TYPE: amino acid
    (D) TOPOLOGY: linear

20 (ii) MOLECULE TYPE: protein

    (iii) HYPOTHETICAL: YES

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
25 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

    (ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...267

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:88:

```

```

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

```

```

      210              215              220
Thr Gln Ile Asn Ala Asn Lys Gln Glu Ala Ile Asn Asn Ile Thr Gln
225              230              235              240
Glu Lys Thr Gln Ala Thr Ser Glu Ile Thr Glu Ala Lys Lys Thr Asp
5              245              250              255
His Tyr Gln Asn Ile Asp Phe Phe Glu Phe Glu
              260              265

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:89:

10

```

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 544 amino acids
    (B) TYPE: amino acid
    (D) TOPOLOGY: linear

```

15

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

20

```

(vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

```

25

```

(ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...544

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:89:

```

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

```


Y2A

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:90:

- 40
- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 356 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
 - 45
 - (ii) MOLECULE TYPE: protein
 - (iii) HYPOTHETICAL: YES
 - 50
 - (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
 - (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - 55 (B) LOCATION 1...356
 - (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:90:

Leu Met Lys Ser Ile Leu Leu Phe Met Ile Phe Val Val Cys Gln Leu

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:91:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 675 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...675

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:91:

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

```

Asp Leu Lys Glu Leu Arg Asp Ala Leu Asn Gly Ile Met Asp Tyr Leu
      420      425      430
Gln Glu Ser Val Gly Thr His Met Pro Ser Ile Phe Lys Ile Phe Glu
      435      440      445
5  Ser Tyr Ser Gly Leu Asp Phe Arg Gly Arg Ile Gln Asn Ala Ser Gly
      450      455      460
Arg Val Glu Leu Val Thr Asn Ala Leu Gly Gln Glu Ile Gln Lys Met
      465      470      475      480
10 Leu Glu Thr Ser Ser Asn Phe Ala Lys Asp Leu Ala Asn Asp Ser Ala
      485      490      495
Asn Leu Lys Glu Cys Val Gln Asn Leu Glu Lys Ala Ser Asn Ser Gln
      500      505      510
His Lys Ser Leu Met Glu Thr Ser Lys Thr Ile Glu Asn Ile Thr Thr
      515      520      525
15 Ser Ile Gln Gly Val Ser Ser Gln Ser Glu Ala Met Ile Glu Gln Gly
      530      535      540
Lys Asp Ile Lys Ser Ile Val Glu Ile Ile Arg Asp Ile Ala Asp Gln
      545      550      555      560
20 Thr Asn Leu Leu Ala Leu Asn Ala Ala Ile Glu Ala Ala Arg Ala Gly
      565      570      575
Glu His Gly Arg Gly Phe Ala Val Val Ala Asp Glu Val Arg Lys Leu
      580      585      590
Ala Glu Arg Thr Gln Lys Ser Leu Ser Glu Ile Glu Ala Asn Ile Asn
      595      600      605
25 Ile Leu Val Gln Ser Ile Ser Asp Thr Ser Glu Ser Ile Lys Asn Gln
      610      615      620
Val Lys Glu Val Glu Glu Ile Asn Ala Ser Ile Glu Ala Leu Arg Ser
      625      630      635      640
30 Val Thr Glu Gly Asn Leu Lys Ile Ala Ser Asp Ser Leu Glu Ile Ser
      645      650      655
Gln Glu Ile Asp Lys Val Ser Asn Asp Ile Leu Glu Asp Val Asn Lys
      660      665      670
Lys Gln Phe
      675

```

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:92:

```

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
            (A) LENGTH: 271 amino acids
40      (B) TYPE: amino acid
            (D) TOPOLOGY: linear

```

```

      (ii) MOLECULE TYPE: protein

```

```

45      (iii) HYPOTHETICAL: YES

```

```

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
            (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

```

```

50      (ix) FEATURE:
            (A) NAME/KEY: misc_feature
            (B) LOCATION 1...271

```

```

55      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:92:

```

```

Met Asn Ile Phe Lys Arg Ile Ile Cys Val Thr Ala Ile Val Leu Gly
1      5      10      15
Phe Phe Asn Leu Leu Asp Ala Lys His Lys Glu Lys Lys Glu Asp
      20      25      30

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:93:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 161 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 40 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - 45 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...161
- 50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:93:

```

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

```

Val Asn Phe Val Pro Val Ser Glu Thr Phe Gln Met Gly Val Leu Ser
65 70 75 80
Gln Val Thr Pro Ile Ser Ile Gln Asp Phe Lys Asp Met Ala Ser Thr
85 90 95
5 Tyr Lys Ile Phe Asp Gln Lys Lys Gly Leu Ala Asn Ile Ala Asn Lys
100 105 110
Ile Ser Gln Leu Glu Gln Lys Gly Val Met Met Glu Pro Gln Thr Leu
115 120 125
10 Asn Phe Gly Glu Ser Leu Lys Gly Ile Ser Gln Gly Cys Asn Ile Ile
130 135 140
Glu Ala Glu Ile Gln Thr Asp Lys Gly Ala Trp Thr Phe Asn Phe Asp
145 150 155 160
Lys

15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:94:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 337 amino acids
20 (B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- 25 (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- 30 (ix) FEATURE:
(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...337

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:94:

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

Leu Ala Phe Gly Glu Arg Ser Tyr Ile Arg Gln Tyr Lys Lys Asp Phe
 195 200 205
 Glu Glu Ser Thr Tyr Asp Thr Arg Gln Thr Leu Ser Ala Met Ala Asn
 210 215 220
 5 Met Ser Gly Glu Asn Asp Tyr Lys Ile Thr Trp Leu Lys Pro Lys Tyr
 225 230 235 240
 Gln Leu His Ser Ser Asn Asn Ile Lys Pro Leu Met Ser Asn Thr Glu
 245 250 255
 10 Leu Leu Asn Met Ile Glu Leu Thr Asn Ile Lys Lys Glu Tyr Val Met
 260 265 270
 Gly Cys Asn Met Glu Ile Asp Gly Ser Lys Tyr Pro Ile His Lys Asp
 275 280 285
 Trp Gly Phe Phe Gly Lys Ala Lys Val Pro Glu Thr Trp Arg Asn Lys
 290 295 300
 15 Ile Trp Glu Cys Ile Lys Asn Lys Val Lys Ser Tyr Asp Asn Thr Thr
 305 310 315 320
 Ala Glu Ile Gly Ile Val Trp Lys Lys Asn Thr Tyr Ser Ile Ser His
 325 330 335
 His
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:95:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 416 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
 25
 (ii) MOLECULE TYPE: protein
 30
 (iii) HYPOTHETICAL: YES
 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
 35
 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc feature
 (B) LOCATION 1...416
 40
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:95:

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

```

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

```

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:96:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 376 amino acids
- (B) TYPE: amino acid
- (D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...376
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:96:

55

```

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

```



```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:97:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 916 amino acids
- (B) TYPE: amino acid
- (D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...916

5 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:97:

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

				420					425				430			
	Gly	His	Trp	Phe	Phe	Gln	Leu	Ser	Leu	Phe	Asn	Lys	Thr	Asn	Phe	Asn
			435						440				445			
5	Pro	Asn	Lys	Ile	Trp	Ile	Pro	Leu	Glu	Phe	Asn	Lys	Arg	Ser	Lys	Ile
		450					455					460				
	Lys	Phe	Asp	Lys	Asp	Leu	Glu	Ile	Tyr	Phe	Asp	Ser	His	Glu	Ser	Phe
	465					470					475					480
	Asn	Ile	Ser	Lys	Lys	Tyr	Leu	Gln	Glu	Ile	Asp	Gln	Glu	Ser	Leu	Lys
					485				490						495	
10	Lys	Ile	Lys	Gln	Ser	Lys	Asp	Phe	Phe	Ser	Ile	Gln	Lys	Ile	Glu	Ser
				500					505					510		
	Lys	His	Asp	Asn	Asn	Asp	Ile	Leu	Gln	Leu	Glu	Phe	Phe	Glu	Asn	Asp
			515					520					525			
15	Thr	Ser	Phe	Leu	Phe	Ala	Lys	Gly	Ser	Phe	Ala	Glu	Ile	Leu	Glu	Tyr
		530					535					540				
	Asn	Met	Gln	Leu	Lys	Ile	Asp	Ser	Leu	Ile	Thr	Lys	Glu	Phe	Asn	Lys
	545					550					555					560
	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Gln	Asp	Ser	Pro	Gln	Asp	Ser	Tyr	Gln	Leu	Lys
					565					570					575	
20	Ile	Arg	Val	Arg	His	Asn	Asn	Lys	Leu	Pro	Arg	Glu	Lys	Tyr	Thr	Glu
				580					585					590		
	His	Glu	Ile	Lys	Leu	Glu	Val	Tyr	Asp	Cys	Arg	Lys	Ser	His	Asp	His
			595					600					605			
25	Asn	Glu	Pro	Ile	Ile	Leu	Ser	Gln	Gln	Ser	Thr	Gly	Phe	Gln	Trp	Ala
		610					615					620				
	Phe	Asn	Phe	Met	Phe	Gly	Phe	Leu	Tyr	Asn	Val	Gly	Ser	His	Phe	Ser
	625					630					635					640
	Phe	Asn	His	Asn	Ile	Ile	Tyr	Val	Met	Asp	Glu	Pro	Ala	Thr	His	Leu
					645					650					655	
30	Ser	Val	Pro	Ala	Arg	Lys	Glu	Phe	Arg	Lys	Phe	Leu	Lys	Glu	Tyr	Ala
				660					665					670		
	His	Lys	Asn	His	Val	Thr	Phe	Val	Leu	Ala	Thr	His	Asp	Pro	Phe	Leu
			675				680						685			
35	Val	Asp	Thr	Asp	His	Leu	Asp	Glu	Ile	Arg	Ile	Val	Glu	Lys	Glu	Thr
		690					695					700				
	Glu	Gly	Ser	Val	Ile	Lys	Asn	His	Phe	Asn	Tyr	Pro	Leu	Asn	Asn	Ala
	705					710					715					720
	Ser	Lys	Asp	Ser	Asp	Ala	Leu	Asp	Lys	Ile	Lys	Arg	Ser	Leu	Gly	Val
					725					730					735	
40	Gly	Gln	His	Val	Phe	His	Asn	Pro	Gln	Lys	His	Arg	Ile	Ile	Phe	Val
				740					745					750		
	Glu	Gly	Ile	Thr	Asp	Tyr	Cys	Tyr	Leu	Ser	Ala	Phe	Lys	Leu	Tyr	Leu
			755				760						765			
45	Arg	Tyr	Lys	Glu	Tyr	Lys	Asp	Asn	Pro	Ile	Pro	Phe	Thr	Phe	Leu	Pro
		770					775					780				
	Ile	Ser	Gly	Leu	Lys	Asn	Asp	Ser	Asn	Asp	Met	Lys	Glu	Thr	Ile	Glu
	785					790					795					800
	Lys	Leu	Cys	Glu	Leu	Asp	Asn	His	Pro	Ile	Val	Leu	Thr	Asp	Asp	Asp
					805					810					815	
50	Arg	Lys	Cys	Val	Phe	Asn	Gln	Gln	Ala	Thr	Ser	Glu	Arg	Phe	Lys	Arg
				820					825					830		
	Ala	Asn	Glu	Glu	Met	His	Asp	Pro	Ile	Thr	Ile	Leu	Gln	Leu	Ser	Asp
			835					840					845			
55	Cys	Asp	Arg	His	Phe	Lys	Gln	Ile	Glu	Asp	Cys	Phe	Ser	Ala	Asn	Asp
		850					855					860				
	Arg	Asn	Lys	Tyr	Ala	Lys	Asn	Lys	Gln	Met	Glu	Leu	Ser	Met	Ala	Phe
	865					870					875					880
	Lys	Thr	Arg	Leu	Leu	Tyr	Gly	Gly	Glu	Asp	Ala	Ile	Glu	Lys	Gln	Thr
					885					890					895	

Lys Arg Asn Phe Leu Lys Leu Phe Lys Trp Ile Ala Trp Ala Thr Asn
 900 905 910
 Leu Ile Lys Asn
 915

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:98:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 176 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(ii) MOLECULE TYPE: protein

15

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

20

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...176

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:98:

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

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:99:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 222 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- 5 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...222

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:99:

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:100:

40

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

45

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

50

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- 55 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...406

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:100:

Met Tyr Ala Ala His Pro Ile Lys Pro Ile Lys Ala Pro Lys Leu Lys

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:101:

- 55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 335 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

5 (vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:
10 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...335

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:101:

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:102:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 96 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

5 (ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

10 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...96

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:102:

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

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:103:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 156 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

35 (ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

45 (ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...156

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:103:

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


```

65          70          75          80
Arg Glu Asp Glu His Glu Pro Leu Val Ile Ser Val Ile Lys Lys Glu
          85          90          95
5  Lys Thr Arg Tyr Phe Leu Asn Gln Thr Ser Leu Ser Lys Asn Thr Leu
    100          105          110
Lys Ala Leu Leu Lys Gly Leu Ile Lys Arg Leu Ser Asn Asp Arg Phe
    115          120          125
Ser Gln Asn Glu Leu Asn Asp Ile Leu Met Leu Ser Leu Leu Asp Gly
    130          135          140
10 Tyr Ile Gln Asn Lys Asn Arg Arg Leu Ala Pro Phe
    145          150          155

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:104:

- 15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 118 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 20 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 25 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...118
- 30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:104:

```

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

```

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:105:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 355 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 55 (D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

5

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...355

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:105:

10

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:106:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 193 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

5 (ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

10 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 15 (B) LOCATION 1...193

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:106:

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

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:107:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 289 amino acids
 50 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

55 (iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...289

5 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:107:

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

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:108:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50 (A) LENGTH: 668 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

55 (iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...668

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:108:

```

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

