



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2012-0059526
(43) 공개일자 2012년06월08일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
A61K 39/085 (2006.01) A61K 39/116 (2006.01)
C12N 15/62 (2006.01) A61P 37/00 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2012-7005816
(22) 출원일자(국제) 2010년08월03일
심사청구일자 없음
(85) 번역문제출일자 2012년03월05일
(86) 국제출원번호 PCT/EP2010/061314
(87) 국제공개번호 WO 2011/015591
국제공개일자 2011년02월10일
(30) 우선권주장
0913681.3 2009년08월05일 영국(GB)

(71) 출원인
글락소스미스클라인 바이오로지칼즈 에스.에이.
벨기에왕국 릭센사르트 (비-1330) 루 드 린스티
튜트 89
(72) 발명자
카스타오, 쥘리
벨기에왕국 릭센사르트 (비-1330) 루 드 린스티
튜트 89 글락소스미스클라인 바이오로지칼즈 에스.에이.
게르마인, 소피, 마리, 지안네, 발렌타인
벨기에왕국 릭센사르트 (비-1330) 루 드 린스티
튜트 89 글락소스미스클라인 바이오로지칼즈 에스.에이.
길베르트, 메라니
벨기에왕국 릭센사르트 (비-1330) 루 드 린스티
튜트 89 글락소스미스클라인 바이오로지칼즈 에스.에이.
(74) 대리인
남상선

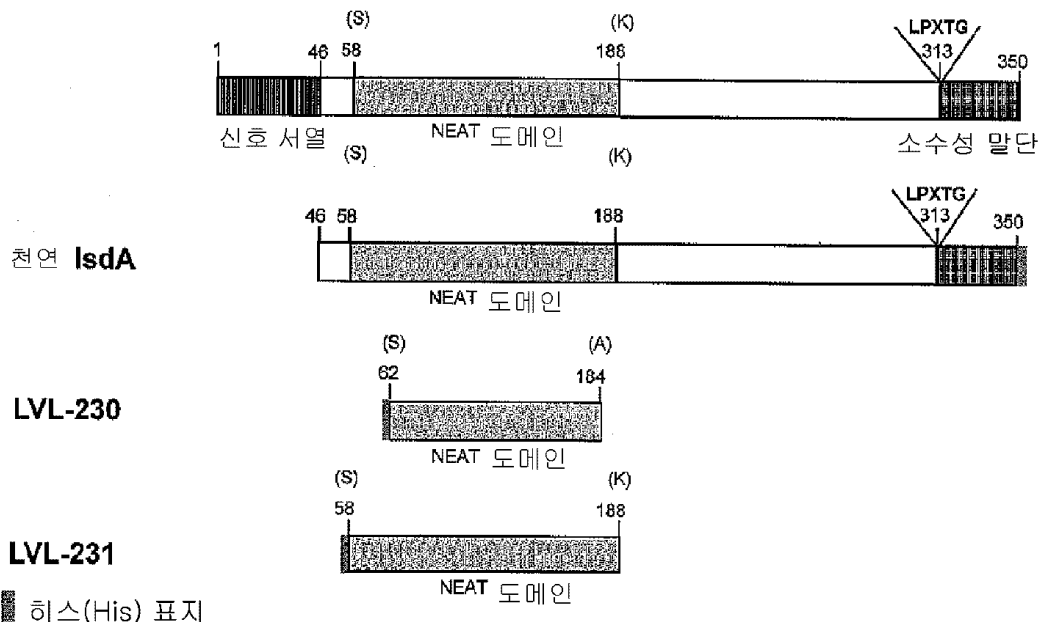
전체 청구항 수 : 총 70 항

(54) 발명의 명칭 항원성 S. 아우레우스 단백질을 포함하는 면역원성 조성물

(57) 요약

본 출원은 NEAT 도메인을 포함하는 IsdA, IsdB, IsdC 또는 IsdH와 같은 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편을 포함하는 면역원성 조성물에 관한 것이다. 첫 번째 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 두 번째 Isd 단백질에서 유래한 NEAT 도메인을 포함하는 융합 단백질, 및 철/헴 흡수 시스템과 관련된 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인, 예컨대 ClfA, ClfB, SdrC, SdrD 또는 SdrE를 포함하는 융합 단백질이 또한 개시되어 있다.

대표도



특허청구의 범위

청구항 1

NEAT 도메인을 포함하는 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 2

제1항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질이 스타필로코쿠스 아우레우스(*Staphylococcus aureus*)에서 유래한 면역원성 조성물.

청구항 3

제1항 또는 제2항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdA, IsdB, IsdH 및 IsdC로 구성된 군으로부터 선택되는 면역원성 조성물.

청구항 4

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdA의 아미노산 58-188인 면역원성 조성물.

청구항 5

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdB의 아미노산 140-269인 면역원성 조성물.

청구항 6

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdB의 아미노산 337-462인 면역원성 조성물.

청구항 7

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdB의 아미노산 140-462이고, 아미노산 269-337이 임의로 제거되거나 대체된 면역원성 조성물.

청구항 8

제6항 또는 제7항에 있어서, IsdB의 N-말단 NEAT 도메인(아미노산 140-269)의 일부 내지 전부가 존재하지 않는 면역원성 조성물.

청구항 9

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdC의 아미노산 23-154 또는 28-154인 면역원성 조성물.

청구항 10

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdH의 아미노산 101-232인 면역원성 조성물.

청구항 11

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdH의 아미노산 341-471인 면역원성 조성물.

청구항 12

제3항에 있어서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 IsdH의 아미노산 539-664인 면역원성 조성물.

청구항 13

제1항 내지 제12항 중 어느 한 항에 있어서, 단편이 SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 17, 18 및 19로 구성된 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 또는 그의 면역원성 단편과 적어도 85% 상동성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 면역원성 조성물.

청구항 14

제1항 내지 제13항 중 어느 한 항에 있어서, 라미닌 수용체, SitC/MntC/살리바(saliva) 결합 단백질, EbhA, EbhB, 엘라스틴 결합 단백질(EbpS), EFB (FIB), SBI, 오토리신, ClfA, SdrC, SdrD, SdrE, SdrG, SdrH, 리파제 GehD, SasA, FnbA, FnbB, Cna, ClfB, FbpA, Npase, IsaA/PisA, SsaA, EPB, SSP-1, SSP-2, 비트로넥틴 결합 단백질, 피브리노겐 결합 단백질, 응고효소, Fig 및 MAP으로 구성된 군으로부터 선택되는 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질 또는 그의 단편을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 15

제14항에 있어서, 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질이 ClfA, ClfB, SdrD, SdrE, SdrG 또는 SdrC 또는 그의 면역원성 단편으로 구성된 군으로부터 선택되는 면역원성 조성물.

청구항 16

제14항에 있어서, 스태필로코쿠스 세포의 결합 성분이 리간드 결합 부위를 포함하는 단편인 면역원성 조성물.

청구항 17

제1항 내지 제16항 중 어느 한 항에 있어서, ClfA의 N23 도메인을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 18

제1항 내지 제17항 중 어느 한 항에 있어서, ClfB의 N23 도메인을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 19

제1항 내지 제18항 중 어느 한 항에 있어서, SdrC의 N23 도메인을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 20

제1항 내지 제19항 중 어느 한 항에 있어서, SdrD의 N23 도메인을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 21

제1항 내지 제20항 중 어느 한 항에 있어서, SdrE의 N23 도메인을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 22

제1항 내지 제21항 중 어느 한 항에 있어서, SdrG의 N23 도메인을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 23

제14항에 있어서, 리간드 결합 부위를 포함하는 단편이 SEQ ID NO: 21, 22, 23, 24, 26, 27, 28, 30, 31, 33, 34, 36, 37, 39, 40, 42, 43, 45 및 46으로 구성된 군으로부터 선택되는 아미노산 서열 또는 그의 면역원성 단편과 적어도 85% 상동성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 면역원성 조성물.

청구항 24

제14항 내지 제23항 중 어느 한 항에 있어서, 스태필로코쿠스 Isd 단백질의 단편이 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질 또는 그의 단편과 공유적으로 연결된 면역원성 조성물.

청구항 25

N23 도메인을 포함하는 ClfB, SdrC, SdrD, SdrE 또는 SdrG의 단편을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 26

제1항 내지 제25항 중 어느 한 항에 있어서, 스태필로코쿠스 항원을 추가로 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 27

제26항에 있어서, 추가의 스태필로코쿠스 항원이 운반 단백질과 임의로 컨쥬게이션된 S. 아우레우스(S.

aureus) 유형 5 및/또는 8 캡슐 당류를 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 28

제26항 내지 제27항 중 어느 한 항에 있어서, 추가의 스타필로코쿠스 항원이 운반 단백질과 임의로 컨쥬게이션된 PNAG를 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 29

제28항에 있어서, PNAG가 50%, 40%, 30%, 20% 또는 10% 미만으로 N-아세틸화된 면역원성 조성물.

청구항 30

제26항 내지 제29항 중 어느 한 항에 있어서, 추가의 스타필로코쿠스 항원이 Isd 단백질 또는 그의 면역원성 단편, 또는 제1항 내지 제24항 중 어느 한 항의 단편인 면역원성 조성물.

청구항 31

제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 있어서, EsxA, EsxB 또는 EsxA 및 EsxB의 조합물을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 32

제31항에 있어서, EsxA 또는 EsxB가 당류 항원에 컨쥬게이션된 면역원성 조성물.

청구항 33

제1항 내지 제32항 중 어느 한 항에 있어서, EsaC 또는 EsaB 항원을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 34

철/헴 흡수 시스템과 관련된 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 스타필로코쿠스 세포외 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인을 포함하는 융합 단백질.

청구항 35

제34항에 있어서, NEAT 도메인이 *S. 아우레우스*(*S. aureus*) Isd 단백질에서 유래되고, IsdA, IsdB, IsdC 및 IsdH로 구성된 군에서 임의로 선택되는 융합 단백질.

청구항 36

제34항 또는 제35항에 있어서, 리간드 결합 도메인이 *S. 아우레우스*(*S. aureus*) 단백질에서 유래되고, ClfA, ClfB, SdrC, SdrD 및 SdrE로 구성된 군으로부터 임의로 선택되는 융합 단백질.

청구항 37

제36항에 있어서, 리간드 결합 도메인이 ClfA, ClfB, SdrC, SdrD 또는 SdrE의 N23 도메인으로 구성되는 융합 단백질.

청구항 38

제36항에 있어서, 리간드 결합 도메인이 ClfA, ClfB, SdrC, SdrD 또는 SdrE의 N123 도메인으로 구성되는 융합 단백질.

청구항 39

제34항 또는 제35항에 있어서, 리간드 결합 도메인이 *S. 에피더미디스*(*S. epidermidis*) 단백질에서 유래되고, 임의로 SdrG에서 유래되는 융합 단백질.

청구항 40

제39항에 있어서, 리간드 결합 도메인이 SdrG의 N23 도메인으로 구성되는 융합 단백질.

청구항 41

제39항에 있어서, 리간드 결합 도메인이 SdrG의 N123 도메인으로 구성되는 융합 단백질.

청구항 42

제34항 내지 제41항 중 어느 한 항에 있어서, SEQ ID NO: 47-97로 구성된 군으로부터 선택되는 아미노산 서열과 적어도 85% 상동성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 융합 단백질.

청구항 43

첫 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 두 번째 Isd 단백질에서 유래된 NEAT 도메인을 포함하는 융합 단백질.

청구항 44

제43항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdA인 융합 단백질.

청구항 45

제43항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdB인 융합 단백질.

청구항 46

제45항에 있어서, IsdB에서 유래된 NEAT 도메인이 (IsdB의 아미노산 337-462를 임의로 포함하는) C 말단 NEAT 도메인인 융합 단백질.

청구항 47

제46항에 있어서, IsdB의 N-말단 NEAT 도메인(아미노산 140-269)의 일부 내지 전부가 융합 단백질 내에 존재하지 않는 융합 단백질.

청구항 48

제43항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdC인 융합 단백질.

청구항 49

제43항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdH인 융합 단백질.

청구항 50

제43항 또는 제45항 내지 제49항 중 어느 한 항에 있어서, 두 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdA인 융합 단백질.

청구항 51

제43항, 제44항, 제48항 또는 제49항 중 어느 한 항에 있어서, 두 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdB인 융합 단백질.

청구항 52

제51항에 있어서, 두 번째 Isd 단백질이 IsdB의 C-말단 NEAT 도메인인 융합 단백질.

청구항 53

제51항 또는 제52항에 있어서, IsdB의 N-말단 NEAT 도메인(아미노산 140-269)의 일부 내지 전부가 융합 단백질 내에 존재하지 않는 융합 단백질.

청구항 54

제43항 내지 제47항 또는 제49항 중 어느 한 항에 있어서, 두 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdC인 융합 단백질.

청구항 55

제43항 내지 제48항 중 어느 한 항에 있어서, 두 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 IsdH인 융합 단백질.

청구항 56

제43항 내지 제55항 중 어느 한 항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 두 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질의 N-말단에 존재하는 융합 단백질.

청구항 57

제43항 내지 제55항 중 어느 한 항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질이 두 번째 스태필로코쿠스 Isd 단백질의 C-말단에 존재하는 융합 단백질.

청구항 58

제43항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, SEQ ID NO: 47-97로 구성된 군으로부터 선택되는 아미노산 서열과 적어도 85% 상동성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 융합 단백질.

청구항 59

첫 번째 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인 및 두 번째 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인을 포함하는 융합 단백질.

청구항 60

제58항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질이 SdrC, SdrD, SdrE, SdrG, ClfA 및 ClfB로 구성된 군으로부터 선택되는 융합 단백질.

청구항 61

제58항 또는 제59항에 있어서, 두 번째 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질이 SdrC, SdrD, SdrE, SdrG, ClfA 및 ClfB로 구성된 군으로부터 선택되는 융합 단백질.

청구항 62

제58항 내지 제60항 중 어느 한 항에 있어서, 첫 번째 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인이 N2N3 도메인으로 구성되는 융합 단백질.

청구항 63

제58항 내지 제61항 중 어느 한 항에 있어서, 두 번째 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인이 N2N3 도메인으로 구성되는 융합 단백질.

청구항 64

스태필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인을 엔코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열 및 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인을 엔코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열을 포함하는 폴리뉴클레오티드.

청구항 65

제63항에 있어서, SEQ ID NO: 47-82로 구성된 군으로부터 선택되는 폴리펩티드 서열과 적어도 85% 상동성을 갖는 서열을 엔코딩하는 폴리뉴클레오티드.

청구항 66

제1항 내지 제33항 중 어느 한 항의 면역원성 조성물, 제34항 내지 제62항 중 어느 한 항의 융합 단백질 또는 제63항 내지 제64항 중 어느 한 항의 폴리뉴클레오티드, 및 약학적으로 허용되는 부형제를 포함하는 백신.

청구항 67

약학적으로 허용되는 부형제를 제1항 내지 제33항 중 어느 한 항의 면역원성 조성물, 제34항 내지 제62항 중

어느 한 항의 융합 단백질 또는 제63항 내지 제64항 중 어느 한 항의 폴리뉴클레오티드에 첨가하는 단계를 포함하는 제65항의 백신을 제조하는 방법.

청구항 68

스테필로코쿠스 감염 또는 질병의 치료 또는 예방에 이용하기 위한 제1항 내지 제33항 중 어느 한 항에 따른 면역원성 조성물.

청구항 69

스테필로코쿠스 질병의 치료 또는 예방을 위한 약제의 제조에서 제1항 내지 제33항 중 어느 한 항의 면역원성 조성물 또는 제34항 내지 제62항 중 어느 한 항의 융합 단백질 또는 제63항 내지 제64항 중 어느 한 항의 폴리뉴클레오티드의 용도.

청구항 70

제1항 내지 제33항 중 어느 한 항의 면역원성 조성물, 제34항 내지 제62항 중 어느 한 항의 융합 단백질 또는 제63항 내지 제64항 중 어느 한 항의 폴리뉴클레오티드를 스테필로코쿠스 질병의 치료 또는 예방을 필요로 하는 환자에게 투여하는 것을 포함하는 스테필로코쿠스 질병을 치료 또는 예방하는 방법.

명세서

기술분야

[0001] 본 발명은 스테필로코쿠스 단백질 항원, 이들을 엔코딩하는 핵산 및 그러한 단백질 또는 핵산을 포함하는 면역원성 조성물 및 백신의 분야에 관한 것이다. 본 발명은 또한 그러한 조성물의 생산 방법 및 의약에서 이들의 용도에 관한 것이다.

배경기술

[0002] 철은 거의 모든 유기체 그리고 박테리아 감염에 필수 영양소이고, 박테리아 성장을 제한하기 위한 숙주 방어 기작에 의해 격리된다. 숙주의 철분 제한에 맞서기 위하여, 박테리아 병원균은 숙주의 소스로부터 철분을 얻기 위한 다수의 획득 시스템을 진화시켜 왔다. 헴(Haem)은 인체에서 가장 주요한 형태의 철로, 전체 철의 거의 75%를 나타낸다.

[0003] Isd(철에 의해 조절되는 표면 결정인자) 시스템은 스테필로코쿠스에서 일차적인 헴 획득 경로로 확인되었다. 네 개의 벽 부착 단백질, IsdA (Mazmanian 등 2002, PNAS 99; 2293), IsdB (Mazmanian 등 2002, PNAS 99; 2293), IsdC (WO 06/59247호), 및 IsdH 또는 HarA (Dryla 등 Molec.Microbiol. 2003, 49; 37-53)가 헴의 수용체로서 작용하는 것으로 제시된다.

[0004] Isd 단백질은 스테필로코쿠스 백신으로 사용되는 백신 후보로 제시되어 왔다(WO 01/98499호, WO 02/59148호, WO 03/11899호 및 WO 06/59247호).

[0005] S. 아우레우스(S. aureus) 감염은 항생제, 선택적 약물인 페니실린으로 치료되는 반면, 메티실린 내성체에는 반코마이신이 사용된다. 1980년대 이후로 항생제에 대하여 광범위한 내성을 나타내는 스테필로코쿠스 균주의 비율이 점차 우세해져(Panlilo 등 1992, Infect. Control. Hosp. Epidemiol. 13; 582), 효율적인 항균 요법에 대한 위협이 되어 왔다. 게다가, 반코마이신 내성 S. 아우레우스(S. aureus) 균주의 최근 출현은 가능한 효과적 치료법이 없는 메티실린 내성 S. 아우레우스(S. aureus) 균주가 나타나 확산될 것이라는 공포를 일으켜 왔다.

[0006] 수동 면역요법에서 스테필로코쿠스 항원에 대한 항체 이용의 대안적 접근법이 연구되어 왔다. 다클론 항혈청의 투여와 관련된 치료법이 개발 중에 있다(WO 00/15238호, WO 00/12132호).

발명의 내용

해결하려는 과제

[0007] 스테필로코쿠스 질병에 대해 보호하는 백신을 개발할 필요가 있다. S. 아우레우스(S. aureus) 캡슐 다당류 킨주게이트를 이용한 접근은 규제 승인 달성에 실패해 왔고(WO 03/61558호), 추가의 스테필로코쿠스 성분을

포함하는 더 복잡한 백신이 효과적인 보호에 필요할 수 있다.

과제의 해결 수단

- [0008] 따라서, NEAT 도메인을 포함하고 철/헴 흡수 시스템과 관련된 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편을 포함하는 면역원성 조성물이 제공된다.
- [0009] 본 발명의 추가 양태에서, 리간드 결합 도메인 (예컨대, N23 도메인)을 포함하는 스타필로코쿠스 Sdr 패밀리 구성원(예컨대, SdrC, SdrD, SdrE, SdrG, ClfA 또는 ClfB)의 단편을 포함하는 면역원성 조성물이 제공된다.
- [0010] 본 발명의 추가 양태에서, 철/헴 흡수 시스템과 관련된 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인(예컨대 N23 도메인)을 포함하는 융합 단백질이 제공된다.
- [0011] 본 발명의 추가 양태에서, 첫 번째 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 두 번째 Isd 단백질에서 유래된 NEAT 도메인을 포함하는 융합 단백질이 제공된다.
- [0012] 본 발명의 추가 양태에서, 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인을 엔코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열 및 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인을 엔코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열을 포함하는 폴리뉴클레오티드가 제공된다.
- [0013] 본 발명의 추가 양태에서, 본 발명의 면역원성 조성물, 융합 단백질 또는 폴리뉴클레오티드 및 약학적으로 허용되는 부형제를 포함하는 백신이 제공된다.
- [0014] 본 발명의 추가 양태에서, 약학적으로 허용되는 부형제를 본 발명의 면역원성 조성물, 융합 단백질 또는 폴리뉴클레오티드에 첨가하는 단계를 포함하는 본 발명의 백신 제조 방법이 제공된다.
- [0015] 본 발명의 추가 양태에서, 스타필로코쿠스 감염 또는 질병의 치료 또는 예방에 이용하기 위한 본 발명의 면역원성 조성물이 제공된다.
- [0016] 본 발명의 추가 양태에서, 스타필로코쿠스 질병의 치료 또는 예방을 위한 약제의 제조에서 본 발명의 면역원성 조성물 또는 융합 단백질 또는 폴리뉴클레오티드의 용도가 제공된다.
- [0017] 본 발명의 추가 양태에서, 본 발명의 면역원성 조성물, 융합 단백질 또는 폴리뉴클레오티드를 이를 필요로 하는 환자에게 투여하는 것을 포함하는 스타필로코쿠스 질병의 치료 또는 예방 방법이 제공된다.

발명의 효과

- [0018] 본원에 기술된 모든 단편은 적어도 한 가지 그람 양성 박테리아, 예컨대 S. 아우레우스(*S. aureus*) 또는 S. 에피더미디스(*S. epidermidis*)에 대하여 특정한 면역 반응을 발생시킬 가능성이 있을 수 있는 면역원성 단편이다. 이들은 예컨대 적어도 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 또는 100 아미노산을 포함한다.

도면의 간단한 설명

- [0019] **도 1** 천연의(native) IsdA 및 IsdA의 NEAT 도메인 단편의 구조를 나타내는 도식.
- 도 2** 천연의 IsdB 및 IsdB의 단편을 나타내는 도식. GGS는 아미노산 서열 글리신, 글리신, 세린을 나타낸다.
- 도 3** IsdA/IsdB 융합 단백질의 도식. GGS는 아미노산 서열 글리신, 글리신, 세린을 나타내고 IsdH 링커는 SEQ ID NO: 98의 서열을 나타낸다.
- 도 4** 마우스를 천연의 단백질, 단편 및 융합 단백질로 면역시킨 후 항-IsdA 면역 반응의 수준을 측정한 ELISA 분석 결과를 나타낸 막대그래프.
- 도 5** 마우스를 천연의 단백질, 단편 및 융합 단백질로 면역시킨 후 항-IsdB 면역 반응의 수준을 측정한 ELISA 분석 결과를 나타낸 막대그래프.
- 도 6** 천연의 단백질, 단편 및 융합체의 세가지로 접종한 후의 푸울링된 마우스 혈청에서 발생한 면역반응을 측정한 옵소닌 식작용(opsonophagocytosis) 분석 결과를 나타낸 막대 그래프.
- 도 7** ClfA로 코팅된 플레이트에 대한 피브리노겐 부착을 측정한 부착 분석의 결과를 나타낸 그래프. 다이아몬드로 표시된 선은 피브리노겐이 ClfA N123 474 돌연변이체에 결합한 것을 나타내고, 사각형으로 표시된 선

은 피브리노겐이 야생형 ClfA N123에 결합한 것을 나타낸다.

도 8 피브리노겐으로 코팅된 플레이트에 대한 ClfA 부착을 측정한 부착 분석의 결과를 나타낸 그래프. 어두운 다이아몬드로 표시된 선은 야생형 N123 ClfA가 피브리노겐에 결합한 것을 나타내고, 밝은 다이아몬드로 표시된 선은 474 돌연변이체 ClfA N123가 피브리노겐에 결합한 것을 나타내고, 사각형으로 표시된 선은 네거티브 대조군을 나타낸다.

도 9 피브리노겐의 N123 ClfA 코팅된 플레이트에 대한 결합을 저해하는 야생형 또는 474 돌연변이체 ClfA N123에 대해 발생된 항체의 능력을 나타낸 그래프.

도10 S. 아우레우스(*S. aureus*) 박테리아의 N123 ClfA로 코팅된 플레이트에 대한 결합을 저해하는 야생형 및 474 돌연변이체 ClfA에 대해 발생한 항체의 능력을 나타낸 그래프.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0020] 본 발명은 NEAT 도메인을 포함하는 철/헴 흡수 시스템과 관련된 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편을 포함하는 면역원성 조성물을 개시한다.
- [0021] 본원에 기술된 모든 단편은 적어도 한 가지 그람 양성 박테리아, 예컨대 S. 아우레우스(*S. aureus*) 또는 S. 에피더미디스(*S. epidermidis*)에 대하여 특정한 면역 반응을 발생시킬 가능성이 있을 수 있는 면역원성 단편이다. 이들은 예컨대 적어도 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 또는 100 아미노산을 포함한다.
- [0022] 스타필로코쿠스 Isd 단백질은 임의의 스타필로코쿠스 박테리아, 예컨대 스타필로코쿠스 아우레우스(*Staphylococcus aureus*) 또는 응고효소 네거티브 스타필로코쿠스, 예컨대 스타필로코쿠스 에피더미디스(*Staphylococcus epidermidis*)에서 유래될 수 있다.
- [0023] Isd(철에 의해 조절되는 표면 결합인자) 단백질은 철의 획득과 관련된 단백질 군에 속하고, IsdA, IsdB, IsdC, IsdH (또는 HarA), IsdD, IsdE, IsdF, IsdG 및 IsdI를 포함한다.
- [0024] 본 발명의 면역원성 조성물은 NEAT 도메인을 포함하는 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편을 포함한다(Grigg 등 Molecular Biology 2007, 63; 139-149). 이러한 도메인의 길이는 대략 125개 아미노산이고 NEAr 철 운반 단백질 엔코딩 유전자 염색체 위치 때문에 명명된다. 한 개 내지 다섯 개 사이의 NEAT 도메인이 세포벽 부착 모티프로 종결되는 몇몇 단백질에서 발견된다. IsdA 및 IsdC는 하나의 NEAT 도메인을 포함하고, IsdB는 2개의 NEAT 도메인을 포함하며(둘 중 하나 또는 둘 모두는 본 발명의 면역원성 조성물에 포함될 수 있다), IsdH는 3 NEAT 도메인을 포함한다(이들 모두가 본 발명의 면역원성 조성물에 포함될 수 있다). 구체예에서, NEAT 도메인은 완전한 NEAT 도메인 또는 적어도 100, 110, 115, 120, 122, 123, 124, 125, 130, 135 또는 140개 아미노산을 포함하는 완전한 NEAT 도메인이다. 단편은 예컨대, ELISA 또는 혈청 살균 분석법과 같은 분석법에서 또는 스타필로코쿠스 감염, 예컨대 S. 아우레우스(*S. aureus*)의 챌린지에 대한 보호를 나타내는 분석법에서 측정되는 바와 같이 항-스타필로코쿠스 면역 반응을 발생시킬 수 있는 면역원성 단편이다.
- [0025] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 40, 45, 50, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63 또는 64에서 시작하여 아미노산 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189 또는 190, 195 또는 200으로 이어지는 IsdA의 NEAT 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서, IsdA NEAT 도메인은 IsdA의 아미노산 58-188, 59-187, 60-186, 61-185 또는 62-184이고, SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4 또는 5와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 폴리펩티드 서열을 임의로 갖는다. 명세서 전체에 걸쳐서, IsdA 단편의 개시점과 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 1에 대한 것이다.
- [0026] 본 발명의 면역원성 조성물은 IsdB의 한 개 또는 두 개의 NEAT 도메인을 임의로 포함한다. IsdB의 첫 번째 NEAT 도메인은 아미노산 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145 또는 146에서 시작하여 IsdB의 아미노산 263, 264, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 271, 또는 272까지 이어지며, SEQ ID NO: 6, 7, 또는 8의 폴리펩티드 서열을 임의로 갖는다. IsdB의 두 번째 NEAT 도메인은 아미노산 334, 335, 336, 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343 또는 344에서 시작하여 IsdB의 아미노산 458, 459, 460, 461, 462, 463, 464, 465 또는 466으로 이어지며, SEQ ID NO: 6, 9 또는 10의 폴리펩티드 서열을 임의로 갖는다. 구체예에서, IsdB NEAT 도메인은 IsdB의 아미노산 138-271, 140-169, 142-267, 335-464, 337-462 또는 339-460이다. 한 예에서 IsdB NEAT 도메인 단편은 아미노산 138-464, 140-462 또는 142-464에서 유래한다.
- [0027] 두 개의 IsdB NEAT 도메인을 포함하는 구체예에서, 두 NEAT 도메인 사이의 아미노산은 보유되거나 제거되고, 또는 펩티드 결합 또는 어떤 다른 공유 결합 또는 2, 4, 6, 8, 10, 20, 50, 100 또는 200개 이상의 아미노산

을 포함하는 펩티드 사슬로 구성되는 링커 x로 대체된다. 구체예에서, 링커 x는 글리신-글리신-세린(GGS)과 같은 트리펩티드를 포함한다. 추가 예에서, 링커 x는 SEQ ID NO: 98을 포함한다. 구체예에서, 아미노산 267-339, 269-341 또는 271-343이 제거되고 임의로 링커 x와 대체된다. 한 예에서 본 발명의 면역원성 조성물은 두 개의 IsdB NEAT 도메인을 포함하고 단편은 아미노산 42-486, 42-462, 42-461, 82-486, 82-462 또는 82-461에서 유래한다.

[0028] IsdB NEAT 도메인은 SEQ ID NO: 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 또는 86과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열 또는 WO 05/09379호에 개시된 서열을 임의로 포함한다. 명세서 전체에 걸쳐서, IsdB 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 6에 대한 것이다.

[0029] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29 또는 30에서 시작하여 아미노산 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157 또는 158로 이어지는 IsdC의 NEAT 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 IsdC NEAT 도메인은 IsdC의 아미노산 21-156, 22-155, 23-154, 28-154, 24-153 또는 25-152 이고, 임의로 SEQ ID NO: 14의 폴리펩티드 서열을 갖는다. IsdC NEAT 도메인은 SEQ ID NO: 14 또는 15와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 명세서 전체에 걸쳐서, IsdC 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 14에 대한 것이다.

[0030] 본 발명의 면역원성 조성물은 한 개, 두 개 또는 세 개의 IsdH NEAT 도메인을 임의로 포함한다. IsdH의 첫 번째 NEAT 도메인은 아미노산 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104 또는 105에서 시작하여 IsdH의 아미노산 228, 229, 230, 231, 232, 233, 234, 235, 236, 237 또는 238로 이어진다. IsdH의 두 번째 NEAT 도메인은 아미노산 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344 또는 345에서 시작하여 IsdH의 아미노산 466, 467, 468, 469, 470, 471, 472, 473, 474 또는 475로 이어진다. IsdH의 세 번째 NEAT 도메인은 아미노산 535, 536, 537, 538, 539, 540, 541, 542, 543, 544 또는 545에서 시작하여 IsdH의 아미노산 660, 661, 662, 663, 664, 665, 666, 667, 668, 669 또는 670로 이어진다. 각 경우에서 IsdH는 SEQ ID NO: 16의 폴리펩티드 서열을 임의로 포함한다. 한 예에서 IsdH NEAT 도메인은 IsdH의 아미노산 99-234, 100-233, 101-232, 102-231, 103-230, 339-473, 342-470, 341-471, 342-470, 343-469, 537-666, 538-665, 539-664, 540-663 또는 538-662이다. 구체예에서, IsdH NEAT 도메인 단편은 아미노산 99-473, 101-471, 103-469, 99-666, 101-664, 103-662, 339-666, 341-664 또는 343-662에서 유래하고, 임의로 두 개 또는 세 개의 NEAT 도메인 사이에 아미노산을 지니며 이는 제거되거나 및/또는 펩티드 결합 또는 어떤 다른 공유 결합 또는 2, 4, 6, 8, 10, 20, 50, 100 또는 200 개 이상의 아미노산을 포함하는 펩티드 사슬로 구성된 링커 x로 대체된다. 구체예에서, 링커 x는 글리신-글리신-세린(GGS)과 같은 트리펩티드를 포함한다. 추가 예에서, 링커 x는 SEQ ID NO: 98을 포함한다. 예를 들어, 아미노산 230-343, 232-341, 234-339, 469-541, 471-539 또는 473-537은 제거된다. IsdH NEAT 도메인은 SEQ ID NO: 16, 17, 18 또는 19와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 명세서 전체에 걸쳐서, IsdH 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 16에 대한 것이다.

[0031] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 NEAT 도메인을 포함하는 Isd 단백질(들)의 2, 3, 4, 5 또는 6개 단편을 포함한다. 예를 들어 IsdA 및 1개의 IsdB NEAT 도메인; IsdA 및 2개의 IsdB NEAT 도메인; IsdA 및 IsdC NEAT 도메인, IsdA 및 1개의 IsdH NEAT 도메인; IsdA 및 2개의 IsdH NEAT 도메인; IsdA 및 3개의 IsdH NEAT 도메인; 1개의 IsdB 및 IsdC NEAT 도메인, 2개의 IsdB 및 IsdC NEAT 도메인; 1개의 IsdB 및 1개의 IsdH NEAT 도메인; 2개의 IsdB 및 1개의 IsdH NEAT 도메인; 1개의 IsdB 및 2개의 IsdH NEAT 도메인; 2개의 IsdB 및 2개의 IsdH NEAT 도메인; 1개의 IsdB 및 3개의 IsdH NEAT 도메인; 2개의 IsdB 및 3개의 IsdH NEAT 도메인; IsdC 및 1개의 IsdH NEAT 도메인; IsdC 및 2개의 IsdH NEAT 도메인; IsdC 및 3개의 IsdH NEAT 도메인; IsdA, 1개의 IsdB 및 IsdC NEAT 도메인; IsdA, 2개의 IsdB 및 IsdC NEAT 도메인; IsdA, IsdC 및 1개의 IsdH NEAT 도메인; IsdA, IsdC 및 2개의 IsdH NEAT 도메인; IsdA, IsdC 및 3개의 IsdH NEAT 도메인; IsdB, IsdC 및 IsdH 도메인; IsdA, IsdB 및 IsdH NEAT 도메인 또는 IsdA, IsdB, IsdC 및 IsdH NEAT 도메인을 포함하는 단편.

[0032] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 라미닌 수용체, SitC/MntC/살리바(saliva) 결합 단백질, EhbA, EhbB, 엘라스틴 결합 단백질(EbpS), EFB(FIB), SBI, 오토리신(autolysin), ClfA, SdrC, SdrD, SdrE, SdrG, SdrH, 단백질 A, 리파제 GehD, SasA, FnbA, FnbB, Cna, ClfB, FbpA, Npase, IsaA/PisA, SsaA, EPB, SSP-1, SSP-2, 비트로넥틴 결합 단백질, 피브리노겐 결합 단백질, 응고효소(coagulase), Fig 및 MAP로 구성되는 군으로부터 선택되는 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질 또는 그의 단편(WO 06/32475호, WO 06/32472호, WO 06/32500호)을 포함한다.

[0033] 구체예에서, 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질은 ClfA, ClfB, SdrD, SdrE, SdrG 또는 SdrC, 또는 그의

면역원성 단편으로 구성된 군으로부터 선택된다. 단백질이 ClfA일 때, 야생형 또는 잔기 Y474, D321, P336 및/또는 Y338에 돌연변이를 포함하는 ClfA가 이용될 수 있다. Y474는 다른 아미노산, 예컨대 히스티딘으로 치환될 수 있다. D321은 다른 아미노산, 예컨대 티로신으로 치환될 수 있다. P336은 다른 아미노산, 예컨대 세린으로 치환될 수 있다. Y338은 다른 아미노산, 예컨대 알라닌으로 치환될 수 있다.

- [0034] 본원에 기술된 모든 단편은 임의로 면역원성 단편이다. 면역원성 단편은 면역 반응, 임의로 스타필로코쿠스, 임의로 *S. 아우레우스*(*S. aureus*) 균주에 대한 보호적 면역 반응을 발생시킬 수 있다. 면역원성 단편은 적어도 10, 20, 30, 40, 50, 70 또는 100개의 인접 아미노산을 포함한다.
- [0035] 구체예에서, 스타필로코쿠스 세포의 결합 성분은 리간드 결합 부위를 포함하는 면역원성 단편이다.
- [0036] 리간드 결합 부위는 세포의 성분, 예컨대 피브리노겐에 결합하는 도메인이다. ClfA, ClfB, SdrC, SdrD, SdrE 및 SdrG 의 리간드 결합 부위(A 부위)는 폴리펩티드의 N-말단 절반에 있다(McCrea 등 Microbiology 2000, 146; 1535-1546). 그것은 길이가 200-600개 아미노산 사이이고 N1, N2 및 N3 도메인을 포함한다(Clarke 및 Foster 2006 Advances in Microbial Physiology 51; 187-224; Perkins 등 2001 J. Biol. Chem. 276; 44721-44728).
- [0037] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44 또는 45에서 시작하여 아미노산 214, 215, 216, 217, 218, 219, 220, 221 또는 222로 이어지는 ClfA의 N1 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 ClfA N1 도메인은 ClfA의 아미노산 38-219, 39-218, 40-217, 41-216 또는 42-215이고, SEQ ID NO: 20의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. ClfA NEAT 도메인은 SEQ ID NO: 21, 22, 23 또는 24와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 본 명세서 전체에 걸쳐서, ClfA 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 20에 대한 것이다.
- [0038] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 또는 55 에서 시작하여 아미노산 266, 267, 268, 269, 270, 271, 272, 273 또는 274로 이어지는 ClfB의 N1 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 ClfB N1 도메인은 ClfB의 아미노산 53-272, 52-272, 51-272, 50-272 또는 51-272이고, SEQ ID NO: 25의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. ClfB NEAT 도메인은 SEQ ID NO: 26, 27 또는 28과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 본 명세서 전체에 걸쳐서, ClfB 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 25에 대한 것이다.
- [0039] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 또는 55에서 시작하여 아미노산 260, 261, 262, 263, 264, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 271, 272, 273 또는 274로 이어지는 SdrG의 N1 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrG N1 도메인은 SdrG의 아미노산 53-261, 52-267, 52-261 또는 53-267 이고, SEQ ID NO: 41 또는 44의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrG N1 도메인은 SEQ ID NO: 41, 42, 44 또는 45와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 본 명세서 전체에 걸쳐서, SdrG 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 *S. 아우레우스*(*S. aureus*)와 관련된 SEQ ID NO: 41 및 *S. 에피더미디스*(*S. epidermidis*)와 관련된 SEQ ID NO: 44에 대한 것이다.
- [0040] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56 또는 57 에서 시작하여 아미노산 228, 229, 230, 231, 232, 233, 234, 235 또는 236로 이어지는 SdrD의 N1 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrD N1 도메인은 SdrD의 아미노산 55-233, 54-233, 53-233, 52-233 또는 51-233이고, SEQ ID NO: 35의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrD N1 도메인은 SEQ ID NO: 35 또는 36과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 본 명세서 전체에 걸쳐서, SdrD 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 35에 대한 것이다.
- [0041] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56 또는 57 에서 시작하여 아미노산 257, 258, 259, 260, 261, 262, 263, 264 또는 265로 이어지는 SdrE의 N1 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrE N1 도메인은 SdrE의 아미노산 55-261, 54-261, 53-261, 52-261 또는 51-261이고, SEQ ID NO: 38 또는 39의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrE N1 도메인은 SEQ ID NO: 38 또는 39와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 본 명세서 전체에 걸쳐서, SdrE 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 38에 대한 것이다.
- [0042] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56 또는 57에서 시작하여 아미노산 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179 또는 180으로 이어지는 SdrC의 N1 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrC N1 도메인은 SdrC의 아미노산 51-174, 51-175, 51-176, 51-177 또는 51-178이고, SEQ

ID NO: 29 또는 32의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrC N1 도메인은 SEQ ID NO: 29, 30, 32 또는 33과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다. 본 명세서 전체에 걸쳐서, SdrC 단편의 개시점 및 종결점과 관련된 아미노산 번호는 SEQ ID NO: 29에 대한 것이다.

[0043] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 214, 215, 216, 217, 218, 219, 220, 221 또는 222에서 시작하여 아미노산 554, 555, 556, 557, 558, 559 또는 560로 이어지는 ClfA의 N23 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 ClfA N23 도메인은 ClfA의 아미노산 214-559, 215-559, 216-559, 216-558 또는 216-557이고, SEQ ID NO: 20의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. ClfA N23 도메인은 SEQ ID NO: 20, 21, 22, 23 또는 24와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다.

[0044] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 193, 194, 195, 196, 197, 198, 199 또는 200에서 시작하여 아미노산 538, 539, 540, 541, 542, 543, 544 또는 545로 이어지는 ClfB의 N23 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 ClfB N23 도메인은 ClfB의 아미노산 197-538, 197-539, 197-540, 197-541 또는 197-542이고, SEQ ID NO: 25의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. ClfB N23 도메인은 SEQ ID NO: 25, 26, 27 또는 28과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다.

[0045] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 261, 262, 263, 264, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 271, 272, 273, 274, 275 또는 276에서 시작하여 아미노산 524, 525, 526, 527, 528, 529, 530로 이어지는 SdrG의 N23 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrG N23 도메인은 SdrG의 아미노산 267-526, 268-526, 262-528, 268-527 또는 268-525이고, SEQ ID NO: 41 또는 44의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrG N23 도메인은 SEQ ID NO: 41, 42, 43, 44, 45 또는 46과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다.

[0046] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 230, 231, 232, 233, 234, 235, 236, 237 또는 238에서 시작하여 아미노산 564, 565, 566, 567, 568, 569, 570, 571 또는 572로 이어지는 SdrD의 N23 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrD N23 도메인은 SdrD의 아미노산 234-566, 234-567, 234-568, 234-569 또는 234-570이고, SEQ ID NO: 35의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrD N23 도메인은 SEQ ID NO: 35, 36 또는 37과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다.

[0047] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 259, 260, 261, 262, 263, 264, 265 또는 266에서 시작하여 아미노산 592, 593, 594, 595, 596, 597, 598 또는 599로 이어지는 SdrE의 N23 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrE N23 도메인은 SdrE의 아미노산 262-592, 262-593, 262-594, 262-595 또는 262-596이고, SEQ ID NO: 38의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrE N23 도메인은 SEQ ID NO: 38, 39 또는 40과 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다.