```

```

      420      425      430
Gly Phe Leu Gly Val Thr Ala Ala Val Trp Gln Gln Leu Ile Asn Gln
      435      440      445
Asn Ala Leu Pro Ile Asn Tyr Ala Asn Leu Gly Ser Gln Thr Asn Tyr
5      450      455      460
Asn Leu Asn Ala Ser Leu Asn Thr Gln Asp Leu Ala Asn Ser Met Leu
465      470      475      480
Ser Thr Ile Gln Lys Thr Phe Val Thr Ser Ser Val Thr Asn His His
      485      490      495
10 Phe Ser Asn Ala Ser Gln Ser Phe Arg Ser Pro Ile Leu Gly Val Asn
      500      505      510
Ala Lys Ile Gly Tyr Gln Asn Tyr Phe Asn Asp Phe Ile Gly Leu Ala
      515      520      525
15 Tyr Tyr Gly Ile Ile Lys Tyr Asn Tyr Ala Lys Ala Val Asn Gln Lys
      530      535      540
Val Gln Gln Leu Ser Tyr Gly Gly Gly Ile Asp Leu Leu Leu Asp Phe
545      550      555      560
Ile Thr Thr Tyr Ser Asn Lys Asn Ser Pro Thr Gly Ile Gln Thr Lys
      565      570      575
20 Arg Asn Phe Ser Ser Ser Phe Gly Ile Phe Gly Gly Leu Arg Gly Leu
      580      585      590
Tyr Asn Ser Tyr Tyr Val Leu Asn Lys Val Lys Gly Ser Gly Asn Leu
      595      600      605
Asp Val Ala Thr Gly Leu Asn Tyr Arg Tyr Lys His Ser Lys Tyr Ser
25      610      615      620
Val Gly Ile Ser Ile Pro Leu Ile Gln Arg Lys Ala Ser Val Val Ser
625      630      635      640
Ser Gly Gly Asp Tyr Thr Asn Ser Phe Val Phe Asn Glu Gly Ala Ser
      645      650      655
30 His Phe Lys Val Phe Phe Asn Tyr Gly Trp Val Phe
      660      665

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:109:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 63 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 40 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 45 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...63
- 50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:109:

```

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

```

50

55

60

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:110:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 406 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear

10

- (ii) MOLECULE TYPE: protein

- (iii) HYPOTHETICAL: YES

- (vi) ORIGINAL SOURCE:

15

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

- (ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...406

20

- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:110:

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

```

      290              295              300
Leu Val Tyr Ala His Met Ser Ala Phe Ala Asn Gly Leu Lys Lys Gly
305              310              315              320
Ser Phe Val Lys Lys Gly Gln Ile Ile Gly Arg Val Gly Ser Thr Gly
5      325              330              335
Leu Ser Thr Gly Pro His Leu His Phe Gly Val Tyr Lys Asn Ser Arg
      340              345              350
Pro Ile Asn Pro Leu Gly Tyr Ile Arg Thr Ala Lys Ser Lys Leu His
      355              360              365
10    Gly Lys Gln Arg Glu Val Phe Leu Glu Lys Ala Gln Tyr Ser Lys Gln
      370              375              380
Lys Leu Glu Glu Leu Phe Lys Thr His Ser Phe Glu Lys Asn Ser Phe
385              390              395              400
Tyr Leu Leu Glu Gly Phe
15      405

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:111:

```

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
20      (A) LENGTH: 296 amino acids
      (B) TYPE: amino acid
      (D) TOPOLOGY: linear

      (ii) MOLECULE TYPE: protein
25      (iii) HYPOTHETICAL: YES

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
      (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
30      (ix) FEATURE:
      (A) NAME/KEY: misc_feature
      (B) LOCATION 1...296

35      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:111:

```

```

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

```



```

          180          185          190
Asn Asp Thr Lys Thr Gln Ile Ala Gln Ile Lys Gly Lys Ile Ser Ser
          195          200          205
5 Tyr Val Tyr Thr Thr Asn Asn Gly Ser Leu Ser Leu Arg Pro Phe Tyr
          210          215          220
Glu Ser Phe Leu Leu Glu Lys Lys Ser Asp Asn Val Tyr Thr Ile Glu
225          230          235          240
Asn Lys Ala Leu Asp Thr Met Glu Ile Ser Lys Cys Gln Met Val Leu
          245          250          255
10 Lys Lys His Ser Thr Asp Lys Leu Asp Ser Gln His Lys Ala Ile Ser
          260          265          270
Ile Asp Leu Asp Phe Lys Lys Glu Arg Phe Lys Ser Asp Thr Glu Leu
          275          280          285
Phe Leu Glu Cys Leu Lys Glu Ser
15          290          295

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:112:

```

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 248 amino acids
    (B) TYPE: amino acid
    (D) TOPOLOGY: linear

25 (ii) MOLECULE TYPE: protein

    (iii) HYPOTHETICAL: YES

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

30 (ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...248

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:112:

```

```

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

```

```

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

10
(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:113:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
            (A) LENGTH: 335 amino acids
15      (B) TYPE: amino acid
            (D) TOPOLOGY: linear

      (ii) MOLECULE TYPE: protein

20      (iii) HYPOTHETICAL: YES

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
            (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

25      (ix) FEATURE:
            (A) NAME/KEY: misc_feature
            (B) LOCATION 1...335

      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:113:

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

```

```

225          230          235          240
Met Asn Ile Pro Ala Phe Ile Leu Glu Lys His Ala Leu Leu Gln Asp
          245          250          255
Ile Ala Arg Ser Gln Gly Leu Leu Leu Asp His Lys Pro Cys Gln Ile
5   260          265          270
Phe Glu Leu Glu Val Leu Arg Ala Leu Leu His Ser Pro Ile Lys Ala
          275          280          285
Ser Leu Thr Phe Glu Tyr Arg Cys Lys His Cys Lys Gln Ile Phe Pro
          290          295          300
10  Phe Glu Ser His Arg Cys Pro Val Cys Tyr Gln Leu Ala Phe Met Asp
          305          310          315          320
Met Val Leu Lys Ile Ser Lys Lys Thr His Ala Met Gly Val Asp
          325          330          335

```

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:114:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 413 amino acids

(B) TYPE: amino acid

20 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

25 (vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

30 (A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...413

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:114:

```

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

```

```

195      200      205
His Val Asp Asp Asp Lys Leu Asp Gln Glu Met Ala Met Met Ala Gln
210      215      220
Gln Gln Gly Met Asp Leu Asp His Phe Lys Gln Met Leu Met Ala Glu
5 225      230      235      240
Gly His Tyr Lys Leu Tyr Arg Asp Gln Leu Lys Glu His Leu Glu Met
245      250      255
Gln Glu Leu Leu Arg Asn Ile Leu Leu Thr Asn Val Asp Thr Ser Ser
260      265      270
10 Glu Thr Lys Met Arg Glu Tyr Tyr Asn Lys His Lys Glu Gln Phe Ser
275      280      285
Ile Pro Thr Glu Ile Glu Thr Val Arg Tyr Thr Ser Thr Asn Gln Glu
290      295      300
Asp Leu Glu Arg Ala Met Ala Asp Pro Asn Leu Glu Val Pro Gly Val
15 305      310      315      320
Ser Lys Ala Asn Glu Lys Ile Glu Met Lys Thr Leu Asn Pro Gln Ile
325      330      335
Ala Gln Val Phe Ile Ser His Glu Gln Gly Ser Phe Thr Pro Val Met
340      345      350
20 Asn Gly Gly Gly Gly Gln Phe Ile Thr Phe Tyr Ile Lys Glu Lys Arg
355      360      365
Gly Lys Asn Glu Val Ser Phe Ser Gln Ala Lys Gln Phe Ile Ala Gln
370      375      380
Lys Leu Val Glu Glu Ser Lys Asp Lys Ile Leu Glu Glu His Phe Glu
25 385      390      395      400
Lys Leu Arg Val Lys Ser Arg Ile Val Met Ile Arg Glu
405      410

```

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:115:
30
    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 186 amino acids
        (B) TYPE: amino acid
        (D) TOPOLOGY: linear
35
    (ii) MOLECULE TYPE: protein
    (iii) HYPOTHETICAL: YES
40
    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
45
        (B) LOCATION 1...186
    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:115:

```

```

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

```

```

      85              90              95
Gly Gly Asp Leu Ile Val Asn Leu Ile Pro Leu Asp Lys Phe Ala Leu
      100              105              110
5  Gly Leu Ile Gly Gly Val Gln Leu Ala Gly Asn Thr Trp Met Phe Pro
      115              120              125
Tyr Asp Val Asn Gln Thr Arg Phe Gln Phe Leu Trp Asn Leu Gly Gly
      130              135              140
Arg Met Arg Val Gly Asp Arg Ser Ala Phe Glu Ala Gly Val Lys Phe
      145              150              155              160
10 Pro Met Val Asn Gln Gly Ser Lys Asp Val Gly Leu Ile Arg Tyr Tyr
      165              170              175
Ser Trp Tyr Val Asp Tyr Val Phe Thr Phe
      180              185

```

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:116:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 242 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

25

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- 30 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...242

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:116:

```

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

```

```

          195                200                205
Lys Phe Pro Met Leu Lys Lys Asn Pro Tyr Ile Thr Ala Lys Asn Leu
      210                215                220
5  Asp Ile Gly Phe Arg Arg Val Tyr Ser Trp Tyr Val Asn Tyr Val Phe
   225                230                235                240
Thr Phe

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:117:

10

```

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 256 amino acids
    (B) TYPE: amino acid
    (D) TOPOLOGY: linear

```

15

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

20

```

(vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

```

```

(ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
    (B) LOCATION 1...256

```

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:117:

```

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

```

245

250

255

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:118:

5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 657 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

10 (ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 15 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...657

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:118:

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

[illegible]

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:119:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 167 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...167

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:119:

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:120:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 294 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

40 (ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

45 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...294

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:120:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:121:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 372 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 40 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 45 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...372
- 50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:121:

```

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

```

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:122:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 978 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 50 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 55 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...978

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:122:

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

Leu Asp Ser Leu Val His Lys Ile Gln Val Asn Thr Asn Asn Asn Ile
 450 455 460
 Asn Met Arg Ser Tyr Asp Pro Asn Asn Thr Gln Glu Asp Pro Gln Thr
 465 470 475 480
 5 Asn Phe Thr Leu Asp Leu Lys Ser Leu His Ser Ile Ile Gln Glu Gly
 485 490 495
 Glu Asn Ser Glu Val Phe Arg Arg Lys Ile Ile Asp Thr Ile Lys Ala
 500 505 510
 10 Gln Ser Glu Asp Lys Phe Thr Lys Asp Val Phe Tyr Ala Thr Gly Asp
 515 520 525
 Thr Leu Lys Ser Leu Ser Leu Ser Phe Asp Phe Ser Asn Pro Asp His
 530 535 540
 Ile Gln Trp Ser Val Pro Gln Leu Leu Leu Glu Gly Glu Phe Lys Asp
 545 550 555 560
 15 Asn Ala Tyr Thr Phe Lys Ile Lys Asp Leu Lys Lys Ile Lys Pro Tyr
 565 570 575
 Ser Pro Ile Met Asp Tyr Ile Ala Leu Lys Asp Gly Ser Leu Glu Val
 580 585 590
 20 Ser Thr Ser Asp Phe Val Asn Ile Asp Phe Phe Ala Lys Asp Leu Lys
 595 600 605
 Ile Asn Leu Pro Ile Tyr Arg Ser Asp Gly Ser His Phe Asp Ser Phe
 610 615 620
 Ser Leu Phe Gly Ser Ile Asn Lys Asp Glu Ile Ser Val Tyr Thr Pro
 625 630 635 640
 25 Ser Lys Ser Ile Ser Ile Lys Val Lys Gly Asp Gln Lys Asp Ile Thr
 645 650 655
 Leu Asn Asn Ile Asp Leu Ser Ile Asp Asp Phe Leu Asp Ser Lys Met
 660 665 670
 30 Pro Ala Ile Ala Gly Leu Phe Ser Lys Glu Arg Lys Glu Lys Pro Ser
 675 680 685
 Ser Lys Glu Ile Gln Asp Glu Asp Val Phe Ile Ser Ala Lys Gln Arg
 690 695 700
 Tyr Glu Lys Ala His Lys Ile Ile Pro Ile Ser Thr Arg Ile His Ala
 705 710 715 720
 35 Lys Asp Val Val Leu Ile Tyr Lys Lys Met Pro Phe Pro Leu Glu Asn
 725 730 735
 Leu Asp Ile Val Ala Gln Asp Asp Arg Val Lys Ile Asp Gly Asn Tyr
 740 745 750
 40 Lys Asn Ala Met Ile Met Ala Asp Leu Val His Gly Ala Leu Tyr Leu
 755 760 765
 Lys Ala His Asn Phe Ser Gly Asp Tyr Ile Asn Thr Ile Leu Gln Lys
 770 775 780
 Asp Phe Val Glu Gly Gly Leu Phe Thr Leu Ile Gly Ala Leu Glu Asp
 785 790 795 800
 45 Gln Val Phe Asn Gly Glu Leu Lys Phe Gln Asn Thr Ser Leu Lys Asn
 805 810 815
 Phe Ala Leu Met Gln Asn Met Val Asn Leu Ile Asn Thr Ile Pro Ser
 820 825 830
 50 Leu Ile Val Phe Arg Asn Pro His Leu Gly Ala Asn Gly Tyr Gln Ile
 835 840 845
 Lys Thr Gly Ser Val Val Phe Gly Ile Thr Lys Glu Tyr Leu Gly Leu
 850 855 860
 Glu Lys Ile Asp Leu Val Gly Lys Thr Leu Asp Ile Ala Gly Asn Gly
 865 870 875 880
 55 Ile Ile Glu Leu Asp Lys Asn Lys Leu Asp Leu Asn Leu Glu Val Ser
 885 890 895
 Thr Ile Lys Ala Leu Ser Asn Val Leu Asn Lys Ile Pro Ile Val Gly
 900 905 910
 Tyr Leu Val Leu Gly Lys Gly Gly Lys Ile Thr Thr Asn Val Asn Val

915 920 925
 Lys Gly Thr Leu Asp Lys Pro Lys Thr Gln Val Thr Leu Ala Ser Asp
 930 935 940
 Ile Ile Gln Ala Pro Phe Lys Ile Leu Arg Arg Ile Phe Thr Pro Ile
 5 945 950 955 960
 Asp Ile Ile Val Asp Glu Val Lys Lys Asn Ile Asp Ser Lys Arg Lys
 965 970 975
 Leu Lys

10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:123:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 477 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

20 (iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

25 (ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...477

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:123:

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

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:124:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 412 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 40 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 45 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...412
- 50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:124:

```

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

```

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:125:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 137 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 55 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...137

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:125:

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:126:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30

(A) LENGTH: 309 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

35

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

40

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...309

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:126:

```

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

```

```

      100      105      110
Gly Gly His Leu Tyr Asp Glu Val Asp Leu Glu Asn Leu Ser Leu Asn
      115      120      125
5  Gln Lys His Leu Ala Leu Met Leu Ile Pro Asn Gly Met Pro Leu Lys
      130      135      140
    Thr Tyr Ser Ala Ile Lys Pro Thr Lys Glu Arg Asn His Pro Ile Lys
145      150      155      160
Lys Ile Lys Gly Val Glu Ser Gly Ile Asp Phe Ile Ala Pro Leu Asn
      165      170      175
10 Thr Pro Val Tyr Ala Ser Ala Asp Gly Ile Val Asp Phe Val Lys Thr
      180      185      190
    Arg Ser Asn Ala Gly Tyr Gly Asn Leu Val Arg Ile Glu His Ala Phe
      195      200      205
15 Gly Phe Ser Ser Ile Tyr Thr His Leu Asp His Val Asn Val Gln Pro
      210      215      220
    Lys Ser Phe Ile Gln Lys Gly Gln Leu Ile Gly Tyr Ser Gly Lys Ser
225      230      235      240
Gly Asn Ser Gly Gly Glu Lys Leu His Tyr Glu Val Arg Phe Leu Gly
      245      250      255
20 Lys Ile Leu Asp Ala Glu Lys Phe Leu Ala Trp Asp Leu Asp His Phe
      260      265      270
    Gln Ser Ala Leu Glu Glu Asn Lys Phe Ile Glu Trp Lys Asn Leu Phe
      275      280      285
    Trp Val Leu Glu Asp Ile Val Gln Leu Gln Glu His Val Asp Lys Asp
25      290      295      300
    Thr Leu Lys Gly Gln
305

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:127:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 332 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 35 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- 40 (vi) ORIGINAL SOURCE:
- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
- (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...332
- 45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:127:

```

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

```

2V.

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:128:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 271 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 40 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 45 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...271
- 50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:128:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:129:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 316 amino acids
- (B) TYPE: amino acid
- (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...316

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:129:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:130:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 260 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...260

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:130:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:131:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 1382 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 35 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- 40 (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...1382
- 45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:131:

```

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

```

[illegible]

	Asn	Val	Ile	Ser	Gln	Gly	Gly	Leu	Ser	Gly	Val	Tyr	Asn	Gln	Gly	Leu	
				580					585					590			
	Gly	Ser	Val	Leu	Pro	Pro	Ser	Leu	Gln	Asn	Ala	Leu	Lys	Glu	Asn	Asp	
			595					600					605				
5	Leu	Gly	Thr	Leu	Leu	Ser	Pro	Arg	Gly	Leu	His	Asp	Phe	Trp	Gln	Lys	
		610					615					620					
	Gly	Tyr	Phe	Asn	Phe	Leu	Ser	Asn	Gly	Tyr	Val	Phe	Val	Asn	Asn	Ser	
		625				630					635					640	
	Ser	Phe	Ser	Asn	Ala	Thr	Gly	Gly	Ser	Leu	Asn	Phe	Val	Ala	Asn	Lys	
10					645					650					655		
	Ser	Ile	Ile	Phe	Asn	Gly	Asp	Asn	Thr	Ile	Asp	Phe	Ser	Lys	Tyr	Gln	
			660					665						670			
	Gly	Ala	Leu	Ile	Phe	Ala	Ser	Asn	Gly	Val	Ser	Asn	Ile	Asn	Ile	Thr	
			675					680					685				
15	Thr	Leu	Asn	Ala	Thr	Asn	Gly	Leu	Ser	Leu	Asn	Ala	Gly	Leu	Asn	Asn	
		690					695					700					
	Val	Ser	Val	Gln	Lys	Gly	Glu	Ile	Cys	Ile	Asn	Leu	Ala	Asn	Cys	Pro	
		705				710					715					720	
	Thr	Thr	Lys	Asn	Ser	Ser	Pro	Ala	Asn	Ser	Ser	Val	Thr	Pro	Thr	Asn	
20					725					730					735		
	Glu	Ser	Leu	Ser	Val	His	Ala	Asn	Asn	Phe	Thr	Phe	Leu	Gly	Thr	Ile	
				740					745					750			
	Ile	Ser	Asn	Gly	Ala	Ile	Asp	Leu	Ser	Gln	Val	Thr	Asn	Asn	Ser	Val	
			755					760						765			
25	Ile	Gly	Thr	Leu	Asn	Leu	Asn	Glu	Asn	Ala	Thr	Leu	Gln	Ala	Asn	Asn	
		770					775					780					
	Leu	Thr	Ile	Thr	Asn	Ala	Phe	Asn	Asn	Ala	Ser	Asn	Ser	Thr	Ala	Asn	
		785				790					795					800	
	Ile	Asp	Gly	Asn	Phe	Thr	Leu	Asn	Gln	Gln	Ala	Thr	Leu	Ser	Thr	Asn	
30					805					810					815		
	Ala	Ser	Gly	Leu	Asn	Val	Met	Gly	Asn	Phe	Asn	Ser	Tyr	Gly	Asp	Leu	
				820					825					830			
	Val	Phe	Asn	Leu	Ser	His	Ser	Val	Ser	His	Ala	Ile	Ile	Asn	Thr	Gln	
			835					840						845			
35	Gly	Thr	Ala	Thr	Ile	Met	Ala	Asn	Asn	Asn	Pro	Leu	Ile	Gln	Phe	Asn	
		850					855					860					
	Ala	Ser	Ser	Lys	Glu	Val	Gly	Thr	Tyr	Thr	Leu	Ile	Asp	Ser	Ala	Lys	
		865				870					875					880	
	Ala	Ile	Tyr	Tyr	Gly	Tyr	Asn	Asn	Gln	Ile	Thr	Gly	Gly	Ser	Ser	Leu	
40					885					890					895		
	Asp	Asn	Tyr	Leu	Lys	Leu	Tyr	Ala	Leu	Ile	Asp	Ile	Asn	Gly	Lys	His	
				900					905					910			
	Met	Val	Met	Thr	Asp	Asn	Gly	Leu	Thr	Tyr	Asn	Gly	Gln	Ala	Val	Ser	
			915					920						925			
45	Val	Lys	Asp	Gly	Gly	Leu	Val	Val	Gly	Phe	Lys	Asp	Ser	Gln	Asn	Gln	
		930					935						940				
	Tyr	Ile	Tyr	Thr	Ser	Ile	Leu	Tyr	Asn	Lys	Val	Lys	Ile	Ala	Val	Ser	
		945				950					955					960	
	Asn	Asp	Pro	Ile	Asn	Asn	Pro	Gln	Ala	Pro	Thr	Leu	Lys	Gln	Tyr	Ile	
50					965					970					975		
	Ala	Gln	Ile	Gln	Gly	Val	Gln	Ser	Val	Asp	Ser	Ile	Asp	Gln	Ala	Gly	
				980					985					990			
	Gly	Asn	Gln	Ala	Ile	Asn	Trp	Leu	Asn	Lys	Ile	Phe	Glu	Thr	Lys	Gly	
			995					1000						1005			
55	Ser	Pro	Leu	Phe	Ala	Pro	Tyr	Tyr	Leu	Glu	Ser	His	Ser	Thr	Lys	Asp	
		1010						1015					1020				
	Leu	Thr	Thr	Ile	Ala	Gly	Asp	Ile	Ala	Asn	Thr	Leu	Glu	Val	Ile	Ala	
		1025				1030					1035					1040	
	Asn	Pro	Asn	Phe	Lys	Asn	Asp	Ala	Thr	Asn	Ile	Leu	Gln	Ile	Asn	Thr	


```

                    1045                    1050                    1055
Tyr Thr Gln Gln Met Ser Arg Leu Ala Lys Leu Ser Asp Thr Ser Thr
                    1060                    1065                    1070
Phe Ala Arg Ser Asp Phe Leu Glu Arg Leu Glu Ala Leu Lys Asn Lys
5   1075                    1080                    1085
Arg Phe Ala Asp Ala Ile Pro Asn Ala Met Asp Val Ile Leu Lys Tyr
1090                    1095                    1100
Ser Gln Arg Asn Arg Val Lys Asn Asn Val Trp Ala Thr Gly Val Gly
1105                    1110                    1115                    1120
10 Gly Ala Ser Phe Ile Ser Gly Gly Thr Gly Thr Leu Tyr Gly Ile Asn
1125                    1130                    1135
Val Gly Tyr Asp Arg Phe Ile Lys Gly Val Ile Val Gly Gly Tyr Ala
1140                    1145                    1150
15 Ala Tyr Gly Tyr Ser Gly Phe His Ala Asn Ile Thr Gln Ser Gly Ser
1155                    1160                    1165
Ser Asn Val Asn Val Gly Val Tyr Ser Arg Ala Phe Ile Lys Arg Ser
1170                    1175                    1180
Glu Leu Thr Met Ser Leu Asn Glu Thr Trp Gly Tyr Asn Lys Thr Phe
1185                    1190                    1195                    1200
20 Ile Asn Ser Tyr Asp Pro Leu Leu Ser Ile Ile Asn Gln Ser Tyr Arg
1205                    1210                    1215
Tyr Asp Thr Trp Thr Thr Asp Ala Lys Ile Asn Tyr Gly Tyr Asp Phe
1220                    1225                    1230
25 Met Phe Lys Asp Lys Ser Val Ile Phe Lys Pro Gln Val Gly Leu Ser
1235                    1240                    1245
Tyr Tyr Tyr Ile Gly Leu Ser Gly Leu Arg Gly Ile Met Asp Asp Pro
1250                    1255                    1260
Ile Tyr Asn Gln Phe Arg Ala Asn Ala Asp Pro Asn Lys Lys Ser Val
1265                    1270                    1275                    1280
30 Leu Thr Ile Asn Phe Ala Leu Glu Ser Arg His Tyr Phe Asn Lys Asn
1285                    1290                    1295
Ser Tyr Tyr Phe Val Ile Ala Asp Val Gly Arg Asp Leu Phe Ile Asn
1300                    1305                    1310
35 Ser Met Gly Asp Lys Met Val Arg Phe Ile Gly Asn Asn Thr Leu Ser
1315                    1320                    1325
Tyr Arg Asp Gly Gly Arg Tyr Asn Thr Phe Ala Ser Ile Ile Thr Gly
1330                    1335                    1340
Gly Glu Ile Arg Leu Phe Lys Thr Phe Tyr Val Asn Ala Gly Ile Gly
1345                    1350                    1355                    1360
40 Ala Arg Phe Gly Leu Asp Tyr Lys Asp Ile Asn Ile Thr Gly Asn Ile
1365                    1370                    1375
Gly Met Arg Tyr Ala Phe
1380

```

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:132:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 262 amino acids

(B) TYPE: amino acid

50 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

55

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...262

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:132:

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

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:133:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45 (A) LENGTH: 246 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

50

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

55

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...246

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:133:

YVA

```

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

```

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:134:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 245 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
- (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...245
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:134:

```

55 Met Ile Lys Lys Thr Leu Ala Ser Val Leu Leu Gly Leu Ser Leu Met
1      5      10      15
Ser Val Leu Asn Ala Lys Glu Cys Val Ser Pro Ile Thr Arg Ser Val
20      25      30
Lys Tyr His Gln Gln Ser Ala Glu Ile Arg Ala Leu Gln Leu Gln Ser

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:135:

30

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 288 amino acids
- (B) TYPE: amino acid
- (D) TOPOLOGY: linear

35

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

40

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

45

- (A) NAME/KEY: misc_feature
- (B) LOCATION 1...288

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:135:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:136:

```

30  (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
      (A) LENGTH: 128 amino acids
      (B) TYPE: amino acid
      (D) TOPOLOGY: linear

      (ii) MOLECULE TYPE: protein
35  (iii) HYPOTHETICAL: YES

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
40  (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
      (A) NAME/KEY: misc_feature
      (B) LOCATION 1...128

45  (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:136:

```

```

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

```

100 105 110
 Val Lys Ile Ile Thr Asp Lys Gly Glu Tyr Tyr His Lys Phe Ser Lys
 115 120 125

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:137:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 169 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

- (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...169

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:137:

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:138:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 487 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

5 (B) LOCATION 1...487

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:138:

```

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

```

```

              405              410              415
Thr Leu Phe Asn Arg Gln Glu Lys Lys Gly Phe Val Thr Ile Gly Asn
              420              425              430
Lys Val Val Leu Tyr Gln Ile Thr Glu Gln Asn Phe Asn His Pro Phe
5      435              440              445
Ser Ala Glu Glu Asn Gln Tyr Met Gln Arg Leu Val Asn Asn Thr Lys
      450              455              460
Thr Asp Phe Phe Asp Lys Ala Leu Ile Glu Glu Leu Lys Lys Arg Tyr
465              470              475              480
10    Lys Ile Val Lys Tyr Ile Gln
              485

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:139:

- 15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 142 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- 20 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 25 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...142
- 30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:139:

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:140:

- 55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 208 amino acids
 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

5 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...208

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:140:

```

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

```

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:141:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 245 amino acids

(B) TYPE: amino acid

45 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

50

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...245

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:141:

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:142:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 367 amino acids
 - (B) TYPE: amino acid
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 40 (ii) MOLECULE TYPE: protein
- (iii) HYPOTHETICAL: YES
- 45 (vi) ORIGINAL SOURCE:
- (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
- (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...367
- 50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:142:

```

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

```

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:143:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- 45 (A) LENGTH: 409 amino acids
(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear
- (ii) MOLECULE TYPE: protein
- 50 (iii) HYPOTHETICAL: YES
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
- 55 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
- (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...409

YAV

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:143:

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

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:144:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 270 amino acids