[0048] 본 발명의 면역원성 조성물은 아미노산 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179 또는 180에서 시작하여 아미노산 424, 425, 426, 427, 428, 429, 430, 431 또는 432로 이어지는 SdrC의 N23 도메인을 임의로 포함한다. 한 예에서 SdrC N23 도메인은 SdrC의 아미노산 176-426, 176-427, 176-428, 176-429 또는 176-430이고, SEQ ID NO: 29 또는 32의 폴리펩티드 서열을 임의로 지닌다. SdrC N23 도메인은 SEQ ID NO: 29, 30, 31, 32, 33 또는 34와 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 공유하는 서열을 임의로 포함한다.

[0049] 구체예에서, 리간드 결합 부위는 N2, N3, N1, N2N3 또는 N1N2N3 도메인(들)을 포함되거나 그로 구성된다.

[0050] N23 도메인을 포함하는 ClfB, SdrC, SdrD, SdrE 또는 SdrG의 단편을 포함하는 면역원성 조성물은 본 발명의 추가의 독립적인 양태이다. 이 독립적인 구체예의 N23 도메인은 상기 기술된 모든 특징을 포함할 수 있다.

[0051] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 ClfA, ClfB, SdrC, SdrD, SdrE 또는 SdrG의 1, 2, 3, 4, 5 또는 6개의 N23 도메인을 포함한다. 예를 들어, 면역원성 조성물은 ClfA 및 ClfB, ClfA 및 SdrC, ClfA 및 SdrD, ClfA 및 SdrE, ClfA 및 SdrG, ClfB 및 SdrC, ClfB 및 SdrD, ClfB 및 SdrE, ClfB 및 SdrG, SdrC 및 SdrD, SdrC 및 SdrE, SdrC 및 SdrG, SdrD 및 SdrE, SdrD 및 SdrG, 또는 SdrE 및 SdrG의 N23 도메인을 포함할 수 있다.

[0052] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 SEQ ID NO: 21, 22, 23, 24, 26, 27, 28, 30, 31, 33, 34, 36, 37, 39, 40, 42, 43, 45 또는 46으로 구성된 군으로부터 선택되는 아미노산 서열과 적어도 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 리간드 결합 부위를 포함하는 스태필로코쿠스 세포의 결합 성분의 단편, 예컨대 어드헤신(adhesin)을 포함한다. 단편은 예컨대 ELISA 또는 혈청 살균 분석법과 같은 분석법에서 또는 스태필로코쿠스 감염, 예컨대 S. 아우레우스(*S. aureus*)의 웰린지에 대한 보호를 나타내는 분석법에서 측정되는 바와 같이 항-스태필로코쿠스 면역 반응을 발생시킬 수 있는 면역원성 단편이

다.

- [0053] 구체예에서, 본 발명의 번역원성 조성물은 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질 또는 그의 단편과 공유적으로 연결된 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 단편을 포함한다.
- [0054] 본 발명의 추가 양태는 철/헴 흡수 시스템과 관련된 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인을 포함하는 융합 단백질이다.
- [0055] 융합 단백질은 동일한 폴리펩티드 사슬과 공유적으로 연결된 적어도 두 개의 다른 단백질에서 유래된 아미노산 서열을 포함한다. 적어도 두 개의 다른 단백질에서 유래된 아미노산 서열은 펩티드 결합 또는 어떤 다른 공유 결합으로 직접 연결될 수 있거나 2, 4, 6, 8, 10, 20, 50, 100 또는 200개 이상의 아미노산을 포함하는 임의의 펩티드 사슬인 링커 x를 통하여 연결될 수 있다. 구체예에서, 링커 x는 글리신-글리신-세린(GGS)과 같은 트리펩티드를 포함한다. 추가 예에서, 링커 x는 SEQ ID NO: 98을 포함한다. 둘 또는 그 이상의 링커 x 서열이 셋 또는 그 이상의 단백질 서열과 함께 융합되는 경우, 동일한 링커 x 또는 다른 링커 x 서열이 이용될 수 있다. 구체예에서, 링커 x의 길이가 10개 아미노산 미만인 경우, 동일한 링커가 이용된다. 링커 x의 길이가 10, 20, 50 또는 100개를 초과하는 아미노산인 경우, 다른 링커 x 서열이 융합 단백질에 존재한다.
- [0056] 구체예에서 본 발명의 융합 단백질은 IsdA, IsdB, IsdC 및 IsdH로 구성된 군으로부터 임의로 선택된 S. 아우레우스(*S. aureus*) Isd 단백질에서 유래된 NEAT 도메인을 포함한다.
- [0057] 구체예에서 본 발명의 융합 단백질은 ClfA, ClfB, SdrC, SdrD 및 SdrE로 구성된 군으로부터 임의로 선택되는 S. 아우레우스(*S. aureus*) 단백질에서 유래되거나, SdrG와 같은 S. 에피더미디스(*S. epidermidis*) 단백질에서 유래된 리간드 결합 도메인(예컨대 N1, N2, N3, N23 또는 N123 도메인)을 포함한다.
- [0058] 독립적인 구체예에서, 본 발명은 첫 번째 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인 및 두 번째 Isd 단백질에서 유래된 NEAT 도메인을 포함하는 융합 단백질을 포함한다. 예를 들어 IsdA 및 IsdB, IsdA 및 IsdC, IsdA 및 IsdH, IsdB 및 IsdC, IsdB 및 IsdH, IsdC 및 IsdH에서 유래됨.
- [0059] 구체예에서, 본 발명의 융합 단백질은 SEQ ID NO: 47-97로 구성된 군으로부터 선택되는 아미노산 서열과 적어도 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 아미노산 서열을 갖는다. 이러한 서열에서, x는 공유결합 또는 1-3, 1-5, 1-10, 1-20, 1-50, 1-100, 90-120, 1-200 또는 1-500개 아미노산을 나타낸다. 구체예에서, x는 서열 GGS를 임의로 갖는 3개 아미노산을 나타낸다. 구체예에서, x는 하기 서열을 갖는 108개 아미노산을 나타낸다.
- DTNDAVVTNDQSSSVASNQNTNTNTSNQNIISTINNANNQPOATTNMSQPAQPKSSTNADQASSQPAHETNSNGN
TNDKTNESSNQSDVNQQYPPADESLQDAIKNPAII SEQ ID NO:98
- [0060]
- [0061] 두 링커 x가 표시된 경우, 링커는 같거나 다를 수 있다. 예를 들어, 첫 번째 및 두 번째 도메인은 GGS 링커에 의해 분리될 수 있고, 두 번째 및 세 번째 도메인은 SEQ ID NO: 98 서열의 108개 아미노산에 의해 분리된다. 대안적으로, 첫 번째 및 두 번째 도메인은 GGS 링커에 의해 분리될 수 있고, 두 번째 및 세 번째 도메인은 GGS 링커에 의해 분리된다. 대안적으로, 첫 번째 및 두 번째 도메인은 SEQ ID NO: 98 서열의 108개 아미노산에 의해 분리될 수 있고, 두 번째 및 세 번째 도메인은 GGS 링커에 의해 분리된다.
- [0062] 독립적인 구체예에서, 본 발명은 첫 번째 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인 및 두 번째 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인을 포함하는 융합 단백질을 포함한다. 예를 들어, 융합 단백질은 SdrC 및 SdrD, SdrC 및 SdrE, SdrC 및 SdrG, SdrC 및 ClfA, SdrC 및 ClfB, SdrD 및 SdrE, SdrD 및 SdrG, SdrD 및 ClfA, SdrD 및 ClfB, SdrE 및 SdrG, SdrE 및 ClfA, SdrE 및 ClfB, SdrG 및 ClfA, SdrG 및 ClfB, 또는 ClfA 및 ClfB에서 유래된 리간드 결합 도메인을 포함할 수 있다. 리간드 결합 도메인은 N1, N2, N3, N2N3 또는 N1N2N3 도메인으로 임의로 구성되고, 융합 단백질은 각 단백질과 동일한 도메인 유형, 예컨대 SdrC 및 SdrD, SdrC 및 SdrE, SdrC 및 SdrG, SdrC 및 ClfA, SdrC 및 ClfB, SdrD 및 SdrE, SdrD 및 SdrG, SdrD 및 ClfA, SdrD 및 ClfB, SdrE 및 SdrG, SdrE 및 ClfA, SdrE 및 ClfB, SdrG 및 ClfA, SdrG 및 ClfB, 또는 ClfA 및 ClfB에 대한 N2N3 도메인을 임의로 포함한다.
- [0063] 구체예에서, 융합 단백질은 3, 4, 5 또는 6개의 스타필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질에서 유래된 리간드 결합 도메인을 포함한다. 예를 들어, ClfA, ClfB 및 SdrC; ClfA, ClfB 및 SdrD, ClfA, ClfB 및 SdrE; ClfA, ClfB 및 SdrG; ClfA, SdrC 및 SdrG; ClfA, SdrC 및 SdrD; ClfA, SdrC 및 SdrE, ClfA, SdrD 및 SdrE; ClfA, SdrD 및 SdrG; ClfA, SdrE 및 SdrG; ClfB, SdrC 및 SdrD; ClfB, SdrC 및 SdrG; ClfB, SdrC 및 SdrE; ClfB, SdrD 및 SdrE; ClfB, SdrD 및 SdrG; ClfB, SdrE 및 SdrG; SdrC, SdrD 및 SdrE; SdrC, SdrD 및 SdrG; SdrD,

SdrE 및 SdrG를 포함함.

- [0064] 본 발명의 모든 단편 또는 융합 단백질은 예컨대 발현에 이용되는 숙주 세포로부터 분리 또는 정제될 수 있다.
- [0065] 각각의 경우에서, NEAT 도메인 또는 리간드 결합 도메인의 서열은 임의로 상기 나타난 바와 같다.
- [0066] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 본 발명의 융합 단백질을 포함한다.
- [0067] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 추가의 스타필로코쿠스 항원, 예컨대 하기 기술한 바와 같은 당류를 포함한다. 본 발명의 구체예에서, 당류 항원이 존재하는 경우, 본 발명의 단편 또는 융합 단백질은 임의로 유리 또는 비-컨쥬게이션된 단백질로서 존재한다. 임의로 이들은 운반 단백질로서 당류 항원에 컨쥬게이션된다.
- [0068] **당류**
- [0069] 폴리 N-아세틸화된 글루코사민(PNAG)
- [0070] PNAG는 다당류 세포간 어드헤신이고, N-아세틸 및/또는 O-숙시닐 성분으로 임의로 치환된 β -(1→6)-연결된 글루코사민의 폴리머로 구성된다. 이러한 다당류는 S. 아우레우스(*S. aureus*) 및 S. 에피더미디스(*S. epidermidis*) 둘 모두에 존재하고, 어느 한 소스로부터 분리될 수 있다(Joyce 등 2003, Carbohydrate Research 338; 903; Maira-Litran 등 2002, Infect. Immun. 70; 4433). 예를 들어, PNAG는 S. 아우레우스(*S. aureus*) 균주 MN8m으로부터 분리될 수 있다(WO 04/43407호). dPNAG의 제조는 WO 04/43405호에 기술되어 있다.
- [0071] 기존에 폴리-N-숙시닐- β -(1→6)-글루코사민(PNSG)으로 알려진 다당류는 최근 N-숙시닐화의 동정이 정확하지 않았기 때문에, 예상된 구조를 갖지 않는 것으로 나타났다(Maira-Litran 등 2002, Infect. Immun. 70; 4433). 따라서, 형식적으로 PNSG로 알려졌으며 현재 PNAG가 되는 것으로 밝혀진 다당류는 용어 PNAG에 또한 포함된다.
- [0072] PNAG는 400kDa를 넘는 것에서 75 내지 400kDa까지 10 내지 75kDa까지 (임의로 N-아세틸 및 O-숙시닐 성분으로 치환된 β -(1→6)-연결된 글루코사민의) 최대 30개 반복 단위로 구성된 올리고당류까지 다양한 범위의 상이한 크기를 지닐 수 있다. 임의의 크기의 PNAG 다당류 또는 올리고당류가 본 발명의 면역원성 조성물에 이용될 수 있고, 예컨대 40kDa을 넘는 크기가 이용될 수 있다. 크기조절은 당업계에 공지된 임의의 방법, 예컨대, 마이크로유체화(microfluidisation), 초음파 조사법(ultrasonic irradiation) 또는 화학적 절단에 의해 달성될 수 있다(WO03/53462호, EP497524호, EP497525호).
- [0073] PNAG의 크기 범위는 예컨대 40-400kDa, 50-350kDa, 40-300kDa, 60-300kDa, 50-250kDa 및 60-200kDa 이다.
- [0074] PNAG는 아세테이트에 의한 아미노기에서의 치환으로 인하여 상이한 정도의 아세틸화를 가질 수 있다. 시험관 내에서 생성된 PNAG는 아미노기가 거의 완전히 치환된다(95-100%). 대안적으로, 50%, 40%, 30%, 20%, 10% 또는 5% 미만의 N-아세틸화를 갖는 탈아세틸화된 PNAG가 이용될 수 있다. 탈아세틸화된 PNAG의 이용은 그람 양성 박테리아, 임의로 S. 아우레우스(*S. aureus*) 및/또는 S. 에피더미디스(*S. epidermidis*)의 옉소닌 킬링(opsonic killing)을 가능하게 한다. 구체예에서, PNAG는 40kDa 내지 300kDa의 크기를 지니며, 탈아세틸화되어 50%, 40%, 30%, 20%, 10% 또는 5% 미만의 아미노기가 N 아세틸화된다.
- [0075] 구체예에서, PNAG는 O-숙시닐화되지 않거나 잔기의 25, 20, 15, 10, 5, 2, 1 또는 0.1% 미만에서 O-숙시닐화된다.
- [0076] 용어 탈아세틸화된 PNAG(dPNAG)는 50%, 40%, 30%, 20%, 10% 또는 5% 미만의 아미노기가 아세틸화된, PNAG 다당류 또는 올리고당류를 나타낸다.
- [0077] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 PNAG는 당류의 아세틸화 및 탈아세틸화 형태를 모두 포함한다.
- [0078] 구체예에서, PNAG는 천연의 다당류를 화학적으로 처리함으로써 탈아세틸화하여 dPNAG를 형성한다. 예를 들어, 천연의 PNAG를 염기성 용액으로 처리하여, pH를 10 이상으로 증가시킨다. 예를 들어, PNAG를 0.1-5M, 0.2-4M, 0.3-3M, 0.5-2M, 0.75-1.5M 또는 1M의 NaOH, KOH 또는 NH₄OH로 처리한다. 처리는 20-100, 25-80, 30-60 또는 30-50 또는 35-45℃의 온도에서, 적어도 10 또는 30분, 또는 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15 또는 20시간 동안 진행된다. dPNAG는 WO 04/43405호에 기재된 바와 같이 제조될 수 있다.

- [0079] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물에 포함되는 다당류(들)은 하기 기술된 바와 같이 운반 단백질과 컨주게이션되거나 대안적으로는 비컨주게이션된다.
- [0080] S. 아우레우스(S. aureus)에서 유래한 유형 5 및 유형 8 다당류
- [0081] 인간 내 감염을 유발하는 S. 아우레우스(S. aureus) 대부분의 균주는 유형 5 또는 유형 8의 다당류를 포함한다. 대략 인간 균주의 60%가 유형 8이며, 대략 30%가 유형 5이다. 유형 5 및 유형 8 캡슐 다당류 항원의 구조가 문헌[Moreau 등 Carbohydrate Res. 201 ; 285 (1990) 및 Fournier 등 Infect. Immun. 45; 87 (1984)]에 기재되어 있다. 두 유형 모두 이들의 반복 단위에 FucNAc 및 ManNAc를 가지며, 이는 설프하이드릴기를 도입하는데 사용될 수 있다
- [0082] 최근(Jones Carbohydrate Research 340, 1097-1106 (2005)) NMR 분광법은 캡슐 다당류의 구조를 하기와 같이 수정하였다.
- [0083] 유형 5
- [0084] $\rightarrow 4)-\beta-D\text{-ManNAcA}-(1\rightarrow 4)-\alpha-L\text{-FucNAc}(30\text{Ac})-(1\rightarrow 3)-\beta-D\text{-FucNAc}-(1\rightarrow$
- [0085] 유형 8
- [0086] $\rightarrow 3)-\beta-D\text{-ManNAcA}(40\text{Ac})-(1\rightarrow 3)-\alpha-L\text{-FucNAc}(1\rightarrow 3)-\alpha-D\text{-FucNAc}(1\rightarrow$
- [0087] 다당류는 당업자에게 널리 공지된 방법, 예컨대 US6294177호 또는 문헌[Infection and Immunity (1990) 58(7); 2367]에 기술된 방법을 이용하여, S. 아우레우스(S. aureus)의 적절한 균주로부터 추출될 수 있다. 예를 들어, ATCC 12902는 유형 5 S. 아우레우스(S. aureus) 균주이고, ATCC 12605는 유형 8 S. 아우레우스(S. aureus) 균주이다.
- [0088] 다당류는 천연의 크기이거나, 대안적으로는, 예를 들어, 마이크로유체화, 초음파 조사법 또는 화학적 처리에 의해 크기가 조절될 수 있다. 본 발명은 또한 S. 아우레우스(S. aureus)로부터의 유형 5 및 8 다당류에서 유래된 올리고당도 포함한다.
- [0089] 당류의 중량-평균 분자량은 1000-2000000, 5000-1000000, 10000-500000, 50000-400000, 75000-300000, 또는 100000-200000일 수 있다. 본원의 당류의 분자량 또는 평균 분자량은 컨주게이션 전에 측정된 당류의 중량-평균 분자량(Mw)을 나타내고 MALLS에 의해 측정된다. MALLS 기술은 당업계에 공지이고 전형적으로 실시예 2에 기술된 대로 수행된다. 다당류의 MALLS 분석을 위하여, 두 개의 컬럼(TSKG6000 및 5000PWx1)이 조합되어 이용될 수 있고 당류는 물에서 용리된다. 당류는 광산란 검출기(예컨대 488nm에서 10mW 아르곤 레이저가 장착된 Wyatt Dawn DSP), 인페로메트릭 굴절계(예컨대, 498nm에서 P100 셀 및 적색 필터가 장착된 Wyatt Otilab DSP)를 이용하여 검출된다. 구체예에서, 당류의 다분산도는 1-1.5, 1-1.3, 1-1.2, 1-1.1 또는 1-1.05이고, 운반 단백질에 컨주게이션된 후의 컨주게이트의 다분산도는 1.0-2.5, 1.0-2.0, 1.0-1.5, 1.0-1.2, 1.5-2.5, 1.7-2.2 또는 1.5-2.0 이다. 모든 다분산도 측정은 MALLS에 의한 것이다.
- [0090] 본 발명의 면역원성 조성물에 포함되는 유형 5 및/또는 8 캡슐 다당류 또는 올리고당류는 0-아세틸화된다. 구체예에서, 유형 5 캡슐 다당류 또는 올리고당류의 0-아세틸화 정도는 10-100%, 20-100%, 30-100%, 40-100%, 50-100%, 60-100%, 70-100%, 80-100%, 90-100%, 50-90%, 60-90%, 70-90% 또는 80-90%이다. 구체예에서, 유형 8 캡슐 다당류 또는 올리고당류의 0-아세틸화 정도는 10-100%, 20-100%, 30-100%, 40-100%, 50-100%, 60-100%, 70-100%, 80-100%, 90-100%, 50-90%, 60-90%, 70-90% 또는 80-90%이다. 구체예에서, 유형 5 및 유형 8 캡슐 다당류 또는 올리고당류의 0-아세틸화 정도는 10-100%, 20-100%, 30-100%, 40-100%, 50-100%, 60-100%, 70-100%, 80-100%, 90-100%, 50-90%, 60-90%, 70-90% 또는 80-90%이다.
- [0091] 다당류 또는 올리고당류의 0-아세틸화 정도는 당업계에 공지된 임의의 방법, 예컨대 양성자 NMR(Lemercinier and Jones 1996, Carbohydrate Research 296; 83-96, Jones and Lemercinier 2002, J Pharmaceutical and Biomedical analysis 30; 1233-1247, WO 05/033148호 또는 WO 00/56357호)에 의해 결정될 수 있다. 추가로 추천되어 이용되는 방법은 문헌[Hestrin (1949) J. Biol. Chem. 180; 249-261]에서 기술된 것이다.
- [0092] 0-아세틸기는 가수분해에 의하여, 예컨대 무수 히드라진(Konadu 등 1994; Infect. Immun. 62; 5048-5054)과 같은 염기로 처리하거나 1-8시간 동안 0.1N NaOH로 처리함으로써 제거될 수 있다. 유형 5 및/또는 유형 8 다당류 또는 올리고당류의 0-아세틸화를 높은 수준으로 유지하기 위하여, 0-아세틸기의 가수분해를 유도할 수 있는 처리를 최소화한다. 예를 들어 pH의 극단에서 처리를 최소화한다.

- [0093] 본 발명의 면역원성 조성물에 포함되는 유형 5 및 8 다당류는 하기 기술한 바와 같이 운반 단백질과 임의로 컨쥬게이션되거나 대안적으로는 비컨쥬게이션된다.
- [0094] 본 발명의 면역원성 조성물은 대안적으로 유형 5 또는 유형 8 다당류를 포함한다.
- [0095] S. 아우레우스(S. aureus) 336 항원
- [0096] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 US6294177호에 기술된 S. 아우레우스(S. aureus) 336 항원을 포함한다.
- [0097] 336 항원은 β -연결된 헥소스아민을 포함하고, O-아세틸기를 포함하지 않으며, ATCC 55804로 기탁된 S. 아우레우스(S. aureus) 유형 336에 대한 항체에 특이적으로 결합한다.
- [0098] 구체예에서, 336 항원은 천연의 크기이거나, 대안적으로는, 예컨대 마이크로유체화, 초음파 조사법 또는 화학적 처리에 의해 크기가 조절될 수 있는 다당류이다. 본 발명은 또한 336 항원에서 유래된 올리고당류를 포함한다.
- [0099] 본 발명의 면역원성 조성물에 포함된 336 항원의 경우, 하기 기술된 바와 같이 임의로 운반 단백질에 컨쥬게이션되거나, 대안적으로는 비컨쥬게이션된다.
- [0100] **S. 에피더미디스(S. epidermidis)에서 유래한 유형 I, II 및 III 다당류**
- [0101] S. 에피더미디스(S. epidermidis)의 균주 ATCC-31432, SE-360 및 SE-10는 각각 세 가지의 상이한 캡슐 유형 I, II, 및 III의 특징을 나타낸다(Ichima 및 Yoshida 1981, J. Appl. Bacteriol. 51 ; 229). S. 에피더미디스(S. epidermidis)의 각 혈청형으로부터 추출된 캡슐 다당류는 유형 I, II, 및 III 다당류를 구성한다. 다당류는 US4197290호에 기술된 방법을 포함하는 몇 가지 방법에 의해서, 또는 문헌[Ichiman 등 1991, J. Appl. Bacteriol. 71 ;176]에 기술된 방법대로 추출될 수 있다.
- [0102] 본 발명의 한 구체예에서, 면역원성 조성물은 S. 에피더미디스(S. epidermidis)에서 유래된 유형 I 및/또는 II 및/또는 III 다당류 또는 올리고당류를 포함한다.
- [0103] 다당류는 천연의 크기이거나, 대안적으로는, 예컨대 마이크로유체화, 초음파 조사법 또는 화학적 처리에 의해 크기가 조절될 수 있다. 본 발명은 또한 S. 에피더미디스(S. epidermidis) 균주로부터 추출된 올리고당류를 포함한다.
- [0104] 이러한 다당류는 하기 기술된 바와 같이 비-컨쥬게이션되거나 임의로 컨쥬게이션된다.
- [0105] **다당류의 컨쥬게이션**
- [0106] 백신접종에서 다당류의 이용과 관련된 문제들 중에는, 다당류 그 자체가 좋지 않은 면역원이라는 사실이 있다. 이러한 면역원성의 결핍을 극복하기 위하여 설계된 전략은 다당류를 거대한 단백질 운반체와 연결하는 것을 포함하며, 이는 방관자(bystander) T-세포에게 도움을 제공한다. 구체예에서, 본 발명에서 이용된 다당류는 단백질 운반체에 연결되어 방관자 T-세포에게 도움을 제공한다. 다당류 또는 올리고당류 면역원에 커플링하는 데 이용되는 이러한 운반체의 예는 디프테리아 및 테타누스 독소이드(DT, DT Crm197 및 TT), 키홀 림펫 헤모시아닌(Keyhole Limpet Haemocyanin, KLH), 녹농균 외부단백질 A(Pseudomonas aeruginosa exoprotein A, rEPA) 및 투베르쿨린의 정제된 단백질 유도체(PPD), 헤모필러스 인플루엔자(Haemophilus influenzae)에서 유래된 단백질 D, 뉴몰리신 또는 임의의 상기의 단편을 포함한다. 이용에 적합한 단편은 T-헬퍼 에피토프를 포함하는 단편을 포함한다. 특정 단백질 D에서 단편은 임의로 단백질의 N-말단 1/3을 포함할 것이다. 단백질 D는 헤모필러스 인플루엔자(Haemophilus influenzae)에서 유래된 IgD-결합 단백질이다(EP 0 594 610 B1호).
- [0107] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물에서 이용되는 운반 단백질은 상기 기술된 바와 같은 본 발명의 스태필로코쿠스 Isd 단백질, 스태필로코쿠스 세포의 성분 결합 단백질의 단편 또는 융합 단백질을 포함하거나 그로 구성된다.
- [0108] 구체예에서, EsxA, EsxB, EsaC 또는 EsaB는 본 발명의 면역원성 조성물에서 비컨쥬게이션되거나 유리 단백질로서 존재한다(WO 08/19162호, WO 10/14304호).
- [0109] 다당류는 임의의 공지된 방법(예컨대, Likhite의 미국 특허 제 4,372,945호, Armor 등의 미국 특허 제 4,474,757호 및 Jennings의 미국 특허 제 4,356,170호)에 의해 운반 단백질(들)에 연결될 수 있다. 임의적으로, CDAP 컨쥬게이션 화학이 수행된다(WO95/08348호 참조).

- [0110] CDAP에서, 시아닐화제 1-시아노-디메틸아미노피리디늄 테트라플루오로보레이트(CDAP)가 다당류-단백질 컨쥬게이트의 합성에 임의로 이용된다. 시아닐화 반응은 상대적으로 온화한 조건에서 수행될 수 있는데, 이는 알칼리성 민감 다당류의 가수분해를 방지한다. 이러한 합성은 운반 단백질에 직접적인 커플링이 가능하게 한다.
- [0111] 다당류는 물 또는 식염수에 용해될 수 있다. CDAP는 아세토니트릴에서 용해될 수 있고, 다당류 용액에 즉시 첨가될 수 있다. CDAP는 다당류의 수산기와 반응하여 시아네이트 에스테르를 형성한다. 이 반응 단계 후, 운반 단백질을 첨가한다. 리신의 아미노기는 활성화된 다당류와 반응하여 이소우레아 공유 결합을 형성한다. 커플링 반응 후, 다음으로 과량의 글리신을 첨가하여 잔여로 활성화된 작용기를 소멸시킨다. 그 다음 이 생산물을 겔 침투 컬럼에 통과시켜 반응하지 않은 운반 단백질 및 잔여 시약을 제거한다.
- [0112] 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 임의로 *S. 아우레우스*(*S. aureus*) 또는 *S. 에피더미디스*(*S. epidermidis*) 단백질인 추가의 스타필로코쿠스 단백질을 포함한다. 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 임의로 (참고문헌으로 인용된) WO 06/32475호에 기술된 서열 또는 그의 면역원성 단편과 함께, 그에 개시된 하나 또는 그 이상의 단백질을 추가로 포함한다. 많은 단백질이 세포외 성분 결합 단백질, 전달 단백질 또는 병독성의 독소 및 조절자의 카테고리에 들어간다. 본 발명의 면역원성 조성물은 스타필로코쿠스 세포외 성분 결합 단백질 또는 스타필로코쿠스 전달 단백질 또는 병독성의 스타필로코쿠스 독소 또는 조절자를 임의로 추가로 포함한다. 본 발명의 면역원성 조성물은 적어도 또는 정확히 1, 2, 3, 4, 5 또는 6개의 스타필로코쿠스 단백질을 임의로 포함한다.
- [0113] 본 발명의 바람직한 면역원성 조성물은 스타필로코쿠스 내에 상이한 작용기를 갖는 적어도 두 개의 다른 카테고리의 단백질로부터 선택되는 다수의 단백질을 포함한다. 단백질의 그러한 카테고리의 예는 세포외 결합 단백질, Fe 획득 단백질과 같은 전달 단백질, 병독성의 독소 또는 조절자 및 다른 면역우세 단백질이다.
- [0114] 바람직한 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 하기에서 선택된 2, 3 또는 4개의 다른 그룹으로부터 선택된 2, 3, 4, 5 또는 6 개와 동일한 또는 이를 초과하는 여러 단백질을 추가로 포함한다;
- [0115] • 그룹 a) 세포외 성분 결합 단백질;
- [0116] • 그룹 b) 전달 단백질;
- [0117] • 그룹 c) 병독성의 독소 또는 조절자
- [0118] • 그룹 d) 구조적 단백질
- [0119] 바람직한 구체예에서, 본 발명의 면역원성 조성물은 하기 그룹 중 2, 3 또는 4개로부터 선택된 2, 3, 4, 5 또는 6 개와 동일한 또는 이를 초과하는 다수의 단백질을 추가로 포함한다.
- [0120] • 그룹 a) - 라미닌 수용체, SitC/MntC/살리바 결합 단백질, EhbA, EhbB, 엘라스틴 결합 단백질(EbpS), EFB(FIB), SBI, ClfA, SdrC, SdrD, SdrE, SdrG, SdrH, SasF, 리파제 GehD, SasA, SasB, SasC, SasD, SasK, FnbA, FnbB, Cna, ClfB, FbpA, Npase, IsaA/PisA, SsaA, EPB, SSP-1, SSP-2, HBP, 비트로넥틴 결합 단백질, 피브리노젠 결합 단백질, 응고효소, Fig 및 MAP으로 구성된 군으로부터 선택되는 적어도 하나의 스타필로코쿠스 세포외 성분 결합 단백질 또는 그의 단편;
- [0121] • 그룹 b) - 면역우세 ABC 전달체, IsdA, IsdB, IsdC, Mg^{2+} 전달체, HarA, SitC 및 Ni ABC 전달체로 구성된 군으로부터 선택되는 적어도 하나의 스타필로코쿠스 전달 단백질 또는 그의 단편;
- [0122] • 그룹 c) - EsaC, EsxA, EsxB, RNA III 활성화 단백질 (RAP), EsaB로 구성된 군으로부터 선택되는 적어도 하나의 스타필로코쿠스 병독성의 조절자, 독소 또는 그의 단편;
- [0123] • 그룹 d) - MRPII 및 오토리신으로 구성된 군으로부터 선택되는 적어도 하나의 스타필로코쿠스 구조 단백질 또는 그의 면역원성 단편.
- [0124] 본 발명의 면역원성 조성물에 존재하는 임의의 조합은 IsdA, IsdB 및 EsaC; SdrC, IsdA 및 EsaC; IsdA 및 EsxA; IsdB 및 EsxA; IsdA, IsdB 및 EsxA; SdrC, IsdA 및 EsxA; ClfA, IsdA 및 EsxB; IsdB 및 EsxB; IsdA, IsdB 및 EsxB; SdrC, IsdA 및 EsxB; SdrD, IsdA 및 IsdB; SdrC, IsdA 및 IsdB; SdrE, IsdA 및 IsdB; SdrG, IsdA 및 IsdB; IsdA 및 IsdB; ClfB, IsdA 및 IsdB; EsaC 및 IsdA; EsaC 및 IsdB; EsaC 및 EsxA; EsaC 및

EsxB; EsaC 및 SdrC를 포함한다.

- [0125] 본 발명의 추가 양태는 스타필로코쿠스 Isd 단백질의 NEAT 도메인을 엔코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열 및 스타필로코쿠스 세포외 성분 결합 단백질의 리간드 결합 도메인을 엔코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열을 포함하는 폴리뉴클레오티드이다. 구체예에서, 폴리뉴클레오티드는 SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 17, 18, 19, 21, 22, 23, 24, 26, 27, 28, 30, 31, 33, 34, 36, 37, 39, 40, 42, 43, 45 또는 46와 적어도 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 상동성을 갖는 폴리펩티드를 엔코딩하는 서열을 갖는다.
- [0126] 본 발명의 추가 양태는 본 발명의 면역원성 조성물, 본 발명의 융합 단백질 또는 본 발명의 폴리뉴클레오티드, 및 약학적으로 허용되는 부형제를 포함하는 백신이다.
- [0127] 본 발명의 백신은 특히 고령 인구 및 유아 인구에 이용될 때 애쥬번트화될 수 있다. 적합한 애쥬번트는 알루미늄 히드록시드 겔 또는 알루미늄 포스페이트 또는 알루미늄과 같은 알루미늄 염을 포함하나, 또한 칼슘, 마그네슘, 철 또는 아연의 염과 같은 다른 금속 염을 포함할 수 있거나, 아실화된 티로신의 불용성 현탁액 또는 아실화된 당, 양이온 또는 음이온으로 유도된 당 또는 폴리포스파제일 수 있다.
- [0128] 애쥬번트는 TH1 형 반응의 우선적인 유도체가 되기 위하여 선택되는 것이 바람직하다. 이러한 높은 수준의 Th1-형 사이토카인은 주어진 항원에 대한 세포 매개 면역 반응을 유리하게 하는 경향이 있고, 반면 높은 수준의 Th2-형 사이토카인은 그 항원에 대한 체액성 면역 반응의 유도를 유리하게 하는 경향이 있다.
- [0129] Th1 및 Th2-형 면역 반응의 구분은 완전하지 않다. 실제로 그 각각은 우세한 Th1 또는 우세한 Th2로 기술되는 면역반응을 뒷받침할 것이다. 그러나, 모스만(Mosmann)과 코프만(Coffman)에 의해 묘된 CD4+ve T 세포 클론으로 기술되는 측면에서 사이토카인 패밀리를 고려하는 것이 종종 편리하다(Mosmann, T.R. 및 Coffman, R.L. (1989) TH1 및 TH2 세포: 림프구 분비의 상이한 패턴은 다른 기능적 특징을 유도한다. Annual Review of Immunology, 7, p145-173). 전통적으로, Th1-형 반응은 T-림프구에 의한 INF- γ 및 IL-2 사이토카인의 생산과 관련된다. Th-1 형 면역 반응의 유도와 종종 직접적으로 관련되는 다른 사이토카인, 예컨대 IL-12는 T-세포에 의해서 생산되지 않는다. 반면에, Th2-형 반응은 IL-4, IL-5, IL-6, IL-10의 분비와 관련된다. 우세한 Th1 반응을 유도하는 적합한 애쥬번트 시스템은 모노포스포릴 지질 A 또는 그의 유도체(또는 일반적으로 독소가 제거된 지질 A - 예컨대 W02005107798호 참조), 특히 3-데-O-아실화된 모노포스포릴 지질 A(3D-MPL)(이것의 제조는 GB 2220211 A호를 참조); 및 모노포스포릴 지질 A, 바람직하게는 3-데-O-아실화된 모노포스포릴 지질 A와 알루미늄 염(예컨대 알루미늄 포스페이트 또는 알루미늄 히드록사이드) 또는 수중유 에멀전과의 조합을 포함한다. 이러한 조합물에서, 항원 및 3D-MPL은 동일한 미립자 구조에 포함되며, 항원성 및 면역자극적 신호가 더욱 효율적으로 전달되도록 한다. 연구는 3D-MPL이 알루미늄-흡수된 항원의 면역원성을 더욱 증진시킬 수 있음을 나타낸다[Thoelen 등. Vaccine (1998) 16:708-14; EP 689454-B1호].
- [0130] 향상된 시스템은 모노포스포릴 지질 A 및 사포닌 유도체의 조합, 특히 W0 94/00153호에 기술된 QS21 및 3D-MPL의 조합, 또는 W0 96/33739호에 기술된 QS21이 콜레스테롤로 억제되는 경우의 덜 반응적인 조성물과 관련된다. 수중유 에멀전에서 QS21, 3D-MPL 및 토코페롤과 관련된 특히 잠재적인 애쥬번트 조성물이 W095/17210호에 기술되어 있다. 한 구체예에서, 면역원성 조성물은 추가로 사포닌을 포함하고, 이는 QS21일 수 있다. 제형은 또한 수중유 에멀전 및 토코페롤을 포함할 수 있다(W095/17210호). 비메틸화된 CpG 함유 올리고뉴클레오티드(W096/02555호) 및 다른 면역조절 올리고뉴클레오티드(W00226757호 및 W003507822호)가 또한 TH1 반응의 바람직한 유도체이고 본 발명의 이용에 적합하다.
- [0131] 특정 애쥬번트는 금속염, 수중유 에멀전, 톨 유사 수용체 효능제(특히 톨 유사 수용체 2 효능제, 톨 유사 수용체 3 효능제, 톨 유사 수용체 4 효능제, 톨 유사 수용체 7 효능제, 톨 유사 수용체 8 효능제 및 톨 유사 수용체 9 효능제), 사포닌 또는 이들의 조합물의 군으로부터 선택되는 것이다.
- [0132] 본 발명의 백신 조성물과 함께 이용될 수 있는 애쥬번트는 W002/09746호에서 제시된 것과 같은 그람 네거티브 박테리아 균주에서 유래된 블랩(bleb) 또는 외막 소포 물질- 특히 뇌수막염균(*N. meningitidis*) 블랩이다. 블랩의 애쥬번트 특성은 (예컨대, 낮은 농도의 세척제[예를 들어 0-0.1% 데옥시콜레이트]로 추출하여) 그 표면에 LOS(lipooligosaccharide, 지질올리고당류)를 보유함으로써 증진될 수 있다. LOS는 W002/09746호에서 언급된 msbB(-) 또는 htrB(-) 돌연변이를 통하여 무독화될 수 있다. 애쥬번트 특성은 또한 수막구균 블랩(meningococcal bleb)에서 유래한 PorB를 보유(및 임의로 PorA를 제거)함으로써 개선될 수 있다. 애쥬번트 특성은 또한 예컨대, W0 2004/014417호에 논의된 바와 같이 IgtB(-) 돌연변이를 통하여 수막구균 블랩 상의 LOS의 외부 코어 당류 구조를 절두시킴으로써 개선될 수 있다. 대안적으로, 상기 언급된 LOS(예컨대, msbB(-

) 및/또는 lgtB(-) 균주로부터 분리된 것)는 정제되어 본 발명의 조성물에서 애주번트로 이용될 수 있다.

[0133] 본 발명의 조성물과 함께 이용될 수 있는 추가의 애주번트는 사포닌, 지질 A 또는 그의 유도체, 면역자극 올리고뉴클레오타이드, 알킬 글루코사미나이드 포스페이트, 수중유 에멀전 또는 그의 조합물의 그룹으로부터 선택될 수 있다. 추가의 바람직한 애주번트는 다른 애주번트와 조합시킨 금속염이다. 애주번트는 톨 유사 수용체 효능제, 특히 톨 유사 수용체 2, 3, 4, 7, 8 또는 9의 효능제 또는 사포닌, 특히 Qs21이 바람직하다. 애주번트 시스템은 상기 리스트로부터 둘 또는 그 이상의 애주번트를 포함하는 것이 더욱 바람직하다. 특히 조합물은 바람직하게 사포닌(특히 Qs21) 애주번트 및/또는 CpG 함유 면역자극 올리고뉴클레오타이드와 같은 톨 유사 수용체 9 효능제를 포함한다. 다른 바람직한 조합물은 사포닌(특히 QS21) 및 모노포스포릴 지질 A 또는 그의 3-탈아실화된 유도체, 3D-MPL와 같은 톨 유사 수용체 4 효능제, 또는 사포닌(특히 QS21) 및 알킬 글루코사미나이드 포스페이트와 같은 톨 유사 수용체 4 리간드를 포함한다.

[0134] 특히 바람직한 애주번트는 3D-MPL 및 QS21(EP 0 671 948 B1호), 3D-MPL 및 QS21을 포함하는 수중유 에멀전(WO 95/17210호, WO 98/56414호), 또는 다른 운반체와 제형화된 3D-MPL(EP 0 689 454 B1호)의 조합물이다. 다른 바람직한 애주번트 시스템은 US6558670호, US6544518호에 기술된 바와 같이 3D-MPL, QS21 및 CpG 올리고뉴클레오타이드의 조합물을 포함한다.

[0135] 애주번트는 수중유 에멀전일 수 있거나 다른 애주번트와 혼합하여 수중유 에멀전을 포함할 수 있다. 에멀전 시스템의 오일 상(phase)은 바람직하게 대사가능 오일을 포함한다. 용어 대사가능 오일의 의미는 당해 기술 분야에 잘 공지되어 있다. 대사가능은 "대사에 의하여 변형될 수 있는" 것으로서 정의될 수 있다(Dorland's Illustrated Medical Dictionary, W.B. Sanders Company, 25th edition (1974)). 오일은 수용체에 대해 독성이 없고 대사에 의하여 변형이 가능한 임의의 식물성 오일, 어유, 동물성 또는 합성 오일일 수 있다. 견과류, 씨앗류 및 곡물류가 식물성 오일의 일반적인 공급원이다. 합성 오일이 또한 본 발명의 일부분을 이루며, NEOBEE®

와 같이 상업적으로 이용가능한 오일 및 그 외의 것들을 포함할 수 있다. 스쿠알렌(2, 6, 10, 15, 19, 23-헥사메틸-2,6,10,14,18,22-테트라코사헥사엔)은 상어-간유에서 다량으로, 및 올리브 오일, 맥아 오일, 쌀겨 오일 및 효모에서 더 적은 양으로 발견되는 불포화 오일이고, 특히 본 발명의 이용에 바람직하다. 스쿠알렌은 콜레스테롤의 생합성에서 중간체라는 사실에 비추어 대사가능 오일이다(Merck index, 10th Edition, entry no.8619).

[0136] 토콜(예컨대, 비타민 E)이 또한 오일 에멀전 애주번트로 종종 이용된다(EP 0 382 271 B1호; US5667784호; WO 95/17210호). 본 발명의 오일 에멀전(바람직하게 수중유 에멀전)에서 이용되는 토콜은 EP 0 382 271 B1호에 개시된 바와 같이 제형화될 수 있고, 즉 토콜은 바람직하게 직경이 1 마이크론 미만이고, 임의로 유화제를 포함하는 토콜 소적의 분산액일 수 있다. 대안적으로 토콜은 다른 오일과 조합하여 이용되어 오일 에멀전의 오일상을 형성할 수 있다. 토콜과 조합하여 이용될 수 있는 오일 에멀전의 예는 상기 기술된 대사가능 오일과 같이 본원에 개시되어 있다.