(B) TYPE: amino acid
(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

5

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

10

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...270

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:144:

```

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

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:145:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

55

(A) LENGTH: 438 amino acids

(B) TYPE: amino acid

(D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: protein

(iii) HYPOTHETICAL: YES

(vi) ORIGINAL SOURCE:

5 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...438

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:145:

```

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

```

370 375 380
 Asp Lys Leu Val Ser Leu Ser Ala Ala Ile Ile Gln Ala Lys Glu Gly
 385 390 395 400
 Gly Asn Glu Arg Pro Asn Ser Ser Ala Asn Asn Asn Asn Pro Ile Lys
 5 405 410 415
 Asn Thr Ile Glu Thr Asn Thr Ser Asn Asn Ile Ile Gln Asn Asn Asp
 420 425 430
 Asn Ile Ile Ile Gln Ile
 435
 10
 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:146:
 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 215 amino acids
 15 (B) TYPE: amino acid
 (D) TOPOLOGY: linear
 (ii) MOLECULE TYPE: protein
 20 (iii) HYPOTHETICAL: YES
 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
 25 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...215
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:146:
 30
 Met Gln Ala Leu Lys Ser Leu Leu Glu Val Ile Thr Lys Leu Gln Asn
 1 5 10 15
 Leu Gly Gly Tyr Leu Met His Ile Ala Ile Phe Ile Ile Phe Ile Trp
 20 25 30
 35 Ile Gly Gly Leu Lys Phe Val Pro Tyr Glu Ala Glu Gly Ile Ala Pro
 35 40 45
 Phe Val Ala Asn Ser Pro Phe Phe Ser Phe Met Tyr Lys Phe Glu Lys
 50 55 60
 Pro Ala Tyr Lys Gln His Lys Met Ser Glu Ser Gln Ser Met Gln Glu
 40 65 70 75 80
 Glu Met Gln Asp Asn Pro Lys Ile Val Glu Asn Lys Glu Trp His Lys
 85 90 95
 Glu Asn Arg Thr Tyr Leu Val Ala Glu Gly Leu Gly Ile Thr Ile Met
 100 105 110
 45 Ile Leu Gly Ile Leu Val Leu Leu Gly Leu Trp Met Pro Leu Met Gly
 115 120 125
 Val Val Gly Gly Leu Leu Val Ala Gly Met Thr Ile Thr Thr Leu Ser
 130 135 140
 Phe Leu Phe Thr Thr Pro Glu Val Phe Val Asn Gln His Phe Pro Trp
 50 145 150 155 160
 Leu Ser Gly Ala Gly Arg Leu Val Val Lys Asp Leu Ala Leu Phe Ala
 165 170 175
 Gly Gly Leu Phe Val Ala Gly Phe Asp Ala Lys Arg Tyr Leu Glu Gly
 180 185 190
 55 Lys Gly Phe Cys Leu Met Asp Arg Ser Ser Val Gly Ile Lys Thr Lys
 195 200 205
 Cys Ser Ser Gly Cys Cys Ser
 210 215

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:147:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 20 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...20
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:147:

TATACCATGG TGGGCGCTAA

20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:148:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 23 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 - (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- (ix) FEATURE:
 - (A) NAME/KEY: misc_feature
 - (B) LOCATION 1...23
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:148:

ATGAATTCGA GTAAGGATTT TTG

23

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:149:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 22 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

5 (vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

10 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...22

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:149:

15 TTAACCATGG TGAAAAGCGA TA 22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:150:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 23 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular

25 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

30 (vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

35 (A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...23

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:150:

40 TAGAATTCGC ATAACGATCA ATC 23

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:151:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45 (A) LENGTH: 22 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular

50 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

55 (vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

```

                    (A) NAME/KEY: misc_feature
                    (B) LOCATION 1...22

5      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:151:
      ATATCCATGG TGAGTTTGAT GA
                                         22

      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:152:

10     (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
          (A) LENGTH: 25 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular
15
          (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
          (iii) HYPOTHETICAL: NO
20
          (iv) ANTI-SENSE: NO
          (vi) ORIGINAL SOURCE:
              (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
25
          (ix) FEATURE:
              (A) NAME/KEY: misc_feature
              (B) LOCATION 1...25

          (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:152:
30     ATGAATTCAA TTTTATTG TGCCA
                                         25

      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:153:

35     (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
          (A) LENGTH: 21 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular
40
          (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
          (iii) HYPOTHETICAL: NO
45
          (iv) ANTI-SENSE: NO
          (vi) ORIGINAL SOURCE:
              (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
50
          (ix) FEATURE:
              (A) NAME/KEY: misc_feature
              (B) LOCATION 1...21

          (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:153:
55     AATTCATGG TGGGGGCTAT G
                                         21

      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:154:

```

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 23 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...23
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:154:

ATGAATTCTC GATAGCCAAA ATC

23

- (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:155:
- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 25 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...25
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:155:

AATTCCATGG TGCATAACTT CCATT

25

- (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:156:
- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 25 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO

```

      (iv) ANTI-SENSE: NO

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
5       (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
          (A) NAME/KEY: misc_feature
          (B) LOCATION 1...25
10
      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:156:

AAGAATTCTC TAGCATCCAA ATGGA
25
(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:157:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
          (A) LENGTH: 24 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
20          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular

      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

25      (iii) HYPOTHETICAL: NO

      (iv) ANTI-SENSE: NO

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
30      (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
          (A) NAME/KEY: misc_feature
          (B) LOCATION 1...24
35
      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:157:

ATTTCATGG TCATGTCTCA TATT
24
40      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:158:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
          (A) LENGTH: 23 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
45          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular

      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

      (iii) HYPOTHETICAL: NO
50
      (iv) ANTI-SENSE: NO

      (vi) ORIGINAL SOURCE:
55      (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
          (A) NAME/KEY: misc_feature
          (B) LOCATION 1...23

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:158:

5 ATGAATTCCA TCTTTTATTC CAC 23

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:159:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

10 (A) LENGTH: 27 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

15 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

20 (vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

25 (A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...27

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:159:

30 AACCATGGTG ATTTTAAGCA TTGAAAG 27

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:160:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 28 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

40 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

45 (vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

50 (A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...28

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:160:

55 AAGAATTCCA CTCAAAATTT TTTAACAG 28

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:161:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 25 base pairs

```

        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

5      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

      (iii) HYPOTHETICAL: NO

      (iv) ANTI-SENSE: NO
10
      (vi) ORIGINAL SOURCE:
          (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
15      (A) NAME/KEY: misc_feature
          (B) LOCATION 1...25

      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:161:
20  GATCATCCAT ATGTTATCTT CTAAT
                                           25

      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:162:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
25      (A) LENGTH: 23 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular

      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
30
      (iii) HYPOTHETICAL: NO

      (iv) ANTI-SENSE: NO
35
      (vi) ORIGINAL SOURCE:
          (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

      (ix) FEATURE:
40      (A) NAME/KEY: misc_feature
          (B) LOCATION 1...23

      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:162:
45  TGAATTCAAC CATTTTAACC CTG
                                           23

      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:163:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
50      (A) LENGTH: 27 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular

      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
55
      (iii) HYPOTHETICAL: NO

      (iv) ANTI-SENSE: NO

```

```

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

5    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
        (B) LOCATION 1...27

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:163:
10   TATACCATGG TGAAATTTTT TCTTTTA
                                           27

    (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:164:

15   (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 25 base pairs
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

20   (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO

25   (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

30   (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
        (B) LOCATION 1...25

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:164:
35   AGAATTCAAT TGCGTCTTGT AAAAG
                                           25

    (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:165:

40   (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 24 base pairs
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

45   (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO

50   (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

55   (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
        (B) LOCATION 1...24

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:165:

```

TATACCATGG TGATGGACAA ACTC

24

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:166:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 23 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular

10

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

15

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

20

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...23

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:166:

ATGAATTCCC ACTTGGGGCG ATA

23

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:167:

30

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 25 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: circular

35

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

40

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: Helicobacter pylori

45

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...25

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:167:

TTATGGATCC AAACCAATTA AAAC

25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:168:

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 23 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

3..

(D) TOPOLOGY: circular
(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
5 (iii) HYPOTHETICAL: NO
(iv) ANTI-SENSE: NO
(vi) ORIGINAL SOURCE:
10 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
(ix) FEATURE:
(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...23
15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:168:

TATCTCGAGT TATAGAGAAG GGC

23

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:169:
(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 22 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
25 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular
(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
30 (iii) HYPOTHETICAL: NO
(iv) ANTI-SENSE: NO
(vi) ORIGINAL SOURCE:
35 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
(ix) FEATURE:
(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...22
40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:169:

TTAACCATGG TGAAAAGCGA TA

22

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:170:
(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 24 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
50 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular
(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
55 (iii) HYPOTHETICAL: NO
(iv) ANTI-SENSE: NO
(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...24

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:170:

TAGAATTCGC CTCTAAACT TTAG 24

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:171:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 22 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...22

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:171:

TTAACCATGG TGAAAAGCGA TA 22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:172:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 23 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...23

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:172:

TAGAATTCGC ATAACGATCA ATC 23

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:173:

5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 22 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

10 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

15 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

20 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...22

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:173:

25 ATATCCATGG TGAGTTTGAT GA 22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:174:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 25 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

35 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

40 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

45 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:174:

50 ATGAATTCAA TTTTATTATT TGCCA 25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:175:

55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 23 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

```

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

5   (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

10  (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
        (B) LOCATION 1...23

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:175:
15  AATTCCATGG CTATCCAAAT CCG                                     23

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:176:

20  (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 25 base pairs
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular
25

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO

30  (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

35  (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
        (B) LOCATION 1...25

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:176:
40  ATGAATTCGC CAAAATCGTA GTATT                                     25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:177:

45  (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 24 base pairs
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular
50

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO

55  (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

```

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...24

5 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:177:
 GATACCATGG AATTTATGAA AAAG 24

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:178:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 25 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

20 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

25 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...25

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:178:
 TGAATTCGAA AAAGTGTAGT TATAC 25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:179:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 19 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

45 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

50 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...19

55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:179:
 CCCTTCATTT TAGAAATCG 19

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:180:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 20 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- 10 (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- 15 (vi) ORIGINAL SOURCE:
(A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- (ix) FEATURE:
(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...20
- 20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:180:

ATTCAACCA ATTCAATGCG

20

- 25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:181:
- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 20 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
30 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- 35 (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
40 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- (ix) FEATURE:
(A) NAME/KEY: misc_feature
(B) LOCATION 1...20
- 45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:181:

GCCCCTTTTG ATTTGAAGCT

20

- 50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:182:
- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 22 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
55 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

```

(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

5 (vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
10 (B) LOCATION 1...22

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:182:

15 TCGCTCCAAG ATACCAAGAA GT                                     22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:183:

    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 22 base pairs
20 (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
25 (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

30 (vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
35 (B) LOCATION 1...22

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:183:

40 CTTGAATTAG GGGCAAAGAT CG                                     22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:184:

    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 22 base pairs
45 (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
50 (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

55 (vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature

```

2.V

(B) LOCATION 1...22

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:184:

5 ATGCGTTTTT ACCCAAAGAA GT

22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:185:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 22 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

15 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

20 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

25 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...22

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:185:

30 ATAACGCCAC TTCCTTATTG GT

22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:186:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 19 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

40 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

45 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

50 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...19

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:186:

55 CTTTGGGTAA AAACGCATC

19

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:187:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

2.A

```

      (A) LENGTH: 20 base pairs
      (B) TYPE: nucleic acid
      (C) STRANDEDNESS: double
      (D) TOPOLOGY: circular
5
      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
      (iii) HYPOTHETICAL: NO
10
      (iv) ANTI-SENSE: NO
      (vi) ORIGINAL SOURCE:
          (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
15
      (ix) FEATURE:
          (A) NAME/KEY: misc_feature
          (B) LOCATION 1...20
      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:187:
20
CGATCTTTGA TCCTAATTCA
      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:188:
25
      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
          (A) LENGTH: 19 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular
30
      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
      (iii) HYPOTHETICAL: NO
35
      (iv) ANTI-SENSE: NO
      (vi) ORIGINAL SOURCE:
          (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
40
      (ix) FEATURE:
          (A) NAME/KEY: misc_feature
          (B) LOCATION 1...19
      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:188:
45
ATCAAGTTGC CTATGCTGA
      (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:189:
50
      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
          (A) LENGTH: 22 base pairs
          (B) TYPE: nucleic acid
          (C) STRANDEDNESS: double
          (D) TOPOLOGY: circular
55
      (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
      (iii) HYPOTHETICAL: NO

```

20

19

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

5 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...22

10 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:189:
 TTGAACACTT TTGATTATGC GG 22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:190:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 23 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

25 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

30 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...23

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:190:
 GGATTATGCG ATTGTTTAC AAG 23

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:191:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 21 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

50 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

55 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...21

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:191:

GTCTTTAGCA AAAATGGCGT C

21

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:192:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 21 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

10 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

15 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

20 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

25 (B) LOCATION 1...21

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:192:

AATGAGCGTA AGAGAGCCTT C

21

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:193:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 18 base pairs

35 (B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

40 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

45 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

50 (B) LOCATION 1...18

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:193:

CTTATGGGGG TATTGTCA

18

55 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:194:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 18 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

```

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
5
(iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

10
(vi) ORIGINAL SOURCE:
    (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:
    (A) NAME/KEY: misc_feature
15
    (B) LOCATION 1...18

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:194:

20
AGCATGTGGG TATCCAGC
18

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:195:

    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 19 base pairs
25
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
30
    (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

35
    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
40
        (B) LOCATION 1...19

    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:195:

45
AGGTTGTTGC CTAAAGACT
19

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:196:

    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 18 base pairs
50
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
        (D) TOPOLOGY: circular

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
55
    (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

```

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 5 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...18

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:196:
 10 CTGCCTCCAC CTTTGATC 18

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:197:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 19 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 20 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO
 25 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 30 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...19

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:197:
 35 ACCAATATCA ATTGGCACT 19

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:198:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 18 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 45 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO
 50 (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

(ix) FEATURE:
 55 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...18

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:198:

ACTTGAAAAA GCTCTGCA

18

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:199:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 19 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 10 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- 15 (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- 20 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...19
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:199:

CTTGCTTGTC ATATCTAGC

19

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:200:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 18 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- 35 (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- 40 (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
- 45 (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...18
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:200:

50 GTTGAAGTGT TGGTGCTA

18

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:201:

- 55 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 22 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

```

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

5 (iii) HYPOTHETICAL: NO

    (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
10      (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
        (B) LOCATION 1...22

15    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:201:
        CAAGCAAGTG GTTTGGTTTT AG
22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:202:

20    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 22 base pairs
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
25    (D) TOPOLOGY: circular

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO
30    (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori
35    (ix) FEATURE:
        (A) NAME/KEY: misc_feature
        (B) LOCATION 1...22

40    (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:202:
        TGGAAAGAGC AAATCATTGA AG
22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:203:

45    (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
        (A) LENGTH: 21 base pairs
        (B) TYPE: nucleic acid
        (C) STRANDEDNESS: double
50    (D) TOPOLOGY: circular

    (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

    (iii) HYPOTHETICAL: NO
55    (iv) ANTI-SENSE: NO

    (vi) ORIGINAL SOURCE:
        (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

```

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...21

5 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:203:

GCCCATATC AAAAAGCCCA T 21

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:204:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 24 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

20 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 25 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...24

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:204:

CTAAAACCAA ACCACTTGCT TGTC 24

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:205:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 16 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular

(ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

45 (iii) HYPOTHETICAL: NO

(iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:
 50 (A) ORGANISM: Helicobacter pylori

(ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...16

55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:205:

GTAAAACGAC GGCCAG 16

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:206:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 17 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...17
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:206:

CAGGAAACAG CTATGAC

17

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:207:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 21 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
- (iii) HYPOTHETICAL: NO
- (iv) ANTI-SENSE: NO
- (vi) ORIGINAL SOURCE:
 (A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*
- (ix) FEATURE:
 (A) NAME/KEY: misc_feature
 (B) LOCATION 1...21
- (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:207:

ATCTTACCTA TCACCTCAAA T

21

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO:208:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 21 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: circular
- (ii) MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

(iii) HYPOTHETICAL: NO

5 (iv) ANTI-SENSE: NO

(vi) ORIGINAL SOURCE:

(A) ORGANISM: *Helicobacter pylori*

10 (ix) FEATURE:

(A) NAME/KEY: misc_feature

(B) LOCATION 1...21

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO:208:

15 AGACAGCAAC ATCTTTGTGA A

عناصر الحماية

- ١ - حامض نووي معزول يتضمن تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا
 - ٢ H.Pylori متماثل تركيباً بما نسبته ٦٠٪ على الأقل لتسلسل حامض أميني منتقى
 - ٣ من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية من ٧٤ إلى ١٤٦ .
-
- ١ - ٢ - حامض نووي معزول متضمنا تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا
 - ٢ H.Pylori منتقى من المجموعة المتكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية من ٧٤
 - ٣ إلى ١٤٦ .
-
- ١ ٣ - حامض نووي معزول يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori متضمنا تسلسل
 - ٢ نكليوتيد مماثل تركيبياً لما نسبته ٦٠٪ على الأقل من تسلسل نكليوتيد منتقى من
 - ٣ المجموعة المتكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية من ١ إلى ٧٣ ، أو تكملة من
 - ٤ هذه التسلسلات .
-
- ١ ٤ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ١ ، محتوياً على تسلسل نكليوتيد منتقى
 - ٢ من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية من : ١ إلى : ٧٣ ، أو تكملة
 - ٣ منها .
-
- ١ ٥ - جزيء حامض نووي معزول يشفر بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori ، محتوياً على
 - ٢ تسلسل نكليوتيد يتجهن تحت ظروف تهجين صارمة إلى جزيء حامض نووي محتوي
 - ٣ على تسلسل النكليوتيد المنتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام

- ٤ المرجعية بدء من ١ وحتى ٧٣ ، أو تكملة منها .
- ١ - ٦ - حامض نووي معزول محتوي على تسلسل نكليوتيد ذي ٨ نكليوتيدات في الطول
- ٢ على الأقل ، حيث يتجهن التسلسل تحت شوط تهجين صارمة إلى حمض نووي محتوي
- ٣ على تسلسل نكليوتيد منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام
- ٤ المرجعية ١ إلى ٧٣ ، أو تكملة منها .
- ١ - ٧ - حامض نووي معزول متضمناً تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتييد غلاف خلية
- ٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه حيث يكون الحامض النووي المذكور منتقى من
- ٣ المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ٣ ، ٢٥ ، ٤٨ ، ١٦ ، ١٠ ، ٤٥ ، ٣٥ ،
- ٤ ٣٧ ، ٧ ، ٣٩ ، ٥٥ ، ١٨ ، ١٩ ، ٢٨ ، ٣٠ ، ٥٢ ، ٥٤ ، ٥٦ ، ٥٨ ، ١ ، ٤٢ ، ١٤ ، ٤٣ ، ١١ ، ٧١ ، ١٧ ، ٥٧ ،
- ٥ ٥ ، ٦ ، ٨ ، ٢١ ، أو تكملة منها .
- ١ - ٨ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ٧ ، حيث يكون بولي بيبتييد غلاف خلية
- ٢ بكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتييد غشاء داخلي لبكتيريا H.Pylori
- ٣ أو جزء منه مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات
- ٤ ذوات الارقام المرجعية ٣ ، ٢٥ ، ٤٨ ، أو تكملة منها .
- ١ - ٩ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ٧ ، حيث يكون بولي بيبتييد غلاف خلية
- ٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه بولي بيبتييد غشاء خارجي من بكتيريا H.Pylori أو
- ٣ جزد منه مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات
- ٤ ذوات الارقام المرجعية ١٦ ، ١٠ ، ٤٥ ، ٣٥ ، ٣٧ ، ٧ ، ٣٩ ، ٥٥ ، ١٨ ، ١٩ ، ٢٨ ، ٣٠ ، ٥٢ ، ٥٤ ،

- ٥ ٥٦ ، ٥٨ ، ١ ، ٤٢ ، ١٤ ، ٤٣ ، ١١ ، ٧١ ، أو تكملة منها .
- ١ ١٠ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ٩ ، حيث يكون بولي بيبتيديد الغشاء
- ٢ الخارجي لبكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori
- ٣ محتوي على فضلة متقية من فينيل ألانين طرفي ، وعلى مجموعة تيروسين طرفية
- ٤ C - أو جزء منه ، مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من
- ٥ التسلسلات ذوات الاقام المرجعية ٤٢ ، ١٤ ، ٤٣ ، ١١ ، ٧١ ، أو تكملة منها .
- ١ ١١ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ٩ ، حيث يكون بولي بيبتيديد الغشاء
- ٢ الخارجي لبكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori
- ٣ محتوي على فضلة متبقية من فينيل ألانين طرفي أو جزء منه مشفر بواسطة حامض
- ٤ نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ١٦ ، ٤٥ ، ٣٥ ،
- ٥ ٣٧ ، ٧ ، ٣٩ ، ١٨٥٥ ، ١٩ ، ٢٨ ، ٣٠ ، ٥٢ ، ٥٤ ، ٥٦ ، ٥٨ ، أو تكملة منها .
- ١ ١٢ - حامض نووي معزول متضمناً تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيديد غلاف خلية
- ٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات
- ٣ الارقام المرجعية ٧٦ ، ٩٨ ، ١٢١ ، ٨٩ ، ٨٣ ، ١١٨ ، ١٠٨ ، ١١٠ ، ١١٢٨٠ ، ١٢٨ ، ٩١ ، ٩٢ ، ١٠١ ،
- ٤ ١٠٣ ، ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ ، ٧٤ ، ١١٥ ، ٨٧ ، ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ ، ٩٠ ، ١٣٠ ، ٧٨ ، ٧٩ ، ٨١ ،
- ٥ ٩٤ .

- ١ ١٣ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ١٢ ، حيث يكون بولي بيبتيديد غلاف خلية
٢ بكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه ، بولي بيبتيديد غشاء دخلي لبكتيريا H.Pylori
٣ أو جزء منه منتقى من المجموعة المؤلفة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية ٧٦ ، ٩٨ ،
٤ ١٢١ .
- ١ ١٤ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ١٢ ، حيث يكون بولي بيبتيديد غلاف خلية
٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه بولي بيبتيديد غشاء خارجي لبكتيريا H.Pylori أو جزء
٣ منه منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية ٨٩ ، ٨٣ ، ١١٨ ،
٤ ١٠.٨ ، ١١.٠ ، ٨.٠ ، ١١٢ ، ١٢٨ ، ٩١ ، ٩٢ ، ١٠.١ ، ١٠.٣ ، ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ ، ٧٤ ، ١١٥ ، ٨٧ ،
٥ ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ ، ٩٠ ، ١٣٠ .
- ١ ١٥ - الحامض النووي المعزول وفقاً للعنصر ١٤ ، حيث يكون بولي بيبتيديد غشاء
٢ خارجي لبكتيريا H.Pylori أو جزء منه بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori محتوي
٣ فضلة متبقية من فينيل الانين طرفي ومن مجموعة تيروسين طرفية C ، أو جزء
٤ منها ، منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية ٧٤ ، ١١٥ ، ٨٧ ،
٥ ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ .
- ١ ١٦ - الحامض النووي المعزول ، وفقاً للعنصر ١٤ ، حيث يكون بولي بيبتيديد غشاء
٢ خارجي لبكتيريا H.Pylori أو جزء منه بولي بيبتيديد بكتيريا H.Pylori محتوي على
٣ فضلة متبقية من فينيل ألانين طرفي أو جزء منه منتقى من المجموعة المكونة من
٤ التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية :

- ٥ ٨٩، ١١٨، ١٠٨، ١١٠، ٨٠، ١١٢، ١٢٨، ٩١، ٩٢، ١٠١، ١٠٣، ١٢٥، ١٢٧، ١٢٩، ١٣١ .
- ١ ١٧ - حامض نووي معزول محتوي على تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيدي مفرز
- ٢ من بكتيريا H.Pylori أو جزء منه حيث يكون الحامض النووي المذكور منتقى من
- ٣ المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ٧٢، ٣٢، ٥١، ٢، ٤، ٩، ١٣، ٢٢،
- ٤ ٢٩، ٣١، ٣٣، ٣٤، ٣٦، ٣٨، ٤٠، ٤١، ٤٦، ٤٩، ٥٣، ٥٩، ٦١، ٦٢، ٦٣، ٦٥، ٦٦، ٦٧، ٦٨،
- ٥ أو تكملة منها .
- ١ ١٨ - حامض نووي معزول متضمن تسلسل نكليوتيد يُشفر بولي بيبتيدي مفرز من
- ٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه ، منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات
- ٣ الارقام المرجعية التالية :
- ٤ ١٤٥، ١٠٥، ١٢٤، ٧٥، ٧٧، ٨٢، ٨٦، ٩٥، ١٠٢، ١٠٤، ١٠٦، ١٠٧، ١٠٩، ١١١، ١١٣، ١١٤،
- ٥ ١١٧، ١١٩، ١٢٢، ١٢٦، ١٣٢، ١٣٤، ١٣٥، ١٣٦، ١٣٨، ١٣٩، ١٤٠، ١٤١ .
- ١ ١٩ - حامض نووي معزول متضمن تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيدي خلوي
- ٢ لبكتيريا H.Pylori أو جزء منه ، حيث يكون الحامض النووي المذكور منتقى من
- ٣ المجموعة المتكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ١٢، ١٥، ٢٠، ٢٣، ٢٤، ٢٦، ٢٧،
- ٤ ٤٧، ٥٠، ٦٠، ٦٤، ٦٩، ٧٠، ٧٣، أو تكملة منها .
- ١ ٢٠ - حامض نووي معزول متضمناً على تسلسل نكليوتيد يشفر بولي بيبتيدي خلوي
- ٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات

- ٣ الارقام المرجعية ٨٥، ٨٨، ٩٣، ٩٦، ٩٧، ٩٩، ١٠٠، ١٢٠، ١٢٣، ١٣٣، ١٣٧، ١٤٢، ١٤٣،
٤ ١٤٦ .
- ١ ٢١ - مجس يتضمن تسلسل نكليوتيد يتكون من ٨ نكليوتيدات على الاقل من
٢ تسلسل نكليوتيد منتقي من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية
٣ من ١ - ٧٣ ، أو تكملة منها .
- ١ ٢٢ - ناقل تجسيد معيد اتحاد يتضمن الحامض نووي وفقاً لاي عنصر من العناصر ١ ،
٢ ٢، ٣، ٤، ٥، ٦، ٧، ١٢، ١٧، ١٨، ١٩، أو ٢٠ مربوط على نحو تشغيلي بعنصر تنظيم
٣ نسخ .
- ١ ٢٣ - خلية تتضمن ناقل تجسيد معيد اتحاد وفقاً للعنصر ٢٢ .
- ١ ٢٤ - طريقة لانتاج بولي بيبتيدي H.Pylori متضمنة زرع خلية من العنصر ٢٣ تحت
٢ ظروف تسمح بتجسيد البولي بيبتيدي .
- ١ ٢٥ - طريقة العنصر ٢٤ ، متضمنة أيضاً تنقية البولي بيبتيدي من الخلية .
- ١ ٢٦ - طريقة لاكتشاف وجود حامض نووي Helicobacter في عينة تتضمن :
٢ (أ) ملامسة عينة مع حامض نووي اي من العناصر من ٦ - ٢١ ، حتي يتشكل هجين بين
٣ المجس وحامض نووي Helicobacter في العينة .