[0137] 수중유 에멀전 애주번트 그 자체는 애주번트 조성물로서 유용함이 제안되어 왔고(EP 0 399 843B호), 또한 수중유 에멀전의 조합물 및 다른 활성제가 백신의 애주번트로 기술되어 왔다(WO 95/17210호; WO 98/56414호; WO 99/12565호; WO 99/11241호). 다른 오일 에멀전 애주번트는 유중수 에멀전(US 5,422,109호; EP 0 480 982 B2호) 및 수중유 수 에멀전(US 5,424,067호; EP 0 480 981 B호)과 같이 기술되어 왔다. 이들 모두는 바람직한 오일 에멀전 시스템(특히 토콜을 포함할 때)을 형성하여 애주번트 및 본 발명의 조성물을 형성한다.

[0138] 가장 바람직하게 오일 에멀전(예컨대 수중유 에멀전)은 TWEEN 80과 같은 유화제 및/또는 콜레스테롤과 같은 스테롤을 추가로 포함한다.

[0139] 바람직한 오일 에멀전(바람직하게 수중유 에멀전)은 대사가능한 무독성 오일, 예컨대 스쿠알렌, 스쿠알렌 또는 알파 토코페롤과 같은 토코페롤(및 바람직하게 스쿠알렌 및 알파 토코페롤 모두), 및 임의로 Tween80과 같은 유화제(또는 계면활성제)를 포함한다. 스테롤(바람직하게 콜레스테롤)이 또한 포함될 수 있다.

[0140] 수중유 에멀전의 생산 방법은 당업자에게 공지이다. 일반적으로, 그 방법은 토콜-함유 오일 상을 PBS/TWEEN80™ 용액과 같은 계면활성제와 혼합하고, 이어서 균질화제를 이용하여 균질화 하는 것을 포함하며, 그 혼합물을 주사 바늘을 통하여 두 번 통과시키는 것을 포함하는 방법이 적은 부피의 액체를 균질화하는 데 적합하다는 것은 당업자에게 명확할 것이다. 동일하게, 당업자는 미세 유체화기에서 에멀전화 공정(M110S 미

세 유체 공학 기계, 최대 50회 통과, 6 바(bar)의 최대 압력 투입(약 850바의 방출 압력)에서 2분 동안)을 적용하여 더 적거나 더 큰 부피의 에멀전을 생산할 수 있다. 적합화는 제조물이 요구되는 직경의 오일 소적이 될 때까지 결과물인 에멀전을 측정하는 것을 포함하는 통상적인 실험에 의해서 달성될 수 있다.

[0141] 수중유 에멀전에서, 오일 및 유화제는 수성 운반체 내에 있어야 한다. 수성 운반체는 예컨대 인산염 완충 식염수일 수 있다.

[0142] 안정한 수중유 에멀전 내에서 발견되는 오일 소적의 크기는 광자 상관 분광기로 측정시에 바람직하게 1 마이크로 미만이요, 직경이 실질적으로 30-600nm, 바람직하게는 실질적으로 30-500nm 정도, 및 가장 바람직하게는 실질적으로 직경 150-500nm, 및 특히 약 150nm의 직경의 범위일 수 있다. 이와 관련하여, 오일 소적 수의 80%는 바람직한 범위 내에 존재하여야 하고, 더욱 바람직하게 90% 초과 및 가장 바람직하게 95%를 초과하는 수의 오일 소적이 규정된 크기 범위 내에 존재한다. 본 발명의 오일 에멀전 내에 존재하는 성분의 양은 통상적으로 (총 투여량 부피의) 0.5-20% 또는 2 내지 10% 범위의 스쿠알렌과 같은 오일이고; 존재하는 경우, 2 내지 10% 알파 토크페롤; 및 0.3 내지 3%의 폴리옥시에틸렌 소르비탄 모노올레이트와 같은 계면활성제이다. 바람직하게 오일(바람직하게 스쿠알렌): 토크(바람직하게 α -토크페롤)의 비율은 1과 같거나 1 미만인데, 그 이유는 이것이 더 안정한 에멀전을 제공하기 때문이다. Tween80 또는 Span 85와 같은 유화제는 또한 약 1% 수준으로 존재할 수 있다. 일부 경우에서 본 발명의 백신은 안정화제를 추가로 포함하는 것이 바람직할 수 있다.

[0143] 바람직한 에멀전 시스템의 예는 WO 95/17210호, WO 99/11241호 및 WO 99/12565호에 기술되어 있으며, 이들은 스쿠알렌, α 토크페롤, 및 TWEEN80을 기초로 하고, 임의로 면역자극제 QS21 및/또는 3D-MPL과 제형화된 에멀전 애드juv언트를 개시한다. 따라서 특히, 본 발명의 바람직한 구체예에서, 본 발명의 애드juv언트는 LPS 또는 그의 유도체와 같은 추가의 면역자극제 및/또는 사포닌을 포함한다. 추가의 면역자극제의 예는 본원 및 문헌 ["Vaccine Design - The Subunit and Adjuvant Approach" 1995, Pharmaceutical Biotechnology, Volume 6, Eds. Powell, M.F., and Newman, M.J., Plenum Press, New York and London, ISBN 0-306-44867-X]에 개시되어 있다.

[0144] 바람직한 양태에서, 본 발명에 따른 애드juv언트 및 면역원성 조성물은 상기 기술된 오일 에멀전에, 임의로 스테롤(바람직하게 콜레스테롤)과 함께, 사포닌(바람직하게 QS21) 및/또는 LPS 유도체(바람직하게 3D-MPL)를 포함한다. 추가적으로 오일 에멀전(바람직하게 수중유 에멀전)은 span 85 및/또는 레시틴 및/또는 트리카프틸린을 포함할 수 있다. 수중유 에멀전, 스테롤 및 사포닌을 포함하는 애드juv언트가 WO99/12565호에 개시되어 있다.

[0145] 전형적으로 인간 투여를 위하여, 사포닌(바람직하게 QS21) 및/또는 LPS 유도체(바람직하게 3D-MPL)는 투여량 당 $1\mu\text{g}$ - $200\mu\text{g}$, 예컨대 10 - $100\mu\text{g}$, 바람직하게 $10\mu\text{g}$ - $50\mu\text{g}$ 의 범위로 면역원성 조성물의 인간 투여량에 존재할 것이다. 전형적으로 오일 에멀전(바람직하게 수중유 에멀전)은 2 내지 10% 대사가능 오일을 포함할 것이다. 바람직하게 2 내지 10% 스쿠알렌, 2 내지 10% 알파 토크페롤 및 0.3 내지 3%(바람직하게 0.4 내지 2%) 유화제(바람직하게 tween80[폴리옥시에틸렌 소르비탄 모노올레이트])를 포함할 것이다. 스쿠알렌 및 알파 토크페롤이 모두 존재하는 경우, 바람직하게 스쿠알렌: 알파 토크페롤의 비율은 1과 동일하거나 그 미만에서 더 안정한 에멀전을 제공한다. Span 85(소르비탄 트리올레에이트)는 또한 본 발명에서 사용되는 에멀전에서 0.5 내지 1%의 수준으로 존재할 수 있다. 일부의 경우에서, 본 발명의 면역원성 조성물 및 백신은 카프틸산(merck index 10th Edition, entry no. 1739)을 포함하는 안정화제, 예컨대 다른 유화제/계면활성제를 추가로 포함하는 것이 유리할 수 있고, 트리카프틸린이 특히 바람직하다.

[0146] 스쿠알렌 및 사포닌(바람직하게 QS21)이 포함되는 경우, 제형에 스테롤(바람직하게 콜레스테롤)을 또한 포함시키는 것이 유리하며 이는 에멀전에서 오일의 전체 수준이 감소하도록 한다. 이것은 공정의 단가를 줄이고, 백신 접종의 전반적인 편의성을 증진시키며, 또한 IFN- γ 생산의 증대와 같이 결과적인 면역 반응을 정성 및 정량적으로 개선시킨다. 따라서, 본 발명의 애드juv언트 시스템은 전형적으로 200:1 내지 300:1 범위에서 대사가능 오일:사포닌의 비(w/w)를 포함하고, 또한 본 발명은 1:1 내지 200:1, 바람직하게 20:1 내지 100:1, 및 가장 바람직하게 실질적으로 48:1의 바람직한 범위의 "저급 오일(low oil)" 형태로 사용될 수 있으며, 이러한 백신은 크게 감소된 반응원성 프로파일과 함께 모든 성분의 이로운 애드juv언트 특성을 보유한다. 따라서, 특히 바람직한 구체예는 스쿠알렌:QS21의 비(w/w)를 1:1 내지 250:1의 범위에서 지니고, 또한 바람직한 범위는 20:1 내지 200:1, 바람직하게 20:1 내지 100:1, 및 가장 바람직하게 실질적으로 48:1이다. 바람직하게 스테롤(가장 바람직하게 콜레스테롤)은 또한 본원에 기술된 사포닌:스테롤의 비율로 존재하도록 포함될 수 있다.

- [0147] 본 발명의 에멀전 시스템은 바람직하게 서브-마이크론 범위의 작은 오일 소적 크기를 갖는다. 가장 바람직하게 오일 소적 크기는 직경 120 내지 750nm, 및 가장 바람직하게 120-600nm의 범위일 것이다.
- [0148] 특히 잠재적인 애주번트 조성물(본 발명의 면역원성 조성물에서 AlPO_4 와의 최종적인 조합물을 위한 것)은 WO 95/17210호 또는 WO 99/12565호(특히 실시예 2, 표 1의 애주번트 제형 11)에 개시된 바와 같이 사포닌(바람직하게 QS21), LPS 유도체(바람직하게 3D-MPL) 및 오일 에멀전(바람직하게 수중유 에멀전 내의 스쿠알렌 및 알파 토크페롤)과 관련된다.
- [0149] TLR 2 효능제의 예는 펩티도글리칸 또는 지질단백질을 포함한다. 이미퀴모드(Imiquimod) 및 레시퀴모드(Resiquimod)와 같은 이미다조퀴놀린은 TLR7 효능제로 알려져 있다. 단일 가닥 RNA도 또한 공지된 TLR 효능제(인간에서 TLR8 및 마우스에서 TLR7)이고, 반면 이중 가닥 RNA 및 폴리 IC(폴리이노시닉-폴리시티딜 산-바 이러스 RNA의 상업적인 합성 모방체)는 TLR 3 효능제의 예이다. 3D-MPL은 TLR4 효능제의 예인 반면 CpG는 TLR9 효능제의 예이다.
- [0150] 면역원성 조성물은 금속염에 흡착된 항원 및 면역자극제를 포함할 수 있다. 항원 및 면역자극제 3-데-O-아실화된 모노포스포릴 지질 A(3D-MPL)가 같은 입자에 흡착된 경우의 알루미늄 기반 백신 제형이 EP 0 576 478 B1호, EP 0 689 454 B1호, 및 EP 0 633 784 B1호에 기술되어 있다. 이러한 경우에서 그러면 항원이 우선 알루미늄 염에 흡착되고 이어서 면역자극제 3D-MPL이 동일한 알루미늄 염 입자에 흡착된다. 그러한 과정은 우선 3D-MPL의 현탁액을 수조내에서 음파처리(sonication)하여 입자 크기를 80 내지 500nm 사이에 도달시키는 것을 포함한다. 항원은 통상적으로 교반하면서 상온에서 한 시간 동안 알루미늄 염에 흡착된다. 그 다음 3D-MPL 현탁액을 흡착된 항원에 첨가하고 제형을 1시간 동안 상온에서 인큐베이션시킨 후, 사용할 때까지 4℃에서 유지시킨다.
- [0151] 본 발명의 백신 제조물은 상기 백신을 전신 또는 점막 경로로 투여하여 감염에 감수성이 있는 포유동물을 보호 또는 치료하는데 이용될 수 있다. 이러한 투여는 근내, 복강내, 피내 또는 피하 경로를 통한 주사; 또는 경구/식도(alimentary), 호흡기, 비노생식관으로의 점막 투여를 통한 주입을 포함할 수 있다. 폐렴 또는 중이염의 치료를 위하여 백신의 비내 투여가 (폐렴구균의 비인두 운반을 더 효율적으로 예방할 수 있고, 따라서 그것의 초기 단계에서 감염을 완화시키기 때문에) 바람직하다. 본 발명의 백신은 단일 투여량으로 투여될 수 있지만, 그의 성분들은 동시 또는 이시에(예를 들어, 폐렴구균 다당류는 서로에 대한 최적의 면역 반응 협조를 위하여 백신의 임의의 박테리아 단백질 성분의 투여와 분리하여, 동시에 또는 투여 1-2주 후에 투여될 수 있다) 함께 공동-투여될 수 있다. 공동 투여를 위하여, 최적의 Th1 애주번트는 임의의 또는 모든 다른 투여물 내에 존재할 수 있고, 예를 들어, 백신의 박테리아 단백질 성분과의 조합으로 존재할 수 있다. 단일 경로 투여뿐만 아니라, 2 가지 다른 경로의 투여도 이용될 수 있다. 예를 들어, 다당류는 IM(또는 ID) 투여될 수 있고, 박테리아 단백질은 IN(또는 ID) 투여될 수 있다. 또한, 본 발명의 백신은 프라이밍 투여량을 위하여 IM, 부스터 투여량을 위하여 IN 투여될 수 있다.
- [0152] 각각의 백신 투여량에서 킨주게이트 항원의 양은 통상적인 백신에서 유의적인 유해 부작용이 없고 면역보호 반응을 유도하는 양으로 선택된다. 그러한 양은 어떤 특정 면역원을 이용하는지 그리고 그것이 어떻게 존재하는지에 따라 다양할 것이다. 일반적으로, 각 투여량은 다당류 0.1-100 μg , 전형적으로 다당류 킨주게이트 0.1-50 μg , 0.1-10 μg , 1-10 μg 또는 1-5 μg 를 포함할 것이다.
- [0153] 백신에서 단백질 항원의 함량은 전형적으로 1-100 μg , 5-50 μg 또는 5 - 25 μg 범위 내에 있을 것이다. 최초 백신 투여에 이어서, 피검체는 적절한 간격을 두고 일회 또는 수회의 부스터 면역화를 받을 수 있다.
- [0154] 백신 제조는 일반적으로 문헌[Vaccine Design ("The subunit and adjuvant approach" (eds Powell M.F. & Newman M.J.) (1995) Plenum Press New York)]에 개시되어 있다. 리포솜 내로의 캡슐화는 풀러튼(Fullerton)에 의하여 미국 특허 제4,235,877호에 개시되어 있다.
- [0155] 본 발명의 백신은 용액 내에 또는 동결건조되어 보관될 수 있다. 임의로, 용액은 수크로오스, 트레할로오스 또는 락토오스와 같은 당의 존재 하에 동결건조된다. 이들은 동결건조되어 사용 전에 즉시 복원되는 것이 일반적이다. 동결건조화는 조성물(백신)을 더 안정하게 할 수 있다.
- [0156] 본 발명의 추가 양태는 약학적으로 허용된 부형제를 본 발명의 면역원성 조성물, NEAT 도메인 또는 다른 단편, 융합 단백질 또는 폴리뉴클레오티드에 첨가하는 단계를 포함하는 본 발명의 백신을 제조하는 방법이다.

- [0157] 본 발명은 또한 스타필로코쿠스 감염, 특히 병원에서 얻은 병원성 감염의 치료 방법을 포함한다.
- [0158] 본 발명의 면역원성 조성물 또는 백신은 특히 예정된 수술의 경우에 이용하는 것이 유용하다. 그러한 환자들은 수술 일자를 미리 알 것이고, 사전에 예방접종시킬 수 있다. 환자가 S. 아우레우스(*S. aureus*) 또는 S. 에피더미디스(*S. epidermidis*) 감염에 노출될 것인지 알 수 없기 때문에, 상기 기술한 바와 같이 둘 모두로부터 보호하는 본 발명의 백신을 접종시키는 것이 바람직하다. 전형적으로 예정된 수술을 기다리는 16세를 넘은 성인은 본 발명의 면역원성 조성물 및 백신으로 처리된다. 대안적으로 예정된 수술을 기다리는 3-16세 어린이는 본 발명의 면역원성 조성물 및 백신으로 처리된다.
- [0159] 또한 본 발명의 백신을 건강 관리 종사자에게 접종하는 것도 가능하다.
- [0160] 본 발명의 백신 제조물은 상기 백신을 전신 또는 점막 경로를 통하여 투여하여 감염에 감수성이 있는 포유동물을 보호 또는 치료하는데 이용될 수 있다. 이러한 투여는 근내, 복강내, 피내 또는 피하 경로를 통한 주사; 또는 경구/식도, 호흡기, 비노생식관으로의 점막 투여를 통한 주입을 포함할 수 있다.
- [0161] 각각의 백신 투여량에서 항원의 양은 통상적인 백신에서 유의적인 유해 부작용 없이 면역보호 반응을 유도하는 양으로 선택된다. 그러한 양은 어떤 특정 면역원을 이용하는지 그리고 그것이 어떻게 존재하는지에 따라 다양할 것이다. 백신의 단백질 함량은 전형적으로 1-100 μ g, 5-50 μ g 범위 내, 전형적으로는 10-25 μ g 범위 내일 것이다. 특정 백신을 위한 최적의 양은 피검체에서 적절한 면역 반응의 관찰과 관련한 표준 연구를 통하여 확인할 수 있다. 최초 백신 투여에 이어서, 피검체는 적절한 간격을 두고 일회 또는 수회의 부스터 면역화를 받을 수 있다.
- [0162] 본 발명의 백신은 임의의 경로로 투여될 수 있으나, 기술된 백신의 피부로의 투여(ID)가 본 발명의 한 구체예를 이룬다. 인간 피부는 표피를 덮고 있는 각질층(stratum corneum)으로 불리는 외부 "각질(horny)" 큐티클을 포함한다. 이러한 표피 하부에 진피로 언급되는 층이 존재하고, 이는 차례로 피하 조직을 덮고 있다. 연구자들은 피부, 특히 진피로의 백신의 주사가 면역 반응을 자극하고, 이는 또한 여러가지 추가적인 장점과 관련될 수 있음을 발견하였다. 본원에 기술된 백신의 피내 백신 투여는 본 발명의 임의의 특징을 구성한다.
- [0163] 피내 주사의 통상적인 기술인 "망토우(mantoux) 방법"은 피부를 세척하는 단계 및 그 다음 한 손을 이용한 스트레칭 단계를 포함하며, 위로 향하는 빗각의 좁은 게이지 바늘(26-31 게이지)을 이용하여 바늘을 10-15° 사이의 각도로 삽입한다. 일단 빗각의 바늘이 삽입되면, 바늘의 몸통을 낮추고, 피부 아래로 바늘을 이동시키기 위해 약간의 압력을 제공하면서 추가로 전진시킨다. 그 다음 액체를 매우 천천히 주사하고, 그로 인해 피부 표면상에 수포 또는 융기가 형성되고, 이후 바늘을 천천히 뺀다.
- [0164] 보다 최근에, 피부 내로 또는 피부를 가로질러 액체 작용제를 투여하기 위하여 특별히 고안된 장치가 기술되어 왔으며, 예를 들어 이러한 장치가 WO 99/34850호 및 EP 1092444호 에 기술되어 있고, 또한 분사(jet) 주사 장치가 예를 들어, WO 01/13977호; US 5,480,381호, US 5,599,302호, US 5,334,144호, US 5,993,412호, US 5,649,912호, US 5,569,189호, US 5,704,911호, US 5,383,851호, US 5,893,397호, US 5,466,220호, US 5,339,163호, US 5,312,335호, US 5,503,627호, US 5,064,413호, US 5,520,639호, US 4,596,556호, US 4,790,824호, US 4,941,880호, US 4,940,460호, WO 97/37705호 및 WO 97/13537호에 기술되어 있다. 백신 제조물의 피내 투여의 대안적 방법은 통상적인 주사기 및 바늘, 또는 고체 백신의 탄도(ballistic) 전달을 위해 고안된 장치(WO99/27961호), 또는 경피 패치(WO97/48440호; WO98/28037호)를 포함할 수 있고; 또는 피부의 표면에 적용될 수 있다(경피 또는 피부를 통한 전달 WO98/20734호; WO98/28037호).
- [0165] 본 발명의 백신을 피부, 또는 더욱 특히 진피에 투여하는 경우, 백신은 적은 액체 부피, 특히 약 0.05 ml 내지 0.2 ml의 부피이다.
- [0166] 본 발명의 피부 또는 피내 백신에서의 항원의 함량은 근내 백신(상기 참조)에서 확인되는 통상적인 투여량과 유사할 수 있다. 그러나, 피부 또는 피내 백신의 특징은 제형이 "저 용량"일 수 있다는 점이다. 따라서, "저 용량" 백신의 단백질 항원은 임의로 투여량당 0.1 내지 10 μ g, 임의로 0.1 내지 5 μ g만큼 적게 존재하고; (임의로 컨주게이션된) 다당류 항원은 투여량당 0.01-1 μ g, 및 임의로 0.01 내지 0.5 μ g의 범위로 존재할 수 있다.
- [0167] 본원에서 사용되는 용어 "피내 전달"은 피부의 진피 부위로 백신을 전달하는 것을 의미한다. 그러나, 백신이 반드시 진피 내에만 존재하지는 않을 것이다. 진피는 인간 피부의 표면으로부터 약 1.0 내지 약 2.0 mm 사이에 위치한 피부 내의 층이나, 개체간에 또한 신체의 상이한 부분에서 특정한 수치의 변화가 존재한다. 일반적으로, 피부의 표면 아래로 1.5 mm를 진행하면 진피에 도달하는 것으로 예상될 수 있다. 진피는 표면에서 각질

층 및 표피와, 하부의 피하층 사이에 위치하고 있다. 전달 방법에 따라서, 백신은 궁극적으로 진피내에만 또는 주로 진피에 위치될 수 있거나, 궁극적으로 표피 및 진피 내에 분포될 수 있다.

- [0168] 본 발명의 구체예는 본 발명의 면역원성 조성물 또는 백신을 이를 필요로 하는 환자에게 투여하는 단계를 포함하는 스타필로코쿠스 감염 또는 질병을 예방 또는 치료하는 방법이다.
- [0169] 본 발명의 추가 구체예는 스타필로코쿠스 감염 또는 질병, 임의로 수술 후 스타필로코쿠스 감염을 치료 또는 예방하기 위한 백신의 제조에서 본 발명의 면역원성 조성물의 용도이다.
- [0170] 용어 '스타필로코쿠스 감염'은 *S. 아우레우스(S. aureus)* 및/또는 *S. 에피더미디스(S. epidermidis)*, 및 포유류, 임의로 인간 숙주에서 감염을 유발할 수 있는 다른 스타필로코쿠스 균주에 의해 유발되는 감염을 포함한다.
- [0171] 본 발명자들은, 모든 경우에서, 본원의 용어 "포함하는", "포함하다" 및 "포함하다"가, 각각 용어 "구성되는", "구성되다" 및 "구성되다"로 임의로 대체될 수 있는 것으로 의도한다.
- [0172] 본 발명의 명세서에서 인용된 모든 참고문헌 또는 특허출원은 본원에 참고문헌으로서 포함되었다.
- [0173] 본 발명을 더욱 잘 이해하기 위하여, 하기 실시예를 제시한다. 이러한 실시예는 단지 예시를 목적으로 하는 것이며, 본 발명의 범위를 어떤 방식으로 제한하도록 의도된 것이 아니다.
- [0174] 실시예
- [0175] 실시예 1 마우스에서 IsdA/IsdB 작제물 및 면역원성
- [0176] 당해 실시예에서 사용된 IsdA 및 IsdB 단백질, 단편 및 융합 단백질의 세부사항은 도 1-3에 나타나 있다.
- [0177] 15 마리의 암컷 Balb/C 마우스 그룹을 수중유 에멀전에서 3D-MPL 및 QS21을 포함하는 애쥬번트(AS02V)로 애쥬번트화한 하기 10 μ g의 각 단백질로 0, 14 및 28일에 근대로 면역화시켰다. 10마리의 마우스 대조 그룹을 애쥬번트 단독으로 면역화시켰다.
- [0178] 그룹 1 전장 IsdA 단백질
- [0179] 그룹 2 전장 IsdB 단백질
- [0180] 그룹 3 LVL230 IsdA NEAT 도메인 (아미노산 62-184)
- [0181] 그룹 4 LVL231 IsdA NEAT 도메인 (아미노산 58-188)
- [0182] 그룹 5 LVL235 IsdB NEAT 1 도메인 (아미노산 140-269)
- [0183] 그룹 6 LVL237 IsdB NEAT 1/2 융합체 (아미노산 155-460)
- [0184] 그룹 7 LVL238 NEAT 1-NEAT 2 IsdB (아미노산 140-462)
- [0185] 그룹 8 LVL294 IsdA NEAT (58-188)-GGs-IsdB NEAT 1-IsdH-IsdB NEAT 2
- [0186] 그룹 9 LVL295 IsdA NEAT (58-188)-IsdH-IsdB NEAT 1-GGs-IsdB NEAT 2
- [0187] 그룹 10 LVL296 IsdA NEAT (58-188)-GGs-IsdB NEAT 1-GGs-IsdB NEAT 2
- [0188] 그룹 11 LVL321 IsdB NEAT1 - GGs - IsdB NEAT 2 (아미노산 140-462)
- [0189] 그룹 12 애쥬번트
- [0190] GGs는 아미노산 글리신, 글리신, 세린으로 구성된 링커를 나타낸다.
- [0191] IsdH는 SEQ ID NO: 98의 서열을 나타낸다.
- [0192] 항-IsdB 및 항-IsdA ELISA 역가는 42일째에 수집한 개별 혈청(postIII)에서 측정하였다. OPA 역가는 푸울링된 포스트(Post)III 혈청에서 측정하였다.
- [0193] **항-IsdA 및 항-IsdB ELISA 반응**
- [0194] 인산염 완충 식염수(PBS) 중 1 μ g/ml의 정제된 IsdA 또는 IsdB를 4℃에서 밤새 고-결합 미세역가 플레이트(NuncMaxisorp) 상에 코팅시켰다. 플레이트를 교반하면서 상온에서 30분 동안 PBS-BSA 1%로 블로킹하였다. 마우스 항-혈청을 1/500으로 미리 희석시킨 다음, 미세플레이트에서 추가로 두 배 희석하고, 교반하면서 상온

에서 30분 동안 인큐베이션하였다. 세척한 후에, 결합된 묶린 항체를 PBS-BSA0.2%-tween 0.05%에서 1:5000 희석시킨 염소 항-마우스 IgG(H+L)[Jackson ImmunoLaboratories Inc. peroxidase-conjugated affiniPure Goat Anti-Mouse IgG (H+L) (참고번호: 115-035-003)]를 사용하여 검출하였다. 검출 항체를 교반하면서 상온에서 30분 동안 인큐베이션시켰다. 10 ml pH 4.5 0.1M 시트레이트 완충액 당 4 mg OPD + 5 μ l H₂O₂를 이용하여 상온의 암실에서 15분 동안 발색시켰다. 50 μ l HCl로 반응을 정지시키고, 620nm와 대비하여 490nm에서 흡광도(OD)를 판독하였다.

[0195] 혈청에 존재하는 항-IsdA 또는 항-IsdB 항체의 수준을 중간점(mid-point) 역가로 나타내었다. GMT는 15개 샘플(10개 대조군)에 대하여 계산하였다.

[0196] **옵소닌 식작용 분석**

[0197] 옵소닌 식작용 분석(OPA)을(6.7 10e7/ml로 조절한) 15 μ l의 HL-60 식세포, 15 μ l의 S. 아우레우스(*S. aureus*) 박테리아, 15 μ l의 실험 혈청 희석액 및 15 μ l의 피글렛 보체(1% 최종 농도)로 둥근바닥 미세플레이트에서 수행하였다.

[0198] 비활성화된 실험 혈청을 MEM-BSA 1% HEPES 25 mM에서 일차로 희석시키고(1/25) S. 아우레우스(*S. aureus*) 뉴만 D 스프 균주(실험 종결시 300 CFU/웰을 얻도록 희석시킴)와 상온에서 40분 동안 진탕하며 인큐베이션하였다. 희석 전에 균주를 미리 철-결핍 배지(RPMI1640)에서 밤새 성장시켰다.

[0199] 다음으로 HL-60 세포(6.7.10e7/ml로 조절함) 및 피글렛 보체를 각 웰에 첨가하였다. 비활성화된 보체를 이용한 대조군을 또한 각 실험 샘플에 포함시켰다.

[0200] 반응 혼합물을 교반하면서 37°C에서 90분 동안 인큐베이션하였다. 1/20로 희석한 후, 다음으로 50 μ l 부피를 편평한 바닥 미세플레이트로 옮겼다. 50 μ l의 MH 아가에 이어서 50 μ l의 PBS-0.9% 아가를 첨가하였다. 37°C에서 밤새 인큐베이션한 후 자동화된 콜로니 계수를 수행하였다.

[0201] 옵소닌 식작용 활성은 적어도 50% 사멸을 나타내는 혈청 희석의 역수로 나타내었다.

[0202] **ELISA 결과**

[0203] 도 4에 나타난 결과는 LVL230 및 LVL231 둘 모두에서 두 IsdA NEAT 도메인 단편이 IsdA에 대하여 천연의 단백질에 대해 발생하는 것만큼 좋은 ELISA 결과를 갖는, 좋은 면역 반응을 유도했다는 것을 나타낸다. 유사하게, 세 IsdA/IsdB 융합 단백질(LVL294, LVL295 및 LVL296)이 전장 IsdA에 의해 달성되는 것과 유의한 차이가 없는 항-IsdA 반응을 나타내었다.

[0204] 도 5에 나타난 결과는 IsdB에 대한 면역 반응에서 두 번째 NEAT 도메인의 중요성을 나타낸다. LVL235에 존재하는 N-말단 NEAT 도메인은, N-말단 NEAT 도메인의 단지 일부만을 포함하나 C-말단 NEAT 도메인 전부를 포함하는 LVL237에 대해 발생하는 면역 반응(중간점 역가 537,644)과 비교하여, 단지 적은 ELISA 반응(중간점 역가 9,043)만을 발생시켰다. 이것은 LVL237, LVL238, LVL294, LVL295, LVL296 또는 LVL321로 얻는 것보다 LVL235에 대한 반응이 낮은 것에 의해 설명된다.

[0205] **옵소노 결과**

[0206] 옵소노 분석에서 달성된 결과를 도 6에 나타낸다. 매우 좋은 결과가 LVL230 및 LV231 둘 모두에서 IsdA NEAT 도메인 단편으로 면역화한 후에 매우 좋은 옵소노 역가로; 전장 IsdA 또는 IsdB에 의해 달성되는 것보다 더 높게 달성되었다. 이러한 결과는 또한 IsdB의 N-말단 NEAT 도메인(LVL235)이 N-말단 NEAT 도메인의 단지 일부분과 C-말단 NEAT 도메인 전체를 포함하는 LVL237과 비교하여 더 낮은 옵소노 반응을 발생시켰기 때문에 IsdB의 C-말단 NEAT 도메인의 중요성을 확인시켜 주었다. IsdA NEAT 도메인 및 IsdB NEAT 도메인 1 및 2의 조합물을 포함하는 융합 단백질은 훨씬 더 높은 옵소노 반응을 나타내었다(LVL294, LVL295, LVL296). LVL294에서 주어진 두 IsdB NEAT 도메인 사이의 링커로써 SEQ ID NO: 98의 존재는 특히 좋은 옵소노 반응을 제공하였다.

[0207] **결론**

[0208] 아미노산 62-184 및 58-188 둘 모두로부터의 IsdA NEAT 도메인은 유리 도메인으로서 또는 융합 단백질의 부분으로서 훌륭한 면역원성 결과를 나타내었다. 항-IsdA 항체는 또한 항-IsdB 항체보다 더 높은 옵소노 결과를 나타내었다.

[0209] IsdB의 C-말단 NEAT 도메인은 면역원성의 발생, 특히 옵소노 활성화에 있어서 N-말단 NEAT 도메인보다 더 중요

하다.

[0210] **실시예 2 ClfA N123 도메인의 발현 및 정제**

[0211] **B2312:**

[0212] 아미노산 40 내지 559을 코딩하는 스태필로코쿠스 아우레우스(*Staphylococcus aureus*) NCTC8325 균주에서 유래한 *clfA* 유전자 단편은 코돈-최적화되었고, 진아트(GeneArt, Regensburg, 독일)에 의해 2 부분으로 합성되었다. 이 유전자 단편은 ClfA의 피브리노겐-결합 활성을 포함하는 N1, N2 및 N3로 확인된 세 구조적 도메인을 엔코딩한다. 라이게이션을 가능하게 하기 위하여, 제한 위치 NdeI 및 SacII를 첫 번째 합성 유전자 부분의 맨 끝에서 첨가하였고, 반면 SacII 및 XhoI를 두 번째에 첨가하였다.

[0213] PCR 반응을 이용하여 정지 코돈을 3' 말단에서 XhoI 위치 직전에 첨가하였고, 474 위치의 티로신 잔기를 두 번째 합성 단편에서 히스티딘 잔기로 대체시켰다. 따라서 2 개의 단편은 고속 DNA 라이게이션 키트(Roche, Mannheim, 독일)를 이용하여 DNA 단편 및 플라스미드를 동시에 결합시킴으로써 pET24b(+) 발현 벡터(Novagen)에 클로닝되었다. 마지막으로 최종 작제물은 이. 콜라이(*E. coli*) 균주 BLR(DE3)를 (474 돌연변이를 갖는) N123 도메인을 포함하는 발현 벡터로 형질전환하는 표준 과정으로 제조되었다.

[0214] 이. 콜라이(*E. coli*) BLR (DE3) 균주: $F^- ompT hsdS_B(r_B^- m_B^-) gal dcm$ (DE3) (srl-recA)306::Tn10 (Tet^R). (Novagen)

[0215] BLR은 플라스미드 모노머 수율을 증가시키는 BL21의 recA- 유도체이고 반복 서열을 포함하는 표적 플라스미드의 안정화를 도울 수 있으며, 또는 그의 산물은 DE3 프로파지의 손실을 유발할 수 있다.

[0216] 이 균주는 테트라사이클린 내성이다(12.5 µg/ml).

[0217] DE3는 숙주가 DE3의 라이소젠임을 나타내고, 따라서 lacUV5 프로모터의 조절 하에 T7 RNA 폴리머라제 유전자의 유전체 복사를 수행한다. 이러한 균주는 IPTG로 유도함으로써 pET 벡터에 클로닝된 표적 유전자로부터 단백질을 생산하는데 적합하다.

[0218] **B2378:**

[0219] N123 도메인의 야생형 서열(474 위치에 돌연변이가 없는 아미노산 40-559)을 (474 돌연변이를 갖는) N123 돌연변이를 포함하는 발현 벡터를 주형으로 이용하여 부위-특정 돌연변이화(Quickchange Site-directed Mutagenesis Kit; Stratagene)로 복원시켰다. 최종 균주는 표준 과정에 따라서 이. 콜라이(*E. coli*) 균주 BLR(DE3)를 N123 도메인(야생형 서열)을 포함하는 발현 벡터로 형질전환시켜 발생시켰다.

[0220] **아미노산 474에서 돌연변이된 ClfA의 정제(균주 B2312)**

[0221] 발효기에서 자란 배양액으로부터 수확한 이. 콜라이(*E. coli*) 세포 페이스트를 50 mM NaCl, 2 mM EDTA 및 1 mM PMSF를 포함하는 50 mM 인산염 완충액 pH7.2에 재현탁시켜 OD_{650nm}이 120에 도달되도록 하였다. 현탁액을 판다 균질화기(Panda homogeniser, 2 패스- 750바)에 넣어 기계적으로 파쇄시키고, 50% 아세트산으로 pH 4.0에 맞추었다. 4℃에서 30분 동안 12200g로 원심분리한 후, 상청액을 0.45-0.20 µm 필터로 정제하였고 1 부피 Tris 0.5M pH 8.1에 이어 4 부피 Tris 20 mM - NaCl 120 mM pH 8.1에 대해 정용여과하였다. 농축물을 Tris 20 mM - NaCl 120 mM pH 8.1로 평형화시킨 CaptoQ 컬럼(ml 수지 당 ~10 ml 농축물)에 로딩하였다. 평형 완충액으로 세척한 후에, ClfA를 Tris 20 mM - NaCl 215 mM pH 8.1로 용리하였으며, 평형화시킨 세파크릴 HR300 컬럼으로 추가로 정제하고 10 mM 붕산나트륨 pH 9.5로 용리시켰다. ClfA를 포함하는 분획을 SDS-PAGE에 의한 순도를 기초로 선별하고, 푸울링하며, 0.22 µm 에서 멸균-필터하였다.

[0222] **야생형 ClfA(균주 B2378)의 정제**

[0223] 셰이크 플라스크의 배지에서 수확한 이. 콜라이(*E. coli*) 세포를 50 mM NaCl, 2 mM EDTA 및 1 mM PMSF를 포함하는 50mM 인산염 완충액 pH7.2에 재현탁하여 OD_{650nm}이 120에 도달하도록 하였다. 현탁액을 판다 균질화기 (2 패스-750바)에 넣어 기계적으로 파쇄시키고, 50% 아세트산으로 pH3.8에 맞추었다. 4℃에서 30분 동안 12200g 에서 원심분리한 후, 상청액을 0.45-0.22 µm 여과로 정제하고, 평형화시킨 세파크릴 HR300 컬럼으로 정제하고 10 mM 붕산나트륨 pH 9.5로 용리시켰다. ClfA를 포함하는 분획을 SDS-PAGE에 의한 순도를 기초로 선별하고, 푸울링하며, 0.22 µm에서 멸균-필터하였다.

[0224] **실시예 3 피브리노겐 결합 실험:**

[0225] **코팅된 ClfA에 대한 피브리노겐 부착:**

[0226] 인산염 완충 식염수(PBS) 중 $10\mu\text{g/ml}$ 의 ClfA 단백질을 4°C 에서 밤새 고 결합 미세역가 플레이트(NuncMaxisorp) 상에 코팅시켰다. 플레이트를 진탕하며 상온에서 30분 동안 PBS-BSA 1%로 블로킹하였다.

[0227] 세척한 후, 인간 피브리노겐(참고번호: SIGMA F4883-16)을 최초 농도 1mg/ml 로 첨가한 다음, 미세플레이트에서 추가로 두배 희석하고 진탕하면서 37°C 에서 1시간 동안 인큐베이션하였다.

[0228] 세척한 후에, 결합된 피브리노겐을 PBS-BSA 0.2%-Tween 0.05%에서 1:5000으로 희석한 퍼옥시다제 컨쥬게이션된 항-피브리노겐 염소 다클론 항체(참고번호: ABCAM7539-1)를 이용하여 검출하였다. 검출 항체를 교반하며 상온에서 60분 동안 인큐베이션하였다.

[0229] 10 ml pH 4.5 0.1M 시트레이트 완충액 당 4 mg OPD(Sigma) + $5\mu\text{l}$ H_2O_2 를 이용하여 상온의 암실에서 15분 동안 발색시켰다. $50\mu\text{l}$ HCl로 반응을 정지시키고, 620nm와 대비하여 490nm에서 흡광도를 판독하였다.

[0230] 야생형 ClfA N123 단백질과 비교하여 474 돌연변이 ClfA N123 단백질이 피브리노겐에 저조하게 결합함을 나타내는 결과가 도7에 제시되어 있다.

[0231] **코팅된 피브리노겐에 대한 ClfA 부착:**

[0232] 인산염 완충 식염수(PBS) 중 $10\mu\text{g/ml}$ 의 인간 피브리노겐(참고번호: 시그마 F4883-16)을 4°C 에서 밤새 고 결합 미세역가 플레이트(NuncMaxisorp) 상에 코팅시켰다. 플레이트를 진탕하면서 상온에서 30분 동안 PBS-BSA 1%로 블로킹하였다.

[0233] 세척한 후에, ClfA를 최초 농도 $50\mu\text{g/ml}$ 로 첨가한 다음, 미세플레이트에서 추가로 두배 희석하고 진탕하면서 37°C 에서 1시간 동안 인큐베이션하였다.

[0234] 세척한 후에, 결합된 ClfA를 PBS-BSA 0.2%-Tween 0.05%에서 1:500으로 희석한 항-ClfA 토끼 다클론(his)-표지된 N123 ClfA로 면역시킨 후 얻은 것)을 이용하여 검출하고, 진탕하며 37°C 에서 1시간 동안 인큐베이션하였다.

[0235] 세척한 후에, 결합된 토끼 항체를 PBS-Tween 0.05%에서 1:5000으로 희석한 염소 항-토끼 IgG[Jackson ImmunoLaboratories Inc. peroxidase-conjugated affiniPure Goat Anti-Rabbit IgG (참고번호: 111-035-003)]를 이용하여 검출하였다. 검출 항체를 진탕하면서 상온에서 30분 동안 인큐베이션하였다.

[0236] 10 ml pH 4.5 0.1M 시트레이트 완충액 당 4 mg OPD(Sigma) + $5\mu\text{l}$ H_2O_2 를 이용하여 상온의 암실에서 15분 동안 발색시켰다. $50\mu\text{l}$ HCl로 반응을 정지시키고, 620nm와 대비하여 490nm에서 흡광도를 판독하였다.

[0237] 도 8에 나타난 결과는 야생형 ClfA N123 단백질과 비교하여 474 돌연변이 ClfA N123 단백질이 피브리노겐에 매우 저조하게 결합함을 재차 확인시킨다.

[0238] **실시예 4 코팅된 ClfA에 대한 피브리노겐 부착의 저해 분석**

[0239] 20마리의 마우스 그룹을 애쥬번트 AS02V로 체형화된 $10\mu\text{g}$ 의 ClfA N123 또는 돌연변이된 474 ClfA로 0, 14 및 28일에 근대 접종시켰다. 대조 그룹은 애쥬번트 단독으로 접종시켰다.

[0240] 42일째에 혈청을 마우스로부터 수집하였고, 각 그룹으로부터의 푸울링된 혈청을 코팅된 ClfA에 대한 피브리노겐 부착의 저해 분석을 실험하였다.

[0241] 인산염 완충 식염수(PBS) 중 $10\mu\text{g/ml}$ 의 정제된 ClfA 단백질을 4°C 에서 밤새 고 결합 미세역가 플레이트(NuncMaxisorp) 상에 코팅시켰다. 플레이트를 진탕하면서 상온에서 30분 동안 PBS-BSA 1%로 블로킹하였다. 세척한 후에, 마우스 항혈청을 10 배로 최초 희석하여 첨가한 다음, 미세플레이트에서 추가로 두배 희석하고 진탕하면서 상온에서 1시간 동안 인큐베이션하였다. 세척 단계없이, 인간 피브리노겐(참고번호: SIGMA F4883-16)을 PBS-BSA 0.2%-Tween 0.05%에서 $400\mu\text{g/ml}$ 농도로 첨가하고, 진탕하며 37°C 에서 1시간 동안 인큐베이션하였다.

[0242] 세척 후에, 결합된 피브리노겐을 PBS-BSA 0.2%-Tween 0.05%에서 1:5000으로 희석한 퍼옥시다제 컨쥬게이션된 항-피브리노겐 염소 다클론 항체(참고번호: ABCAM7539-1)를 이용하여 검출하였다. 검출 항체를 교반하며 상온에서 60분 동안 인큐베이션하였다. 10 ml pH 4.5 0.1M 시트레이트 완충액 당 4 mg OPD(Sigma) + $5\mu\text{l}$ H_2O_2

를 이용하여 상온의 암실에서 15분 동안 발색시켰다. 50 μ l HCl로 반응을 정지시키고, 620nm와 대비하여 490nm에서 흡광도를 판독하였다.

- [0243] 도 9에 나타난 결과는 야생형 및 474 돌연변이 C1fA N123 모두에 대해 발생한 항체가 대략 동일한 정도로 피브리노겐이 C1fA N123 코팅된 플레이트에 결합하는 것을 저해할 수 있었음을 나타낸다.
- [0244] **코팅된 피브리노겐에 대한 S. 아우레우스(*S. aureus*) 부착의 저해 분석**
- [0245] 20마리의 마우스 그룹을 애쥬번트 AS02V로 제형화된 10 μ g의 C1fA N123 또는 돌연변이된 474 C1fA로 0, 14 및 28일에 근대 접종시켰다. 대조 그룹은 애쥬번트 단독으로 접종시켰다.
- [0246] 42일째에 혈청을 마우스로부터 수집하였고, 각 그룹으로부터의 푸울링된 혈청을 코팅된 피브리노겐에 대한 S. 아우레우스(*S. aureus*) 부착의 저해 분석으로 테스트하였다.
- [0247] 인산염 완충 식염수(PBS) 중 10 μ g/ml의 인간 피브리노겐(참고번호: 시그마 F4883-16)을 4℃에서 밤새 고 결합 미세역가 플레이트(NuncMaxisorp) 상에 코팅시켰다. 플레이트를 진탕하면서 상온에서 30분 동안 PBS-BSA 1%로 블로킹하였다.
- [0248] 이 포화 단계 중에, 마우스 항혈청의 순차적 2 배 희석(1/10에서 시작함)을 PBS-BSA 0.2%-Tween 0.05%로 다른 미세플레이트에서 수행하였다. 그 다음, 열 불활성된 뉴만 D 스파 S. 아우레우스(*S. aureus*) 박테리아(2 10e6 CFU/웰)를 첨가하고 미세플레이트를 진탕하며 30분 동안 상온에서 인큐베이션하였다.
- [0249] 피브리노겐 코팅된 미세플레이트를 세척한 후에, 혼합 항혈청-박테리아를 첨가하고 진탕하며 30분 동안 상온에서 인큐베이션하였다.
- [0250] 세척한 후에, 결합된 박테리아를 PBS-BSA 0.2%-Tween 0.05%에서 1:50000로 희석된 항-사멸 전세포 토끼 다클론(사멸한 S. 아우레우스(*S. aureus*) 피벤슈타인(Lowenstein)으로 면역시켜 얻은 것)을 이용하여 검출하였다.
- [0251] 세척한 후에, 결합한 토끼 항체를 PBS-Tween 0.05%에서 1:5000으로 희석한 염소 항-토끼 IgG[Jackson ImmunoLaboratories Inc. peroxidase-conjugated affiniPure Goat Anti-Rabbit IgG (참고번호: 111-035-003)]를 이용하여 검출하였다. 검출 항체를 진탕하면서 상온에서 30분 동안 인큐베이션하였다.
- [0252] 10 ml pH 4.5 0.1M 시트레이트 완충액 당 4 mg OPD(Sigma) + 5 μ l H₂O₂를 이용하여 상온의 암실에서 15분 동안 발색시켰다. 50 μ l HCl로 반응을 정지시키고, 620nm와 대비하여 490nm에서 흡광도를 판독하였다.
- [0253] 도 10에 나타난 결과는 야생형 및 474 돌연변이 C1fA N123 모두에 대해 발생한 항체가 대략 동일한 정도로 S. 아우레우스(*S. aureus*) 박테리아가 피브리노겐 코팅된 플레이트에 결합하는 것을 저해할 수 있었음을 나타낸다.

[0254]

서열

SEQ ID NO: 1

MTKHYLNSKYQSEQRSSAMKKITMGTAIIILGSLVYIGADSQQVNAATEATNATNNQSTQVSQATSQPINFQV
QKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTVVNDNKKADTRTINVAV
EPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKPNNVKFVQPKPAQPKTFTEQTKFVQPKVEKV
KPTVTTTSKVEDNHS TKVVSTDTTKDQTKTQTAHTVKTAQTAQE QNKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQ
QTNKVTKHNETPKQASKAKELPKTGLTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESK

SEQ ID NO:2

STQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAK

SEQ ID NO:3

SQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTVVNDN
KKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADA

SEQ ID NO: 4

DSQQVNAATEATNATNNQSTQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYFQTVLNNASF
WKEYKFYNANNQELATTVVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLAD
AAK

SEQ ID NO: 5

SQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTVVNDN
KKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLA

SEQ ID NO:6

MNKQQKEFKSFYSIRKSSIGVASVAISTLLLLMSNGEAQAAAEETGGTNTEAQPKEAVASPTTSEKAPETK
PVANAVSVSNKEVEAPTSETKEAKEVKEVKAPKETKEVKPAAKATNNTYPI LNQELREA IKNPAIKDKDHSAP
NSRPIDFEMKKKDGTTQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKLPIKLVSYDTVKD
YAYIRFSVSNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKAKTLERQV
YELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKS AITEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDT
FVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTI IFPYVEGKTLYDAIVKVHVVTI
DYDGQYHVRIVDKAFTKANTDKSNKKEQQDNSAKKEATPATPSKPTSPVEKESQKQDSQKDDNKQLPSVEK

[0255]

ENDASSESGKDKT PATKPTKGEVSSSTPTKVSTTQNVAKPTTASSKTTKDVVQTSAGSSEAKDSAPLQKA
NIKNTNDGHTQSQNNKNTQENKAKSLPQTGEESNKDMTLPMLALLALSSIVAFVLPKRKN

SEQ ID NO:7

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
SYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKVIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKT

SEQ ID NO:8

SAPNSRPIDFEMKKKDGTTQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDT
VKDYAYIRFSVSNGTAKVIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSA

SEQ ID NO:9

PTNEKMTDLQDTKYVYVESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTSKDA
KNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKAFTKANTDKS

SEQ ID NO:10

KMTDLQDTKYVYVESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTSKDAKNNT
RTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKAFTKANT

SEQ ID NO:11

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
SYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKVIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKA
KTLERQVYELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVYVESVEN
NESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTSKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIV
KVHVKTIDYDGQYHVRIVDKAFTKANTDKS

SEQ ID NO:12

SAPNSRPIDFEMKKKDGTTQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDT
VKDYAYIRFSVSNGTAKVIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKA
RQVYELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVYVESVENNESM
MDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTSKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHV
KTIDYDGQYHVRIVDKAFTKANT

SEQ ID NO:13

[0256]

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDK
KLPIKLVSYDTVKDYAIRFSVSNKTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTKL
GGSPITNEKMTDLQDTKYVYVESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEG
QVRVITISKDAKNNTRIIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO: 14

MKNILKVFNTTILALIIIIATFSNSANAADSGTLNVEVYKYNTNDTSIANDYFNKPAKYI
KKNGLYVQITVNHSHWITGMSIEGHKENIISKNTAKDERTSEFEVSKLNGKIDGKIDVY
IDEKVNGKPFKYDHHYNITYKFNGPTDVAGANAPGKDDKNSASGSDKSGDGTGQSES
SSNKDKVENPQTNAGTPAYIYAI PVASLALLIAITLFRKKSKGNVE

SEQ ID NO:15

NSANAADSGTLNVEVYKYNTNDTSIANDYFNKPAKYIKKNGLYVQITVNHSHWITGMSI
EGHKENIISKNTAKDERTSEFEVSKLNGKIDGKIDVYIDEKVNGKPFKYDHHYNITYKF
GPTDVAGANAP

SEQ ID NO:16

MNKHHPKLSFYISIRKSTLGVASVIVSTLFLITSQHQAQAENTNTSDKISENQNNNATTTQPPKDTNQT
QPATQPANTAKNYPAADESLKDAIKDPALENKEHDIGPREQVNFQLLDKNNETQYYHFFSIKDPADVYYT
KKKAEVELDINTASTWKKFEVYENNQKLPVRLVSYSPVPEDHAYIRFPVSDGTQELKIVSSTQIDDGEET
NYDYTKLVFAKPIYNDPSLVKSDTNDVAVTNDQSSSVASNOTNTNTSNQINISTINNANNQPAATTNMSQP
AQPSSSTNADQASSQPAHETNSNGTNDKTNESSNQSDVNQQYPPADESLQDAIKNPATIDKEHTADNWR
PIDFQMKNDKGERQFYHYASTVEPATVIFTKTGPPIELGLKTASTWKKFEVYEGDKLPVELVSYDSK
YAYIRFPVSNGTREVKIVSSIEYGENIHEDYDYLTMVFAQPITNNPDDYVDEETYNLQKLLAPYHKA
ERQVYELEKLEKLEKPEKYAEYKKKLDQTRVELADQVKSAVTEFENVPTNDQLTDLQEAHFVFESEEN
SESVMDFVEHPPFYATLNGQKYVVMKTKDDSYWKDLIVEGKRVTTVSKDPKNNSTLIFPYIPDKAVYN
AIVKVVVANIGYEGQYHVRIINQDINTKDDDTSQNNTSEPLNVQTGQEGKVADTDAENSSSTAINPKDAS
DKADVIEPESDVVKDADNNIDKDVQHDVDHLSDMSDNNHFDKYDLKEMDTQIAKDTDRNVKDDADNSVGM
SSNVDTDKDSNKNKDKVIQLNHIADKNHNTGKAALKDVVKQYNNNTDKVTDKKTEHLPSTDIHKTVDKTV
KTKEKAGTPSKENKLSQSKMLPKTGETTSSQSWGLYALLGMLALFIPKFRKESK

SEQ ID NO:17

NKEHDIGPREQVNFQLLDKNNETQYYHFFSIKDPADVYYTKKAEVELDINTASTWKKFEVYENNQKLPV
RLVSYSPVPEDHAYIRFPVSDGTQELKIVSSTQIDDGEETNYDYTKLVFAKPIYNDPSLVKS

SEQ ID NO:18

KEHTADNWRPIDFQMKNDKGERQFYHYASTVEPATVIFTKTGPPIELGLKTASTWKKFEVYEGDKLPVE
LVSYDSKDYAYIRFPVSNGTREVKIVSSIEYGENIHEDYDYLTMVFAQPITNNPDDYVD

SEQ ID NO:19

TNDQLTDLQEAHFVFESEENSESVMDGFVEHPPFYATLNGQKYVVMKTKDDSYWKDLIVEGKRVTTVSK
DPKNNSTLIFPYIPDKAVYN AIVKVVVANIGYEGQYHVRIINQDINTKDDDTSQ

SEQ ID NO:20

[0257]

MNMKKKEKHAIRKKSIGVASVLVGTLLIGFGLSSKEADASENSVTQSDSASNESKSNDS
SVSAAAPKTDITNVSDTKTSSNTNNGETSAQNPAQQETTQSSSTNATTEETPVTGEATTT
TTNQANTPATQSSNTNAEELVNQTSNETTSNDTNTVSSVNSPQNSTNAENVSTQDTST
EATPSNNEAPOSQTDASNKDVVNQAVNTSAPRMRAFSLAAVAADAFVAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYFTFDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVDYEKYGKFNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPBGDNVIAPVLTGNLKPNT
DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPENFEDVTNSVNITFPNPNQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDALRSTLYGYNSNIWRSMSWDNEVAFNNGSGSGDGID
KPVVPEQPDEPGEIEPIPEDSDSDPGSDSGSDSNDSGSDSGSDSTSDSGSDSASDS
SDSDSASDSASDSASDSASDSNDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSD
SD
SD
SD
SD
SDSSSDSDSESDSNSDSESVSNNVVPNSPKNGTNASKNKNAKDSKEPLDTGSEDEAN
TSLIWGLLASIGSLLLFRKKKENKDKK

SEQ ID NO:21

MNMKKKEKHAIRKKSIGVASVLVGTLLIGFGLSSKEADASENSVTQSDSASNESKSNDS
SVSAAAPKTDITNVSDTKTSSNTNNGETSAQNPAQQETTQSSSTNATTEETPVTGEATTT
TTNQANTPATQSSNTNAEELVNQTSNETTSNDTNTVSSVNSPQNSTNAENVSTQDTST
EATPSNNEAPOSQTDASNKDVVNQAVNTSAPRMRAFSLAAVAADAFVAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYFTFDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVDYEKYGKFNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPBGDNVIAPVLTGNLKPNT
DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPENFEDVTNSVNITFPNPNQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDALRSTLYGYNSNIWRSMSWDNEVAFNNGSGSGDGID
KPVVPEQPDEPGEIEPIE

SEQ ID NO:22

SLAAVAADAPVAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYFTFDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVDYEKYGKFNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPBGDNVIAPVLTGNLKPNT
DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPENFEDVTNSVNITFPNPNQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDALRSTLYGYNSNIWRSMSWDNEVAFNNGSGSGDGID
KPVVPEQPDEPGEIEPIE

SEQ ID NO:23

GTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYFTFDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVDYEKYGKFNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPBGDNVIAPVLTGNLKPNT
DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPENFEDVTNSVNITFPNPNQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDALRSTLYGYNSNIWRSMSWDNEVAFNNGSGSGDGID
KPVVPEQPDEPGEIEPIE

SEQ ID NO:24

MAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG

DQVLANGVDSGDNVITYTTDDVYNTKDDVKATLTSAAIDPENVKKTGNVTLATIGISTT
ANKTLVDVDEYKGYKFNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPESGDNVIAPVLTGNLKPNT
DSNALIDQNTSIIKVVYNAADLSSEYFNPENFEDVTSNVTI PNPNGYKVFENTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNKSGDLALRSTLYGYSNSNIWRSMWDNEVAFNNGSGSGDGD
KPVVPEQPDEPEGIEPIPE

SEQ ID NO:25

[illegible]

SEQ ID NO:26

LKKRIYDLSNKKQNYKISRRFTVGGTTSVIGVATILFGIGNHQQAQASQSGNDTTSQKSNNA
 ADESKENMIDTQPLNTTANDTSDISANTSNANVSDTTPMSTQISNTTTEPATNETPQ
 PTAIKNQATAAKMQDQTVTPQEANSQVDNKTNTDANSIATNSELKNSQTLDLFPQSSPQTIS
 NAQGTSSPSVTRAVRSLAVAEFVFNAGDAKGTNVNDKVTANFLEKLETTFDPMQSGNTF
 MAANFTVDTKVKSGDYFTAKLPDSLTLNGDGVDSYNSNNTMPIADIKNSGTVDVAKATYDI
 LTKTYTFEFTVDYNNKENQFSLPLFTDRAKAPKSGTZYKDIANDINAEPMENNKITYNYS
 SPFIAGIDKEPGANISSQIGVDTAPKQGTQYTFVNFPGDKRVLGNTVYU IKGYQDKLIES
 SGKVSATDTKLRI FEVNDTSKLSDSYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVASIKFGD
 ITKTYVTVLVEGHYDNTGKNLTKQVIQENVDVPTNRNDSIFGWNENNVVRYGGSGADGSA
 VN

SEQ ID NO:27

SLAVAEPTVVNNAADAKGTNVNDVTSASFNLEKLETTDPDNPQSGNTF
MAANFTPDVKDNGSDYFTAKLPDLSLTNGDGVDSNSNNMTGADIKSTNGDVVAKATYDI
LTKTYTTFVFTDVPNNKNEKQFSLPFTDRAKPKSGTYDLNINIAIDEMFNKNITVNS
STAGIDIKPEGANISSQIGVDTASLPNTYQKTVFVNPQKRVYGVNIYVYIKGYODKIEYS
SGKVSAATDKLRIFEVNDISKLSDSYYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVAISKFGD
ITKTYVVLVEGHYDNGKMLKTVIQENVDPVTNDRYSIFGWNINNENVRYGGSGADGSA
VN

SEQ ID NO:28

GTNVNDKVTASNFKELEKTTTFDPNQSGNTF
MAANFTVTDKVKSGDYFTAKLPDSLFTGNGDVDYSNSNNTMPIADIKSTNGDVFVAKATYDI
LTKITYTFVTFDYNNKENQIGFSLPLFTRAKAPKSGTYDANINIADEMNFNNKITYNYS
SPIAGIDKPGNANISSQIIIGVDTASQNTYKQTVFVNPQRVLGNTWYIKGYQDKIES

SGKVSATDTKLRIFEVNDTSKLSDSYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVASIKFGD
ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVDPVTNRDYSIFGWNNENVVRYGGGSADGDSAVN

SEQ ID NO:29

MNNKKTATNRKGMIPNRLNKFSIRKYSVGTASILVGTTLIFGLSGHEAKAAEHTNGELNQSKNETT
APSENKTTEKVDQRQLKDNQTATADQPKVTMSDSATVKETSSNMQSPQNATASQSTTQTSNVTTN
DKSSTTYSNETDKSNLTQAKNVSTTPKTTTIKQALNRMAVNTVAAPQQGTNVNDKVHFTNIDIAI
DKGHVNKTTGNTEFWATSSDVLKLYANYTIDDSVKEGDTFTFKYGGYFRPGSVRLPSQTQNLNAQ
GNI IAKGIYDSKTNTTTYTFTNYVDQYTNVSGSFEQVAFAKRENATTDKTAYKMEVTLGNDTYSKD
VIVDYGNGKQQLISSTNYINNEDLSRNMTVYVNPQPKTYTKETFTVNTLTGYKFNPDAKNFKIYEV
TDQNQFVDSFTPDTSKLDVTGQFDVIYSNDNKTATVDLLNGQSSSDKYI IQQVAYPDNSSTDNG
KIDYTLTQNGKSSWSNSYSNVNGSSTANGDQKKYNLGDYVWEDTNKDGKQDANEKGIGVYVILK
DSNGKELDRTTTTDENGKYQFTGLSNGTYSVEFSTPAGYTPPTANAGTDDAVDS DGLTTTGVIKDAD
NMTLDSGFYKTPKYSGLDYVWYDSNKGKQDSTEKGIKGVKVTLQNEKGEVIGTTETDENGKYRFD
NLDSGKYKVI FEKPAGLTQTGTNTTEDDKDADGGEVDVTITDHDDFTLDNGYEEETSDSDSDSDS
SDS
SDS
SDS
SDS
SDS
NSNNGTLFGGGLFAALGSLLLFGRKKQNK

SEQ ID NO:30

AEHTNGELNQSKNETTAPSENKTTEKVDQRQLKDNQTATADQPKVTMSDSATVKETSSNMQSPQN
ATASQSTTQTSNVTTNDSSTTYSNETDKSNLTQAKNVSTTPKTTTIKQALNRMAVNTVAAPQQG
TNVNDKVHFTNIDIAIDKGHVNKTTGNTEFWATSSDVLKLYANYTIDDSVKEGDTFTFKYGGYFRP
GSVRLPSQTQNLNAQGNIIAKGIYDSKTNTTTYTFTNYVDQYTNVSGSFEQVAFAKRENATTDKT
AYKMEVTLGNDTYSKDVIVDYGNGKQQLISSTNYINNEDLSRNMTVYVNPQPKTYTKETFTVNTLT
GYKFNPDAKNFKIYEVTDQNQFVDSFTPDTSKLDVTDGQFDVIYSNDN

SEQ ID NO:31

VAAPQQGTNVNDKVHFTNIDIAIDKGHVNKTTGNTEFWATSSDVLKLYANYTIDDSVKEGDTFTFK
YGGYFRPGSVRLPSQTQNLNAQGNIIAKGIYDSKTNTTTYTFTNYVDQYTNVSGSFEQVAFAKRE
NATTDKTAYKMEVTLGNDTYSKDVIVDYGNGKQQLISSTNYINNEDLSRNMTVYVNPQPKTYTKE
FTVNTLTGYKFNPDAKNFKIYEVTDQNQFVDSFTPDTSKLDVTDGQFDVIYSNDN

SEQ ID NO:32

MNNKKTATNRKGMIPNRLNKFSIRKYSVGTASILVGTTLIFGLSGHEAKAAEHTNGELNQ
SKNETTAPSENKTTKKVDQRQLKDNQTATADQPKVTMSDSATVKETSSNMQSPQNATAN
QSTTKTSNVTINDKSSTTYSNETDKSNLTQAKDVSTTPKTTTIKPRTLNRMAVNTVAAPQ
QGTNVNDKVHFTNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLKLYANYTIDDSVKEGDTFTF
KYGGYFRPGSVRLPSQTQNLNAQGNIIAKGIYDSTNTTTYTFTNYVDQYTNVSGSFEQ
VAFAKRKNATTDKTAYKMEVTLGNDTYSEEIIVDYGKKAQPLISSTNYINNEDLSRNMT
AYVNQPKNTYTKQTFVNTLTGYKFNPNAKNFKIYEVTDQNQFVDSFTPDTSKLDVTDQF

MLNRENKTAITRKGMVSNRLNKFISIRKYTVGTASILVGTTLIFGLGNQEAKAAESTNKLNEATTSASDNQSS
DKVDMQOLQEDNTNDQNKQKVMYSOGNETTSNGNKLLEKESVSTTGNKVSVSTLVDKSDQASPKSTNEDLNT
KQTSISNEALQPMRLQENQKSVNVQPTNEENKKVDKTESTTQVSTDAKISNDETAVKSNNSPNNEADIL
KPTSAKRLNTRMLIAAVQPSSTEAKNVNDLTSTLTVVDADKNKIKVPAQDYLSLKSQIPTVDKVKSGDY
FTIKYSDTVQVYGLNPEDIKNIGIDKDPNNGETIATAKHDTANNLITYTFTDYVDRFNSVQMGINYSIYMDAD
TIPVSKNDVEFNVITIGNTTKTTANTIQPDYVNEKNSIGSAFETVSHVGNKNENPGYKQTIYVNPENSELT
NAKLKVQAHYSYPNNIGIKNDKVDIQUIQVPGKYTLNKGVDVNTKELDTVNTYQLOKITYQGDNNASVIFDG
NADASVVMVNTKFGQYTNSESPILTMWALSTSGNKNVSTGNALGNTNNQSGAGQEVYKIGNYVWEDTKNG
VQELGEKGVGNVTVTFDNNITIKGEAVTKEDGSGYLPLNPLNGDYRVEFSNLPGKYEVTPSKQGNNEELDSN
GLSSVITVNGKDNLSADLGIYKPKYNLGDYVWEDTNKNGIQDQDEKGISGVTVTLKDEGNVLKVTITDADGK
YKPTDLNNGYKVEFTPEGYTPTTVTSSGDIKDSNGLYTQFVINGADNMNTLDSGFKYTPKYNLGNVYWEDT
NKDGGQDSTEKIGSVTVTLKNNEGEVLTKTKDNGKYQFTGLENGYKVEFTPEGYTPTTVTQVSGSTDEGID
SNGTSTGVIKDKDNDTIDSCFYKPPYNLGDYVWEDTNKNGVQDDEKGISGVTVTLKDEGNVLKVTITDEN

MINRDNKKAITKKGKMSIRNLNKFISIRKYTVGTASILVGTTLIFGLGNQEAKAAENTSTENAKQDDATTS DNKE
VVESTENNSTENDSTNPIKETNTSDSQEAEKEESTSTSTQQOQNVTATTETKQNLKENVKVPSTDKTATE
DTSVILEEKKAPNTNDVDTTKPSTSEIQTKPTTQPESTNIENSQBPQTPSKVDNQVTDATNPKEPVNVSKEE
LKNNPKEKLELVNRDNTDTRSTKFPVATPTSVAPKRLNAKMRFAVQAAPAAVSNNDTLTVTQTKIKVGDGK
DNVAAAHGDKDIEYDETFEITDNKVKKGGTMTINYDKNVPSDLTDKNDPIDTSPSGEVIAGKTFDKATKQIT
YPTFDYVDKYEDIKARLTLVSYIDKQAVNETSNLNLTFATAGKETSONVSVDYQDPMVHGDSNIQSIFTKLDE
NKQITEQQIYVNLKKTATNIKVDIAGSQVDDYKNIKLGNGSTI IQDNTIEIKVYKVPNKQDLPQSNRIYDFSQ
YEDVTPSGDNKKSNNVATLDFGDNISAIYIKVVSXKTPSPDGLDIAGQTSMTTDDKYGYNYAGYSNFQV
TSDNTGGGDKTVKPEEKLYKIGDYVVEDVDKDGQVGTDSYKEKPMANVLVTLTYPRGTTKSVRTDANGHYEFG
LKDGETYTVKFETPAGYLPKVNQTTDGEKDSNGSSI TVKINGKDDMSLDTGFYKEPKYNLGDYVVEDNKG
IQDANEPGDKVVKVLTGSGTGVKIGYTTDASGKYKPTDLLNGNYVFEETPAGTYTPKVNKTAEDKDSNGLT
TQGVIKADANMTLDSGFGYKTPKYSLGDTYVWYDSKDNKGDKQSTEGIKDKVLTLLNEKGEVIGTTKTDENKGRY
FDNLDSGSGKVIYFEKPAGLGQTQVNTNTDDKDKADGGEVDVITDHDHFDLVNGYFEEDTSDSDSDSDSDSDSD

SEQ ID NO:39

SEQ ID NO:40

SEQ ID NO:41

– 36 –

DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDAGKHTPVKPMSTTKDHHNKAKALPETGSENGSNNATLFGG
LFAALGSLLLFGRKKQNK

SEQ ID NO:42

AENTSTENAKQDDATTSNDKEVVSETENNSTTENDSTNP IKKETNTDSQPEAKEESTTSSTQQQNN
NVTATTETKPQNI EKENVKPS TDKTATEDTSVILEEKKA PNYNNDVTKPSTSEIQTKPTTPQES
TNIENSQPPTPPSKVDNQVTDATNPKEPVNVSKHEELKNNEPEKLKELVRNDNNNTDRSTKPVATAPTS
VAPKRLNAKMRFAVAQPAAVASNNVNDLITVTKQTIKVGDGKDNVAAAHGDKDIEYDTEFTIDNKV
KKGDTMTIN YDNKNI PSDLTKDNPIDITDPSGEVIAGKTFDKATKQITITYFTFDYVDKYEDIKARL
TLYSIDXQAVPNETSLNLTFTATAGKETSSQNVSVDYQDPMVHGDSNIQSIFTKLDENKQTIEQQIY
VNP LKKTATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLNGNSTI IDQNTIEIKVYKVNPNQQLPQSNRIYDFSQYED
VTSQFDNKKSF SNN

SEQ ID NO:43

FVAVQPAAVASNNVNDLITVTKQTIKVGDKDNVAAAHDKGKIDYDTEFTIDNKVKKGDTMTINYDK
NVIPSDLTDKNPIDITDPSGEVIAKGTDFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSIDKQAVPN
ETSLNLT FATAGKETSNQSVVDYQDPMVHGDSNIQSIFTKLDENQTEIQQIYVNP LKKTATNTKVD
IAGSQVDYDGNIKLNGSGSTIIDQNETIKVYKVPNPQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKSFNN

SEQ ID NO :44

[illegible]

SEQ ID NO:45

EEENSVDVKDSNTDDELSDSNDQSSDEEKNDVINNNQSINTDDNNQIIKKEETNNYDGIKRSEDR
TESTTNVDENEATFLQKTPQDNTHLTEEEVKESSVSSNSSIDTAQQPSHTTINREESVQTSQDNV

EDSHVSDFANSKIKESNTESGKEENTIEQPNKVKEDSTTSQPSGYTNIDEKISNQDELLNLPINEY
ENKARPLSTTSAQPSIKRVTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSEGVKAHDAENLIYDV
TFEVDKVKSGDTMTVDIDKNTVPSDLTDSFTIPKIKDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDK
YENIKAHLKLTSYIDKSKVPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTITVEYQRPENENRTANLQSMFTNIDTK
NHTVEQTIYINPLRYSAKETNVNISGNGDEGSTIIDDSIIKVYKVGDNQNLPSNRIYDYSEYED
VTNDDYAQLGNNN

SEQ ID NO:46

VTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSEGVKAHDAENLIYDVTFEVDKVKSGDTMTVDI
DKNTVPSDLTDSFTIPKIKDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHLKLTSYIDKSK
VPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTITVEYQRPENENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAK
ETNVNISGNGDEGSTIIDDSIIKVYKVGDNQNLPSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNN

In the following sequences, x denotes either a covalent bond or 1-200 amino acids.

SEQ ID NO:47

STQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWEKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKx
SLAAVAADAPVAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNFGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYTFDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVVDYKYGKFPYNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPFGDNVIAPIVLTGNLKPNT
DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPENFEDVTNSVNI TFPNPNQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGLALRSTLYGYNSNI IWRSMWDNEVAFNNGSGSGDGID
KPVVPEQPDEPGEIEPIPE

SEQ ID NO:48

STQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWEKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKx
SLAAVAEPVNAADAKGTNVNDKVTASNFKLEKTTFDPNQSGNTF
MAANFTVTDKVKSGDYFTAKLPDSLGTNGDGDVYSNSNNTMPIADIKSTNGDVVAKATYDI
LTKTYTFVFTDVVNNKENINGQFSLPLFTDRAKAPKSGTYDANINIADEMFNKNKITYNYS
SPIAGIDKPNGANISSQIIIGVDTASGQNTYKQTVFVNPQRVLGNTWVYIKGYQDKIEES
SGKVSATDTKLRIFEVNDTSKLSDSYYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVAIKFGD
ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVDPVTNRDYSIFGWNNENVVRYGGGSADGDSAVN

SEQ ID NO:49

STQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWEKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKx
VAAPQQGTNVNDKVHFSNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLKLKANYTIDDSVKEGDTFTFK

[0265]

YGQYFRPGSVRLPSQTQNLNAQGNIIAKGIYDSTNTTYYTFTNYVDQYTNVRGSFEQVAFKRK
NATTDKTAYKMEVTLGNDTYSEEIIIVDYGNKKAQPLISSSTNYINNEDLSRNMTAYVNQPKNTYTKQ
TFVTNLTGYKFNPNAKNFKIYEVTDQNQFVDSFTPDTSKLDVTDQFQDVIYSNDN

SEQ ID NO:50

STQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKx
IAAVQPSSTEAKNVNDLITSNTTLTVVDADKNNKIVPAQDYLSLKSQITVDDKVKSGDYFTIKYSDTVQVYGL
NPEDIKNIGDIKDPNNGETIATAKHDTANNLITYTFTDYVDRFNSVQMGINYSIYMDADTIPVSKNDVEFNVT
IGNTTTKTTANIQYPDYVNEKNSIGSAFTETVSHVGNKENPGYYKQTIYVNPSENSLTNAKLKVQAYHSSYP
NNIGQINKDVTDIKIYQVPKGYTLNKGVDVNTKELTDVNTQYLYQKITYGDNNSAVIDFGNADSAVVVMVNTKF
QYTNSESP TLVQMATLSSIGNKSVSTGNALGFTNNQSGGAGQE

SEQ ID NO:51

STQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKx
FAVAQPAAVASNNVNDLITVTKQIKVGDGKDNVAAHDGKDIEYDTEFTIDNKVKKGDTMTINYDKNVIPS
LTDKNDPIDITDPSGEVIAKGTFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSYIDKQAVPNETSLMLTFATAG
KETSQNVSVQDPMVHGDSNIQSIFTKLDENKQTEQQIYVNPPLKKTATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLGNGS
TIIDQNTTEIKVYKVNPNQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKFSNNVATLDFGDISAYIIKVVSKYTPTS
DGELDIAQGTSMRTTDKYGYYNAGYSNFI VTSNDTGGGDTV

SEQ ID NO:52

STQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKx
VTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSEGVIAKHAENLIYDVTFEVDDKVKSGDTMTVDI
DKNTVPSDLTDSFTIPIKIDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHLKLTSYIDKSK
VPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTITVEYQRPNENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAK
ETNVNISGNGDEGSTIIDSTIIKVYKVGDNQNLPSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNN

SEQ ID NO:53

SLAAVAADAPVAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYTFTDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVDEYKYGKFNLSIKGTIDQIDKTNNTRYQTIYVNPSGDNVIAPVLTGNLKPN'T
DSNALIDQONTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPNENFEDVTNSVNI'FPNPNQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDALALRSTLYGYN'SNII'WRSM'SWDNEVAFNNGSGSGDGID

KPVVPEQPDEPGEIEPIPE
xSTQVSQATSQPINFQVQKDGSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATT
VVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAK

SEQ ID NO:54

SLAVAEPPVNAADAKGTNVNDKVTASNFKLEKTTFFDPNQSGNTF
MAANFTVTDKVKS GDYFTAKLPDSL TGN GDVDY S NSNTMPIADIKSTNGDVVAKATYDI
LTkTYTFVFTDYVNNKENINGQFSLPLFTDRAKAPKSGTYDANINIADEM FN NKITYNYS
SPITAGIDKPNGANISSQIIGVDTASGQNTYKQTVFVNPKQRVLGNTWVYIKGYQDKIEES
SGKVSATDTKLRI FEVNDTSKLSDSYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVASIKFGD
ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVPVTNRDYSIFGANNENVVRYGGGSADGDSAVN
xSTQVSQATSQPINFQVQKDGSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATT
VVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAK

SEQ ID NO:55

VAAPQQGTNVNDKVHFSNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLK LKANYTIDDSVKEGDTFTFK
YGQYFRPGSVRLPSQTONLYNAQGNIIAKGIYDSTNTTTYTFTNYVDQYTNVRGSFEQVAFKRK
NATTDKTAYKMEVTLGNDTYSEEIIVDYGKKAQPLISS TNYINNEDLSRNM TAYVNQPKNTYTKQ
TFVTNLTFGYKFNPNAKNFKIYEVTDQNQFVDSFTPDTSK LKDVTDQFDVIYSNDN
xSTQVSQATSQPINFQVQKDGSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATT
VVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAK

SEQ ID NO:56

IAAVQPSSTEAKNVNDLITSNTTLTVVDADKNNKIVPAQDYLSLKSQITVDDKVKSGDYFTIKYSDTVQVYGL
NPEDIKNIGDIKDPNNGETIATAKHDTANNLITYTFTDYVDRFNSVQMGINYSIYMDADTI PVSKNDVEFNVT
IGNTTTKTTANIQYDPDVVNEKNSIGSAFTETVSHVGNKENPGYYKQTIYVNPSENSLTNAKLKVQAYHSSYP
NNIGQINKDVTDIKIYQVPGYTLNKG YDVNTKELTDVTNQYLQKIT YGDNNSAVIDFGNADSAYVVMVNTKF
QYTNSESPTLVQMATLSSTGNKSVSTGNALGFTNNQSGGAGQE
xSTQVSQATSQPINFQVQKDGSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATT
VVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAK

SEQ ID NO:57

FAVAQPAAVASNNVNDLITVTKQTIKVGDKDNVAAAHDKDIEYDTEFTIDNKVKKGDTMTINYDKNVIPSD
LTDKNDPIDITDPSGEVIAKGTFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSYIDKQAVPNETSLNLT FATAG
KETSONVSVDYQDPMVHGDSNIQSIFTKLDENKQTI EQQIYVNPLKKTATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLGNS
TIIDQNT EIKVYKVPNPQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKSFNNVATLDFGDINSAYI IKVVS KYTPTS
DGELDIAQGTSMRTTDKYGYNYAGYSNFI VTSNDTGGGDGTV
xSTQVSQATSQPINFQVQKDGSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATT
VVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAK

SEQ ID NO:58

[0267]

VTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSEGVKAHDAENLIYDVTFEVDDKVKS GDTMTVDI
 DKN TVPSDLTDSFTI PKIKDNSGEI IATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHLKLTSYIDKSK
 V PNNNTKLDVEYKTALSSVNKTITVEYQRPENENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAK
 ETNVNISGNGDEGSTIIDDSIIKVYKVGDNQNL PDSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNN
 xSTQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYFQTVLNNASFWEYKFYNANNQELATT
 VVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADA AK

SEQ ID NO:59

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLP I KLV
 SYDTVKDYAYIRFSVSNGT KAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTx
 SLAAVAADAPVAGTDDITNQLTNVT
 VGIDSGTTVYPHAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELN L NGVTSTAKVPPIMAG
 DQVLANGVIDSDGNVIYTFPTYNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
 ANKTVLVVDYEKYKFNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNP SGDNVIA PVLTGNLKPNT
 DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPENFEDVTNSVNI TFPNPQYKVEFNTPD
 DQITTPYIVVNGHIDPNSKGD LALRSTLYGYSNI IWRMSWDNEVAFNNGSGSGDGID
 KPVVPEQPDEPGEIEPIPE

SEQ ID NO:60

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLP I KLV
 SYDTVKDYAYIRFSVSNGT KAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTx
 SLAAVAEPVVAADAKGTNVNDKVTASNFKLEKTTFDPNQSGNTF
 MAANFTVTDKVKSGDYFTAKLPDSL TGN GVDVYSNSNNTMPIADIKSTNGDVVAKATYDI
 LTKTYTFVFTDYVNNKENINGQFSLPLFTDRAKAPKSGTYDANINIADEM FN NKITYNYS
 SPIAGLDKPNGANISSQIIGVDTASGONTYKQTVFVNPQORVLGN TWVYIKGYODKIEES
 SGKVSATDTKLRI FEVNDTSKLSDSYYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVASIKFGD
 ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVD PVTNRDYS IFGWNNENVVRYGGGSADGDSA
 VN

SEQ ID NO:61

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLP I KLV
 SYDTVKDYAYIRFSVSNGT KAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTx
 VAAPQQGTNVNDKVHFSNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLK L KANYTIDDSVKEGDTFTFK
 YGQYFRPGSVRLPSQTQNL YNAQGNIIAKGIYDSTNTTYYTFTNYVDQYTNVRGSFEQVAFAKRK
 NATTDKTAYKMEVTLGN DTYSEEIIVDYGNKKAQPLISSTNYINNEDLSRNM TAYVNQPKNTYTKQ
 T FVTNLTGYKFNPNAKNFKIYEVT DQNFVDSFTPDTSK L KDVT DQFDVIYSNDN

SEQ ID NO:62

[0268]

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
 SYDTVKDYAYIRFSVSNCTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTx
 IAAVQPSSTEAKNVNDLITSNTTLTVVDADKNNKIVPAQDYLKSLKQITVDDKVKSGDYFTIKYSDIVQVYGL
 NPEDIKNIGDIKDPNNGETIATAKHDTANNLITYTFTDYVDRFNSVQMGINYSIYMDADTIPVSKNDVEFNVT
 IGNTTTKTTANIQYPDYVVEKNKSIGSAFTETVSHVGNKENPGYYKQTIYVNPSENSLTNAKLKVQAYHSSYP
 NNIGQINKDVTDIKIYQVPKGYTLNKGYDVNTKELTDVNTQYLQKITYGDNNSAVIDFGNADSAYVVMVNTKPF
 QYTNSSEPTLVQMATLSSTGNKSVSTGNALGFTNNQSGGAGQE

SEQ ID NO:63

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
 SYDTVKDYAYIRFSVSNCTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTx
 FAVAQPAAVASNNVNDLITVIKQTIKVGDKDNVAAAHGKDIEYDTEFTIDNKVKKGMTINYDKNVIPSD
 LTKNDPDIIDTPSGEVIKAGTFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSYIDKQAVPNETSLNLTATAG
 KETSQNVSVQYQDPMVHGDSNIQSIFTKLDENKQTIQQIYVNPLKKTATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLGNGS
 TIIDQNTIEIKVYKVNPNQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKSFNNVATLDFGDINSAYIIKVVSKEYTPTS
 DGELDIAQGTSMRTTDKYGYNYAGYSNFIVTSNDTGGGDGTV

SEQ ID NO:64

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
 SYDTVKDYAYIRFSVSNCTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTx
 VTVNQLAEEQGSNNVHLIKVTDQSITEGYDDSEGVKAHAENLIYDVTFEVDKVKSGDTMTVDI
 DKNTVPSDLTDSFTIPKIKDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHKLKLTSYIDKSK
 VNNNTKLDVEYKTALSSVNKTITVEYQRPENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAK
 ETNVNISGNGDEGSTIIDDSIIKVYKVGDNQNLPSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNN

SEQ ID NO:65

SLAAVAADAPVAGTDITNQLINVT
 VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
 DQVLANGVIDSDGNVIYTFTDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
 ANKTVLVDYEKYGKFNLSIKGTIDQIDKTNNITYRQTIYVNPFGDNVIAFVLTGNLKPNT
 DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPFEDVTSVNITFFPNPNQYKVEFNTPD
 DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDALRSTLYGYNSNI IWRSMWDNEVAFNNGSGSGDGI D
 KPVVPEQPDEPGEIEPIPE
 xDKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
 VSYDTVKDYAYIRFSVSNCTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKT

SEQ ID NO:66

[0269]

SLAVAEFVVNAADAKGTNVNDKVTASNFKLEKTTFDPNQSGNTF
 MAANFTVTDKVKSGDYFTAKLPDSLGTNGDVDYNSNNTMPIADIKSTNGDVVAKATYDI
 LTKTYTTFVTDYVNNKENINGQFSLPLFTDRAKAPKSGTYDANINIADEMFNKITYNYS
 SPIAGIDKPNGANISSQIIGVDTASGQNTYKQTVFVNPQQRVLGNTWVYIKGYQDKIEES
 SGKVSATDTKLRIFEVNDTSKLSDSYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVASIKFGD
 ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVDVPTNRDYSIFGWNNENVVRYGGGSADGDSAVN
 xDKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKL
 VSYDTVKDYAIRFSVSNGTAKVKIVSSTHFNKKEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKT

SEQ ID NO:67

VAAPQQGTNVNDKVHFSNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLKLKANYTIDDSVKEGDTFTFK
 YGQYFRPGSVRLPSQTQNLNQAQGNIIAKGIYDSTNTTITYFTNYVDQYTNVRGSFEQVAFKRK
 NATTDKTAYKMEVTLGNDTYSEEIIVDYGNNKAQPLISSNYINNEDLSRNMATAYVNPKNITYTKQ
 TFEVNTLGYKFNPNNAKNFKIYEVTDQNQFVDSFTPDTSKLKDVTDQFDVIYSNDN
 xDKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKL
 VSYDTVKDYAIRFSVSNGTAKVKIVSSTHFNKKEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKT

SEQ ID NO:68

IAAVQPSSTEAKNVNDLITSNTTLTVVDADKNNKIVPAQDYLSLKSQITVDDKVKSGDYFTIKYSDTVQVYGL
 NPEDIKNIGDIDKPNNGETIATAKHDTANNLITYTFTDYVDRFNSVQMGINYSIYMDADTIPVSKNDVEFNVT
 IGNTTTKTTANIQYDPDYVNEKNSIGSAFTETVSHVGNKENPGYYKQTIYVNPSENSLTNAKLKVQAYHSSYP
 NNIGQINKVDVTDIKIYQVPKGYTLNKGYDVNTKELTDVTNQYLQKITYGDNNSAVIDFGNADSAYVVMVNTKF
 QYTNSESPTLVQMATLSSTGNKSVSTGNALGFTNNOGGAGQE
 xDKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKL
 VSYDTVKDYAIRFSVSNGTAKVKIVSSTHFNKKEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKT

SEQ ID NO:69

FAVAQPAAVASNNVNDLITVTKQTIKVGDKDNVAAAHGKDIEYDTEFTIDNKVKKGDMTINYDKNVIPSD
 LTDKNDFIDITDPSGEVIAKGTFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSYIDKQAVPNETSLNLTATAG
 KETSQNVSDYQDPMVHGDNSIQSIFTKLDENKQTIQQIYVNPBKKTATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLNGS
 TIIDQNTETIKVYKVPNPQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKSFNNVATLDFGDINSAYIIKVVSKYTPTS
 DGELDIAQGTSMRTTDKYGYNYAGYSNFIIVTSNDTGGGDGTV
 xDKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKL
 VSYDTVKDYAIRFSVSNGTAKVKIVSSTHFNKKEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKT

SEQ ID NO:70

VTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSEGVIAKHAENLIYDVTFEVDDKVKSGDTMTVDI
 DKNTVPSDLTDSFTIPKIKDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHKLKLTYSIDKSK
 VPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTIITVEYQRPENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAK
 ETNVNISNGNDEGSTIIDDSIIKVYKVGDNQNLPSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNN

[0270]

xDKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGITQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKIL
VSYDTVKDYAYIRFSVSNGTAKVIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKT

SEQ ID NO:71

PTNEKMTDLQDQTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQRVRTISKDA
KNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKSx
SLAAVAADAPVAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNLYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYTFTDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVDYEKYGKFYNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPFGDNVIAFVLTGNLKPNT
DSNALIDQQNTSIKVYKVDNAADLSESYFVNPENFEDVTVNSVNITFPNPNQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDALRSTLYGYNISNIWRSMSWDNEVAFNNGSGSGDGID
KPVVPEQPDPEGEIEPIPE

SEQ ID NO:72

PTNEKMTDLQDQTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQRVRTISKDA
KNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKSx
SLAAVAEPVVNAADAKGTNVNDKVTASNFKLEKTTFDPNQSGNTF
MAANFTVTDKVKSGDYFTAALPDSLGTNGGDVDYNSNNTMPIADIKSTNGDVVAKATYDI
LTKTYTFVFTDYVNNKENINGQFSLPLFTDRAKAPKSGTYDANINIADEMFNKKITYNYS
SPIAGIDKPGANISSQIIGVDTASQNTYKQTVFVNPQKQVRLGNWVVIKGYQDKIEES
SGKVSATDTKLRIFEVNDISKLSDSYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYEHNPVASIKFGD
ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVDPVTNRDYSIFGWNNENVVRYGGGSADGDSA
VN

SEQ ID NO:73

PTNEKMTDLQDQTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQRVRTISKDA
KNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKSx
VAAPQQGTNVNDKVFHFSNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLKLKANYTIDDSVKEGDTFTFK
YGQYFRPGSVRLPSQTQNLNNAQGNIIAKGIYDSTTNTTYTFTNYVDQYTNVRGSEFQVAFARRK
NATTDKTAYKMEVTLGNDTYSEEIIIDYGNKKAQPLISSNYYINNEDLSRNMTAYVNPKNITYTKQ
TFVTNLTYGKFNPNAKNFKIYEVIDQNQFVDSFTPDTSKLDVTDQFDVIYSNDN

SEQ ID NO:74

PTNEKMTDLQDQTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQRVRTISKDA
KNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKSx
IAAVQPSSTEAKNVNDLITSNTTLTVVDADKNNKIVPAQDYLSLKSQITVDDKVKSGDYFTIKYSDTVQVYGL
NPEDIKNIGDIKDPNNGETIATAKHDTANNLITYTFTDYVDRFNSVQMGINYSIYMDADTIPVSKNDVEFNVT
IGNTTTKTTANIQYPDYVNVNEKNSIGSAFTETVSHVGNKENPGYKQTIYVNPSENSLTNAKLKVQAYHSSYP

[0271]

NNIGQINKDVTDIKIYQVPKGYTLNKGVDVNTKELTDVTNQYLQKITYGDNNSAVIDFGNADSAYVVMVNTKF
QYTNSSEPTLVQMATLSSTGNKSVSTGNALGFTNNQSGGAGQE

SEQ ID NO:75

PTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYMVMETTNDDYWKDFMVEGQRVRTISKDA
KNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKSx
FAVAQPAAVASNNVNDLITVIKQTIKVGDKDNVAAAHGKDIEYDTEFTIDNKVKKGDTMTINYDKNVIPS
LTDKNDFIDITDPSGEVIAKGTFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSYIDKQAVPNETSLNLTATAG
KETSQNVSDYQDPMVHGDSNIQSIPTKLDENKQTIQQIYVNPBKKTATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLGNS
TIIDQNTIEIKVYKVNPNQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKSFNNVATLDFGDINSAYIIKVVSKYTPTS
DGELDIAQGTSMRTTDTKYGYNYAGYSNFIVTSNDTGGGDGTV

SEQ ID NO:76

PTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYMVMETTNDDYWKDFMVEGQRVRTISKDA
KNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKSx
VTVNQLAAEQGSNNVHNLKVTDDQSIITEGYDDSEGVIAKHAENLIYDVTFEVDKVKSGDTMTVDI
DKNTPVPSDLTDSFTIPKIKDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHKLKLSYIDKSK
VPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTIITVEYQRPENERTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAK
ETNVNISGNGDEGSTIIDDSIIKVKVGDNQNLPSNRIDYSEYEDVTNDDYAQLGNNN

SEQ ID NO:77

SLAAVAADAPVAGTDITNQLTNVT
VGIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDFTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAG
DQVLANGVIDSDGNVIYFTFDYVNTKDDVKATLTMPAYIDPENVKKTGNVTLATGIGSTT
ANKTVLVDEKYGKFNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYVNPSCDNVIAPVLTGNLKPN
DSNALIDQQNTSIKVKVDNAADLSESYFVNPFENFEDVTNSVNIITFPNPQYKVEFNTPD
DQITTPYIVVVNGHIDPNSKGDIALRSTLYGYSNI IWRSMWDNEVAFNNGSGSGDGI
KPVVPEQPDEPGEIEPIPE
xPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYMVMETTNDDYWKDFMVEGQRVRTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:78

SLAVAEFVVNAADAKGTNVNDKVTASNFKLEKTTFDPNQSGNTF
MAANFTVTDKVKSGDYFTAKLPDSLGTNGDGDVYSNSNNTMPIADIKSTNGDVVAKATYDI
LTKTYTFVFTDYVNNKENINGQFSLPLFTDRAKAPKSGTYDANINIADEMFNKKITYNS
SPIAGIDKPNGANISSQIIGVDTASGQNTYKQTVFVNPQRVLGNTWVYIKGYQDKIEES
SGKVSATDTKLRI FEVNDTSKLSDSYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVASIKFGD
ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVDPVTNRDYSIFGWNNEVVRVYGGGSADGDSAVN

[0272]

xPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLTYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:79

VAAPQQGTNVNDKVFHFSNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLKLIKANYTIDDSVKEGDTFTFK
YGQYFRPGSVRLPSQTNLYNAQGNIIAKGIYDSTNTTYYTFTNYVDQYTNVRGSFEQVAFKRK
NATTDKTAJKMEVTLGNDTYSEBIIVDYGNKKAQPLISSNYINNEDLSRNMAYVNPKNYTKQ
TFVTNLTGYKFNPNNAKFKIYEVTQDQNFVDSFTPDTSKLDVTDQFDVIYSNDN
xPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLTYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:80

IAAVQPSSTEAKNVNDLITSNTTLTVVDADKNNKIVPAQDYLSLKSQITVDDKVKSGDYFTIKYSDIVQVYGL
NPEDIKNIGDIKDPNNGETIATAKHTANNLITYTFTDYVDRFNSVQMGINYSIYMDADTIPVSKNDVEFNVT
IGNTTTKTTANIQYPDYVNEKNSIGSAFTETVSHVGNKENPGYKQTIYVNPSENSLTNAKLKVQAYHSSYP
NNIGQINKDVTDIKIYQVPKYTLNKGVDVNTKELTDVTNQYLQKITYGDNNSAVIDFGNADSAYVVMVNTKF
QYTNSSEPTLVQMATLSSGTGKSVSTGNALGFTNNQSGGAGQE
xPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLTYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:81

FAVAQPAAVASNNVNDLITVTKQTIKVGDKDNVAAAHGKDIEYDTEFTIDNKVKKGDTMTINYDKNVIPSD
LTDKNDPIDITDPSGEVIAKGTFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSYIDKQAVPNETSLNLTATAG
KETSQNVSVQYQDPMVHGDSNIQSIFTKLDENKQTIQQIYVNPBKATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLGNS
TIIDQNTTEIKVYKVNPNQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKSFNNVATLDFGDISAYIIKVVSKYTPTS
DGELDIAOGTSMRTTDKYGYNYAGYSNFIVTSNDTGGGDGT
xPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLTYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:82

VTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSIITEGYDDSEGVIAKHAENLIYDVTFEVDDKVKSGDTMTVDI
DKNTVPSDLTDSFTIPKIKDNGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHLKLTSYIDKSK
VPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTIIVEYQRPENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAK
ETNVNISNGDEGSTIIDDSIIKVKVGDNQNLPSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNN
xPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLTYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:83

[0273]

STQVSQATSQPINFQVKDGSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKx
DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
SYDTVKDYAYIRFSVSNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKA
KTLERQVYELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATIEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVEN
NESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIV
KVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:84

DKDHSAPNSRPIDFEMKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLV
SYDTVKDYAYIRFSVSNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKA
KTLERQVYELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATIEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVEN
NESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIV
KVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKS
xSTQVSQATSQPINFQVKDGSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTV
VNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIVVPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAK

SEQ ID NO:85

DQTKTQTAHTVKTQTAQEONKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKTG
LTSVDNFIISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESK

SEQ ID NO:86

MKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDTVKDYAYIRFSV
SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKA
KTLERQVYELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATIEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKT
GMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHV
RIVDKAFTKANTD

SEQ ID NO:87

DQTKTQTAHTVKTQTAQEONKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKTG
LTSVDNFIISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESKx
MKKKDGTTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDTVKDYAYIRFSV
SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKA
KTLERQVYELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATIEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKT
GMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHV
RIVDKAFTKAHTD

SEQ ID NO:88

[0274]

MKKKDGTOQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDTVKDYAYIRFSV
 SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKAKTLERQVVELNKIQD
 KLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKT
 GMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHV
 RIVDKAEFTKAHTD
 xDQTKTQTAHTVKTAQTAQEQNKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKT
 GLTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESK

SEQ ID NO:89

DQTKTQTAHTVKTAQTAQEQNKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKTG
 LTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESKx
 MKKKDGTOQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDTVKDYAYIRFSV
 SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKAKTLERQVVELNKIQD
 KLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKT
 GMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHV
 RIVDKAEFTKANTD

SEQ ID NO:90

MKKKDGTOQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDTVKDYAYIRFSV
 SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKAKTLERQVVELNKIQD
 KLPEKLKAEYKKKLEDTKKALDEQVKSATEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKT
 GMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHV
 RIVDKAEFTKANTD
 xDQTKTQTAHTVKTAQTAQEQNKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKT
 GLTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESK

SEQ ID NO:91

DQTKTQTAHTVKTAQTAQEQNKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKTG
 LTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESKx
 MKKKDGTOQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDTVKDYAYIRFSV
 SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTxPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTF
 VKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTID
 YDGQYHVRIVDKAEFTKAHTD

SEQ ID NO:92

MKKKDGTOQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPKLVSYDTVKDYAYIRFSV
 SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTxPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTF
 VKHPIKTGMLNGKKYVMETTNDDYWKDFMVEGQVRVTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTID
 YDGQYHVRIVDKAEFTKAHTD
 xDQTKTQTAHTVKTAQTAQEQNKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKT
 GLTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESK

[0275]

SEQ ID NO:93

DQTKTQTAHTVKTAQTAQEONKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNNKVTKHNETPKQASKAKELPKTG
LTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESKx
MKKKDGTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSV
SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTxPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTF
VKHPIKTGMLNGKKYVMVMTTNDYWKDFMVEGQQRVRTISKDAKNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTID
YDGGYHVRIVDKEAFTKANTD

SEQ ID NO:94

MKKKDGTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSV
SNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTxPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTF
VKHPIKTGMLNGKKYVMVMTTNDYWKDFMVEGQQRVRTISKDAKNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTID
YDGGYHVRIVDKEAFTKANTD
x DQTKTQTAHTVKTAQTAQEONKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNNKVTKHNETPKQASKAKELPKT
GLTSVDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESK

SEQ ID NO:95

DSQQVNAATEATNATNNQSTQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQT
VLNNAFWKEYKFFYNANNQELATTVVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTKVHIVVPQINYNHRYT
THLEFEKAIPTLADAAGGSDKDHSA P NSRPIDFEMKKDGTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEI
ELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDY
TLMEFAQPIYNSADKFKTDTNDVAVTNDQSSSVASNQTNNTNTSNQNI STINNANNQPQATTNMSQP
AQP K SSTNADQASSQPAHETNSNGNTNDKTNESSNQSDVNQQYPPADESLQDAIKNPAI IPTNEKM
TDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMVMTTNDYWKDFMVEGQQRVRTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGGYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:96

DSQQVNAATEATNATNNQSTQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQT
VLNNAFWKEYKFFYNANNQELATTVVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTKVHIVVPQINYNHRYT
THLEFEKAIPTLADAADTNDVAVTNDQSSSVASNQTNNTNTSNQNI STINNANNQPQATTNMSQPA
QPKSSTNADQASSQPAHETNSNGNTNDKTNESSNQSDVNQQYPPADESLQDAIKNPAI IDKDHSA P
NSRPIDFEMKKDGTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKLV
SYDTVKDYAYIRFSVSNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTGGSPNEKM
TDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYVMVMTTNDYWKDFMVEGQQRVRTISKD
AKNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGGYHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO:97

DSQQVNAATEATNATNNQSTQVSQATSQPINFQVQKDGSSSEKSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQT
VLNNAFWKEYKFFYNANNQELATTVVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTKVHIVVPQINYNHRYT

THLEFEKAIPTLADAAGSGGSDKDHSA P NSRPIDFEMKKDGTQQFYHYASSVKPARVIFTDSKP
EIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTKAVKIVSSTHFNNKEEKY
DYTLMEFAQPIYNSADKFKTKLGGSPNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLN
GKKYVMVMTTNDYWKDFMVEGQQRVRTISKDAKNNTRTIIFFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGG
YHVRIVDKEAFTKANTDKS

SEQ ID NO: 98

DTNDVAVTNDQSSSVASNQTNNTNTSNQNI STINNANNQPQATTNMSQPAQPKSSTNADQASSQPAHETNSNGN
TNDKTNESSNQSDVNQQYPPADESLQDAIKNPAI I

[0276]

[0277]

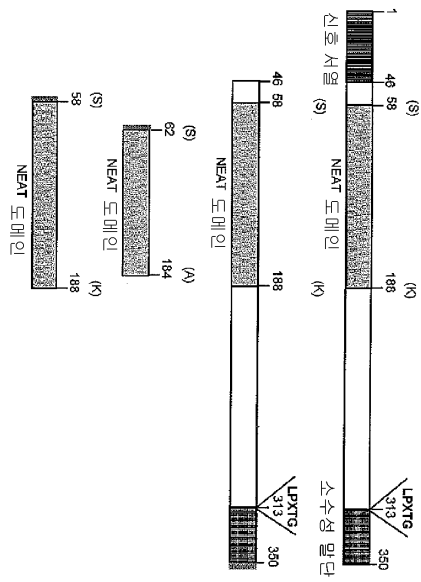
도면

도면1

LVL-231

LVL-230

천연 Isda



도면2

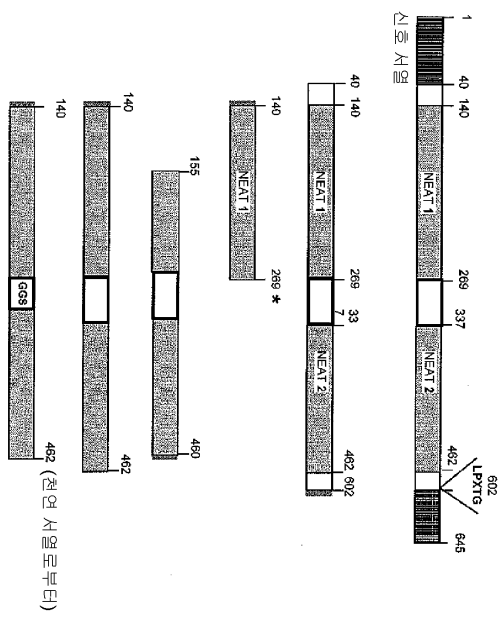
LVL-321
히스(His) 표지

LVL-238

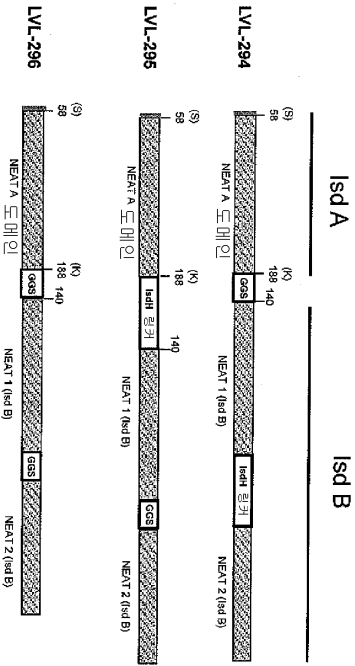
LVL-237

LVL-235

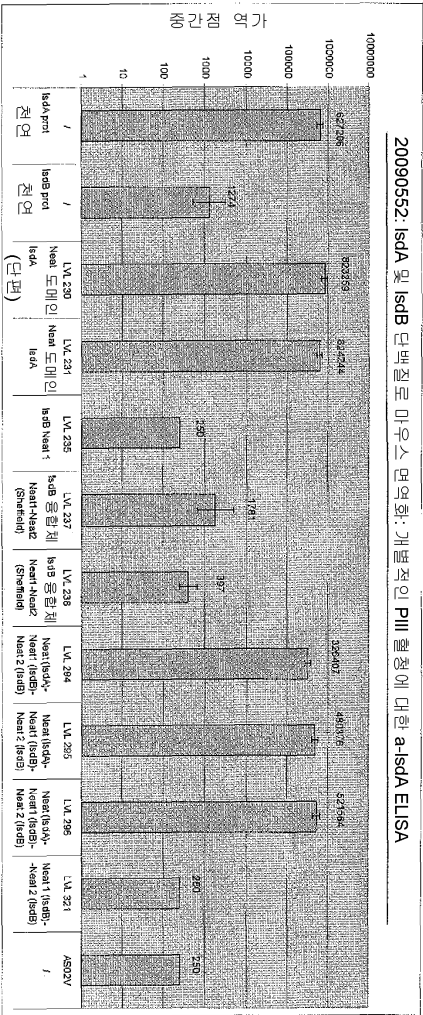
전영 IsdB



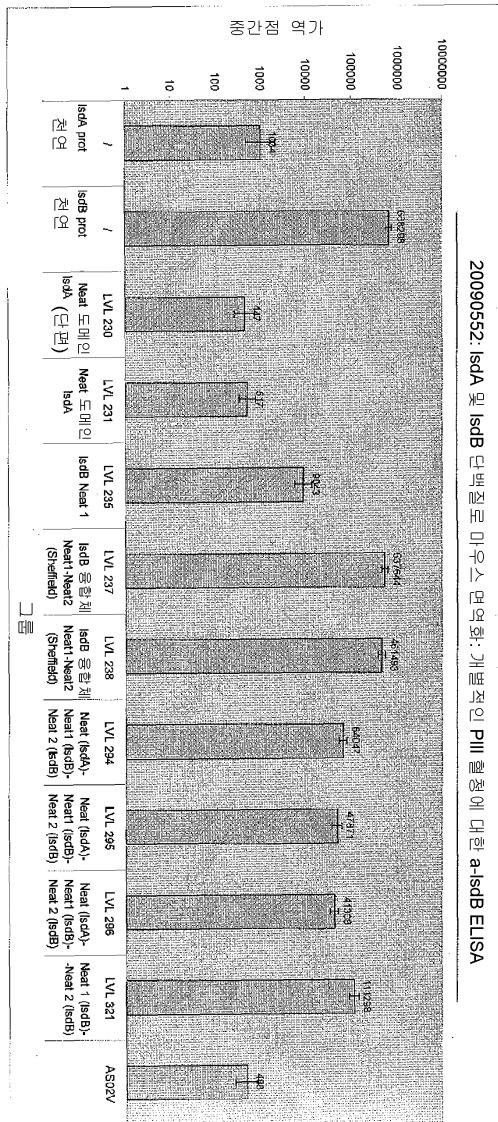
도면3



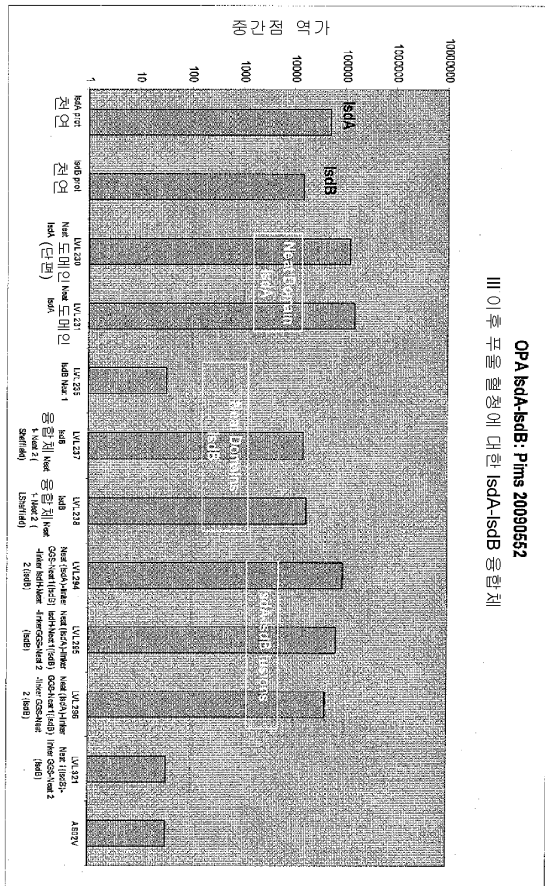
도면4



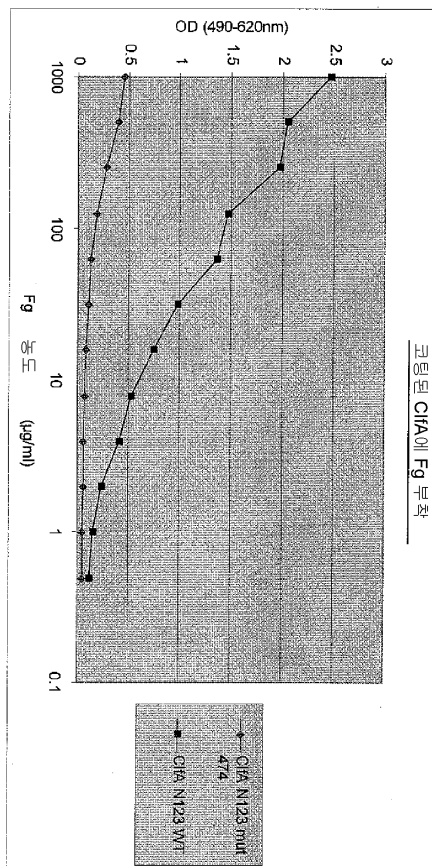
도면5



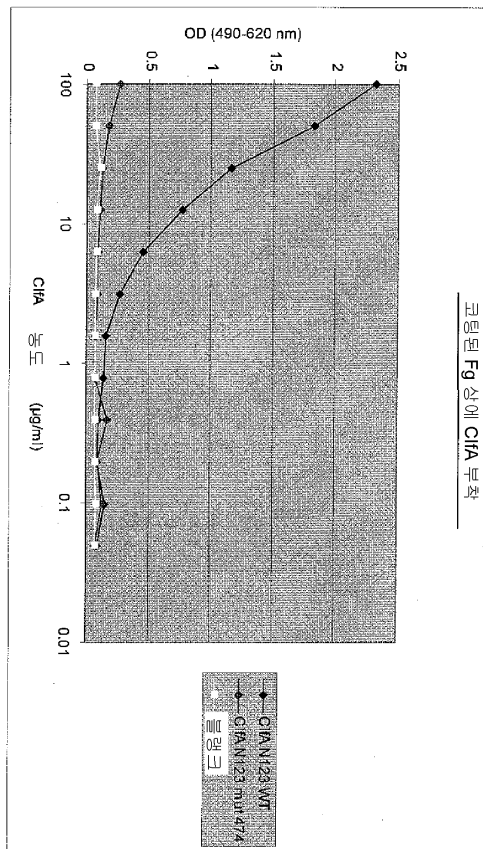
도면6



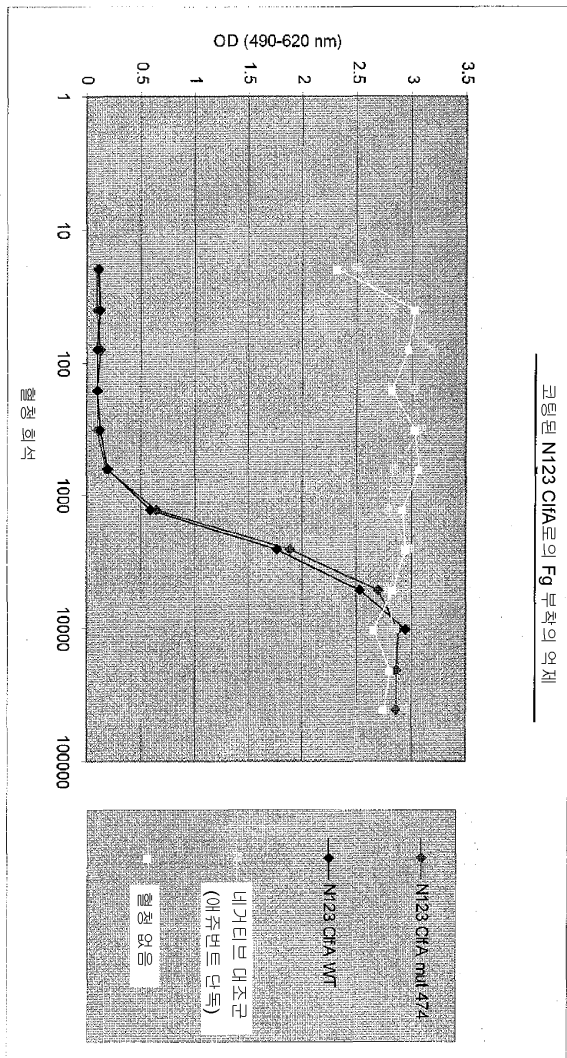
도면7



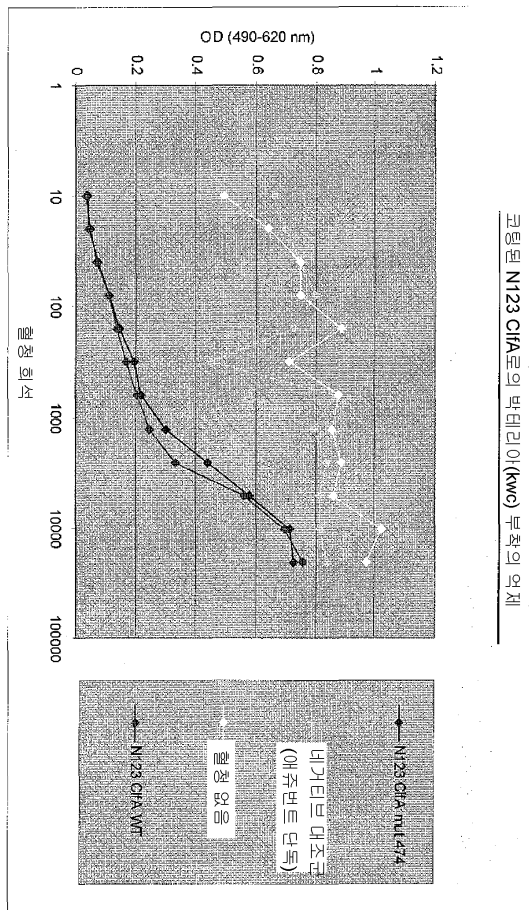
도면8



도면9



도면10



서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> GlaxoSmithKline Biologicals s.a.

<120> Immunogenic Composition

<130> VB63853

<160> 98

<170> FastSEQ for Windows Version 4.0

<210> 1

<211> 350

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 1

Met Thr Lys His Tyr Leu Asn Ser Lys Tyr Gln Ser Glu Gln Arg Ser

1 5 10 15

Ser Ala Met Lys Lys Ile Thr Met Gly Thr Ala Ser Ile Ile Leu Gly

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

Asp Val Ala Thr Ala Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp
275 280 285

Asn Lys Ser Gln Gln Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro
290 295 300

Lys Gln Ala Ser Lys Ala Lys Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu Thr Ser
305 310 315 320

Val Asp Asn Phe Ile Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu
325 330 335

Gly Ser Leu Ser Leu Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys
340 345 350

<210> 2

<211> 131

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 2

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

Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln
20 25 30

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

Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala

50 55 60

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

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

Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg
100 105 110

Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp

115 120 125

Ala Ala Lys

130

<210> 3

<211> 125

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 3

Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val Gln Lys Asp Gly

1 5 10 15

Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln His Pro Gly Lys

20 25 30

Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr Val Leu Asn Asn

35 40 45

Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala Asn Asn Gln Glu

50 55 60

Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala Asp Thr Arg Thr

65 70 75 80

Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu Thr Thr Lys Val

85 90 95

His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg Tyr Thr Thr His

100 105 110

Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp Ala

115 120 125

<210> 4

<211> 149

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 4

Asp Ser Gln Gln Val Asn Ala Ala Thr Glu Ala Thr Asn Ala Thr Asn

1 5 10 15

Asn Gln Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe

20 25 30

Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr

35 40 45

Met Gln His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe

50 55 60

Gln Thr Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr

65 70 75 80

Asn Ala Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys

85 90 95

Lys Ala Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys

100 105 110

Ser Leu Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn

115 120 125

His Arg Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu

130 135 140

Ala Asp Ala Ala Lys

145

<210> 5

<211> 123

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 5

Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val Gln Lys Asp Gly

1 5 10 15

Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln His Pro Gly Lys

20 25 30

Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr Val Leu Asn Asn

35 40 45

Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala Asn Asn Gln Glu

50 55 60

Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala Asp Thr Arg Thr

65 70 75 80

Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu Thr Thr Lys Val
85 90 95
His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg Tyr Thr Thr His
100 105 110
Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala
115 120
<210> 6
<211> 645
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 6
Met Asn Lys Gln Gln Lys Glu Phe Lys Ser Phe Tyr Ser Ile Arg Lys
1 5 10 15
Ser Ser Leu Gly Val Ala Ser Val Ala Ile Ser Thr Leu Leu Leu Leu
20 25 30
Met Ser Asn Gly Glu Ala Gln Ala Ala Ala Glu Glu Thr Gly Gly Thr
35 40 45
Asn Thr Glu Ala Gln Pro Lys Thr Glu Ala Val Ala Ser Pro Thr Thr
50 55 60
Thr Ser Glu Lys Ala Pro Glu Thr Lys Pro Val Ala Asn Ala Val Ser
65 70 75 80
Val Ser Asn Lys Glu Val Glu Ala Pro Thr Ser Glu Thr Lys Glu Ala
85 90 95
Lys Glu Val Lys Glu Val Lys Ala Pro Lys Glu Thr Lys Glu Val Lys
100 105 110
Pro Ala Ala Lys Ala Thr Asn Asn Thr Tyr Pro Ile Leu Asn Gln Glu
115 120 125
Leu Arg Glu Ala Ile Lys Asn Pro Ala Ile Lys Asp Lys Asp His Ser
130 135 140
Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met Lys Lys Lys Asp Gly
145 150 155 160
Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val

165 170 175
 Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly
 180 185 190
 Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro

 195 200 205
 Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg
 210 215 220
 Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr
 225 230 235 240
 His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe
 245 250 255
 Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Glu Glu Asp

 260 265 270
 Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr Lys Lys Ala Lys Thr Leu
 275 280 285
 Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile Gln Asp Lys Leu Pro Glu
 290 295 300
 Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu Glu Asp Thr Lys Lys Ala
 305 310 315 320
 Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr Glu Phe Gln Asn Val Gln

 325 330 335
 Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val
 340 345 350
 Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys
 355 360 365
 His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met
 370 375 380
 Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln

 385 390 395 400
 Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile
 405 410 415

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

<210

> 7

<211> 130

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 7

Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met

1 5 10 15

Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val

20 25 30

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

35 40 45

Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly

50 55 60

Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp

65 70 75 80

Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys

85 90 95

Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr

100 105 110

Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe

115 120 125

Lys Thr

130

<210> 8

<211> 121

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 8

Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met Lys Lys Lys Asp

1 5 10 15

Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg

20 25 30

Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser

35 40 45

Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu

50 55 60

Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile

65 70 75 80

Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser

85 90 95

Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu

100 105 110

Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala

115 120

<210> 9

<211> 126

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 9

Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val

1 5 10 15

Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys

20 25 30

His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met

35 40 45

Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln

50 55 60

Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile

65 70 75 80

Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys

85 90 95

Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile

100 105 110

Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser

115 120 125

<210> 10

<211> 119

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 10

Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val

1 5 10 15

Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys

20 25 30

Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn

35 40 45

Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr

50 55 60

Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr

65 70 75 80

Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys

85 90 95

Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu

100 105 110

Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr

115

<210> 11

<211> 323

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 11

Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met

1 5 10 15

Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val

20 25 30

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

35 40 45
 Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly
 50 55 60
 Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp
 65 70 75 80
 Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys
 85 90 95
 Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr

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

 165 170 175
 Asp Thr Lys Lys Ala Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr Glu
 180 185 190
 Phe Gln Asn Val Gln Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp
 195 200 205
 Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met
 210 215 220
 Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys

 225 230 235 240
 Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe
 245 250 255
 Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn
 260 265 270
 Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr
 275 280 285
 Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln

290 295 300
Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr
305 310 315 320
Asp Lys Ser

<210> 12

<211> 316

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 12

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

Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser
35 40 45
Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu
50 55 60
Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile
65 70 75 80
Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser
85 90 95

Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu
100 105 110
Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Glu Glu
115 120 125
Asp Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr Lys Lys Ala Lys Thr
130 135 140
Leu Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile Gln Asp Lys Leu Pro
145 150 155 160

Glu Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu Glu Asp Thr Lys Lys

165 170 175
Ala Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr Glu Phe Gln Asn Val
180 185 190
Gln Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val
195 200 205
Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val
210 215 220

Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val
225 230 235 240
Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly
245 250 255
Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr
260 265 270
Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val
275 280 285

Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg
290 295 300
Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr
305 310 315

<210> 13

<211> 261

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 13

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

Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu
35 40 45
Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly
50 55 60

Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp
 65 70 75 80
 Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys
 85 90 95

Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr
 100 105 110
 Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe
 115 120 125
 Lys Thr Lys Leu Gly Gly Ser Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu
 130 135 140
 Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser
 145 150 155 160

Met Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn
 165 170 175
 Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys
 180 185 190
 Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala
 195 200 205
 Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr
 210 215 220

Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp
 225 230 235 240
 Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala
 245 250 255

Asn Thr Asp Lys Ser
 260

<210> 14

<211> 227

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 14

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

1	5	10	15
Ile Ile Ile Ala Thr Phe Ser Asn Ser Ala Asn Ala Ala Asp Ser Gly			
20		25	30
Thr Leu Asn Tyr Glu Val Tyr Lys Tyr Asn Thr Asn Asp Thr Ser Ile			
35		40	45
Ala Asn Asp Tyr Phe Asn Lys Pro Ala Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Gly			
50		55	60
Lys Leu Tyr Val Gln Ile Thr Val Asn His Ser His Trp Ile Thr Gly			
65	70	75	80
Met Ser Ile Glu Gly His Lys Glu Asn Ile Ile Ser Lys Asn Thr Ala			
85		90	95
Lys Asp Glu Arg Thr Ser Glu Phe Glu Val Ser Lys Leu Asn Gly Lys			
100		105	110
Ile Asp Gly Lys Ile Asp Val Tyr Ile Asp Glu Lys Val Asn Gly Lys			
115		120	125
Pro Phe Lys Tyr Asp His His Tyr Asn Ile Thr Tyr Lys Phe Asn Gly			
130		135	140
Pro Thr Asp Val Ala Gly Ala Asn Ala Pro Gly Lys Asp Asp Lys Asn			
145	150	155	160
Ser Ala Ser Gly Ser Asp Lys Gly Ser Asp Gly Thr Thr Thr Gly Gln			
165		170	175
Ser Glu Ser Asn Ser Ser Asn Lys Asp Lys Val Glu Asn Pro Gln Thr			
180		185	190
Asn Ala Gly Thr Pro Ala Tyr Ile Tyr Ala Ile Pro Val Ala Ser Leu			
195		200	205
Ala Leu Leu Ile Ala Ile Thr Leu Phe Val Arg Lys Lys Ser Lys Gly			
210		215	220
Asn Val Glu			
225			
<210> 15			
<211> 131			

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 15

Asn Ser Ala Asn Ala Ala Asp Ser Gly Thr Leu Asn Tyr Glu Val Tyr

1 5 10 15

Lys Tyr Asn Thr Asn Asp Thr Ser Ile Ala Asn Asp Tyr Phe Asn Lys

20 25 30

Pro Ala Lys Tyr Ile Lys Lys Asn Gly Lys Leu Tyr Val Gln Ile Thr

35 40 45

Val Asn His Ser His Trp Ile Thr Gly Met Ser Ile Glu Gly His Lys

50 55 60

Glu Asn Ile Ile Ser Lys Asn Thr Ala Lys Asp Glu Arg Thr Ser Glu

65 70 75 80

Phe Glu Val Ser Lys Leu Asn Gly Lys Ile Asp Gly Lys Ile Asp Val

85 90 95

Tyr Ile Asp Glu Lys Val Asn Gly Lys Pro Phe Lys Tyr Asp His His

100 105 110

Tyr Asn Ile Thr Tyr Lys Phe Asn Gly Pro Thr Asp Val Ala Gly Ala

115 120 125

Asn Ala Pro

130

<210> 16

<211> 895

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 16

Met Asn Lys His His Pro Lys Leu Arg Ser Phe Tyr Ser Ile Arg Lys

1 5 10 15

Ser Thr Leu Gly Val Ala Ser Val Ile Val Ser Thr Leu Phe Leu Ile

20 25 30

Thr Ser Gln His Gln Ala Gln Ala Ala Glu Asn Thr Asn Thr Ser Asp

35 40 45

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

290 295 300
 Asn Thr Asn Asp Lys Thr Asn Glu Ser Ser Asn Gln Ser Asp Val Asn
 305 310 315 320
 Gln Gln Tyr Pro Pro Ala Asp Glu Ser Leu Gln Asp Ala Ile Lys Asn
 325 330 335
 Pro Ala Ile Ile Asp Lys Glu His Thr Ala Asp Asn Trp Arg Pro Ile
 340 345 350

 Asp Phe Gln Met Lys Asn Asp Lys Gly Glu Arg Gln Phe Tyr His Tyr
 355 360 365
 Ala Ser Thr Val Glu Pro Ala Thr Val Ile Phe Thr Lys Thr Gly Pro
 370 375 380
 Ile Ile Glu Leu Gly Leu Lys Thr Ala Ser Thr Trp Lys Lys Phe Glu
 385 390 395 400
 Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro Val Glu Leu Val Ser Tyr Asp
 405 410 415

 Ser Asp Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Pro Val Ser Asn Gly Thr
 420 425 430
 Arg Glu Val Lys Ile Val Ser Ser Ile Glu Tyr Gly Glu Asn Ile His
 435 440 445
 Glu Asp Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Val Phe Ala Gln Pro Ile Thr Asn
 450 455 460
 Asn Pro Asp Asp Tyr Val Asp Glu Glu Thr Tyr Asn Leu Gln Lys Leu
 465 470 475 480

 Leu Ala Pro Tyr His Lys Ala Lys Thr Leu Glu Arg Gln Val Tyr Glu
 485 490 495
 Leu Glu Lys Leu Gln Glu Lys Leu Pro Glu Lys Tyr Lys Ala Glu Tyr
 500 505 510
 Lys Lys Lys Leu Asp Gln Thr Arg Val Glu Leu Ala Asp Gln Val Lys
 515 520 525
 Ser Ala Val Thr Glu Phe Glu Asn Val Thr Pro Thr Asn Asp Gln Leu
 530 535 540

Thr Asp Leu Gln Glu Ala His Phe Val Val Phe Glu Ser Glu Glu Asn
 545 550 555 560
 Ser Glu Ser Val Met Asp Gly Phe Val Glu His Pro Phe Tyr Thr Ala
 565 570 575
 Thr Leu Asn Gly Gln Lys Tyr Val Val Met Lys Thr Lys Asp Asp Ser
 580 585 590
 Tyr Trp Lys Asp Leu Ile Val Glu Gly Lys Arg Val Thr Thr Val Ser
 595 600 605