- ٤ (ب) اكتشاف الهجين المتشكل في خطوة (أ) ، حيث يدل اكتشاف الهجين على وجود
- ٥ حامض نووي Helicobacter في العينة .
- ١ ٢٧ - بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori معزول متضمن تسلسل حامض أميني متماثل
- ٢ بما نسبته ٦٠٪ على الأقل مع بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori منتقى من المجموعة
- ٣ المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية من ٧٤ إلى ١٤٦ .
- ١ ٢٨ - بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori مشفر بواسطة حامض نووي متضمن تسلسل
- ٢ نكليوتيد متماثل بما نسبته ٦٠٪ على الأقل مع تسلسل نكليوتيد منتقى من المجموعة
- ٣ المكونة من التسلسل ذي الرقم المرجعي ١ إلى التسلسل ذي الرقم المرجعي ٧٣ .
- ١ ٢٩ - بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori المعزول وفقاً للعنصر ٢٨ ، حيث يكون البولي
- ٢ بيبتيدي المذكور مشفر بواسطة تسلسل نكليوتيد منتقى من المجموعة المكونة من
- ٣ التسلسل ذي الرقم المرجعي ١ إلى التسلسل ذي الرقم المرجعي ٧٣ .
- ١ ٣٠ - بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori معزول مشفر بواسطة حامض نووي يتجهجن تحت
- ٢ ظروف تهجين صارمة إلى حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسل ذي
- ٣ الرقم المرجعي ١ إلى التسلسل ذي الرقم المرجعي ٧٣ ، أو تكملة منها .

- ١ - ٣١ - بولي بيبتيديا بكتيريا H.Pylori معزول يتضمن تسلسل حامض أميني منتقى
٢ من المجموعة المكونة من التسلسل ذي الرقم المرجعي ٧٤ إلى التسلسل ذي الرقم
٣ المرجعي ١٤٦ .
- ١ - ٣٢ - بولي بيبتيديا غلاف خلية بكتيريا H.Pylori معزول أو جزء منه ، حيث يكون
٢ البولي بيبتيديا المذكور منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام
٣ المرجعية ٧٦ ، ٩٨ ، ١٢١ ، ٨٩ ، ٨٣ ، ١١٨ ، ١٠٨ ، ١١٠ ، ٨٠ ، ١١٢ ، ١٢٨ ، ٩١ ، ٩٢ ، ١٠١ ، ١٠٣ ،
٤ ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ ، ٧٤ ، ١١٥ ، ٨٧ ، ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ ، ٩٠ ، ١٣٠ ، ٧٨ ، ٧٩ ، ٨١ ، ٩٤ .
- ١ - ٣٣ - البولي بيبتيديا المعزول وفقاً للعنصر ٣٢ ، حيث يكون بولي بيبتيديا غلاف خلية
٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه بولي بيبتيديا غشاء داخلي لبكتيريا H.Pylori أو جزء
٣ منه منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية ٧٦ ، ٩٨ ، ١٢١ .
- ١ - ٣٤ - البولي بيبتيديا المعزول وفقاً للعنصر ٣٢ ، حيث يكون بولي بيبتيديا غلاف خلية
٢ بكتيريا H.Pylori أو جزء منه بولي بيبتيديا غشاء خارجي لبكتيريا H.Pylori أو جزء
٣ منه منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية ٨٩ ، ٨٣ ، ١١٨ ،
٤ ١٠٨ ، ١١٠ ، ٨٠ ، ١١٢ ، ١٢٨ ، ٩١ ، ٩٢ ، ١٠١ ، ١٠٣ ، ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ ، ٧٤ ، ١١٥ ، ٨٧ ،
٥ ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ ، ٩٠ ، ١٣٠ .

- ١ ٣٥ - البولي بيبتيدي المعزول وفقاً للعنصر ٣٤ ، حيث يكون بولي بيبتيدي الغشاء
- ٢ الخارجي لبكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori
- ٣ محتوي على فضلة متبقية من فينيل ألانين طرفي وعلى مجموعة بتروسين طرفي
- ٤ C - أو جزء منها منتقي من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ٧٤
- ٥ ، ١١٥ ، ٨٧ ، ١١٦ ، ٨٤ ، ١٤٤ .

- ١ ٣٦ - البولي بيبتيدي المعزول وفقاً للعنصر ٣٤ ، حيث يكون بولي بيبتيدي الغشاء
- ٢ الخارجي لبكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori
- ٣ محتوي على فضلة متبقية من فينيل ألانين طرفي أو جزء منها منتقاة من المجموعة
- ٤ المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ٨٩ ، ١١٨ ، ١٠٨ ، ١١٠ ، ٨٠ ، ١١٢ ، ١٢٨ ،
- ٥ ٩١ ، ٩٢ ، ١٠١ ، ١٠٣ ، ١٢٥ ، ١٢٧ ، ١٢٩ ، ١٣١ .

- ١ ٣٧ - بولي بيبتيدي غلاف خلية بكتيريا H.Pylori معزول أو جزء منه حيث يكون
- ٢ البولي بيبتيدي المذكور مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من
- ٣ التسلسلات ذوات الارقام المرجعية :
- ٤ ٣ ، ٢٥ ، ٤٨ ، ١٦ ، ١٠ ، ٤٥ ، ٣٥ ، ٣٧ ، ٧ ، ٣٩ ، ٥٥ ، ١٨ ، ١٩ ، ٢٨ ، ٣٠ ، ٥٢ ، ٥٤ ، ٥٦ ، ٥٨ ، ١ ،
- ٥ ٤٢ ، ١٤ ، ٣٤ ، ١١ ، ٧١ ، ١٧ ، ٥٧ ، ٥ ، ٦ ، ٨ ، ٢١ .

- ١ ٣٨ - البولي بيبتيدي المعزول وفقاً للعنصر ٣٧ ، حيث يكون بولي بيبتيدي غلاف خلية
- ٢ بكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيدي غشاء داخلي لبكتيريا H.Pylori

- ٣ أو جزء منه مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات
- ٤ ذوات الارقام المرجعية ٣، ٢٥، ٤٨ .
- ١ ٣٩ - البولي بيبتيدي المعزول وفقاً للعنصر ٣٧ ، حيث يكون بولي بيبتيدي غلاف خلية
- ٢ بكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيدي غشاء داخلي لبكتيريا H.Pylori
- ٣ أو جزء منه مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات
- ٤ ذوات الارقام المرجعية ١٦، ١٠، ٤٥، ٣٥، ٣٧، ٧، ٣٩، ٥٥، ١٨، ١٩، ٢٨، ٣٠، ٥٢، ٥٤،
- ٥ ٥٦، ٥٨، ١، ٤٢، ١٤، ٣٤، ١١، ٧١ .
- ١ ٤٠ - البولي بيبتيدي المعزول وفقاً للعنصر ٣٩ ، حيث يكون بولي بيبتيدي الغشاء
- ٢ الخارجي لبكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori
- ٣ محتوي على فضلة متبقية من فينيل الانين طرفي وعلى مجموعة تيروسين طرفي C
- ٤ أو جزء منها ، مشفرة بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من
- ٥ التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ١، ٤٢، ١٤، ٤٣، ١١، ٧١ .
- ١ ٤١ - البولي بيبتيدي المعزول وفقاً للعنصر ٣٩ ، حيث يكون بولي بيبتيدي الغشاء
- ٢ الخارجي لبكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء منه بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori
- ٣ محتوي على فضلة متبقية من فينيل الانين طرفي أو جزء منه مشفر بواسطة حامض
- ٤ نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية ١٦، ٤٥، ٣٥،
- ٥ ٣٧، ٧، ٣٩، ٥٥، ١٨، ١٩، ٢٨، ٣٠، ٥٢، ٥٤، ٥٦، ٥٨ .

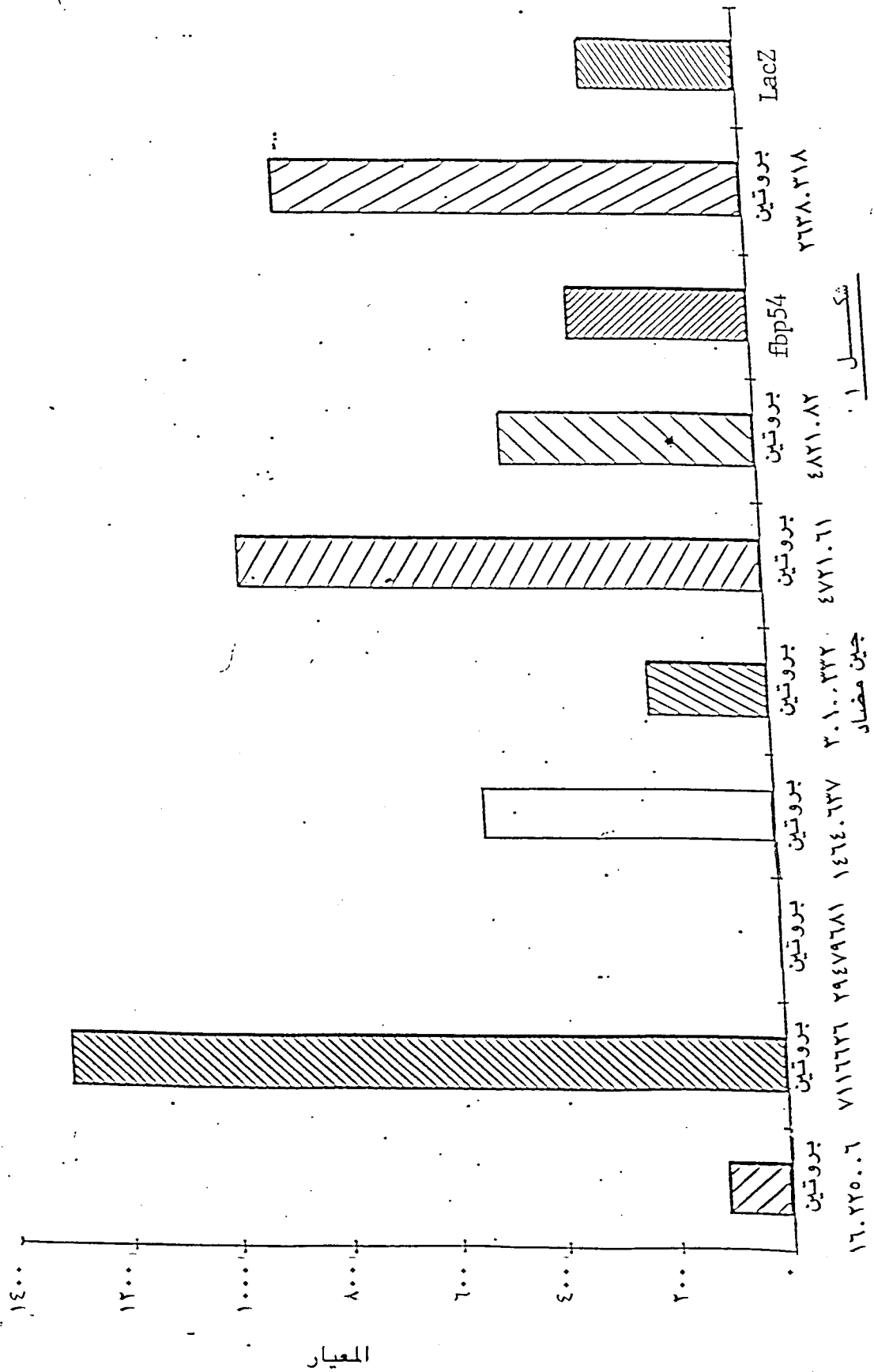
- ١ - ٤٢ - بولي بيبتيدي خلوي لبكتيريا H.Plori معزول ، أو جزء منه ، حيث يكون البولي بيبتيدي المذكور منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية :
- ٢ ٨٥ ، ٨٨ ، ٩٣ ، ٩٦ ، ٩٧ ، ٩٩ ، ١٠٠ ، ١٢٠ ، ١٢٣ ، ١٣٣ ، ١٣٧ ، ١٤٢ ، ١٤٣ ، ١٤٦ .
- ٣
- ١ - ٤٣ - بولي بيبتيدي خلوي معزول لبكتيريا H.Pylori ، أو جزء منه حيث يكون البولي بيبتيدي المذكور مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية :
- ٢ ١٢ ، ١٥ ، ٢٠ ، ٢٣ ، ٢٤ ، ٢٦ ، ٢٧ ، ٤٧ ، ٥٠ ، ٦٠ ، ٦٤ ، ٦٩ ، ٧٠ ، ٧٣ .
- ٤
- ١ - ٤٤ - بولي بيبتيدي مفرز معزول من بكتيريا H.Pylori ، أو جزء منه ، حيث يكون البولي بيبتيدي المذكور منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية :
- ٢ ١٤٥ - ١٠٥ ، ١٢٤ ، ٧٥ ، ٧٧ ، ٨٢ ، ٨٦ ، ٩٥ ، ١٠٢ ، ١٠٤ ، ١٠٦ ، ١٠٧ ، ١٠٩ ، ١١١ ، ١١٣ ، ١١٤ ، ١١٧ ، ١١٩ ، ١٢٢ ، ١٢٦ ، ١٣٢ ، ١٣٤ ، ١٣٥ ، ١٣٦ ، ١٣٨ ، ١٣٩ ، ١٤٠ ، ١٤١ .
- ٥
- ١ - ٤٥ - بولي بيبتيدي مفرز معزول من بكتيريا H.Pylori ، أو جزء منه حيث يكون البولي بيبتيدي المذكور مشفر بواسطة حامض نووي منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الأرقام المرجعية :
- ٢ ٧٢ ، ٣٢ ، ٥١ ، ٢ ، ٤ ، ٩ ، ١٣ ، ٢٢ ، ٢٩ ، ٣١ ، ٣٣ ، ٣٤ ، ٣٦ ، ٣٨ ، ٤٠ ، ٤١ ، ٤٤ ، ٤٦ ، ٤٩ ، ٥٣ ، ٦١ ، ٦٢ ، ٦٣ ، ٦٥ ، ٦٦ ، ٦٧ ، ٦٨ .
- ٥