 Lys Asp Pro Lys Asn Asn Ser Arg Thr Leu Ile Phe Pro Tyr Ile Pro
 610 615 620
 Asp Lys Ala Val Tyr Asn Ala Ile Val Lys Val Val Val Ala Asn Ile
 625 630 635 640
 Gly Tyr Glu Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Ile Asn Gln Asp Ile Asn
 645 650 655
 Thr Lys Asp Asp Asp Thr Ser Gln Asn Asn Thr Ser Glu Pro Leu Asn
 660 665 670

 Val Gln Thr Gly Gln Glu Gly Lys Val Ala Asp Thr Asp Val Ala Glu
 675 680 685
 Asn Ser Ser Thr Ala Thr Asn Pro Lys Asp Ala Ser Asp Lys Ala Asp
 690 695 700
 Val Ile Glu Pro Glu Ser Asp Val Val Lys Asp Ala Asp Asn Asn Ile
 705 710 715 720
 Asp Lys Asp Val Gln His Asp Val Asp His Leu Ser Asp Met Ser Asp
 725 730 735

 Asn Asn His Phe Asp Lys Tyr Asp Leu Lys Glu Met Asp Thr Gln Ile
 740 745 750
 Ala Lys Asp Thr Asp Arg Asn Val Asp Lys Asp Ala Asp Asn Ser Val
 755 760 765
 Gly Met Ser Ser Asn Val Asp Thr Asp Lys Asp Ser Asn Lys Asn Lys
 770 775 780
 Asp Lys Val Ile Gln Leu Asn His Ile Ala Asp Lys Asn Asn His Thr
 785 790 795 800

Gly Lys Ala Ala Lys Leu Asp Val Val Lys Gln Asn Tyr Asn Asn Thr
805 810 815

Asp Lys Val Thr Asp Lys Lys Thr Thr Glu His Leu Pro Ser Asp Ile
820 825 830

His Lys Thr Val Asp Lys Thr Val Lys Thr Lys Glu Lys Ala Gly Thr
835 840 845

Pro Ser Lys Glu Asn Lys Leu Ser Gln Ser Lys Met Leu Pro Lys Thr
850 855 860

Gly Glu Thr Thr Ser Ser Gln Ser Trp Trp Gly Leu Tyr Ala Leu Leu
865 870 875 880

Gly Met Leu Ala Leu Phe Ile Pro Lys Phe Arg Lys Glu Ser Lys
885 890 895

<210> 17

<211> 132

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 17

Asn Lys Glu His Asp Ile Gly Pro Arg Glu Gln Val Asn Phe Gln Leu
1 5 10 15

Leu Asp Lys Asn Asn Glu Thr Gln Tyr Tyr His Phe Phe Ser Ile Lys

20 25 30

Asp Pro Ala Asp Val Tyr Tyr Thr Lys Lys Lys Ala Glu Val Glu Leu
35 40 45

Asp Ile Asn Thr Ala Ser Thr Trp Lys Lys Phe Glu Val Tyr Glu Asn
50 55 60

Asn Gln Lys Leu Pro Val Arg Leu Val Ser Tyr Ser Pro Val Pro Glu
65 70 75 80

Asp His Ala Tyr Ile Arg Phe Pro Val Ser Asp Gly Thr Gln Glu Leu

85 90 95

Lys Ile Val Ser Ser Thr Gln Ile Asp Asp Gly Glu Glu Thr Asn Tyr
100 105 110

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

115 120 125

Leu Val Lys Ser

130

<210> 18

<211> 130

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 18

Lys Glu His Thr Ala Asp Asn Trp Arg Pro Ile Asp Phe Gln Met Lys

1 5 10 15

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

20 25 30

Pro Ala Thr Val Ile Phe Thr Lys Thr Gly Pro Ile Ile Glu Leu Gly

35 40 45

Leu Lys Thr Ala Ser Thr Trp Lys Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp

50 55 60

Lys Lys Leu Pro Val Glu Leu Val Ser Tyr Asp Ser Asp Lys Asp Tyr

65 70 75 80

Ala Tyr Ile Arg Phe Pro Val Ser Asn Gly Thr Arg Glu Val Lys Ile

85 90 95

Val Ser Ser Ile Glu Tyr Gly Glu Asn Ile His Glu Asp Tyr Asp Tyr

100 105 110

Thr Leu Met Val Phe Ala Gln Pro Ile Thr Asn Asn Pro Asp Asp Tyr

115 120 125

Val Asp

130

<210> 19

<211> 125

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 19

Thr Asn Asp Gln Leu Thr Asp Leu Gln Glu Ala His Phe Val Val Phe

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

65 70 75 80
Phe Pro Tyr Ile Pro Asp Lys Ala Val Tyr Asn Ala Ile Val Lys Val
85 90 95
Val Val Ala Asn Ile Gly Tyr Glu Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Ile
100 105 110
Asn Gln Asp Ile Asn Thr Lys Asp Asp Asp Thr Ser Gln
115 120 125

<210> 20

<211> 927

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 20

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

Ala Pro Lys Thr Asp Asp Thr Asn Val Ser Asp Thr Lys Thr Ser Ser
65 70 75 80

Asn Thr Asn Asn Gly Glu Thr Ser Val Ala Gln Asn Pro Ala Gln Gln
 85 90 95
 Glu Thr Thr Gln Ser Ser Ser Thr Asn Ala Thr Thr Glu Glu Thr Pro
 100 105 110
 Val Thr Gly Glu Ala Thr Thr Thr Thr Thr Asn Gln Ala Asn Thr Pro
 115 120 125

 Ala Thr Thr Gln Ser Ser Asn Thr Asn Ala Glu Glu Leu Val Asn Gln
 130 135 140
 Thr Ser Asn Glu Thr Thr Ser Asn Asp Thr Asn Thr Val Ser Ser Val
 145 150 155 160
 Asn Ser Pro Gln Asn Ser Thr Asn Ala Glu Asn Val Ser Thr Thr Gln
 165 170 175
 Asp Thr Ser Thr Glu Ala Thr Pro Ser Asn Asn Glu Ser Ala Pro Gln
 180 185 190

 Ser Thr Asp Ala Ser Asn Lys Asp Val Val Asn Gln Ala Val Asn Thr
 195 200 205
 Ser Ala Pro Arg Met Arg Ala Phe Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp
 210 215 220
 Ala Pro Val Ala Gly Thr Asp Ile Thr Asn Gln Leu Thr Asn Val Thr
 225 230 235 240
 Val Gly Ile Asp Ser Gly Thr Thr Val Tyr Pro His Gln Ala Gly Tyr
 245 250 255

 Val Lys Leu Asn Tyr Gly Phe Ser Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly
 260 265 270
 Asp Thr Phe Lys Ile Thr Val Pro Lys Glu Leu Asn Leu Asn Gly Val
 275 280 285
 Thr Ser Thr Ala Lys Val Pro Pro Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu
 290 295 300
 Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr
 305 310 315 320

 Asp Tyr Val Asn Thr Lys Asp Asp Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro

325 330 335
 Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu
 340 345 350
 Ala Thr Gly Ile Gly Ser Thr Thr Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp
 355 360 365
 Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile
 370 375 380

 Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val
 385 390 395 400
 Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile Ala Pro Val Leu Thr Gly Asn Leu
 405 410 415
 Lys Pro Asn Thr Asp Ser Asn Ala Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser
 420 425 430
 Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr
 435 440 445

 Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile
 450 455 460
 Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp
 465 470 475 480
 Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp
 485 490 495
 Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr
 500 505 510

 Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala
 515 520 525
 Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val
 530 535 540
 Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu Asp
 545 550 555 560
 Ser Asp Ser Asp Pro Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asn Ser Asp
 565 570 575

Ser Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Thr Ser Asp Ser Gly Ser Asp
580 585 590

Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp
595 600 605

Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Ala Ser Asp Ser Asp Ser Asp
610 615 620

Asn Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
625 630 635 640

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
645 650 655

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
660 665 670

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
675 680 685

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
690 695 700

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
705 710 715 720

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
725 730 735

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
740 745 750

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Ala
755 760 765

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
770 775 780

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
785 790 795 800

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
805 810 815

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Ala
820 825 830

Ser Asp Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Asp Ser Asp
835 840 845

Ser Glu Ser Asp Ser Asn Ser Asp Ser Glu Ser Val Ser Asn Asn Asn
850 855 860

Val Val Pro Pro Asn Ser Pro Lys Asn Gly Thr Asn Ala Ser Asn Lys
865 870 875 880

Asn Glu Ala Lys Asp Ser Lys Glu Pro Leu Pro Asp Thr Gly Ser Glu
885 890 895

Asp Glu Ala Asn Thr Ser Leu Ile Trp Gly Leu Leu Ala Ser Ile Gly
900 905 910

Ser Leu Leu Leu Phe Arg Arg Lys Lys Glu Asn Lys Asp Lys Lys
915 920 925

<210> 21

<211> 559

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 21

Met Asn Met Lys Lys Lys Glu Lys His Ala Ile Arg Lys Lys Ser Ile
1 5 10 15

Gly Val Ala Ser Val Leu Val Gly Thr Leu Ile Gly Phe Gly Leu Leu

20 25 30

Ser Ser Lys Glu Ala Asp Ala Ser Glu Asn Ser Val Thr Gln Ser Asp
35 40 45

Ser Ala Ser Asn Glu Ser Lys Ser Asn Asp Ser Ser Ser Val Ser Ala
50 55 60

Ala Pro Lys Thr Asp Asp Thr Asn Val Ser Asp Thr Lys Thr Ser Ser
65 70 75 80

Asn Thr Asn Asn Gly Glu Thr Ser Val Ala Gln Asn Pro Ala Gln Gln

85 90 95

Glu Thr Thr Gln Ser Ser Ser Thr Asn Ala Thr Thr Glu Glu Thr Pro
100 105 110

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

355 360 365
 Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile
 370 375 380
 Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val
 385 390 395 400
 Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile Ala Pro Val Leu Thr Gly Asn Leu

 405 410 415
 Lys Pro Asn Thr Asp Ser Asn Ala Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser
 420 425 430
 Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr
 435 440 445
 Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile
 450 455 460
 Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp

 465 470 475 480
 Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp
 485 490 495
 Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr
 500 505 510
 Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala
 515 520 525
 Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val

 530 535 540
 Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu
 545 550 555
 <210> 22
 <211> 343
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 22
 Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp Ala Pro Val Ala Gly Thr Asp Ile
 1 5 10 15

Thr Asn Gln Leu Thr Asn Val Thr Val Gly Ile Asp Ser Gly Thr Thr
20 25 30

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

Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly Asp Thr Phe Lys Ile Thr Val Pro
50 55 60

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

Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp
85 90 95

Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asn Thr Lys Asp Asp
100 105 110

Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val
115 120 125

Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu Ala Thr Gly Ile Gly Ser Thr Thr
130 135 140

Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr
145 150 155 160

Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn
165 170 175

Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile
180 185 190

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

Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn
210 215 220

Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu
225 230 235 240

Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr
245 250 255

Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile

260 265 270
Val Val Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala
275 280 285

Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser
290 295 300
Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly
305 310 315 320
Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly
325 330 335
Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu
340

<210> 23

<211> 331

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 23

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

Lys Val Pro Pro Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu Ala Asn Gly Val
65 70 75 80
Ile Asp Ser Asp Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asn
85 90 95
Thr Lys Asp Asp Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro Ala Tyr Ile Asp
100 105 110
Pro Glu Asn Val Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu Ala Thr Gly Ile
115 120 125

Gly Ser Thr Thr Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp Tyr Glu Lys Tyr
130 135 140

Gly Lys Phe Tyr Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile Asp Gln Ile Asp
145 150 155 160

Lys Thr Asn Asn Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Gly
165 170 175

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

Asp Ser Asn Ala Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser Ile Lys Val Tyr
195 200 205

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

Glu Asn Phe Glu Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile Thr Phe Pro Asn
225 230 235 240

Pro Asn Gln Tyr Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp Asp Gln Ile Thr
245 250 255

Thr Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn Ser Lys
260 265 270

Gly Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser Asn Ile
275 280 285

Ile Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn Asn Gly
290 295 300

Ser Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu Gln Pro
305 310 315 320

Asp Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu
325 330

<210> 24

<211> 333

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 24

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

245 250 255
 Ile Thr Thr Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn
 260 265 270
 Ser Lys Gly Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser
 275 280 285
 Asn Ile Ile Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn
 290 295 300

Asn Gly Ser Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu
 305 310 315 320
 Gln Pro Asp Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu
 325 330

<210> 25

<211> 877

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 25

Leu Lys Lys Arg Ile Asp Tyr Leu Ser Asn Lys Gln Asn Lys Tyr Ser
 1 5 10 15
 Ile Arg Arg Phe Thr Val Gly Thr Thr Ser Val Ile Val Gly Ala Thr

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

85 90 95
 Thr Lys Pro Met Ser Thr Gln Thr Ser Asn Thr Thr Thr Thr Glu Pro
 100 105 110
 Ala Ser Thr Asn Glu Thr Pro Gln Pro Thr Ala Ile Lys Asn Gln Ala
 115 120 125

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

370 375 380
 Ser Gly Gln Asn Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln
 385 390 395 400
 Arg Val Leu Gly Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys

 405 410 415
 Ile Glu Glu Ser Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg
 420 425 430
 Ile Phe Glu Val Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala
 435 440 445
 Asp Pro Asn Asp Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn
 450 455 460
 Arg Ile Tyr Tyr Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp

 465 470 475 480
 Ile Thr Lys Thr Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr
 485 490 495
 Gly Lys Asn Leu Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val
 500 505 510
 Thr Asn Arg Asp Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val
 515 520 525
 Arg Tyr Gly Gly Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn Pro Lys

 530 535 540
 Asp Pro Thr Pro Gly Pro Pro Val Asp Pro Glu Pro Ser Pro Asp Pro
 545 550 555 560
 Glu Pro Glu Pro Thr Pro Asp Pro Glu Pro Ser Pro Asp Pro Glu Pro
 565 570 575
 Glu Pro Ser Pro Asp Pro Asp Pro Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 580 585 590
 Gly Ser Asp Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser

 595 600 605
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser
 610 615 620

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

865 870 875

<210> 26

<211> 542

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 26

Leu Lys Lys Arg Ile Asp Tyr Leu Ser Asn Lys Gln Asn Lys Tyr Ser

1 5 10 15

Ile Arg Arg Phe Thr Val Gly Thr Thr Ser Val Ile Val Gly Ala Thr

20 25 30

Ile Leu Phe Gly Ile Gly Asn His Gln Ala Gln Ala Ser Glu Gln Ser

35 40 45

Asn Asp Thr Thr Gln Ser Ser Lys Asn Asn Ala Ser Ala Asp Ser Glu

50 55 60

Lys Asn Asn Met Ile Glu Thr Pro Gln Leu Asn Thr Thr Ala Asn Asp

65 70 75 80

Thr Ser Asp Ile Ser Ala Asn Thr Asn Ser Ala Asn Val Asp Ser Thr

85 90 95

Thr Lys Pro Met Ser Thr Gln Thr Ser Asn Thr Thr Thr Thr Glu Pro

100 105 110

Ala Ser Thr Asn Glu Thr Pro Gln Pro Thr Ala Ile Lys Asn Gln Ala

115 120 125

Thr Ala Ala Lys Met Gln Asp Gln Thr Val Pro Gln Glu Ala Asn Ser

130 135 140

Gln Val Asp Asn Lys Thr Thr Asn Asp Ala Asn Ser Ile Ala Thr Asn

145 150 155 160

Ser Glu Leu Lys Asn Ser Gln Thr Leu Asp Leu Pro Gln Ser Ser Pro

165 170 175

Gln Thr Ile Ser Asn Ala Gln Gly Thr Ser Lys Pro Ser Val Arg Thr

180 185 190

Arg Ala Val Arg Ser Leu Ala Val Ala Glu Pro Val Val Asn Ala Ala

195 200 205

Asp Ala Lys Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val Thr Ala Ser Asn Phe
 210 215 220

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

Met Ala Ala Asn Phe Thr Val Thr Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr
 245 250 255

Phe Thr Ala Lys Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp
 260 265 270

Tyr Ser Asn Ser Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr
 275 280 285

Asn Gly Asp Val Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr
 290 295 300

Tyr Thr Phe Val Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn
 305 310 315 320

Gly Gln Phe Ser Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys
 325 330 335

Ser Gly Thr Tyr Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn
 340 345 350

Asn Lys Ile Thr Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys
 355 360 365

Pro Asn Gly Ala Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala
 370 375 380

Ser Gly Gln Asn Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln
 385 390 395 400

Arg Val Leu Gly Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys
 405 410 415

Ile Glu Glu Ser Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg
 420 425 430

Ile Phe Glu Val Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala
 435 440 445

Asp Pro Asn Asp Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn

450 455 460
 Arg Ile Tyr Tyr Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp
 465 470 475 480
 Ile Thr Lys Thr Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr
 485 490 495
 Gly Lys Asn Leu Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val
 500 505 510
 Thr Asn Arg Asp Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val
 515 520 525
 Arg Tyr Gly Gly Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn
 530 535 540

<210> 27

<211> 346

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 27

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

50 55 60
 Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp Tyr Ser Asn Ser
 65 70 75 80
 Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr Asn Gly Asp Val
 85 90 95
 Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr Tyr Thr Phe Val
 100 105 110
 Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn Gly Gln Phe Ser

115 120 125
 Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ser Gly Thr Tyr
 130 135 140
 Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn Asn Lys Ile Thr
 145 150 155 160
 Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys Pro Asn Gly Ala
 165 170 175
 Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala Ser Gly Gln Asn

 180 185 190
 Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln Arg Val Leu Gly
 195 200 205
 Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys Ile Glu Glu Ser
 210 215 220
 Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg Ile Phe Glu Val
 225 230 235 240
 Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala Asp Pro Asn Asp

 245 250 255
 Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg Ile Tyr Tyr
 260 265 270
 Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile Thr Lys Thr
 275 280 285
 Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly Lys Asn Leu
 290 295 300
 Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr Asn Arg Asp

 305 310 315 320
 Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg Tyr Gly Gly
 325 330 335
 Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn
 340 345
 <210> 28
 <211> 331
 <212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 28

Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val Thr Ala Ser Asn Phe Lys Leu Glu

1 5 10 15

Lys Thr Thr Phe Asp Pro Asn Gln Ser Gly Asn Thr Phe Met Ala Ala

20 25 30

Asn Phe Thr Val Thr Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr Ala

35 40 45

Lys Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp Tyr Ser Asn

50 55 60

Ser Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr Asn Gly Asp

65 70 75 80

Val Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr Tyr Thr Phe

85 90 95

Val Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn Gly Gln Phe

100 105 110

Ser Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ser Gly Thr

115 120 125

Tyr Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn Asn Lys Ile

130 135 140

Thr Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys Pro Asn Gly

145 150 155 160

Ala Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala Ser Gly Gln

165 170 175

Asn Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln Arg Val Leu

180 185 190

Gly Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys Ile Glu Glu

195 200 205

Ser Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg Ile Phe Glu

210 215 220

Val Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala Asp Pro Asn

225 230 235 240
 Asp Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg Ile Tyr
 245 250 255
 Tyr Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile Thr Lys
 260 265 270
 Thr Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly Lys Asn

 275 280 285
 Leu Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr Asn Arg
 290 295 300
 Asp Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg Tyr Gly
 305 310 315 320
 Gly Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn
 325 330

 <210> 29
 <211> 953
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 29

 Met Asn Asn Lys Lys Thr Ala Thr Asn Arg Lys Gly Met Ile Pro Asn

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

 65 70 75 80
 Gln Leu Lys Asp Asn Thr Gln Thr Ala Thr Ala Asp Gln Pro Lys Val
 85 90 95
 Thr Met Ser Asp Ser Ala Thr Val Lys Glu Thr Ser Ser Asn Met Gln
 100 105 110

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

355 360 365
 Thr Tyr Thr Lys Glu Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys Phe
 370 375 380
 Asn Pro Asp Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln Asn

 385 390 395 400
 Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp Val
 405 410 415
 Thr Gly Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn Lys Thr Ala Thr
 420 425 430
 Val Asp Leu Leu Asn Gly Gln Ser Ser Ser Asp Lys Gln Tyr Ile Ile
 435 440 445
 Gln Gln Val Ala Tyr Pro Asp Asn Ser Ser Thr Asp Asn Gly Lys Ile

 450 455 460
 Asp Tyr Thr Leu Glu Thr Gln Asn Gly Lys Ser Ser Trp Ser Asn Ser
 465 470 475 480
 Tyr Ser Asn Val Asn Gly Ser Ser Thr Ala Asn Gly Asp Gln Lys Lys
 485 490 495
 Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Lys
 500 505 510
 Gln Asp Ala Asn Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Tyr Val Ile Leu Lys

 515 520 525
 Asp Ser Asn Gly Lys Glu Leu Asp Arg Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly
 530 535 540
 Lys Tyr Gln Phe Thr Gly Leu Ser Asn Gly Thr Tyr Ser Val Glu Phe
 545 550 555 560
 Ser Thr Pro Ala Gly Tyr Thr Pro Thr Thr Ala Asn Ala Gly Thr Asp
 565 570 575
 Asp Ala Val Asp Ser Asp Gly Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp

 580 585 590
 Ala Asp Asn Met Thr Leu Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr
 595 600 605

Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Tyr Asp Ser Asn Lys Asp Gly Lys Gln
 610 615 620
 Asp Ser Thr Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Lys Val Thr Leu Gln Asn
 625 630 635 640
 Glu Lys Gly Glu Val Ile Gly Thr Thr Glu Thr Asp Glu Asn Gly Lys

 645 650 655
 Tyr Arg Phe Asp Asn Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Lys Val Ile Phe Glu
 660 665 670
 Lys Pro Ala Gly Leu Thr Gln Thr Gly Thr Asn Thr Thr Glu Asp Asp
 675 680 685
 Lys Asp Ala Asp Gly Gly Glu Val Asp Val Thr Ile Thr Asp His Asp
 690 695 700
 Asp Phe Thr Leu Asp Asn Gly Tyr Tyr Glu Glu Glu Thr Ser Asp Ser

 705 710 715 720
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 725 730 735
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 740 745 750
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 755 760 765
 Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

 770 775 780
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 785 790 795 800
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 805 810 815
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 820 825 830
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

 835 840 845
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

850 855 860
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 865 870 875 880
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Gly Lys
 885 890 895
 His Thr Pro Thr Lys Pro Met Ser Thr Val Lys Asp Gln His Lys Thr

 900 905 910
 Ala Lys Ala Leu Pro Glu Thr Gly Ser Glu Asn Asn Asn Ser Asn Asn
 915 920 925
 Gly Thr Leu Phe Gly Gly Leu Phe Ala Ala Leu Gly Ser Leu Leu Leu
 930 935 940
 Phe Gly Arg Arg Lys Lys Gln Asn Lys
 945 950
 <210> 30
 <211> 378
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 30
 Ala Glu His Thr Asn Gly Glu Leu Asn Gln Ser Lys Asn Glu Thr Thr

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

 65 70 75 80
 Thr Asn Asp Lys Ser Ser Thr Thr Tyr Ser Asn Glu Thr Asp Lys Ser
 85 90 95
 Asn Leu Thr Gln Ala Lys Asn Val Ser Thr Thr Pro Lys Thr Thr Thr
 100 105 110

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

355 360 365
 Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn
 370 375
 <210> 31
 <211> 253
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 31
 Val Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe

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

 65 70 75 80
 Gln Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly
 85 90 95
 Ile Tyr Asp Ser Lys Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
 100 105 110
 Val Asp Gln Tyr Thr Asn Val Ser Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe
 115 120 125
 Ala Lys Arg Glu Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu

 130 135 140
 Val Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Lys Asp Val Ile Val Asp Tyr
 145 150 155 160
 Gly Asn Gln Lys Gly Gln Gln Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn
 165 170 175
 Asn Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Val Tyr Val Asn Gln Pro Lys
 180 185 190

Lys Thr Tyr Thr Lys Glu Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys

195 200 205

Phe Asn Pro Asp Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln

210 215 220

Asn Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp

225 230 235 240

Val Thr Gly Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn

245 250

<210> 32

<211> 995

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 32

Met Asn Asn Lys Lys Thr Ala Thr Asn Arg Lys Gly Met Ile Pro Asn

1 5 10 15

Arg Leu Asn Lys Phe Ser Ile Arg Lys Tyr Ser Val Gly Thr Ala Ser

20 25 30

Ile Leu Val Gly Thr Thr Leu Ile Phe Gly Leu Ser Gly His Glu Ala

35 40 45

Lys Ala Ala Glu His Thr Asn Gly Glu Leu Asn Gln Ser Lys Asn Glu

50 55 60

Thr Thr Ala Pro Ser Glu Asn Lys Thr Thr Lys Lys Val Asp Ser Arg

65 70 75 80

Gln Leu Lys Asp Asn Thr Gln Thr Ala Thr Ala Asp Gln Pro Lys Val

85 90 95

Thr Met Ser Asp Ser Ala Thr Val Lys Glu Thr Ser Ser Asn Met Gln

100 105 110

Ser Pro Gln Asn Ala Thr Ala Asn Gln Ser Thr Thr Lys Thr Ser Asn

115 120 125

Val Thr Thr Asn Asp Lys Ser Ser Thr Thr Tyr Ser Asn Glu Thr Asp

130 135 140

Lys Ser Asn Leu Thr Gln Ala Lys Asp Val Ser Thr Thr Pro Lys Thr
 145 150 155 160
 Thr Thr Ile Lys Pro Arg Thr Leu Asn Arg Met Ala Val Asn Thr Val
 165 170 175
 Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe Ser
 180 185 190

 Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Gln Thr Thr Gly
 195 200 205
 Lys Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys Ala
 210 215 220
 Asn Tyr Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Phe
 225 230 235 240
 Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Gln
 245 250 255

 Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly Ile
 260 265 270
 Tyr Asp Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val
 275 280 285
 Asp Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe Ala
 290 295 300
 Lys Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu Val
 305 310 315 320

 Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val Asp Tyr Gly
 325 330 335
 Asn Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn Asn
 340 345 350
 Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln Pro Lys Asn
 355 360 365
 Thr Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys Phe
 370 375 380

 Asn Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln Asn

385 390 395 400
 Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp Val
 405 410 415
 Thr Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn Lys Thr Ala Thr
 420 425 430
 Val Asp Leu Met Lys Gly Gln Thr Ser Ser Asn Lys Gln Tyr Ile Ile
 435 440 445

 Gln Gln Val Ala Tyr Pro Asp Asn Ser Ser Thr Asp Asn Gly Lys Ile
 450 455 460
 Asp Tyr Thr Leu Asp Thr Asp Lys Thr Lys Tyr Ser Trp Ser Asn Ser
 465 470 475 480
 Tyr Ser Asn Val Asn Gly Ser Ser Thr Ala Asn Gly Asp Gln Lys Lys
 485 490 495
 Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Lys
 500 505 510

 Gln Asp Ala Asn Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Tyr Val Ile Leu Lys
 515 520 525
 Asp Ser Asn Gly Lys Glu Leu Asp Arg Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly
 530 535 540
 Lys Tyr Gln Phe Thr Gly Leu Ser Asn Gly Thr Tyr Ser Val Glu Phe
 545 550 555 560
 Ser Thr Pro Ala Gly Tyr Thr Pro Thr Thr Ala Asn Val Gly Thr Asp
 565 570 575

 Asp Ala Val Asp Ser Asp Gly Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp
 580 585 590
 Ala Asp Asn Met Thr Leu Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr
 595 600 605
 Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Tyr Asp Ser Asn Lys Asp Gly Lys Gln
 610 615 620
 Asp Ser Thr Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Lys Val Thr Leu Gln Asn
 625 630 635 640

Glu Lys Gly Glu Val Ile Gly Thr Thr Glu Thr Asp Glu Asn Gly Lys
 645 650 655
 Tyr Arg Phe Asp Asn Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Lys Val Ile Phe Glu
 660 665 670
 Lys Pro Ala Gly Leu Thr Gln Thr Gly Thr Asn Thr Thr Glu Asp Asp
 675 680 685
 Lys Asp Ala Asp Gly Gly Glu Val Asp Val Thr Ile Thr Asp His Asp
 690 695 700

 Asp Phe Thr Leu Asp Asn Gly Tyr Tyr Glu Glu Glu Thr Ser Asp Ser
 705 710 715 720
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 725 730 735
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 740 745 750
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 755 760 765

 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 770 775 780
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 785 790 795 800
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 805 810 815
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 820 825 830

 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 835 840 845
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 850 855 860
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 865 870 875 880
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 885 890 895

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 900 905 910
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Ser
 915 920 925
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Gly Lys His Thr Pro Ala Lys Pro
 930 935 940
 Met Ser Thr Val Lys Asp Gln His Lys Thr Ala Lys Ala Leu Pro Glu
 945 950 955 960

 Thr Gly Ser Glu Asn Asn Asn Ser Asn Asn Gly Thr Leu Phe Gly Gly
 965 970 975
 Leu Phe Ala Ala Leu Gly Ser Leu Leu Leu Phe Gly Arg Arg Lys Lys
 980 985 990
 Gln Asn Lys
 995
 <210> 33
 <211> 378
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 33
 Ala Glu His Thr Asn Gly Glu Leu Asn Gln Ser Lys Asn Glu Thr Thr
 1 5 10 15
 Ala Pro Ser Glu Asn Lys Thr Thr Lys Lys Val Asp Ser Arg Gln Leu

 20 25 30
 Lys Asp Asn Thr Gln Thr Ala Thr Ala Asp Gln Pro Lys Val Thr Met
 35 40 45
 Ser Asp Ser Ala Thr Val Lys Glu Thr Ser Ser Asn Met Gln Ser Pro
 50 55 60
 Gln Asn Ala Thr Ala Asn Gln Ser Thr Thr Lys Thr Ser Asn Val Thr
 65 70 75 80
 Thr Asn Asp Lys Ser Ser Thr Thr Tyr Ser Asn Glu Thr Asp Lys Ser

 85 90 95

Asn Leu Thr Gln Ala Lys Asp Val Ser Thr Thr Pro Lys Thr Thr Thr
 100 105 110
 Ile Lys Pro Arg Thr Leu Asn Arg Met Ala Val Asn Thr Val Ala Ala
 115 120 125
 Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe Ser Asn Ile
 130 135 140
 Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Gln Thr Thr Gly Lys Thr

 145 150 155 160
 Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys Ala Asn Tyr
 165 170 175
 Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Phe Lys Tyr
 180 185 190
 Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Gln Thr Gln
 195 200 205
 Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly Ile Tyr Asp

 210 215 220
 Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln
 225 230 235 240
 Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe Ala Lys Arg
 245 250 255
 Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu Val Thr Leu
 260 265 270
 Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys

 275 280 285
 Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn Asn Glu Asp
 290 295 300
 Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln Pro Lys Asn Thr Tyr
 305 310 315 320
 Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys Phe Asn Pro
 325 330 335
 Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln Asn Gln Phe

340 345 350
 Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp Val Thr Asp
 355 360 365
 Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn
 370 375
 <210> 34
 <211> 253
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 34
 Val Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe
 1 5 10 15
 Ser Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Gln Thr Thr
 20 25 30
 Gly Lys Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys
 35 40 45
 Ala Asn Tyr Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr
 50 55 60
 Phe Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser
 65 70 75 80
 Gln Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly
 85 90 95
 Ile Tyr Asp Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
 100 105 110
 Val Asp Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe
 115 120 125
 Ala Lys Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu
 130 135 140
 Val Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val Asp Tyr
 145 150 155 160
 Gly Asn Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn
 165 170 175

Asn Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln Pro Lys
180 185 190

Asn Thr Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys
195 200 205

Phe Asn Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln
210 215 220

Asn Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp
225 230 235 240

Val Thr Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn
245 250

<210> 35

<211> 1349

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 35

Met Leu Asn Arg Glu Asn Lys Thr Ala Ile Thr Arg Lys Gly Met Val
1 5 10 15

Ser Asn Arg Leu Asn Lys Phe Ser Ile Arg Lys Tyr Thr Val Gly Thr
20 25 30

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

Glu Ala Lys Ala Ala Glu Ser Thr Asn Lys Glu Leu Asn Glu Ala Thr
50 55 60

Thr Ser Ala Ser Asp Asn Gln Ser Ser Asp Lys Val Asp Met Gln Gln
65 70 75 80

Leu Asn Gln Glu Asp Asn Thr Lys Asn Asp Asn Gln Lys Glu Met Val
85 90 95

Ser Ser Gln Gly Asn Glu Thr Thr Ser Asn Gly Asn Lys Leu Ile Glu
100 105 110

Lys Glu Ser Val Gln Ser Thr Thr Gly Asn Lys Val Glu Val Ser Thr
115 120 125

Ala Lys Ser Asp Glu Gln Ala Ser Pro Lys Ser Thr Asn Glu Asp Leu

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

Thr Lys Thr Thr Ala Asn Ile Gln Tyr Pro Asp Tyr Val Val Asn Glu
385 390 395 400

Lys Asn Ser Ile Gly Ser Ala Phe Thr Glu Thr Val Ser His Val Gly
405 410 415

Asn Lys Glu Asn Pro Gly Tyr Tyr Lys Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro
420 425 430

Ser Glu Asn Ser Leu Thr Asn Ala Lys Leu Lys Val Gln Ala Tyr His
435 440 445

Ser Ser Tyr Pro Asn Asn Ile Gly Gln Ile Asn Lys Asp Val Thr Asp
450 455 460

Ile Lys Ile Tyr Gln Val Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Asn Lys Gly Tyr
465 470 475 480

Asp Val Asn Thr Lys Glu Leu Thr Asp Val Thr Asn Gln Tyr Leu Gln
485 490 495

Lys Ile Thr Tyr Gly Asp Asn Asn Ser Ala Val Ile Asp Phe Gly Asn
500 505 510

Ala Asp Ser Ala Tyr Val Val Met Val Asn Thr Lys Phe Gln Tyr Thr
515 520 525

Asn Ser Glu Ser Pro Thr Leu Val Gln Met Ala Thr Leu Ser Ser Thr
530 535 540

Gly Asn Lys Ser Val Ser Thr Gly Asn Ala Leu Gly Phe Thr Asn Asn
545 550 555 560

Gln Ser Gly Gly Ala Gly Gln Glu Val Tyr Lys Ile Gly Asn Tyr Val
565 570 575

Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asn Gly Val Gln Glu Leu Gly Glu Lys Gly
580 585 590

Val Gly Asn Val Thr Val Thr Val Phe Asp Asn Asn Thr Asn Thr Lys
595 600 605

Val Gly Glu Ala Val Thr Lys Glu Asp Gly Ser Tyr Leu Ile Pro Asn
610 615 620

Leu Pro Asn Gly Asp Tyr Arg Val Glu Phe Ser Asn Leu Pro Lys Gly

625 630 635 640
 Tyr Glu Val Thr Pro Ser Lys Gln Gly Asn Asn Glu Glu Leu Asp Ser
 645 650 655

 Asn Gly Leu Ser Ser Val Ile Thr Val Asn Gly Lys Asp Asn Leu Ser
 660 665 670
 Ala Asp Leu Gly Ile Tyr Lys Pro Lys Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val
 675 680 685
 Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asn Gly Ile Gln Asp Gln Asp Glu Lys Gly
 690 695 700
 Ile Ser Gly Val Thr Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Val Leu
 705 710 715 720

 Lys Thr Val Thr Thr Asp Ala Asp Gly Lys Tyr Lys Phe Thr Asp Leu
 725 730 735
 Asp Asn Gly Asn Tyr Lys Val Glu Phe Thr Thr Pro Glu Gly Tyr Thr
 740 745 750
 Pro Thr Thr Val Thr Ser Gly Ser Asp Ile Glu Lys Asp Ser Asn Gly
 755 760 765
 Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Asn Gly Ala Asp Asn Met Thr Leu Asp
 770 775 780

 Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Asn Leu Gly Asn Tyr Val Trp
 785 790 795 800
 Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Lys Gln Asp Ser Thr Glu Lys Gly Ile
 805 810 815
 Ser Gly Val Thr Val Thr Leu Lys Asn Glu Asn Gly Glu Val Leu Gln
 820 825 830
 Thr Thr Lys Thr Asp Lys Asp Gly Lys Tyr Gln Phe Thr Gly Leu Glu
 835 840 845

 Asn Gly Thr Tyr Lys Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro
 850 855 860
 Thr Gln Val Gly Ser Gly Thr Asp Glu Gly Ile Asp Ser Asn Gly Thr
 865 870 875 880

Ser Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp Lys Asp Asn Asp Thr Ile Asp Ser
885 890 895

Gly Phe Tyr Lys Pro Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
900 905 910

Thr Asn Lys Asn Gly Val Gln Asp Lys Asp Glu Lys Gly Ile Ser Gly
915 920 925

Val Thr Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Asp Lys Val Leu Lys Thr Val
930 935 940

Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Thr Asp Leu Asn Asn Gly
945 950 955 960

Thr Tyr Lys Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Ser
965 970 975

Val Thr Ser Gly Asn Asp Thr Glu Lys Asp Ser Asn Gly Leu Thr Thr
980 985 990

Thr Gly Val Ile Lys Asp Ala Asp Asn Met Thr Leu Asp Ser Gly Phe
995 1000 1005

Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Tyr Asp Ser
1010 1015 1020

Asn Lys Asp Gly Lys Gln Asp Ser Thr Glu Lys Gly Ile Lys Asp Val
1025 1030 1035 1040

Lys Val Thr Leu Leu Asn Glu Lys Gly Glu Val Ile Gly Thr Thr Lys
1045 1050 1055

Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Cys Phe Asp Asn Leu Asp Ser Gly Lys
1060 1065 1070

Tyr Lys Val Ile Phe Glu Lys Pro Ala Gly Leu Thr Gln Thr Val Thr
1075 1080 1085

Asn Thr Thr Glu Asp Asp Lys Asp Ala Asp Gly Gly Glu Val Asp Val
1090 1095 1100

Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Thr Leu Asp Asn Gly Tyr Phe Glu
1105 1110 1115 1120

Glu Asp Thr Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

1125	1130	1135	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1140	1145	1150	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1155	1160	1165	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1170	1175	1180	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1185	1190	1195	1200
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1205	1210	1215	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1220	1225	1230	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1235	1240	1245	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1250	1255	1260	
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
1265	1270	1275	1280
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Gly Lys His Thr Pro Val			
1285	1290	1295	
Lys Pro Met Ser Thr Thr Lys Asp His His Asn Lys Ala Lys Ala Leu			
1300	1305	1310	
Pro Glu Thr Gly Ser Glu Asn Asn Gly Ser Asn Asn Ala Thr Leu Phe			
1315	1320	1325	
Gly Gly Leu Phe Ala Ala Leu Gly Ser Leu Leu Leu Phe Gly Arg Arg			
1330	1335	1340	
Lys Lys Gln Asn Lys			
1345			
<210> 36			
<211> 516			
<212> PRT			

<213> Staphylococcal aureus

<400

> 36

Ala Glu Ser Thr Asn Lys Glu Leu Asn Glu Ala Thr Thr Ser Ala Ser

1 5 10 15

Asp Asn Gln Ser Ser Asp Lys Val Asp Met Gln Gln Leu Asn Gln Glu

20 25 30

Asp Asn Thr Lys Asn Asp Asn Gln Lys Glu Met Val Ser Ser Gln Gly

35 40 45

Asn Glu Thr Thr Ser Asn Gly Asn Lys Leu Ile Glu Lys Glu Ser Val

50 55 60

Gln Ser Thr Thr Gly Asn Lys Val Glu Val Ser Thr Ala Lys Ser Asp

65 70 75 80

Glu Gln Ala Ser Pro Lys Ser Thr Asn Glu Asp Leu Asn Thr Lys Gln

85 90 95

Thr Ile Ser Asn Gln Glu Ala Leu Gln Pro Asp Leu Gln Glu Asn Lys

100 105 110

Ser Val Val Asn Val Gln Pro Thr Asn Glu Glu Asn Lys Lys Val Asp

115 120 125

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

130 135 140

Ser Asn Asp Glu Thr Leu Val Asp Asn Asn Ser Asn Ser Asn Asn Glu

145 150 155 160

Asn Asn Ala Asp Ile Ile Leu Pro Lys Ser Thr Ala Pro Lys Arg Leu

165 170 175

Asn Thr Arg Met Arg Ile Ala Ala Val Gln Pro Ser Ser Thr Glu Ala

180 185 190

Lys Asn Val Asn Asp Leu Ile Thr Ser Asn Thr Thr Leu Thr Val Val

195 200 205

Asp Ala Asp Lys Asn Asn Lys Ile Val Pro Ala Gln Asp Tyr Leu Ser

210 215 220

Leu Lys Ser Gln Ile Thr Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr

225 230 235 240
 Phe Thr Ile Lys Tyr Ser Asp Thr Val Gln Val Tyr Gly Leu Asn Pro
 245 250 255

 Glu Asp Ile Lys Asn Ile Gly Asp Ile Lys Asp Pro Asn Asn Gly Glu
 260 265 270
 Thr Ile Ala Thr Ala Lys His Asp Thr Ala Asn Asn Leu Ile Thr Tyr
 275 280 285
 Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Arg Phe Asn Ser Val Gln Met Gly Ile
 290 295 300
 Asn Tyr Ser Ile Tyr Met Asp Ala Asp Thr Ile Pro Val Ser Lys Asn
 305 310 315 320

 Asp Val Glu Phe Asn Val Thr Ile Gly Asn Thr Thr Thr Lys Thr Thr
 325 330 335
 Ala Asn Ile Gln Tyr Pro Asp Tyr Val Val Asn Glu Lys Asn Ser Ile
 340 345 350
 Gly Ser Ala Phe Thr Glu Thr Val Ser His Val Gly Asn Lys Glu Asn
 355 360 365
 Pro Gly Tyr Tyr Lys Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Glu Asn Ser
 370 375 380

 Leu Thr Asn Ala Lys Leu Lys Val Gln Ala Tyr His Ser Ser Tyr Pro
 385 390 395 400
 Asn Asn Ile Gly Gln Ile Asn Lys Asp Val Thr Asp Ile Lys Ile Tyr
 405 410 415
 Gln Val Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Asn Lys Gly Tyr Asp Val Asn Thr
 420 425 430
 Lys Glu Leu Thr Asp Val Thr Asn Gln Tyr Leu Gln Lys Ile Thr Tyr
 435 440 445

 Gly Asp Asn Asn Ser Ala Val Ile Asp Phe Gly Asn Ala Asp Ser Ala
 450 455 460
 Tyr Val Val Met Val Asn Thr Lys Phe Gln Tyr Thr Asn Ser Glu Ser
 465 470 475 480

Pro Thr Leu Val Gln Met Ala Thr Leu Ser Ser Thr Gly Asn Lys Ser
485 490 495
Val Ser Thr Gly Asn Ala Leu Gly Phe Thr Asn Asn Gln Ser Gly Gly
500 505 510
Ala Gly Gln Glu
515
<210> 37
<211> 335
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 37
Ile Ala Ala Val Gln Pro Ser Ser Thr Glu Ala Lys Asn Val Asn Asp
1 5 10 15
Leu Ile Thr Ser Asn Thr Thr Leu Thr Val Val Asp Ala Asp Lys Asn
20 25 30
Asn Lys Ile Val Pro Ala Gln Asp Tyr Leu Ser Leu Lys Ser Gln Ile
35 40 45
Thr Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr Ile Lys Tyr
50 55 60
Ser Asp Thr Val Gln Val Tyr Gly Leu Asn Pro Glu Asp Ile Lys Asn
65 70 75 80
Ile Gly Asp Ile Lys Asp Pro Asn Asn Gly Glu Thr Ile Ala Thr Ala
85 90 95
Lys His Asp Thr Ala Asn Asn Leu Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
100 105 110
Val Asp Arg Phe Asn Ser Val Gln Met Gly Ile Asn Tyr Ser Ile Tyr
115 120 125
Met Asp Ala Asp Thr Ile Pro Val Ser Lys Asn Asp Val Glu Phe Asn
130 135 140
Val Thr Ile Gly Asn Thr Thr Thr Lys Thr Thr Ala Asn Ile Gln Tyr
145 150 155 160
Pro Asp Tyr Val Val Asn Glu Lys Asn Ser Ile Gly Ser Ala Phe Thr

165 170 175
Glu Thr Val Ser His Val Gly Asn Lys Glu Asn Pro Gly Tyr Tyr Lys

180 185 190
Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Glu Asn Ser Leu Thr Asn Ala Lys

195 200 205
Leu Lys Val Gln Ala Tyr His Ser Ser Tyr Pro Asn Asn Ile Gly Gln

210 215 220
Ile Asn Lys Asp Val Thr Asp Ile Lys Ile Tyr Gln Val Pro Lys Gly

225 230 235 240
Tyr Thr Leu Asn Lys Gly Tyr Asp Val Asn Thr Lys Glu Leu Thr Asp

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

260 265 270
Ala Val Ile Asp Phe Gly Asn Ala Asp Ser Ala Tyr Val Val Met Val

275 280 285
Asn Thr Lys Phe Gln Tyr Thr Asn Ser Glu Ser Pro Thr Leu Val Gln

290 295 300
Met Ala Thr Leu Ser Ser Thr Gly Asn Lys Ser Val Ser Thr Gly Asn

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

325 330 335

<210> 38

<211> 1141

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 38

Met Ile Asn Arg Asp Asn Lys Lys Ala Ile Thr Lys Lys Gly Met Ile

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

20 25 30

Ala Ser Ile Leu Val Gly Thr Thr Leu Ile Phe Gly Leu Gly Asn Gln

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

Gly Asp Gly Lys Asp Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile
290 295 300

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

Thr Met Thr Ile Asn Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr
325 330 335

Asp Lys Asn Asp Pro Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile
340 345 350

Ala Lys Gly Thr Phe Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe
355 360 365

Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu
370 375 380

Tyr Ser Tyr Ile Asp Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn
385 390 395 400

Leu Thr Phe Ala Thr Ala Gly Lys Glu Thr Ser Gln Asn Val Ser Val
405 410 415

Asp Tyr Gln Asp Pro Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile
420 425 430

Phe Thr Lys Leu Asp Glu Asn Lys Gln Thr Ile Glu Gln Gln Ile Tyr
435 440 445

Val Asn Pro Leu Lys Lys Thr Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Ile Ala
450 455 460

Gly Ser Gln Val Asp Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser
465 470 475 480

Thr Ile Ile Asp Gln Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro
485 490 495

Asn Gln Gln Leu Pro Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr
500 505 510

Glu Asp Val Thr Ser Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn
515 520 525

Val Ala Thr Leu Asp Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys
530 535 540

Val Val Ser Lys Tyr Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala
545 550 555 560

Gln Gly Thr Ser Met Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr
565 570 575

Ala Gly Tyr Ser Asn Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly
580 585 590

Asp Gly Thr Val Lys Pro Glu Glu Lys Leu Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr
595 600 605

Val Trp Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Val Gln Gly Thr Asp Ser Lys
610 615 620

Glu Lys Pro Met Ala Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly
625 630 635 640

Thr Thr Lys Ser Val Arg Thr Asp Ala Asn Gly His Tyr Glu Phe Gly
645 650 655

Gly Leu Lys Asp Gly Glu Thr Tyr Thr Val Lys Phe Glu Thr Pro Ala
660 665 670

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

Ser Asn Gly Ser Ser Ile Thr Val Lys Ile Asn Gly Lys Asp Asp Met
690 695 700

Ser Leu Asp Thr Gly Phe Tyr Lys Glu Pro Lys Tyr Asn Leu Gly Asp
705 710 715 720

Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Ala Asn Glu
725 730 735

Pro Gly Ile Lys Asp Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Ser Thr Gly Lys
740 745 750

Val Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp Ala Ser Gly Lys Tyr Lys Phe Thr
755 760 765

Asp Leu Asp Asn Gly Asn Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ala Gly
770 775 780

Tyr Thr Pro Thr Val Lys Asn Thr Thr Ala Glu Asp Lys Asp Ser Asn

785 790 795 800

Gly Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp Ala Asp Asn Met Thr Leu

805 810 815

Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val

820 825 830

Trp Tyr Asp Ser Asn Lys Asp Gly Lys Gln Asp Ser Thr Glu Lys Gly

835 840 845

Ile Lys Asp Val Lys Val Thr Leu Leu Asn Glu Lys Gly Glu Val Ile

850 855 860

Gly Thr Thr Lys Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Arg Phe Asp Asn Leu

865 870 875 880

Asp Ser Gly Lys Tyr Lys Val Ile Phe Glu Lys Pro Ala Gly Leu Thr

885 890 895

Gln Thr Val Thr Asn Thr Thr Glu Asp Asp Lys Asp Ala Asp Gly Gly

900 905 910

Glu Val Asp Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ile Leu Asp Asn

915 920 925

Gly Tyr Phe Glu Glu Asp Thr Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

930 935 940

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

945 950 955 960

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

965 970 975

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

980 985 990

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

995 1000 1005

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

1010 1015 1020

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

1025 1030 1035 1040

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1045 1050 1055

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1060 1065 1070

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Gly Lys His Thr Pro Val
1075 1080 1085

Lys Pro Met Ser Thr Thr Lys Asp His His Asn Lys Ala Lys Ala Leu
1090 1095 1100

Pro Glu Thr Gly Ser Glu Asn Asn Gly Ser Asn Asn Ala Thr Leu Phe
1105 1110 1115 1120

Gly Gly Leu Phe Ala Ala Leu Gly Ser Leu Leu Leu Phe Gly Arg Arg
1125 1130 1135

Lys Lys Gln Asn Lys
1140

<210> 39

<211> 544

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 39

Ala Glu Asn Thr Ser Thr Glu Asn Ala Lys Gln Asp Asp Ala Thr Thr
1 5 10 15
Ser Asp Asn Lys Glu Val Val Ser Glu Thr Glu Asn Asn Ser Thr Thr
20 25 30

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

Gln Pro Glu Ala Lys Glu Glu Ser Thr Thr Ser Ser Thr Gln Gln Gln
50 55 60

Gln Asn Asn Val Thr Ala Thr Thr Glu Thr Lys Pro Gln Asn Ile Glu
65 70 75 80

Lys Glu Asn Val Lys Pro Ser Thr Asp Lys Thr Ala Thr Glu Asp Thr
85 90 95

Ser Val Ile Leu Glu Glu Lys Lys Ala Pro Asn Tyr Thr Asn Asn Asp
 100 105 110
 Val Thr Thr Lys Pro Ser Thr Ser Glu Ile Gln Thr Lys Pro Thr Thr
 115 120 125
 Pro Gln Glu Ser Thr Asn Ile Glu Asn Ser Gln Pro Gln Pro Thr Pro
 130 135 140
 Ser Lys Val Asp Asn Gln Val Thr Asp Ala Thr Asn Pro Lys Glu Pro
 145 150 155 160

 Val Asn Val Ser Lys Glu Glu Leu Lys Asn Asn Pro Glu Lys Leu Lys
 165 170 175
 Glu Leu Val Arg Asn Asp Asn Asn Thr Asp Arg Ser Thr Lys Pro Val
 180 185 190
 Ala Thr Ala Pro Thr Ser Val Ala Pro Lys Arg Leu Asn Ala Lys Met
 195 200 205
 Arg Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val Asn
 210 215 220

 Asp Leu Ile Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val Gly Asp Gly Lys
 225 230 235 240
 Asp Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile Glu Tyr Asp Thr
 245 250 255
 Glu Phe Thr Ile Asp Asn Lys Val Lys Lys Gly Asp Thr Met Thr Ile
 260 265 270
 Asn Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr Asp Lys Asn Asp
 275 280 285

 Pro Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile Ala Lys Gly Thr
 290 295 300
 Phe Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val
 305 310 315 320
 Asp Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu Tyr Ser Tyr Ile
 325 330 335
 Asp Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn Leu Thr Phe Ala
 340 345 350

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

Pro Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile Phe Thr Lys Leu
370 375 380

Asp Glu Asn Lys Gln Thr Ile Glu Gln Gln Ile Tyr Val Asn Pro Leu
385 390 395 400

Lys Lys Thr Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Ile Ala Gly Ser Gln Val
405 410 415

Asp Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser Thr Ile Ile Asp
420 425 430

Gln Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro Asn Gln Gln Leu
435 440 445

Pro Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr Glu Asp Val Thr
450 455 460

Ser Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn Val Ala Thr Leu
465 470 475 480

Asp Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys Val Val Ser Lys
485 490 495

Tyr Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala Gln Gly Thr Ser
500 505 510

Met Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ala Gly Tyr Ser
515 520 525

Asn Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly Asp Gly Thr Val
530 535 540

<210> 40

<211> 335

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 40

Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val Asn Asp
1 5 10 15

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

260 265 270
 Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys Val Val Ser Lys Tyr
 275 280 285
 Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala Gln Gly Thr Ser Met
 290 295 300
 Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ala Gly Tyr Ser Asn

 305 310 315 320
 Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly Asp Gly Thr Val
 325 330 335
 <210> 41
 <211> 1141
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 41
 Met Ile Asn Arg Asp Asn Lys Lys Ala Ile Thr Lys Lys Gly Met Ile
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Leu Asn Lys Phe Ser Ile Arg Lys Tyr Thr Val Gly Thr
 20 25 30

 Ala Ser Ile Leu Val Gly Thr Thr Leu Ile Phe Gly Leu Gly Asn Gln
 35 40 45
 Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asn Thr Ser Thr Glu Asn Ala Lys Gln Asp
 50 55 60
 Asp Ala Thr Thr Ser Asp Asn Lys Glu Val Val Ser Glu Thr Glu Asn
 65 70 75 80
 Asn Ser Thr Thr Glu Asn Asp Ser Thr Asn Pro Ile Lys Lys Glu Thr
 85 90 95

 Asn Thr Asp Ser Gln Pro Glu Ala Lys Glu Glu Ser Thr Thr Ser Ser
 100 105 110
 Thr Gln Gln Gln Gln Asn Asn Val Thr Ala Thr Thr Glu Thr Lys Pro
 115 120 125
 Gln Asn Ile Glu Lys Glu Asn Val Lys Pro Ser Thr Asp Lys Thr Ala
 130 135 140

Thr Glu Asp Thr Ser Val Ile Leu Glu Glu Lys Lys Ala Pro Asn Tyr
145 150 155 160

Thr Asn Asn Asp Val Thr Thr Lys Pro Ser Thr Ser Glu Ile Gln Thr
165 170 175

Lys Pro Thr Thr Pro Gln Glu Ser Thr Asn Ile Glu Asn Ser Gln Pro
180 185 190

Gln Pro Thr Pro Ser Lys Val Asp Asn Gln Val Thr Asp Ala Thr Asn
195 200 205

Pro Lys Glu Pro Val Asn Val Ser Lys Glu Glu Leu Lys Asn Asn Pro
210 215 220

Glu Lys Leu Lys Glu Leu Val Arg Asn Asp Asn Asn Thr Asp Arg Ser
225 230 235 240

Thr Lys Pro Val Ala Thr Ala Pro Thr Ser Val Ala Pro Lys Arg Leu
245 250 255

Asn Ala Lys Met Arg Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser
260 265 270

Asn Asn Val Asn Asp Leu Ile Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val
275 280 285

Gly Asp Gly Lys Asp Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile
290 295 300

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

Thr Met Thr Ile Asn Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr
325 330 335

Asp Lys Asn Asp Pro Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile
340 345 350

Ala Lys Gly Thr Phe Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe
355 360 365

Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu
370 375 380

Tyr Ser Tyr Ile Asp Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn

385 390 395 400
 Leu Thr Phe Ala Thr Ala Gly Lys Glu Thr Ser Gln Asn Val Ser Val
 405 410 415

 Asp Tyr Gln Asp Pro Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile
 420 425 430
 Phe Thr Lys Leu Asp Glu Asn Lys Gln Thr Ile Glu Gln Gln Ile Tyr
 435 440 445
 Val Asn Pro Leu Lys Lys Thr Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Ile Ala
 450 455 460
 Gly Ser Gln Val Asp Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser
 465 470 475 480

 Thr Ile Ile Asp Gln Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro
 485 490 495
 Asn Gln Gln Leu Pro Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr
 500 505 510
 Glu Asp Val Thr Ser Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn
 515 520 525
 Val Ala Thr Leu Asp Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys
 530 535 540

 Val Val Ser Lys Tyr Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala
 545 550 555 560
 Gln Gly Thr Ser Met Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr
 565 570 575
 Ala Gly Tyr Ser Asn Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly
 580 585 590
 Asp Gly Thr Val Lys Pro Glu Glu Lys Leu Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr
 595 600 605

 Val Trp Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Val Gln Gly Thr Asp Ser Lys
 610 615 620
 Glu Lys Pro Met Ala Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly
 625 630 635 640

Thr Thr Lys Ser Val Arg Thr Asp Ala Asn Gly His Tyr Glu Phe Gly
645 650 655

Gly Leu Lys Asp Gly Glu Thr Tyr Thr Val Lys Phe Glu Thr Pro Ala
660 665 670

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

Ser Asn Gly Ser Ser Ile Thr Val Lys Ile Asn Gly Lys Asp Asp Met
690 695 700

Ser Leu Asp Thr Gly Phe Tyr Lys Glu Pro Lys Tyr Asn Leu Gly Asp
705 710 715 720

Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Ala Asn Glu
725 730 735

Pro Gly Ile Lys Asp Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Ser Thr Gly Lys
740 745 750

Val Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp Ala Ser Gly Lys Tyr Lys Phe Thr
755 760 765

Asp Leu Asp Asn Gly Asn Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ala Gly
770 775 780

Tyr Thr Pro Thr Val Lys Asn Thr Thr Ala Glu Asp Lys Asp Ser Asn
785 790 795 800

Gly Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp Ala Asp Asn Met Thr Leu
805 810 815

Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val
820 825 830

Trp Tyr Asp Ser Asn Lys Asp Gly Lys Gln Asp Ser Thr Glu Lys Gly
835 840 845

Ile Lys Asp Val Lys Val Thr Leu Leu Asn Glu Lys Gly Glu Val Ile
850 855 860

Gly Thr Thr Lys Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Arg Phe Asp Asn Leu
865 870 875 880

Asp Ser Gly Lys Tyr Lys Val Ile Phe Glu Lys Pro Ala Gly Leu Thr

			885				890				895				
Gln	Thr	Val	Thr	Asn	Thr	Thr	Glu	Asp	Asp	Lys	Asp	Ala	Asp	Gly	Gly
			900				905				910				
Glu	Val	Asp	Val	Thr	Ile	Thr	Asp	His	Asp	Asp	Phe	Ile	Leu	Asp	Asn
			915				920				925				
Gly	Tyr	Phe	Glu	Glu	Asp	Thr	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
			930				935				940				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
945			950				955				960				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
			965				970				975				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
			980				985				990				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
			995				1000				1005				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
1010			1015				1020								
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
1025			1030				1035				1040				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
			1045				1050				1055				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser
			1060				1065				1070				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Gly	Lys	His	Thr	Pro	Val
			1075				1080				1085				
Lys	Pro	Met	Ser	Thr	Thr	Lys	Asp	His	His	Asn	Lys	Ala	Lys	Ala	Leu
1090			1095				1100								
Pro	Glu	Thr	Gly	Ser	Glu	Asn	Asn	Gly	Ser	Asn	Asn	Ala	Thr	Leu	Phe
1105			1110				1115				1120				
Gly	Gly	Leu	Phe	Ala	Ala	Leu	Gly	Ser	Leu	Leu	Leu	Phe	Gly	Arg	Arg
			1125				1130				1135				

Lys Lys Gln Asn Lys

1140

<210> 42

<211> 476

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 42

Ala Glu Asn Thr Ser Thr Glu Asn Ala Lys Gln Asp Asp Ala Thr Thr

1 5 10 15

Ser Asp Asn Lys Glu Val Val Ser Glu Thr Glu Asn Asn Ser Thr Thr

20 25 30

Glu Asn Asp Ser Thr Asn Pro Ile Lys Lys Glu Thr Asn Thr Asp Ser

35 40 45

Gln Pro Glu Ala Lys Glu Glu Ser Thr Thr Ser Ser Thr Gln Gln Gln

50 55 60

Gln Asn Asn Val Thr Ala Thr Thr Glu Thr Lys Pro Gln Asn Ile Glu

65 70 75 80

Lys Glu Asn Val Lys Pro Ser Thr Asp Lys Thr Ala Thr Glu Asp Thr

85 90 95

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

100 105 110

Val Thr Thr Lys Pro Ser Thr Ser Glu Ile Gln Thr Lys Pro Thr Thr

115 120 125

Pro Gln Glu Ser Thr Asn Ile Glu Asn Ser Gln Pro Gln Pro Thr Pro

130 135 140

Ser Lys Val Asp Asn Gln Val Thr Asp Ala Thr Asn Pro Lys Glu Pro

145 150 155 160

Val Asn Val Ser Lys Glu Glu Leu Lys Asn Asn Pro Glu Lys Leu Lys

165 170 175

Glu Leu Val Arg Asn Asp Asn Asn Thr Asp Arg Ser Thr Lys Pro Val

180 185 190

Ala Thr Ala Pro Thr Ser Val Ala Pro Lys Arg Leu Asn Ala Lys Met

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

Pro Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr Glu Asp Val Thr
450 455 460
Ser Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn
465 470 475
<210> 43
<211
> 267
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 43
Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val Asn Asp
1 5 10 15
Leu Ile Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val Gly Asp Gly Lys Asp
20 25 30
Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile Glu Tyr Asp Thr Glu
35 40 45
Phe Thr Ile Asp Asn Lys Val Lys Lys Gly Asp Thr Met Thr Ile Asn
50 55 60
Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr Asp Lys Asn Asp Pro
65 70 75 80
Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile Ala Lys Gly Thr Phe
85 90 95
Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
100 105 110
Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu Tyr Ser Tyr Ile Asp
115 120 125
Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn Leu Thr Phe Ala Thr
130 135 140
Ala Gly Lys Glu Thr Ser Gln Asn Val Ser Val Asp Tyr Gln Asp Pro
145 150 155 160
Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile Phe Thr Lys Leu Asp
165 170 175
Glu Asn Lys Gln Thr Ile Glu Gln Gln Ile Tyr Val Asn Pro Leu Lys

180 185 190
 Lys Thr Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Ile Ala Gly Ser Gln Val Asp
 195 200 205
 Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser Thr Ile Ile Asp Gln
 210 215 220
 Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro Asn Gln Gln Leu Pro
 225 230 235 240
 Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr Glu Asp Val Thr Ser

245 250 255
 Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn

260 265

<210> 44

<211> 1056

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 44

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

35 40 45
 Ala Lys Ala Glu Glu Asn Ser Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Thr
 50 55 60
 Asp Asp Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asp Glu Glu Lys
 65 70 75 80
 Asn Asp Val Ile Asn Asn Asn Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asn Asn
 85 90 95
 Gln Ile Ile Lys Lys Glu Glu Thr Asn Asn Tyr Asp Gly Ile Glu Lys

100 105 110
 Arg Ser Glu Asp Arg Thr Glu Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu

115 120 125
 Ala Thr Phe Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr His Leu Thr Glu
 130 135 140
 Glu Glu Val Lys Glu Ser Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Ile
 145 150 155 160
 Asp Thr Ala Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Arg Glu Glu Ser

 165 170 175
 Val Gln Thr Ser Asp Asn Val Glu Asp Ser His Val Ser Asp Phe Ala
 180 185 190
 Asn Ser Lys Ile Lys Glu Ser Asn Thr Glu Ser Gly Lys Glu Glu Asn
 195 200 205
 Thr Ile Glu Gln Pro Asn Lys Val Lys Glu Asp Ser Thr Thr Ser Gln
 210 215 220
 Pro Ser Gly Tyr Thr Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu

 225 230 235 240
 Leu Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Ala Arg Pro Leu
 245 250 255
 Ser Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ile Lys Arg Val Thr Val Asn Gln
 260 265 270
 Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr
 275 280 285
 Asp Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Glu Gly Val Ile Lys

 290 295 300
 Ala His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp
 305 310 315 320
 Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asp Ile Asp Lys Asn
 325 330 335
 Thr Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Thr Ile Pro Lys Ile Lys
 340 345 350
 Asp Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Lys Asn

 355 360 365

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

610 615 620
 Lys Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr
 625 630 635 640
 Ser Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Asp Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly
 645 650 655
 Leu Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly
 660 665 670
 Tyr Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser

 675 680 685
 Glu Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr
 690 695 700
 Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr
 705 710 715 720
 Val Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys
 725 730 735
 Gly Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile

 740 745 750
 Ile Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn
 755 760 765
 Leu Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met
 770 775 780
 Thr Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp
 785 790 795 800
 Gly Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile

 805 810 815
 Asp Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 820 825 830
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 835 840 845
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 850 855 860
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

865 870 875 880

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

885 890 895

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

900 905 910

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

915 920 925

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

930 935 940

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

945 950 955 960

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

965 970 975

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp

980 985 990

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Leu Gly Asn Ser

995 1000 1005

Ser Asp Lys Ser Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu

1010 1015 1020

Asp Tyr Gly Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu

1025 1030 1035 1040

Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn

1045 1050 1055

<210> 45

<211> 475

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 45

Glu Glu Asn Ser Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Thr Asp Asp Glu

1 5 10 15

Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asp Glu Glu Lys Asn Asp Val

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

Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asp Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
 275 280 285
 Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Thr Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
 290 295 300
 Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Lys Asn Lys Gln Ile
 305 310 315 320

 Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
 325 330 335
 His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
 340 345 350
 Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
 355 360 365
 Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Arg Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
 370 375 380

 Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
 385 390 395 400
 Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
 405 410 415
 Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp
 420 425 430
 Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu
 435 440 445

 Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr
 450 455 460
 Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn
 465 470 475
 <210> 46
 <211> 259
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 46
 Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His

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

Asn Asn Asn

<210> 47

<211> 474

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 47

Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val

1 5 10 15

Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln

20 25 30

His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr

35 40 45

Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala

50 55 60

Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala

65 70 75 80

Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu

85 90 95

Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg

100 105 110

Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp

115 120 125

Ala Ala Lys Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp Ala Pro Val Ala Gly

130 135 140

Thr Asp Ile Thr Asn Gln Leu Thr Asn Val Thr Val Gly Ile Asp Ser

145 150 155 160

Gly Thr Thr Val Tyr Pro His Gln Ala Gly Tyr Val Lys Leu Asn Tyr

165 170 175

Gly Phe Ser Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly Asp Thr Phe Lys Ile

180 185 190

Thr Val Pro Lys Glu Leu Asn Leu Asn Gly Val Thr Ser Thr Ala Lys

195 200 205
Val Pro Pro Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu Ala Asn Gly Val Ile

210 215 220
Asp Ser Asp Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asn Thr
225 230 235 240
Lys Asp Asp Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro Ala Tyr Ile Asp Pro
245 250 255
Glu Asn Val Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu Ala Thr Gly Ile Gly
260 265 270
Ser Thr Thr Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp Tyr Glu Lys Tyr Gly

275 280 285
Lys Phe Tyr Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile Asp Gln Ile Asp Lys
290 295 300
Thr Asn Asn Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Gly Asp
305 310 315 320
Asn Val Ile Ala Pro Val Leu Thr Gly Asn Leu Lys Pro Asn Thr Asp
325 330 335
Ser Asn Ala Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser Ile Lys Val Tyr Lys

340 345 350
Val Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr Phe Val Asn Pro Glu
355 360 365
Asn Phe Glu Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile Thr Phe Pro Asn Pro
370 375 380
Asn Gln Tyr Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp Asp Gln Ile Thr Thr
385 390 395 400
Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn Ser Lys Gly

405 410 415
Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser Asn Ile Ile
420 425 430
Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn Asn Gly Ser
435 440 445

Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu Gln Pro Asp
450 455 460

Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu
465 470

<210> 48
<211> 477
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 48

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

Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln
20 25 30

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

Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala
50 55 60

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

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

Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg
100 105 110

Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp
115 120 125

Ala Ala Lys Ser Leu Ala Val Ala Glu Pro Val Val Asn Ala Ala Asp
130 135 140

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

Leu Glu Lys Thr Thr Phe Asp Pro Asn Gln Ser Gly Asn Thr Phe Met
165 170 175

Ala Ala Asn Phe Thr Val Thr Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe

180 185 190
 Thr Ala Lys Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp Tyr
 195 200 205
 Ser Asn Ser Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr Asn
 210 215 220
 Gly Asp Val Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr Tyr
 225 230 235 240
 Thr Phe Val Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn Gly

 245 250 255
 Gln Phe Ser Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ser
 260 265 270
 Gly Thr Tyr Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn Asn
 275 280 285
 Lys Ile Thr Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys Pro
 290 295 300
 Asn Gly Ala Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala Ser

 305 310 315 320
 Gly Gln Asn Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln Arg
 325 330 335
 Val Leu Gly Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys Ile
 340 345 350
 Glu Glu Ser Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg Ile
 355 360 365
 Phe Glu Val Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala Asp

 370 375 380
 Pro Asn Asp Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg
 385 390 395 400
 Ile Tyr Tyr Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile
 405 410 415
 Thr Lys Thr Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly
 420 425 430

Lys Asn Leu Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr

435 440 445

Asn Arg Asp Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg

450 455 460

Tyr Gly Gly Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn

465 470 475

<210> 49

<211> 384

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 49

Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val

1 5 10 15

Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln

20 25 30

His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr

35 40 45

Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala

50 55 60

Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala

65 70 75 80

Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu

85 90 95

Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg

100 105 110

Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp

115 120 125

Ala Ala Lys Val Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys

130 135 140

Val His Phe Ser Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn

145 150 155 160

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

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

Thr Phe Thr Phe Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg
195 200 205

Leu Pro Ser Gln Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile
210 215 220

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

Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln
245 250 255

Val Ala Phe Ala Lys Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr
260 265 270

Lys Met Glu Val Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile
275 280 285

Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn
290 295 300

Tyr Ile Asn Asn Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn
305 310 315 320

Gln Pro Lys Asn Thr Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr
325 330 335

Gly Tyr Lys Phe Asn Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val
340 345 350

Thr Asp Gln Asn Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys
355 360 365

Leu Lys Asp Val Thr Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn
370 375 380

<210> 50

<211> 466

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 50

Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val

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

65 70 75 80
Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu
85 90 95
Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg
100 105 110
Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp
115 120 125
Ala Ala Lys Ile Ala Ala Val Gln Pro Ser Ser Thr Glu Ala Lys Asn

130 135 140
Val Asn Asp Leu Ile Thr Ser Asn Thr Thr Leu Thr Val Val Asp Ala
145 150 155 160
Asp Lys Asn Asn Lys Ile Val Pro Ala Gln Asp Tyr Leu Ser Leu Lys
165 170 175
Ser Gln Ile Thr Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr
180 185 190
Ile Lys Tyr Ser Asp Thr Val Gln Val Tyr Gly Leu Asn Pro Glu Asp

195 200 205
Ile Lys Asn Ile Gly Asp Ile Lys Asp Pro Asn Asn Gly Glu Thr Ile
210 215 220
Ala Thr Ala Lys His Asp Thr Ala Asn Asn Leu Ile Thr Tyr Thr Phe
225 230 235 240

Thr Asp Tyr Val Asp Arg Phe Asn Ser Val Gln Met Gly Ile Asn Tyr

245 250 255

Ser Ile Tyr Met Asp Ala Asp Thr Ile Pro Val Ser Lys Asn Asp Val

260 265 270

Glu Phe Asn Val Thr Ile Gly Asn Thr Thr Thr Lys Thr Thr Ala Asn

275 280 285

Ile Gln Tyr Pro Asp Tyr Val Val Asn Glu Lys Asn Ser Ile Gly Ser

290 295 300

Ala Phe Thr Glu Thr Val Ser His Val Gly Asn Lys Glu Asn Pro Gly

305 310 315 320

Tyr Tyr Lys Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Glu Asn Ser Leu Thr

325 330 335

Asn Ala Lys Leu Lys Val Gln Ala Tyr His Ser Ser Tyr Pro Asn Asn

340 345 350

Ile Gly Gln Ile Asn Lys Asp Val Thr Asp Ile Lys Ile Tyr Gln Val

355 360 365

Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Asn Lys Gly Tyr Asp Val Asn Thr Lys Glu

370 375 380

Leu Thr Asp Val Thr Asn Gln Tyr Leu Gln Lys Ile Thr Tyr Gly Asp

385 390 395 400

Asn Asn Ser Ala Val Ile Asp Phe Gly Asn Ala Asp Ser Ala Tyr Val

405 410 415

Val Met Val Asn Thr Lys Phe Gln Tyr Thr Asn Ser Glu Ser Pro Thr

420 425 430

Leu Val Gln Met Ala Thr Leu Ser Ser Thr Gly Asn Lys Ser Val Ser

435 440 445

Thr Gly Asn Ala Leu Gly Phe Thr Asn Asn Gln Ser Gly Gly Ala Gly

450 455 460

Gln Glu

465

<210> 51

<211> 466

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 51

Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val

1 5 10 15

Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln

20 25 30

His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr

35 40 45

Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala

50 55 60

Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala

65 70 75 80

Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu

85 90 95

Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg

100 105 110

Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp

115 120 125

Ala Ala Lys Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn

130 135 140

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

145 150 155 160

Gly Lys Asp Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile Glu Tyr

165 170 175

Asp Thr Glu Phe Thr Ile Asp Asn Lys Val Lys Lys Gly Asp Thr Met

180 185 190

Thr Ile Asn Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr Asp Lys

195 200 205

Asn Asp Pro Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile Ala Lys

210 215 220

Gly Thr Phe Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp
225 230 235 240

Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu Tyr Ser
245 250 255

Tyr Ile Asp Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn Leu Thr
260 265 270

Phe Ala Thr Ala Gly Lys Glu Thr Ser Gln Asn Val Ser Val Asp Tyr
275 280 285

Gln Asp Pro Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile Phe Thr
290 295 300

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

Pro Leu Lys Lys Thr Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Ile Ala Gly Ser
325 330 335

Gln Val Asp Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser Thr Ile
340 345 350

Ile Asp Gln Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro Asn Gln
355 360 365

Gln Leu Pro Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr Glu Asp
370 375 380

Val Thr Ser Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn Val Ala
385 390 395 400

Thr Leu Asp Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys Val Val
405 410 415

Ser Lys Tyr Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala Gln Gly
420 425 430

Thr Ser Met Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ala Gly
435 440 445

Tyr Ser Asn Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly Asp Gly
450 455 460

Thr Val

465

<210> 52

<211> 390

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 52

Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val

1 5 10 15

Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln

20 25 30

His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr

35 40 45

Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala

50 55 60

Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala

65 70 75 80

Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu

85 90 95

Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg

100 105 110

Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp

115 120 125

Ala Ala Lys Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn

130 135 140

Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr

145 150 155 160

Asp Asp Ser Glu Gly Val Ile Lys Ala His Asp Ala Glu Asn Leu Ile

165 170 175

Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr

180 185 190

Met Thr Val Asp Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp

195 200 205

Ser Phe Thr Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala

210 215 220

Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Lys Asn Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr

225 230 235 240

Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala His Leu Lys Leu Thr

245 250 255

Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp

260 265 270

Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn Lys Thr Ile Thr Val

275 280 285

Glu Tyr Gln Arg Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met

290 295 300

Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr

305 310 315 320

Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser

325 330 335

Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile

340 345 350

Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg

355 360 365

Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala

370 375 380

Gln Leu Gly Asn Asn Asn

385 390

<210> 53

<211> 474

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 53

Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp Ala Pro Val Ala Gly Thr Asp Ile

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

 65 70 75 80
 Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp
 85 90 95
 Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asn Thr Lys Asp Asp
 100 105 110
 Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val
 115 120 125
 Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu Ala Thr Gly Ile Gly Ser Thr Thr

 130 135 140
 Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr
 145 150 155 160
 Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn
 165 170 175
 Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile
 180 185 190
 Ala Pro Val Leu Thr Gly Asn Leu Lys Pro Asn Thr Asp Ser Asn Ala

 195 200 205
 Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn
 210 215 220
 Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu
 225 230 235 240
 Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr
 245 250 255
 Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile

260 265 270
 Val Val Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala
 275 280 285
 Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser
 290 295 300
 Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly
 305 310 315 320
 Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly

 325 330 335
 Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser
 340 345 350
 Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser
 355 360 365
 His Met Asp Asp Tyr Met Gln His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn
 370 375 380
 Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys

 385 390 395 400
 Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val
 405 410 415
 Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val
 420 425 430
 Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro
 435 440 445
 Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys

 450 455 460
 Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp Ala Ala Lys
 465 470
 <210> 54
 <211> 477
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 54

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

245 250 255
 Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg Ile Tyr Tyr
 260 265 270
 Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile Thr Lys Thr
 275 280 285
 Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly Lys Asn Leu

 290 295 300
 Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr Asn Arg Asp
 305 310 315 320
 Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg Tyr Gly Gly
 325 330 335
 Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn Ser Thr Gln Val Ser Gln
 340 345 350
 Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser

 355 360 365
 Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln His Pro Gly Lys Val Ile
 370 375 380
 Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr Val Leu Asn Asn Ala Ser
 385 390 395 400
 Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala Asn Asn Gln Glu Leu Ala
 405 410 415
 Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala Asp Thr Arg Thr Ile Asn

 420 425 430
 Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu Thr Thr Lys Val His Ile
 435 440 445
 Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg Tyr Thr Thr His Leu Glu
 450 455 460
 Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp Ala Ala Lys
 465 470 475
 <210> 55
 <211> 384
 <212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 55

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

Phe Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser
 65 70 75 80
 Gln Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly
 85 90 95
 Ile Tyr Asp Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
 100 105 110
 Val Asp Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe
 115 120 125

Ala Lys Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu
 130 135 140
 Val Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val Asp Tyr
 145 150 155 160
 Gly Asn Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn
 165 170 175
 Asn Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln Pro Lys
 180 185 190

Asn Thr Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys
 195 200 205
 Phe Asn Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln
 210 215 220
 Asn Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp

225 230 235 240
Val Thr Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn Ser Thr Gln
 245 250 255

Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val Gln Lys Asp
 260 265 270
Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln His Pro Gly
 275 280 285
Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr Val Leu Asn
 290 295 300
Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala Asn Asn Gln
305 310 315 320

Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala Asp Thr Arg
 325 330 335
Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu Thr Thr Lys
 340 345 350
Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg Tyr Thr Thr
 355 360 365
His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp Ala Ala Lys
 370 375 380

<210> 56

<211> 466

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 56

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

50 55 60
 Ser Asp Thr Val Gln Val Tyr Gly Leu Asn Pro Glu Asp Ile Lys Asn
 65 70 75 80
 Ile Gly Asp Ile Lys Asp Pro Asn Asn Gly Glu Thr Ile Ala Thr Ala
 85 90 95
 Lys His Asp Thr Ala Asn Asn Leu Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
 100 105 110
 Val Asp Arg Phe Asn Ser Val Gln Met Gly Ile Asn Tyr Ser Ile Tyr

 115 120 125
 Met Asp Ala Asp Thr Ile Pro Val Ser Lys Asn Asp Val Glu Phe Asn
 130 135 140
 Val Thr Ile Gly Asn Thr Thr Thr Lys Thr Thr Ala Asn Ile Gln Tyr
 145 150 155 160
 Pro Asp Tyr Val Val Asn Glu Lys Asn Ser Ile Gly Ser Ala Phe Thr
 165 170 175
 Glu Thr Val Ser His Val Gly Asn Lys Glu Asn Pro Gly Tyr Tyr Lys

 180 185 190
 Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Glu Asn Ser Leu Thr Asn Ala Lys
 195 200 205
 Leu Lys Val Gln Ala Tyr His Ser Ser Tyr Pro Asn Asn Ile Gly Gln
 210 215 220
 Ile Asn Lys Asp Val Thr Asp Ile Lys Ile Tyr Gln Val Pro Lys Gly
 225 230 235 240
 Tyr Thr Leu Asn Lys Gly Tyr Asp Val Asn Thr Lys Glu Leu Thr Asp

 245 250 255
 Val Thr Asn Gln Tyr Leu Gln Lys Ile Thr Tyr Gly Asp Asn Asn Ser
 260 265 270
 Ala Val Ile Asp Phe Gly Asn Ala Asp Ser Ala Tyr Val Val Met Val
 275 280 285
 Asn Thr Lys Phe Gln Tyr Thr Asn Ser Glu Ser Pro Thr Leu Val Gln
 290 295 300
 Met Ala Thr Leu Ser Ser Thr Gly Asn Lys Ser Val Ser Thr Gly Asn

305 310 315 320
 Ala Leu Gly Phe Thr Asn Asn Gln Ser Gly Gly Ala Gly Gln Glu Ser
 325 330 335
 Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val Gln
 340 345 350
 Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln His
 355 360 365
 Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr Val

 370 375 380
 Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala Asn
 385 390 395 400
 Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala Asp
 405 410 415
 Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu Thr
 420 425 430
 Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg Tyr

 435 440 445
 Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp Ala
 450 455 460
 Ala Lys
 465
 <210> 57
 <211> 466
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 57
 Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val Asn Asp
 1 5 10 15
 Leu Ile Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val Gly Asp Gly Lys Asp
 20 25 30

 Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile Glu Tyr Asp Thr Glu

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

Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala Gln Gly Thr Ser Met
 290 295 300
 Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ala Gly Tyr Ser Asn
 305 310 315 320
 Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly Asp Gly Thr Val Ser
 325 330 335
 Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val Gln
 340 345 350

Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln His
 355 360 365
 Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr Val
 370 375 380
 Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala Asn
 385 390 395 400
 Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala Asp
 405 410 415

Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu Thr
 420 425 430
 Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg Tyr
 435 440 445
 Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp Ala
 450 455 460

Ala Lys

465

<210> 58

<211> 390

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 58

Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His

1 5 10 15

Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser

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

 65 70 75 80
 Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr
 85 90 95
 Tyr Asp Asn Lys Asn Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val
 100 105 110
 Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile
 115 120 125
 Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr

 130 135 140
 Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln
 145 150 155 160
 Arg Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn
 165 170 175
 Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro
 180 185 190
 Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly

 195 200 205
 Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr
 210 215 220
 Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp
 225 230 235 240
 Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly
 245 250 255
 Asn Asn Asn Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn

 260 265 270

Phe Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp
 275 280 285
 Tyr Met Gln His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr
 290 295 300
 Phe Gln Thr Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe
 305 310 315 320
 Tyr Asn Ala Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn
 325 330 335
 Lys Lys Ala Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr
 340 345 350
 Lys Ser Leu Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr
 355 360 365
 Asn His Arg Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr
 370 375 380
 Leu Ala Asp Ala Ala Lys
 385 390

<210> 59

<211> 473

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 59

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

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

Asn Ala Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser Ile Lys Val Tyr Lys Val
 340 345 350
 Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr Phe Val Asn Pro Glu Asn
 355 360 365
 Phe Glu Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile Thr Phe Pro Asn Pro Asn
 370 375 380
 Gln Tyr Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp Asp Gln Ile Thr Thr Pro
 385 390 395 400
 Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn Ser Lys Gly Asp
 405 410 415
 Leu Ala Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser Asn Ile Ile Trp
 420 425 430
 Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn Asn Gly Ser Gly
 435 440 445
 Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu Gln Pro Asp Glu
 450 455 460
 Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu
 465 470
 <210> 60
 <211> 476
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 60
 Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met
 1 5 10 15
 Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val
 20 25 30
 Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu
 35 40 45
 Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly
 50 55 60
 Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp

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

 85 90 95
 Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr
 100 105 110
 Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe
 115 120 125
 Lys Thr Ser Leu Ala Val Ala Glu Pro Val Val Asn Ala Ala Asp Ala
 130 135 140
 Lys Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val Thr Ala Ser Asn Phe Lys Leu

 145 150 155 160
 Glu Lys Thr Thr Phe Asp Pro Asn Gln Ser Gly Asn Thr Phe Met Ala
 165 170 175
 Ala Asn Phe Thr Val Thr Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr
 180 185 190
 Ala Lys Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp Tyr Ser
 195 200 205
 Asn Ser Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr Asn Gly

 210 215 220
 Asp Val Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr Tyr Thr
 225 230 235 240
 Phe Val Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn Gly Gln
 245 250 255
 Phe Ser Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ser Gly
 260 265 270
 Thr Tyr Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn Asn Lys

 275 280 285
 Ile Thr Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys Pro Asn
 290 295 300
 Gly Ala Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala Ser Gly
 305 310 315 320

Gln Asn Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln Arg Val

325 330 335

Leu Gly Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys Ile Glu

340 345 350

Glu Ser Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg Ile Phe

355 360 365

Glu Val Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala Asp Pro

370 375 380

Asn Asp Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg Ile

385 390 395 400

Tyr Tyr Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile Thr

405 410 415

Lys Thr Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly Lys

420 425 430

Asn Leu Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr Asn

435 440 445

Arg Asp Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg Tyr

450 455 460

Gly Gly Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn

465 470 475

<210> 61

<211> 383

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 61

Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met

1 5 10 15

Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val

20 25 30

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

35 40 45

Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly
 50 55 60
 Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp
 65 70 75 80
 Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys
 85 90 95
 Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr
 100 105 110

 Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe
 115 120 125
 Lys Thr Val Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val
 130 135 140
 His Phe Ser Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Gln
 145 150 155 160
 Thr Thr Gly Lys Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys
 165 170 175

 Leu Lys Ala Asn Tyr Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr
 180 185 190
 Phe Thr Phe Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu
 195 200 205
 Pro Ser Gln Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala
 210 215 220
 Lys Gly Ile Tyr Asp Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr
 225 230 235 240

 Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val
 245 250 255
 Ala Phe Ala Lys Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys
 260 265 270
 Met Glu Val Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val
 275 280 285
 Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr
 290 295 300

Ile Asn Asn Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln
 305 310 315 320
 Pro Lys Asn Thr Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly
 325 330 335
 Tyr Lys Phe Asn Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr
 340 345 350
 Asp Gln Asn Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu
 355 360 365

Lys Asp Val Thr Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn
 370 375 380

<210> 62

<211> 465

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 62

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

35 40 45
 Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly
 50 55 60
 Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp
 65 70 75 80
 Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys
 85 90 95
 Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr