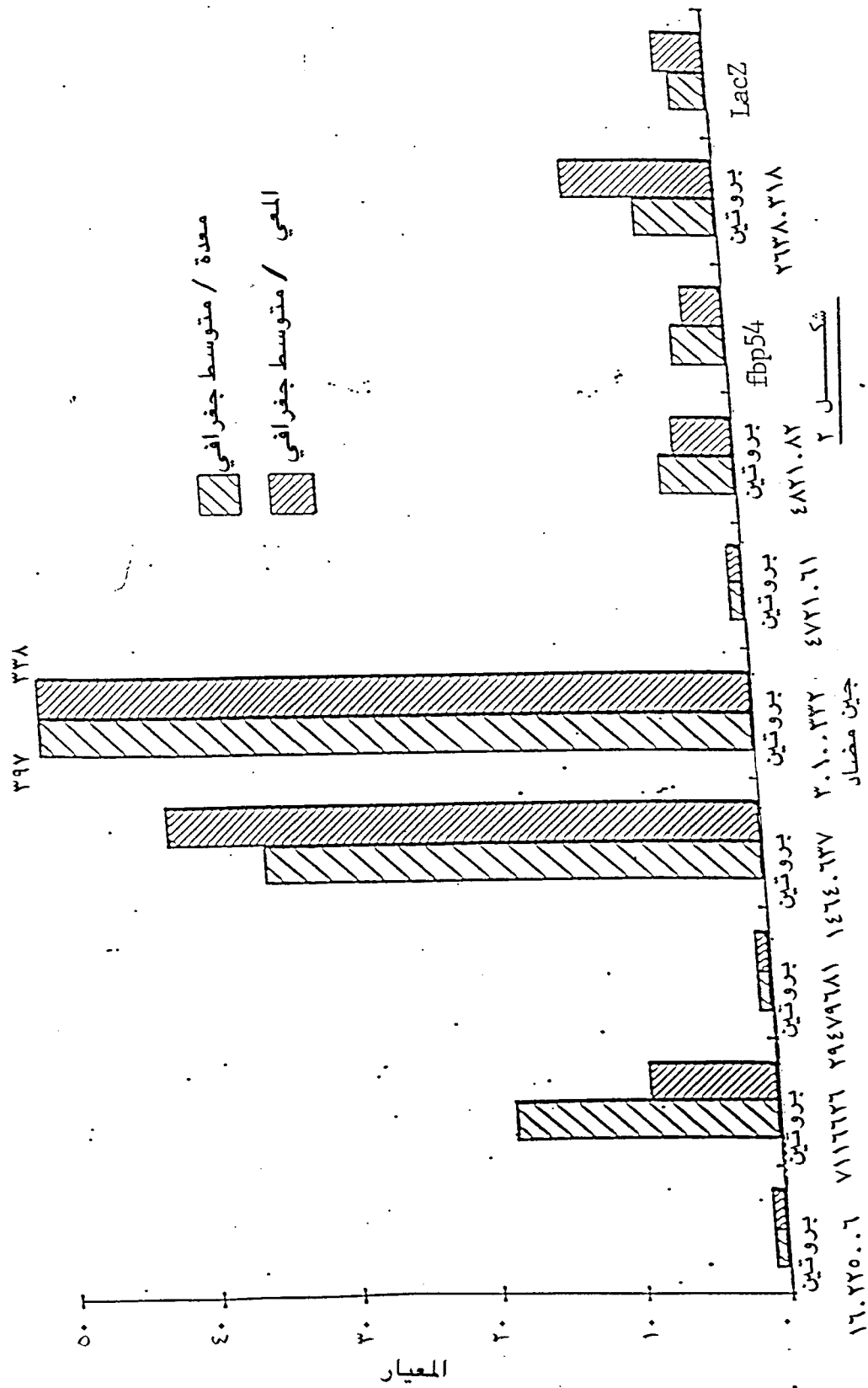
- ١ ٤٦ - بروتين صهر متضمن بولي بيبتيد بكتيريا H.Pylori محتوى على تسلسل
- ٢ حامض أميني منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية من
- ٣ ٧٤ - ١٤٦ ، مربوطة عملياً ببولي بيبتيد ليس من بكتيريا H.Pylori .
- ١ ٤٧ - صياغة لقاح للوقاية من الاصابة ببكتيريا H.Pylori أو لمعالجتها محتوية على
- ٢ كمية فعالة من بولي بيبتيد واحد على الاقل من بكتيريا H.Pylori أو على جزء منه
- ٣ وفقاً لاي عنصر من العناصر :
- ٤ ٢٦ ، ٢٧ ، ٢٨ ، ٢٩ ، ٣٠ ، ٣١ ، ٣٢ ، ٣٧ ، ٤٢ ، ٤٣ ، ٤٤ ، ٤٥ .
- ١ ٤٩ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٤٧ ، محتوية ايضاً على ناقل مقبول صيدلانياً .
- ١ ٥٠ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٤٨ - محتوية ايضاً على ناقل مقبول صيدلانياً .
- ١ ٥١ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٤٩ ، حيث يتضمن الناقل المقبول صيدلانياً على
- ٢ مساعد .
- ١ ٥٢ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٠ ، حيث يتضمن الناقل المقبول صيدلانياً على
- ٢ مساعد .

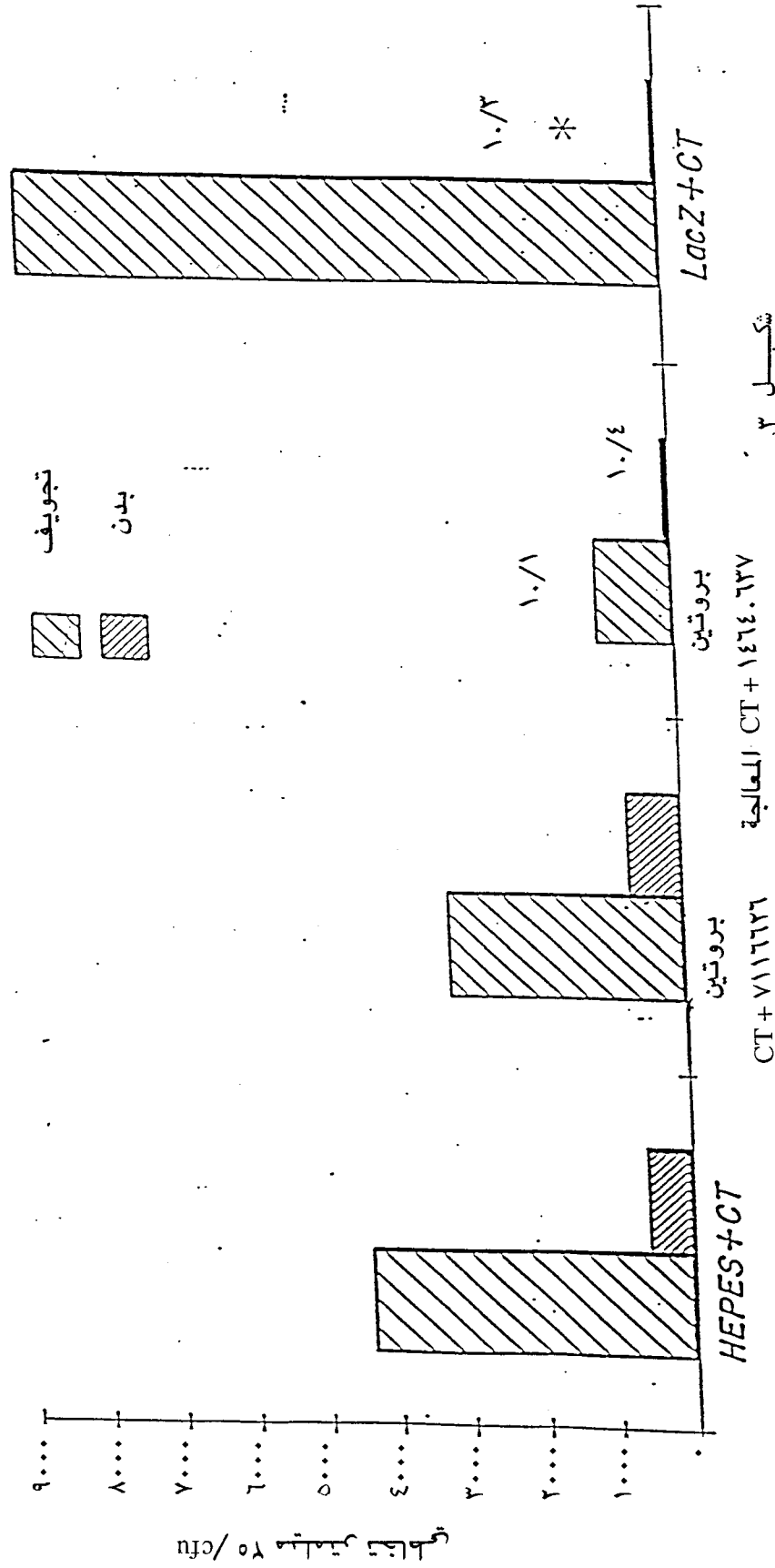
- ١ ٥٣ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٤٩ - حيث يتضمن الناقل المقبول صيدلانياً على نظام
٢ توصيل (توزيع) .
- ١ ٥٤ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٠ ، حيث يتضمن الناقل المقبول صيدلانياً على نظام
٢ توصيل .
- ١ ٥٥ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٣ ، حيث يتضمن نظام التوزيع على ناقل حي .
- ١ ٥٦ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٤ ، حيث يتضمن نظام التوصيل ناقل حي .
- ١ ٥٧ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٥ ، حيث يكون الناقل الحي بكتيريا (جرثومة) أو
٢ فيروس .
- ١ ٥٨ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٦ ، حيث يكون الناقل الحي بكتيريا أو فيروس .
- ١ ٥٩ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٣ ، حيث يتضمن الناقل المقبول صيدلانياً على
٢ مساعد أيضاً .
- ١ ٦٠ - صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٥٤ - حيث يتضمن الناقل المقبول صيدلانياً على
٢ مساعد أيضاً .

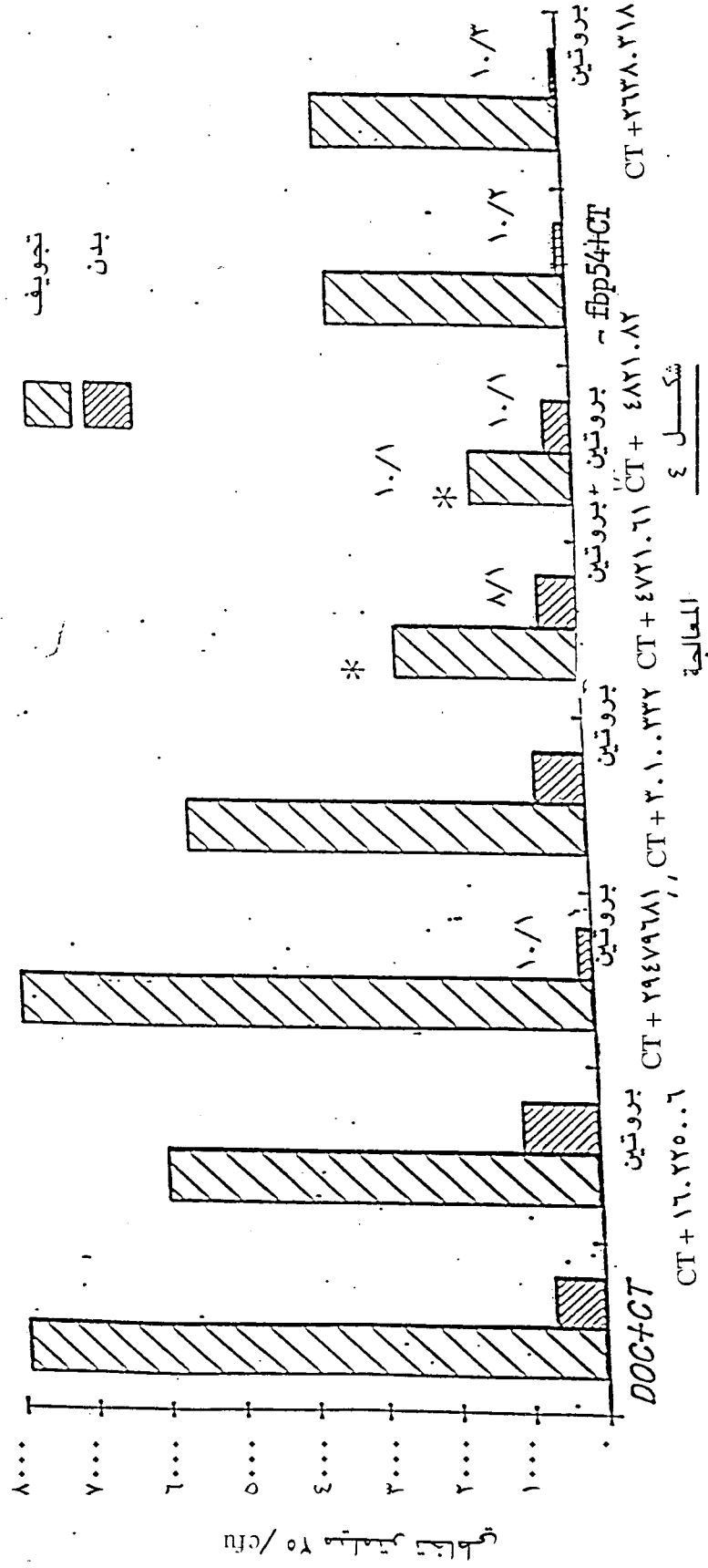
- ١ ٦١ - طريقة لمعالجة أو لتقليل خطر الإصابة ببكتيريا H.Pylori في شخص ، تتضمن
- ٢ اعطاء الشخص صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٤٧ ، بحيث تحدث معالجة أو تقليل خطر
- ٣ الإصابة ببكتيريا H.Pylori .
- ١ ٦٢ - طريقة لمعالجة أو التقليل خطر الإصابة ببكتيريا H.Pylori في شخص ، تتضمن
- ٢ اعطاء الشخص صياغة لقاح وفقاً للعنصر ٤٨ بحيث تحدث معالجة أو تقليل خطر
- ٣ الإصابة ببكتيريا H.Pylori .
- ١ ٦٣ - طريقة لانتاج صياغة لقاح ، تتضمن : دمج بولي بيبتيدي واحد معزول على الاقل
- ٢ من بكتيريا H.Pylori أو جزء منه منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات
- ٣ الارقام المرجعية من ٧٤ إلى ١٤٦ ، مع ناقل مقبول صيدلانياً ليتم بذلك تشكيل صياغة
- ٤ لقاح .
- ١ ٦٤ - طريقة لانتاج صياغة لقاح تتضمن :
- ٢ (أ) توفير بولي بيبتيدي واحد على الاقل معزول ، من بكتيريا H.Pylori أو جزء منه ،
- ٣ منتقى من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية من ٧٤ - ١٤٦ .
- ٤ (ب) دمج البولي بيبتيدي الواحد المذكور من بكتيريا H.Pylori أو جزء منه مع ناقل
- ٥ مقبول صيدلانياً ليتم بذلك تشكيل صياغة لقاح .