100 105 110
 Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe
 115 120 125

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

370 375 380
 Thr Asp Val Thr Asn Gln Tyr Leu Gln Lys Ile Thr Tyr Gly Asp Asn
 385 390 395 400
 Asn Ser Ala Val Ile Asp Phe Gly Asn Ala Asp Ser Ala Tyr Val Val
 405 410 415
 Met Val Asn Thr Lys Phe Gln Tyr Thr Asn Ser Glu Ser Pro Thr Leu

 420 425 430
 Val Gln Met Ala Thr Leu Ser Ser Thr Gly Asn Lys Ser Val Ser Thr
 435 440 445
 Gly Asn Ala Leu Gly Phe Thr Asn Asn Gln Ser Gly Gly Ala Gly Gln
 450 455 460
 Glu
 465
 <210> 63
 <211> 465
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 63
 Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met
 1 5 10 15

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

 Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys
 85 90 95
 Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr
 100 105 110

Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe
 115 120 125
 Lys Thr Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val
 130 135 140

 Asn Asp Leu Ile Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val Gly Asp Gly
 145 150 155 160
 Lys Asp Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile Glu Tyr Asp
 165 170 175
 Thr Glu Phe Thr Ile Asp Asn Lys Val Lys Lys Gly Asp Thr Met Thr
 180 185 190
 Ile Asn Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr Asp Lys Asn
 195 200 205

 Asp Pro Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile Ala Lys Gly
 210 215 220
 Thr Phe Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
 225 230 235 240
 Val Asp Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu Tyr Ser Tyr
 245 250 255
 Ile Asp Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn Leu Thr Phe
 260 265 270

 Ala Thr Ala Gly Lys Glu Thr Ser Gln Asn Val Ser Val Asp Tyr Gln
 275 280 285
 Asp Pro Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile Phe Thr Lys
 290 295 300
 Leu Asp Glu Asn Lys Gln Thr Ile Glu Gln Gln Ile Tyr Val Asn Pro
 305 310 315 320
 Leu Lys Lys Thr Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Ile Ala Gly Ser Gln
 325 330 335

 Val Asp Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser Thr Ile Ile
 340 345 350
 Asp Gln Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro Asn Gln Gln

355 360 365
 Leu Pro Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr Glu Asp Val
 370 375 380
 Thr Ser Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn Val Ala Thr
 385 390 395 400

Leu Asp Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys Val Val Ser
 405 410 415
 Lys Tyr Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala Gln Gly Thr
 420 425 430
 Ser Met Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ala Gly Tyr
 435 440 445
 Ser Asn Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly Asp Gly Thr
 450 455 460

Val

465

<210> 64

<211> 389

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 64

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

50 55 60
 Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp
 65 70 75 80
 Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys
 85 90 95

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

340 345 350
 Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile
 355 360 365
 Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln

 370 375 380
 Leu Gly Asn Asn Asn
 385
 <210> 65
 <211> 473
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 65
 Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp Ala Pro Val Ala Gly Thr Asp Ile
 1 5 10 15
 Thr Asn Gln Leu Thr Asn Val Thr Val Gly Ile Asp Ser Gly Thr Thr
 20 25 30
 Val Tyr Pro His Gln Ala Gly Tyr Val Lys Leu Asn Tyr Gly Phe Ser

 35 40 45
 Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly Asp Thr Phe Lys Ile Thr Val Pro
 50 55 60
 Lys Glu Leu Asn Leu Asn Gly Val Thr Ser Thr Ala Lys Val Pro Pro
 65 70 75 80
 Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp
 85 90 95
 Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asn Thr Lys Asp Asp

 100 105 110
 Val Lys Ala Thr Leu Thr Met Pro Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val
 115 120 125
 Lys Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu Ala Thr Gly Ile Gly Ser Thr Thr
 130 135 140
 Ala Asn Lys Thr Val Leu Val Asp Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr
 145 150 155 160

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

165 170 175

Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile

180 185 190

Ala Pro Val Leu Thr Gly Asn Leu Lys Pro Asn Thr Asp Ser Asn Ala

195 200 205

Leu Ile Asp Gln Gln Asn Thr Ser Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn

210 215 220

Ala Ala Asp Leu Ser Glu Ser Tyr Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu

225 230 235 240

Asp Val Thr Asn Ser Val Asn Ile Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr

245 250 255

Lys Val Glu Phe Asn Thr Pro Asp Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile

260 265 270

Val Val Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala

275 280 285

Leu Arg Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser

290 295 300

Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly

305 310 315 320

Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly

325 330 335

Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser

340 345 350

Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe

355 360 365

Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp

370 375 380

Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg

385 390 395 400

Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val

405 410 415
Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser

420 425 430
Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn

435 440 445
Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile

450 455 460
Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr

465 470

<210> 66

<211> 476

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 66

Ser Leu Ala Val Ala Glu Pro Val Val Asn Ala Ala Asp Ala Lys Gly

1 5 10 15
Thr Asn Val Asn Asp Lys Val Thr Ala Ser Asn Phe Lys Leu Glu Lys

20 25 30
Thr Thr Phe Asp Pro Asn Gln Ser Gly Asn Thr Phe Met Ala Ala Asn

35 40 45
Phe Thr Val Thr Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr Ala Lys

50 55 60
Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp Tyr Ser Asn Ser

65 70 75 80
Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr Asn Gly Asp Val

85 90 95
Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr Tyr Thr Phe Val

100 105 110
Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn Gly Gln Phe Ser

115 120 125
Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ser Gly Thr Tyr

130 135 140
 Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn Asn Lys Ile Thr
 145 150 155 160
 Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys Pro Asn Gly Ala
 165 170 175
 Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala Ser Gly Gln Asn
 180 185 190
 Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln Arg Val Leu Gly

 195 200 205
 Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys Ile Glu Glu Ser
 210 215 220
 Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg Ile Phe Glu Val
 225 230 235 240
 Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala Asp Pro Asn Asp
 245 250 255
 Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg Ile Tyr Tyr

 260 265 270
 Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile Thr Lys Thr
 275 280 285
 Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly Lys Asn Leu
 290 295 300
 Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr Asn Arg Asp
 305 310 315 320
 Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg Tyr Gly Gly

 325 330 335
 Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn Asp Lys Asp His Ser Ala
 340 345 350
 Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr
 355 360 365
 Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val Ile
 370 375 380
 Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln

385 390 395 400
 Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile
 405 410 415
 Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe
 420 425 430
 Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr His
 435 440 445
 Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala

 450 455 460
 Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr
 465 470 475
 <210> 67
 <211> 383
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 67
 Val Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe
 1 5 10 15
 Ser Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Gln Thr Thr
 20 25 30
 Gly Lys Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys

 35 40 45
 Ala Asn Tyr Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr
 50 55 60
 Phe Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser
 65 70 75 80
 Gln Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly
 85 90 95
 Ile Tyr Asp Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

 100 105 110
 Val Asp Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe

115 120 125
 Ala Lys Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu
 130 135 140
 Val Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val Asp Tyr
 145 150 155 160
 Gly Asn Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn

 165 170 175
 Asn Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln Pro Lys
 180 185 190
 Asn Thr Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys
 195 200 205
 Phe Asn Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln
 210 215 220
 Asn Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp

 225 230 235 240
 Val Thr Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn Asp Lys Asp
 245 250 255
 His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met Lys Lys Lys
 260 265 270
 Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala
 275 280 285
 Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln

 290 295 300
 Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys
 305 310 315 320
 Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr
 325 330 335
 Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser
 340 345 350
 Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met

 355 360 365

Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr

370 375 380

<210> 68

<211> 465

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 68

Ile Ala Ala Val Gln Pro Ser Ser Thr Glu Ala Lys Asn Val Asn Asp

1 5 10 15

Leu Ile Thr Ser Asn Thr Thr Leu Thr Val Val Asp Ala Asp Lys Asn

20 25 30

Asn Lys Ile Val Pro Ala Gln Asp Tyr Leu Ser Leu Lys Ser Gln Ile

35 40 45

Thr Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr Ile Lys Tyr

50 55 60

Ser Asp Thr Val Gln Val Tyr Gly Leu Asn Pro Glu Asp Ile Lys Asn

65 70 75 80

Ile Gly Asp Ile Lys Asp Pro Asn Asn Gly Glu Thr Ile Ala Thr Ala

85 90 95

Lys His Asp Thr Ala Asn Asn Leu Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

100 105 110

Val Asp Arg Phe Asn Ser Val Gln Met Gly Ile Asn Tyr Ser Ile Tyr

115 120 125

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

130 135 140

Val Thr Ile Gly Asn Thr Thr Thr Lys Thr Thr Ala Asn Ile Gln Tyr

145 150 155 160

Pro Asp Tyr Val Val Asn Glu Lys Asn Ser Ile Gly Ser Ala Phe Thr

165 170 175

Glu Thr Val Ser His Val Gly Asn Lys Glu Asn Pro Gly Tyr Tyr Lys

180 185 190

Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Glu Asn Ser Leu Thr Asn Ala Lys

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

Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys
 450 455 460
 Thr
 465
 <210> 69
 <211> 465
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 69
 Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val Asn Asp

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

 65 70 75 80
 Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile Ala Lys Gly Thr Phe
 85 90 95
 Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
 100 105 110
 Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu Tyr Ser Tyr Ile Asp
 115 120 125
 Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn Leu Thr Phe Ala Thr

 130 135 140
 Ala Gly Lys Glu Thr Ser Gln Asn Val Ser Val Asp Tyr Gln Asp Pro
 145 150 155 160
 Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile Phe Thr Lys Leu Asp
 165 170 175
 Glu Asn Lys Gln Thr Ile Glu Gln Gln Ile Tyr Val Asn Pro Leu Lys

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

 195 200 205
 Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser Thr Ile Ile Asp Gln
 210 215 220
 Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro Asn Gln Gln Leu Pro
 225 230 235 240
 Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr Glu Asp Val Thr Ser
 245 250 255
 Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn Val Ala Thr Leu Asp

 260 265 270
 Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys Val Val Ser Lys Tyr
 275 280 285
 Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala Gln Gly Thr Ser Met
 290 295 300
 Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr Ala Gly Tyr Ser Asn
 305 310 315 320
 Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly Asp Gly Thr Val Asp

 325 330 335
 Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met Lys
 340 345 350
 Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys
 355 360 365
 Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly
 370 375 380
 Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp

 385 390 395 400
 Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr
 405 410 415
 Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile
 420 425 430

Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr
435 440 445

Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys
450 455 460

Thr
465
<210> 70
<211> 389
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 70

Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His
1 5 10 15

Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser
20 25 30

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

Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val
50 55 60

Asp Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Thr
65 70 75 80

Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr
85 90 95

Tyr Asp Asn Lys Asn Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val
100 105 110

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

Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr
130 135 140

Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln
145 150 155 160

Arg Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn

165	170	175
Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro		
180	185	190
Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly		
195	200	205
Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr		
210	215	220
Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp		
225	230	235
		240
Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly		
245	250	255
Asn Asn Asn Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp		
260	265	270
Phe Glu Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala		
275	280	285
Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu		
290	295	300
Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val		
305	310	315
		320
Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr		
325	330	335
Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys		
340	345	350
Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys		
355	360	365
Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala		
370	375	380
Asp Lys Phe Lys Thr		
385		
<210> 71		
<211> 469		

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 71

Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val

1 5 10 15

Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys

20 25 30

His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met

35 40 45

Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln

50 55 60

Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile

65 70 75 80

Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys

85 90 95

Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile

100 105 110

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

115 120 125

Ala Ala Val Ala Ala Asp Ala Pro Val Ala Gly Thr Asp Ile Thr Asn

130 135 140

Gln Leu Thr Asn Val Thr Val Gly Ile Asp Ser Gly Thr Thr Val Tyr

145 150 155 160

Pro His Gln Ala Gly Tyr Val Lys Leu Asn Tyr Gly Phe Ser Val Pro

165 170 175

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

180 185 190

Leu Asn Leu Asn Gly Val Thr Ser Thr Ala Lys Val Pro Pro Ile Met

195 200 205

Ala Gly Asp Gln Val Leu Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp Gly Asn

210 215 220

Val Ile Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asn Thr Lys Asp Asp Val Lys
225 230 235 240
Ala Thr Leu Thr Met Pro Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val Lys Lys
245 250 255
Thr Gly Asn Val Thr Leu Ala Thr Gly Ile Gly Ser Thr Thr Ala Asn
260 265 270
Lys Thr Val Leu Val Asp Tyr Glu Lys Tyr Gly Lys Phe Tyr Asn Leu
275 280 285

Ser Ile Lys Gly Thr Ile Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn Thr Tyr
290 295 300
Arg Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Ile Ala Pro
305 310 315 320
Val Leu Thr Gly Asn Leu Lys Pro Asn Thr Asp Ser Asn Ala Leu Ile
325 330 335
Asp Gln Gln Asn Thr Ser Ile Lys Val Tyr Lys Val Asp Asn Ala Ala
340 345 350

Asp Leu Ser Glu Ser Tyr Phe Val Asn Pro Glu Asn Phe Glu Asp Val
355 360 365
Thr Asn Ser Val Asn Ile Thr Phe Pro Asn Pro Asn Gln Tyr Lys Val
370 375 380
Glu Phe Asn Thr Pro Asp Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile Val Val
385 390 395 400
Val Asn Gly His Ile Asp Pro Asn Ser Lys Gly Asp Leu Ala Leu Arg
405 410 415

Ser Thr Leu Tyr Gly Tyr Asn Ser Asn Ile Ile Trp Arg Ser Met Ser
420 425 430
Trp Asp Asn Glu Val Ala Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly Asp Gly
435 440 445
Ile Asp Lys Pro Val Val Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly Glu Ile
450 455 460
Glu Pro Ile Pro Glu
465

<210> 72

<211> 472

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400

> 72

Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val

1 5 10 15

Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys

20 25 30

His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met

35 40 45

Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln

50 55 60

Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile

65 70 75 80

Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys

85 90 95

Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile

100 105 110

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

115 120 125

Ala Val Ala Glu Pro Val Val Asn Ala Ala Asp Ala Lys Gly Thr Asn

130 135 140

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

145 150 155 160

Phe Asp Pro Asn Gln Ser Gly Asn Thr Phe Met Ala Ala Asn Phe Thr

165 170 175

Val Thr Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr Ala Lys Leu Pro

180 185 190

Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp Tyr Ser Asn Ser Asn Asn

195 200 205

Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr Asn Gly Asp Val Val Ala
 210 215 220
 Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr Tyr Thr Phe Val Phe Thr
 225 230 235 240
 Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn Gly Gln Phe Ser Leu Pro
 245 250 255

 Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ser Gly Thr Tyr Asp Ala
 260 265 270
 Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn Asn Lys Ile Thr Tyr Asn
 275 280 285
 Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys Pro Asn Gly Ala Asn Ile
 290 295 300
 Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala Ser Gly Gln Asn Thr Tyr
 305 310 315 320

 Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln Arg Val Leu Gly Asn Thr
 325 330 335
 Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys Ile Glu Glu Ser Ser Gly
 340 345 350
 Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg Ile Phe Glu Val Asn Asp
 355 360 365
 Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala Asp Pro Asn Asp Ser Asn
 370 375 380

 Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg Ile Tyr Tyr Glu His
 385 390 395 400
 Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile Thr Lys Thr Tyr Val
 405 410 415
 Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly Lys Asn Leu Lys Thr
 420 425 430
 Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr Asn Arg Asp Tyr Ser
 435 440 445

 Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg Tyr Gly Gly Gly Ser

450 455 460
 Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn
 465 470
 <210> 73
 <211> 379
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 73
 Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val
 1 5 10 15
 Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys
 20 25 30

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

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

 Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys Ala Asn
 165 170 175
 Tyr Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Phe Lys
 180 185 190

Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Gln Thr
 195 200 205
 Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly Ile Tyr
 210 215 220

 Asp Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp
 225 230 235 240
 Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe Ala Lys
 245 250 255
 Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu Val Thr
 260 265 270
 Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val Asp Tyr Gly Asn
 275 280 285

 Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn Asn Glu
 290 295 300
 Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln Pro Lys Asn Thr
 305 310 315 320
 Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys Phe Asn
 325 330 335
 Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln Asn Gln
 340 345 350

 Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp Val Thr
 355 360 365
 Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn
 370 375
 <210> 74
 <211> 461
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 74
 Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val
 1 5 10 15
 Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys

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

Ile Gly Asn Thr Thr Thr Lys Thr Thr Ala Asn Ile Gln Tyr Pro Asp
275 280 285

Tyr Val Val Asn Glu Lys Asn Ser Ile Gly Ser Ala Phe Thr Glu Thr
290 295 300

Val Ser His Val Gly Asn Lys Glu Asn Pro Gly Tyr Tyr Lys Gln Thr
305 310 315 320

Ile Tyr Val Asn Pro Ser Glu Asn Ser Leu Thr Asn Ala Lys Leu Lys
325 330 335

Val Gln Ala Tyr His Ser Ser Tyr Pro Asn Asn Ile Gly Gln Ile Asn
340 345 350

Lys Asp Val Thr Asp Ile Lys Ile Tyr Gln Val Pro Lys Gly Tyr Thr
355 360 365

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

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

Ile Asp Phe Gly Asn Ala Asp Ser Ala Tyr Val Val Met Val Asn Thr
405 410 415

Lys Phe Gln Tyr Thr Asn Ser Glu Ser Pro Thr Leu Val Gln Met Ala
420 425 430

Thr Leu Ser Ser Thr Gly Asn Lys Ser Val Ser Thr Gly Asn Ala Leu
435 440 445

Gly Phe Thr Asn Asn Gln Ser Gly Gly Ala Gly Gln Glu
450 455 460

<210> 75

<211> 461

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 75

Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val

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

 65 70 75 80
 Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys
 85 90 95
 Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile
 100 105 110
 Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser Phe Ala
 115 120 125
 Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val Asn Asp Leu Ile

 130 135 140
 Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val Gly Asp Gly Lys Asp Asn Val
 145 150 155 160
 Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile Glu Tyr Asp Thr Glu Phe Thr
 165 170 175
 Ile Asp Asn Lys Val Lys Lys Gly Asp Thr Met Thr Ile Asn Tyr Asp
 180 185 190
 Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr Asp Lys Asn Asp Pro Ile Asp

 195 200 205
 Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile Ala Lys Gly Thr Phe Asp Lys
 210 215 220
 Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr
 225 230 235 240
 Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu Tyr Ser Tyr Ile Asp Lys Gln
 245 250 255
 Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn Leu Thr Phe Ala Thr Ala Gly

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

450 455 460

<210> 76

<211> 385

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 76

Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val

1 5 10 15

Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys
 20 25 30
 His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met
 35 40 45

 Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln
 50 55 60
 Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile
 65 70 75 80
 Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys
 85 90 95
 Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile
 100 105 110

 Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser Val Thr
 115 120 125
 Val Asn Gln Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile
 130 135 140
 Lys Val Thr Asp Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Glu Gly
 145 150 155 160
 Val Ile Lys Ala His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe
 165 170 175

 Glu Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asp Ile
 180 185 190
 Asp Lys Asn Thr Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Thr Ile Pro
 195 200 205
 Lys Ile Lys Asp Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp
 210 215 220
 Asn Lys Asn Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys
 225 230 235 240

 Tyr Glu Asn Ile Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys
 245 250 255
 Ser Lys Val Pro Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr

260 265 270
 Ala Leu Ser Ser Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Arg Pro
 275 280 285
 Asn Glu Asn Arg Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp
 290 295 300

 Thr Lys Asn His Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg
 305 310 315 320
 Tyr Ser Ala Lys Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu
 325 330 335
 Gly Ser Thr Ile Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val
 340 345 350
 Gly Asp Asn Gln Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser
 355 360 365

 Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn
 370 375 380
 Asn
 385
 <210> 77
 <211> 469
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 77
 Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp Ala Pro Val Ala Gly Thr Asp Ile
 1 5 10 15
 Thr Asn Gln Leu Thr Asn Val Thr Val Gly Ile Asp Ser Gly Thr Thr
 20 25 30
 Val Tyr Pro His Gln Ala Gly Tyr Val Lys Leu Asn Tyr Gly Phe Ser

 35 40 45
 Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly Asp Thr Phe Lys Ile Thr Val Pro
 50 55 60
 Lys Glu Leu Asn Leu Asn Gly Val Thr Ser Thr Ala Lys Val Pro Pro
 65 70 75 80

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

325 330 335
 Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu
 340 345 350
 Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser

 355 360 365
 Met Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn
 370 375 380
 Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys
 385 390 395 400
 Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala
 405 410 415
 Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr

 420 425 430
 Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp
 435 440 445
 Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala
 450 455 460
 Asn Thr Asp Lys Ser
 465
 <210> 78
 <211> 472
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 78
 Ser Leu Ala Val Ala Glu Pro Val Val Asn Ala Ala Asp Ala Lys Gly

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

Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp Tyr Ser Asn Ser

65 70 75 80

Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr Asn Gly Asp Val

85 90 95

Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr Tyr Thr Phe Val

100 105 110

Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn Gly Gln Phe Ser

115 120 125

Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ser Gly Thr Tyr

130 135 140

Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn Asn Lys Ile Thr

145 150 155 160

Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys Pro Asn Gly Ala

165 170 175

Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala Ser Gly Gln Asn

180 185 190

Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln Arg Val Leu Gly

195 200 205

Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys Ile Glu Glu Ser

210 215 220

Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg Ile Phe Glu Val

225 230 235 240

Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala Asp Pro Asn Asp

245 250 255

Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn Arg Ile Tyr Tyr

260 265 270

Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp Ile Thr Lys Thr

275 280 285

Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr Gly Lys Asn Leu

290 295 300

Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val Thr Asn Arg Asp

305 310 315 320
 Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val Arg Tyr Gly Gly

 325 330 335
 Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn Pro Thr Asn Glu Lys Met
 340 345 350
 Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn
 355 360 365
 Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly
 370 375 380
 Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp

 385 390 395 400
 Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser
 405 410 415
 Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu
 420 425 430
 Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile
 435 440 445
 Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe

 450 455 460
 Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser
 465 470
 <210> 79
 <211> 379
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 79
 Val Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe
 1 5 10 15
 Ser Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Gln Thr Thr
 20 25 30
 Gly Lys Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys

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

290 295 300
 Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg
 305 310 315 320
 Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro
 325 330 335
 Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val
 340 345 350
 Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys

355 360 365
 Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser

370 375

<210> 80

<211> 461

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 80

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

35 40 45
 Thr Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr Phe Thr Ile Lys Tyr
 50 55 60
 Ser Asp Thr Val Gln Val Tyr Gly Leu Asn Pro Glu Asp Ile Lys Asn
 65 70 75 80
 Ile Gly Asp Ile Lys Asp Pro Asn Asn Gly Glu Thr Ile Ala Thr Ala
 85 90 95
 Lys His Asp Thr Ala Asn Asn Leu Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

100 105 110
 Val Asp Arg Phe Asn Ser Val Gln Met Gly Ile Asn Tyr Ser Ile Tyr

115 120 125
 Met Asp Ala Asp Thr Ile Pro Val Ser Lys Asn Asp Val Glu Phe Asn
 130 135 140
 Val Thr Ile Gly Asn Thr Thr Thr Lys Thr Thr Ala Asn Ile Gln Tyr
 145 150 155 160
 Pro Asp Tyr Val Val Asn Glu Lys Asn Ser Ile Gly Ser Ala Phe Thr

 165 170 175
 Glu Thr Val Ser His Val Gly Asn Lys Glu Asn Pro Gly Tyr Tyr Lys
 180 185 190
 Gln Thr Ile Tyr Val Asn Pro Ser Glu Asn Ser Leu Thr Asn Ala Lys
 195 200 205
 Leu Lys Val Gln Ala Tyr His Ser Ser Tyr Pro Asn Asn Ile Gly Gln
 210 215 220
 Ile Asn Lys Asp Val Thr Asp Ile Lys Ile Tyr Gln Val Pro Lys Gly

 225 230 235 240
 Tyr Thr Leu Asn Lys Gly Tyr Asp Val Asn Thr Lys Glu Leu Thr Asp
 245 250 255
 Val Thr Asn Gln Tyr Leu Gln Lys Ile Thr Tyr Gly Asp Asn Asn Ser
 260 265 270
 Ala Val Ile Asp Phe Gly Asn Ala Asp Ser Ala Tyr Val Val Met Val
 275 280 285
 Asn Thr Lys Phe Gln Tyr Thr Asn Ser Glu Ser Pro Thr Leu Val Gln

 290 295 300
 Met Ala Thr Leu Ser Ser Thr Gly Asn Lys Ser Val Ser Thr Gly Asn
 305 310 315 320
 Ala Leu Gly Phe Thr Asn Asn Gln Ser Gly Gly Ala Gly Gln Glu Pro
 325 330 335
 Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr
 340 345 350
 Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys His

 355 360 365

Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu
370 375 380

Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg
385 390 395 400

Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile
405 410 415

Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val
420 425 430

His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val
435 440 445

Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser
450 455 460

<210> 81
<211> 461
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 81

Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser Asn Asn Val Asn Asp
1 5 10 15

Leu Ile Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val Gly Asp Gly Lys Asp
20 25 30

Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile Glu Tyr Asp Thr Glu
35 40 45

Phe Thr Ile Asp Asn Lys Val Lys Lys Gly Asp Thr Met Thr Ile Asn
50 55 60

Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr Asp Lys Asn Asp Pro
65 70 75 80

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

Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
100 105 110

Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu Tyr Ser Tyr Ile Asp

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

Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu
370 375 380

Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg
385 390 395 400

Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile
405 410 415

Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val
420 425 430

His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val
435 440 445

Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser
450 455 460

<210>
82

<211> 385

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 82

Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His
1 5 10 15

Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser
20 25 30

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

Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val
50 55 60

Asp Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Thr
65 70 75 80

Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr
85 90 95

Tyr Asp Asn Lys Asn Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val
100 105 110

Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile

115 120 125
 Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr
 130 135 140
 Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln
 145 150 155 160
 Arg Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn
 165 170 175
 Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro

 180 185 190
 Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly
 195 200 205
 Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr
 210 215 220
 Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp
 225 230 235 240
 Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly

 245 250 255
 Asn Asn Asn Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys
 260 265 270
 Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr
 275 280 285
 Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr
 290 295 300
 Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val

 305 310 315 320
 Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr
 325 330 335
 Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala
 340 345 350
 Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His
 355 360 365

Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys

370 375 380

Ser

385

<210> 83

<211> 454

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 83

Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe Gln Val

1 5 10 15

Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr Met Gln

20 25 30

His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe Gln Thr

35 40 45

Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr Asn Ala

50 55 60

Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys Lys Ala

65 70 75 80

Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys Ser Leu

85 90 95

Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn His Arg

100 105 110

Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu Ala Asp

115 120 125

Ala Ala Lys Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp

130 135 140

Phe Glu Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala

145 150 155 160

Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu

165 170 175

Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val
180 185 190

Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr
195 200 205

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

Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys
225 230 235 240

Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala
245 250 255

Asp Lys Phe Lys Thr Glu Glu Asp Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala
260 265 270

Pro Tyr Lys Lys Ala Lys Thr Leu Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn
275 280 285

Lys Ile Gln Asp Lys Leu Pro Glu Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys
290 295 300

Lys Leu Glu Asp Thr Lys Lys Ala Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala
305 310 315 320

Ile Thr Glu Phe Gln Asn Val Gln Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp
325 330 335

Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu
340 345 350

Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu
355 360 365

Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp
370 375 380

Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp
385 390 395 400

Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys
405 410 415

Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr
420 425 430

Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys
435 440 445

Ala Asn Thr Asp Lys Ser
450

<210> 84

<211> 454

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 84

Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met
1 5 10 15

Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val
20 25 30

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

Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly
50 55 60

Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp
65 70 75 80

Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys
85 90 95

Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr
100 105 110

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

Lys Thr Glu Glu Asp Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr Lys
130 135 140

Lys Ala Lys Thr Leu Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile Gln
145 150 155 160

Asp Lys Leu Pro Glu Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu Glu
165 170 175

Asp Thr Lys Lys Ala Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr Glu
 180 185 190
 Phe Gln Asn Val Gln Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp
 195 200 205
 Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met
 210 215 220

 Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys
 225 230 235 240
 Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe
 245 250 255
 Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn
 260 265 270
 Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr
 275 280 285

 Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln
 290 295 300
 Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr
 305 310 315 320
 Asp Lys Ser Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn
 325 330 335
 Phe Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp
 340 345 350

 Tyr Met Gln His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr
 355 360 365
 Phe Gln Thr Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe
 370 375 380
 Tyr Asn Ala Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn
 385 390 395 400
 Lys Lys Ala Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr
 405 410 415

 Lys Ser Leu Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr

420 425 430
Asn His Arg Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr

435 440 445
Leu Ala Asp Ala Ala Lys

450

<210> 85

<211> 106

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 85

Asp Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala Gln Thr
1 5 10 15

Ala Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val Ala Thr
20 25 30

Ala Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys Ser Gln
35 40 45

Gln Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln Ala Ser
50 55 60

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

Ile Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu Gly Ser Leu Ser
85 90 95

Leu Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys
100 105

<210> 86

<211> 306

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 86

Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser
1 5 10 15

Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu

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

Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly
275 280 285

Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn
290 295 300

Thr Asp

305

<210> 87

<211> 412

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 87

Asp Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala Gln Thr
1 5 10 15

Ala Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val Ala Thr
20 25 30

Ala Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys Ser Gln
35 40 45

Gln Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln Ala Ser
50 55 60

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

Ile Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu Gly Ser Leu Ser
85 90 95

Leu Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys Met Lys Lys Lys Asp Gly

100 105 110
Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val

115 120 125
Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly

130 135 140
Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro

145 150 155 160
Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg

165 170 175
 Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr
 180 185 190
 His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe
 195 200 205
 Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Glu Glu Asp
 210 215 220
 Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr Lys Lys Ala Lys Thr Leu

 225 230 235 240
 Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile Gln Asp Lys Leu Pro Glu
 245 250 255
 Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu Glu Asp Thr Lys Lys Ala
 260 265 270
 Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr Glu Phe Gln Asn Val Gln
 275 280 285
 Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val

 290 295 300
 Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys
 305 310 315 320
 His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met
 325 330 335
 Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln
 340 345 350
 Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile

 355 360 365
 Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys
 370 375 380
 Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile
 385 390 395 400
 Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala His Thr Asp
 405 410

<210> 88

<211> 412

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 88

Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser

1 5 10 15
Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu

20 25 30
Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu

35 40 45
Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys

50 55 60
Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val

65 70 75 80
Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp

85 90 95
Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys

100 105 110
Phe Lys Thr Glu Glu Asp Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr

115 120 125
Lys Lys Ala Lys Thr Leu Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile

130 135 140
Gln Asp Lys Leu Pro Glu Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu

145 150 155 160
Glu Asp Thr Lys Lys Ala Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr

165 170 175
Glu Phe Gln Asn Val Gln Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln

180 185 190
Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met

195 200 205

Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly
210 215 220

Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp
225 230 235 240

Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys
245 250 255

Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu
260 265 270

Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly
275 280 285

Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala His
290 295 300

Thr Asp Asp Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala
305 310 315 320

Gln Thr Ala Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val
325 330 335

Ala Thr Ala Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys
340 345 350

Ser Gln Gln Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln
355 360 365

Ala Ser Lys Ala Lys Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu Thr Ser Val Asp
370 375 380

Asn Phe Ile Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu Gly Ser
385 390 395 400

Leu Ser Leu Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys
405 410

<210> 89
<211> 412
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 89

Asp Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala Gln Thr

1 5 10 15
 Ala Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val Ala Thr
 20 25 30
 Ala Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys Ser Gln

 35 40 45
 Gln Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln Ala Ser
 50 55 60
 Lys Ala Lys Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu Thr Ser Val Asp Asn Phe
 65 70 75 80
 Ile Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu Gly Ser Leu Ser
 85 90 95
 Leu Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys Met Lys Lys Lys Asp Gly

 100 105 110
 Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val
 115 120 125
 Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly
 130 135 140
 Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro
 145 150 155 160
 Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg

 165 170 175
 Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr
 180 185 190
 His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe
 195 200 205
 Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Glu Glu Asp
 210 215 220
 Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr Lys Lys Ala Lys Thr Leu

 225 230 235 240
 Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile Gln Asp Lys Leu Pro Glu
 245 250 255

Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu Glu Asp Thr Lys Lys Ala
 260 265 270
 Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr Glu Phe Gln Asn Val Gln
 275 280 285
 Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val
 290 295 300
 Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys
 305 310 315 320
 His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met
 325 330 335
 Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln
 340 345 350
 Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile
 355 360 365
 Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys
 370 375 380
 Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile
 385 390 395 400
 Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp
 405 410
 <210> 90
 <211> 412
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 90
 Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser
 1 5 10 15
 Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu
 20 25 30
 Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu
 35 40 45
 Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys

50 55 60
 Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val

 65 70 75 80
 Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp
 85 90 95
 Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys
 100 105 110
 Phe Lys Thr Glu Glu Asp Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr
 115 120 125
 Lys Lys Ala Lys Thr Leu Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile

 130 135 140
 Gln Asp Lys Leu Pro Glu Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu
 145 150 155 160
 Glu Asp Thr Lys Lys Ala Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr
 165 170 175
 Glu Phe Gln Asn Val Gln Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln
 180 185 190
 Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met

 195 200 205
 Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly
 210 215 220
 Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp
 225 230 235 240
 Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys
 245 250 255
 Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu

 260 265 270
 Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly
 275 280 285
 Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn
 290 295 300

Thr Asp Asp Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala
 305 310 315 320
 Gln Thr Ala Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val

325 330 335
 Ala Thr Ala Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys
 340 345 350
 Ser Gln Gln Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln
 355 360 365
 Ala Ser Lys Ala Lys Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu Thr Ser Val Asp
 370 375 380
 Asn Phe Ile Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu Gly Ser

385 390 395 400
 Leu Ser Leu Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys
 405 410

<210> 91

<211> 345

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 91

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

100	105	110	
Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val			
115	120	125	
Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly			
130	135	140	
Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro			
145	150	155	160
Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg			
165	170	175	
Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr			
180	185	190	
His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe			
195	200	205	
Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Pro Thr Asn			
210	215	220	
Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser			
225	230	235	240
Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile			
245	250	255	
Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr			
260	265	270	
Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg			
275	280	285	
Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro			
290	295	300	
Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val			
305	310	315	320
Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys			
325	330	335	
Glu Ala Phe Thr Lys Ala His Thr Asp			
340	345		

<210> 92

<211> 345

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 92

Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser

1 5 10 15
Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu

20 25 30
Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu

35 40 45
Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys

50 55 60
Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val

65 70 75 80
Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp

85 90 95
Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys

100 105 110
Phe Lys Thr Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys

115 120 125
Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr

130 135 140
Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr

145 150 155 160
Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val

165 170 175
Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr

180 185 190
Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala

195 200 205

Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His
210 215 220
Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala His Thr Asp Asp
225 230 235 240
Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala Gln Thr Ala
245 250 255
Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val Ala Thr Ala
260 265 270
Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys Ser Gln Gln
275 280 285
Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln Ala Ser Lys
290 295 300
Ala Lys Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu Thr Ser Val Asp Asn Phe Ile
305 310 315 320
Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu Gly Ser Leu Ser Leu
325 330 335
Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys
340 345
<210> 93
<211> 345
<212> PRT
<213> Staphylococcal aureus
<400> 93
Asp Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala Gln Thr
1 5 10 15
Ala Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val Ala Thr
20 25 30
Ala Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys Ser Gln
35 40 45
Gln Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln Ala Ser
50 55 60
Lys Ala Lys Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu Thr Ser Val Asp Asn Phe

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

Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys
 325 330 335
 Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp
 340 345
 <210> 94
 <211> 345
 <212> PRT
 <213> Staphylococcal aureus
 <400> 94
 Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser

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

 65 70 75 80
 Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp
 85 90 95
 Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys
 100 105 110
 Phe Lys Thr Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys
 115 120 125
 Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr

 130 135 140
 Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr
 145 150 155 160
 Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val
 165 170 175
 Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr

180 185 190
Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala

195 200 205
Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His

210 215 220
Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Asp
225 230 235 240

Gln Thr Lys Thr Gln Thr Ala His Thr Val Lys Thr Ala Gln Thr Ala
245 250 255
Gln Glu Gln Asn Lys Val Gln Thr Pro Val Lys Asp Val Ala Thr Ala

260 265 270
Lys Ser Glu Ser Asn Asn Gln Ala Val Ser Asp Asn Lys Ser Gln Gln

275 280 285
Thr Asn Lys Val Thr Lys His Asn Glu Thr Pro Lys Gln Ala Ser Lys
290 295 300

Ala Lys Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu Thr Ser Val Asp Asn Phe Ile
305 310 315 320
Ser Thr Val Ala Phe Ala Thr Leu Ala Leu Leu Gly Ser Leu Ser Leu

325 330 335
Leu Leu Phe Lys Arg Lys Glu Ser Lys

340 345

<210> 95

<211> 516

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 95

Asp Ser Gln Gln Val Asn Ala Ala Thr Glu Ala Thr Asn Ala Thr Asn

1 5 10 15

Asn Gln Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe

20 25 30

Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr

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

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

 165 170 175
 Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr
 180 185 190
 Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp
 195 200 205
 Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu
 210 215 220
 Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val

 225 230 235 240
 Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn
 245 250 255
 Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro
 260 265 270
 Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Asp Thr Asn Asp Ala Val
 275 280 285
 Val Thr Asn Asp Gln Ser Ser Ser Val Ala Ser Asn Gln Thr Asn Thr

290 295 300
 Asn Thr Ser Asn Gln Asn Ile Ser Thr Ile Asn Asn Ala Asn Asn Gln
 305 310 315 320
 Pro Gln Ala Thr Thr Asn Met Ser Gln Pro Ala Gln Pro Lys Ser Ser
 325 330 335
 Thr Asn Ala Asp Gln Ala Ser Ser Gln Pro Ala His Glu Thr Asn Ser
 340 345 350
 Asn Gly Asn Thr Asn Asp Lys Thr Asn Glu Ser Ser Asn Gln Ser Asp

355 360 365
 Val Asn Gln Gln Tyr Pro Pro Ala Asp Glu Ser Leu Gln Asp Ala Ile
 370 375 380
 Lys Asn Pro Ala Ile Ile Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln
 385 390 395 400
 Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met
 405 410 415
 Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly

420 425 430
 Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp
 435 440 445
 Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys
 450 455 460
 Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu
 465 470 475 480
 Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly

485 490 495
 Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn
 500 505 510
 Thr Asp Lys Ser

515

<210> 96

<211> 516

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 96

Asp Ser Gln Gln Val Asn Ala Ala Thr Glu Ala Thr Asn Ala Thr Asn

1 5 10 15

Asn Gln Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe

20 25 30

Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr

35 40 45

Met Gln His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe

50 55 60

Gln Thr Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr

65 70 75 80

Asn Ala Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys

85 90 95

Lys Ala Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys

100 105 110

Ser Leu Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn

115 120 125

His Arg Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu

130 135 140

Ala Asp Ala Ala Lys Asp Thr Asn Asp Ala Val Val Thr Asn Asp Gln

145 150 155 160

Ser Ser Ser Val Ala Ser Asn Gln Thr Asn Thr Asn Thr Ser Asn Gln

165 170 175

Asn Ile Ser Thr Ile Asn Asn Ala Asn Asn Gln Pro Gln Ala Thr Thr

180 185 190

Asn Met Ser Gln Pro Ala Gln Pro Lys Ser Ser Thr Asn Ala Asp Gln

195 200 205

Ala Ser Ser Gln Pro Ala His Glu Thr Asn Ser Asn Gly Asn Thr Asn

210 215 220

Asp Lys Thr Asn Glu Ser Ser Asn Gln Ser Asp Val Asn Gln Gln Tyr
 225 230 235 240
 Pro Pro Ala Asp Glu Ser Leu Gln Asp Ala Ile Lys Asn Pro Ala Ile
 245 250 255
 Ile Asp Lys Asp His Ser Ala Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu
 260 265 270
 Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser
 275 280 285

 Val Lys Pro Ala Arg Val Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu
 290 295 300
 Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu
 305 310 315 320
 Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys
 325 330 335
 Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val
 340 345 350

 Lys Ile Val Ser Ser Thr His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp
 355 360 365
 Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys
 370 375 380
 Phe Lys Thr Gly Gly Ser Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln
 385 390 395 400
 Asp Thr Lys Tyr Val Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met
 405 410 415

 Met Asp Thr Phe Val Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly
 420 425 430
 Lys Lys Tyr Met Val Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp
 435 440 445
 Phe Met Val Glu Gly Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys
 450 455 460
 Asn Asn Thr Arg Thr Ile Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu
 465 470 475 480

Tyr Asp Ala Ile Val Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly
485 490 495

Gln Tyr His Val Arg Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn
500 505 510

Thr Asp Lys Ser
515

<210> 97

<211> 415

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 97

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

Asn Gln Ser Thr Gln Val Ser Gln Ala Thr Ser Gln Pro Ile Asn Phe

20 25 30

Gln Val Gln Lys Asp Gly Ser Ser Glu Lys Ser His Met Asp Asp Tyr
35 40 45

Met Gln His Pro Gly Lys Val Ile Lys Gln Asn Asn Lys Tyr Tyr Phe
50 55 60

Gln Thr Val Leu Asn Asn Ala Ser Phe Trp Lys Glu Tyr Lys Phe Tyr
65 70 75 80

Asn Ala Asn Asn Gln Glu Leu Ala Thr Thr Val Val Asn Asp Asn Lys

85 90 95

Lys Ala Asp Thr Arg Thr Ile Asn Val Ala Val Glu Pro Gly Tyr Lys
100 105 110

Ser Leu Thr Thr Lys Val His Ile Val Val Pro Gln Ile Asn Tyr Asn
115 120 125

His Arg Tyr Thr Thr His Leu Glu Phe Glu Lys Ala Ile Pro Thr Leu
130 135 140

Ala Asp Ala Ala Lys Gly Ser Gly Gly Ser Asp Lys Asp His Ser Ala

145 150 155 160

Pro Asn Ser Arg Pro Ile Asp Phe Glu Met Lys Lys Lys Asp Gly Thr
165 170 175

Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val Ile
180 185 190

Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly Gln
195 200 205

Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro Ile
210 215 220

Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg Phe
225 230 235 240

Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr His
245 250 255

Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe Ala
260 265 270

Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Lys Leu Gly Gly
275 280 285

Ser Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val
290 295 300

Val Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val
305 310 315 320

Lys His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val
325 330 335

Met Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly
340 345 350

Gln Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr
355 360 365

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

Lys Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg
385 390 395 400

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

405 410 415

<210> 98

<211> 108

<212> PRT

<213> Staphylococcal aureus

<400> 98

Asp Thr Asn Asp Ala Val Val Thr Asn Asp Gln Ser Ser Ser Val Ala

1 5 10 15

Ser Asn Gln Thr Asn Thr Asn Thr Ser Asn Gln Asn Ile Ser Thr Ile

20 25 30

Asn Asn Ala Asn Asn Gln Pro Gln Ala Thr Thr Asn Met Ser Gln Pro

35 40 45

Ala Gln Pro Lys Ser Ser Thr Asn Ala Asp Gln Ala Ser Ser Gln Pro

50 55 60

Ala His Glu Thr Asn Ser Asn Gly Asn Thr Asn Asp Lys Thr Asn Glu

65 70 75 80

Ser Ser Asn Gln Ser Asp Val Asn Gln Gln Tyr Pro Pro Ala Asp Glu

85 90 95

Ser Leu Gln Asp Ala Ile Lys Asn Pro Ala Ile Ile

100 105