- ١ - ٦٥ - طريقة لانتاج صياغة لقاح تتضمن :
- ٢ (أ) زرع خلية تحت ظرف يسمح بتجسيد بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori أو جزء منه
- ٣ منتقاة من المجموعة المكونة من التسلسلات ذوات الارقام المرجعية من ٧٤ - ١٤٦ .
- ٤ (ب) عزل بولي بيبتيدي بكتيريا H.Pylori المذكور عن الخلية المذكورة .
- ٥ (ج) مزج بولي بيبتيدي واحد معزول على الاقل من بكتيريا H.Pylori المذكور أو جزء
- ٦ منه مع ناقل مقبول صيدلانياً ليتم بذلك تشكيل صياغة لقاح .









aa	SeqID#	BLOCK A	BLOCK B	BLOCK C
74		-----MIKRIAC-ILSLSASLALAGEVNGFFMGAGYQQGRYPYNSNY-----		
115		-----MIKRIAC-ILSLSASLALAGEVNGFFMGAGYQQGRYPYNSNY-----		
87		----MKKFFSQSLLAL-IIISMNAVSGMDG--NGVFLGAGYLQQAQMHADIN-----		
116		----MKKFFSQSLLAL-IIISMNAVSGMDG--NGVFLGAGYLQQAQMHADIN-----		
84		----MARULMKKFVALGLLSAVLSSSLAEGIGVYIGTNYQLGQARLNSNIYNTGDCTGS		
		. * . . *	* *	
74		-----SDWRHGN-DLYGLNFKLGFVGFAN-----		KWFGARV
115		-----SDWRHGN-DLYGLNFKLGFVGFAN-----		KWFGARV
87		-----SQKQATNATIEGFDALLGYQFFFE-----		KHFGLRL
116		-----SQKQATNATIEGFDALLGYQFFFE-----		KHFGLRL
84		VVGCPPGLTANKHNPGGTNINWHSKYANGALNGFGLNVGYKKFFQFKSLDMTSKWFGFRV		* * * *
		. * . * . *		
74		YGFLDWFNTSGTEHT-----KTNLLTYGGGGD		
115		YGFLDWFNTSGTEHT-----KTNLLTYGGGGD		
87		YGFFDYAHANSIKLKNPNYNSEAAQVASQILGKQEINRLTNIADPRTFEPNMLTYGGAMD		
116		YGFFDYAHANSIKLKNPNYNSEAAQVASQILGKQEINRLTNIADPRTFEPNMLTYGGAMD		
84		YGLFDYGHADLGKQVY-----APNKIQLDMSVSWGVGSD		
		** * ..		... * *
74		LIVNLIPLDKFAIGLIGGVQLAGNTWMFPYDVNQ-----		
115		LIVNLIPLDKFAIGLIGGVQLAGNTWMFPYDVNQ-----		
87		VMVNVINNGIMSIGAFGGIQLAGNSWLMATPSFEGILVEQAL-----V		
116		VMVNVINNGIMSIGAFGGIQLAGNSWLMATPSFEGILVEQAL-----V		
84		LLADIIDKDNASFGIFGGVAIGGNTWKSSAANYWKEQIIEAKGPDVCTPTYCNP NAPYST		
		.. . * . * * . * * *		
74		----TRFQFLWNLGGRMRVGDRSAFEAGVKFPMVNQG-----		SKDVGLIRYYSWYV
115		----TRFQFLWNLGGRMRVGDRSAFEAGVKFPMVNQG-----		SKDVGLIRYYSWYV
87		SKKATSFQFLFNVGARLRILKHSSIEAGVKFPMLKKNPYIT---AKNLDIGFRVYSWYV		
116		SKKATSFQFLFNVGARLRILKHSSIEAGVKFPMLKKNPYIT---AKNLDIGFRVYSWYV		
84		NTSTVAFQVWLNFGVRANIYKHNGVEFGVRVPLLINKFLSAGPNATNLYYHLKRDYSLYL		
		** * * * . * * * . *		* * * *
74		DYVFTE		
115		DYVFTE		
87		NYVFTE		
116		NYVFTE		
84		GNYNTE		
		* . **		

aaSeqID#

```

83      MRKLFIPLLLFSALEANEKNGFFIEAGFETGLLEGTQTQEKRHHTTKNTYATYNYLPTDT
89      -----
108     MRKLFIPLLLFSALEANEKNGFFIEAGFETGLLEGTQTQEKRHHTTKNTYATYNYLPTDT
118     MRKLFIPLLLFSALEANEKNGFFIEAGFETGLLEGTQTQEKRHHTTKNTYATYNYLPTDT
          *****

83      ILKRAANLFTNAEAI SKLKFSSLS PVRVLYMYNGQ LTIENFLPYNLNNV KLSFTDAQGNV
89      -----
108     ILKRAANLFTNAEAI SKLKFSSLS PVRVLYMYNGQ LTIENFLPYNLNNV KLSFTDAQGNV
118     ILKRAANLFTNAEAI SKLKFSSLS PVRVLYMYNGQ LTIENFLPYNLNNV KLSFTDAQGNV
          *****

83      IDLGVIETIPKHSKIVLPGEAFDSL-----KIDPYTLFLPKIEATSTSI SDANTQ RVFET
89      ----VIETIPKHSKIVLPGEAFDSLKEAFDKIDPYTFFFPKFEATSTSI SDTNTQ RVFET
108     IDLGVIETIPKHSKIVLPGEAFDSLKEAFDKIDPYTLFLPKFEATSTSI SDTNTQ RVFET
118     IDLGVIETIPKHSKIVLPGEAFDSL-----KIDPYTLFLPKIEATSTSI SDANTQ RVFET
          *****

83      LNKIKTNLVVNYRNEN-----KFKDHENHWEAFTPQTAEFTNLMLNMIAVLDS
89      LNNIKTNLIMKYSNENPNNFNTCPYNNNGNTKNDCWQNF TPTAEFTNLMLNMIAVLDS
108     LNNIKTNLIMKYSNENPNNFNTCPYNNNGNTKNDCWQNF TPTAEFTNLMLNMIAVLDS
118     LNKIKTNLVVNYRNEN-----KFKDHENHWEAFTPQTAEFTNLMLNMIAVLDS
          ** *****

83      QSWGDAILNAPFEFTNSPTDCDNDPSKCVNPGTNGLVNSKVDQKYVLNKQDIVNKFKNKA
89      QSWGDAILNAPFEFTNSSTDCSDPSKCVNPGVNGRVDTKVDQQYI LNKQGI INNFRRKKI
108     QSWGDAILNAPFEFTNSSTDCSDPSKCVNPGVNGRVDTKVDQQYI LNKQGI INNFRRKKI
118     QSWGDAILNAPFEFTNSPTDCDNDPSKCVNPGTNGLVNSKVDQKYVLNKQDIVNKFKNKA
          *****

83      DLDVIVLKD SGVVG LGS DITPSNNDGKH YGQLGVVASALDPKKLFGDNLKTINLEDLRT
89      EIDAVVLKNSGVVGLANGYG----NDG-EYGT LGVEAYALDPKKLFGDNLKTINLEDLRT
108     EIDAVVLKNSGVVGLANGYG----NDG-EYGT LGVEAYALDPKKLFGDNLKTINLEDLRT
118     DLDVIVLKD SGVVG LGS DITPSNNDGKH YGQLGVVASALDPKKLFGDNLKTINLEDLRT
          ..* .*** *****

83      ILHEFSHTKGYGHNGNMTYQ RVPVTKDQVEKDSNGKPKDS DGLPYNV C-----
89      ILHEFSHTKGYGHNGNMTYQ RVPVTKDQVEKDSNGKPKDS DGLPYNV C SLYGGSNQPAF
108     ILHEFSHTKGYGHNGNMTYQ RVPVTKDQVEKDSNGKPKDS DGLPYNV C SLYGGSNQPAF
118     ILHEFSHTKGYGHNGNMTYQ RVPVTKDQVEKDSNGKPKDS DGLPYNV C SLYGGSNQPAF
          *****

83      -----
89      PSNYPNSIYHNCADV PAGFLGVTA AVWQQLINQNALPINYANLGSQTNYNLNASLNTQDL
108     PSNYPNSIYHNCADV PAGFLGVTA AVWQQLINQNALPINYANLGSQTNYNLNASLNTQDL
118     PSNYPNSIYHNCADV PAGFLGVTA AVWQQLINQNALPINYANLGSQTNYNLNASLNTQDL
          *****

```

83 -----
89 ANSMLSTIQKTFVTSSVTNHHFSNASQSFRSPILGVNAKIGYQNYFNDFIGLAYYGIIKY
108 ANSMLSTIQKTFVTSSVTNHHFSNASQSFRSPILGVNAKIGYQNYFNDFIGLAYYGIIKY
118 ANSMLSTIQKTFVTSSVTNHHFSNASQSFRSPILGVNAKIGYQNYFNDFIGLAYYGIIKY

83 -----
89 NYAKAVNQKVQQLSYGGGIDLLDFITTYSNKNSPTGIQTKRNFSSSGFIFGGLRGLYNS
108 NYAKAVNQKVQQLSYGGGIDLLDFITTYSNKNSPTGIQTKRNFSSSGFIFGGLRGLYNS
118 NYAKAVNQKVQQLSYGGGIDLLDFITTYSNKNSPTGIQTKRNFSSSGFIFGGLRGLYNS

83 -----
89 YYVLNKVKGSGNLDVATGLNYRYKHSKYSVGISIPLIQRKASVSSGGDYTNFVFNEGA
108 YYVLNKVKGSGNLDVATGLNYRYKHSKYSVGISIPLIQRKASVSSGGDYTNFVFNEGA
118 YYVLNKVKGSGNLDVATGLNYRYKHSKYSVGISIPLIQRKASVSSGGDYTNFVFNEGA

83 -----
89 SHFKVFFNYGGCF
108 SHFKVFFNYGWVF
118 SHFKVFFNYGWVF

Λ / γ

aaSeqID

80 VLKFQKLPLLFSILYNQSPLLAFDYKFSGVAESVSKVGFNHSKLNKEGIFPTATFVTA

112 -----VSYDN-----TDDYYFP-----RNGVIFSSYATMSGLPSSGTLNSW

. * . . * * . * * . * .

BLOCK A

80 TIKLQVDSNLLPKNIEKHSKIGVGGILGALAYDSTKTLIDQATHQIYGSELFYLIGRWW

112 N-----G-----LGGNVRNTKVYGKFAAYHHLQKYLLIDLIAREFK

. * * . * * . * * .

BLOCK B

80 GFLGNAPWKDSLIESDAHTRNYVLVNSYLFYSYGDKFHLKLGRLSNMDFMSSYTQGFEL

112 TQGG-----YIFR-----YNTDDYLPLNSTFYMGVTTVRGFRNG---

* . * * * . * . . . *

BLOCK C

80 DYKINSKIALKWFSFGRALAFGQWIRDWYAPIVTEDGRKEVYDGIHAAQLYFSSKHVQV

112 -----SITPKDEFGLWLG-----G-----DGIFTASTELS-----

* * * . * * * . *

80 MPFAYFSPKIYGAPGVKIHIDSNPKFKGLGLRAQTTINVIFPVYAKDLYDVYWRNSKIGE

112 -----YG-----VLKAAKMRLAWFFDFGFLTFTKTPTRGSFFYN-----

** . * . * . *

BLOCK D

80 WGASLLIHQRFDYNEFNFGFGYYQNFNGNANARIGWYGNPIPFNYRNNSVYGGVFSNAITA

112 --APTTTANFKDYGVVGAGFERATWRASTGLQIEWISPMGPLVL-----

* . * * . * * . *

80 DAVSGYVFGGGVYRGFLWGILGRYTYATRASERSINLNLGYKWGSFARVDVNLEYVVS

112 -----IFPIAFFN-----QWG-----D

* . * * . *

BLOCK E

80 HNGYRLDYLTGPFNKAFKADAQDRSNLMVSMKFFF

112 GNGKKCKGLC--FNPNMNDYTQ---HFEFSMGTRF

** . * * . * * . *

شکلی ۷

Λ / Λ

aa SeqID#

81 MGCSFIFKKVRVYSKMLVALGLSSVLIGCAMNPSAETKKPNDKNQPVQOTHERMTTSSE
130 MKTNGHFKDF-AWKKCFLGASVVALLVGCSPHIIETN-----EVALKLNYPASE
* . ** * . . . * . * . . . * * **

BLOCK A

81 HVTPLDFNYPVHIVQAPQNHVVGILMPRIQVSDN-LKPYIDKFOALINQIQITIFEKRG
130 KVQALDEK-----ILLRPAFQYSDNIAKEYENKFKNQTTLKVEEILQNOG
. * ** . . * * * * * * * * *

BLOCK B

81 YQVLRFAQ--DEKALNVQDKKKIFSVLDLKGWVGILEDLKMNLKDPNSP--NLDTLVDQSS
130 YKVINVDSSDKDDFSFAQKKEGYLAVAMNGEIVLRPDPKRTIQKKSEPGLLFSTGLDKME
* . . . * * * *

BLOCK C

81 -----GSVWFNFYEPESNRVVHDFAVEVGTQAITTYTSTNNASGGFNSSKSVIHENL
130 RVLIPAGFVKVTILEPMSGESLDSFTMDLSELDIQEKFLKTTTHSSHSGG--LVSTMVKG
* * . . . * * . . . * * *

BLOCK D

81 DKNREDAIHKILNRMYAVVMKKAVTBLTKENIAKYRDAIDRMKGFKSSMPQKK
130 D-NSNDAIKSALNKIFASIMOEMDKKLTQRNLESYQKDAKELKNKRNR-----
* * * * * * * * *

BLOCK E

ش ١
Λ