



19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 284 840**

51 Int. Cl.:
A61K 39/116 (2006.01)
A61P 31/04 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Número de solicitud europea: **02712901 .4**
86 Fecha de presentación : **08.02.2002**
87 Número de publicación de la solicitud: **1383534**
87 Fecha de publicación de la solicitud: **28.01.2004**

54 Título: **Vacuna contra *Chlamydia* basada en ampollas.**

30 Prioridad: **08.02.2001 GB 0103169**

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
16.11.2007

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
16.11.2007

73 Titular/es: **GlaxoSmithKline Biologicals S.A.**
rue de l'Institut, 89
1330 Rixensart, BE

72 Inventor/es: **Berthet, F-X Jacqueline;**
Lobet, Yves;
Poolman, Jan y
Verlant, Vincent

74 Agente: **Carpintero López, Francisco**

ES 2 284 840 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Vacuna contra *Chlamydia* basada en ampollas.

5 **Campo de la invención**

La presente invención se refiere al campo de composiciones de vacuna DE bacterias Gram-negativas y su fabricación. Más particularmente se refiere al campo de composiciones de vesículas de membrana externa (o ampollas) de bacterias Gram-negativas que comprende antígenos de *Chlamydia* expresados de forma heteróloga, y procedimientos ventajosos para hacer a estas composiciones más eficaces y seguras como vacuna.

Antecedentes de la invención

Chlamydia son bacterias Gram-negativas intracelulares obligadas que se replican solamente en inclusiones citoplásmicas de células eucariotas. Tienen un único ciclo de desarrollo que está representado por dos formas principales, el cuerpo elemental (EB) tipo espora que es la forma infecciosa transmitida de una célula a otra, y el cuerpo reticulado (RB) metabólicamente activo que se replica dentro de la célula huésped.

De las cuatro especies clamidiales conocidas, *Chlamydia trachomatis* y *C. pneumoniae* son los patógenos humanos importantes. La especie *C. pneumoniae* definida recientemente (Grayston 1989) se reconoce actualmente como una causa principal de infecciones del tracto respiratorio (Grayston 1993) y cada vez hay más datos para asociarla con aterosclerosis. La asociación está apoyada por estudios seroepidemiológicos, estudios que demuestran la presencia de la bacteria en las lesiones ateroscleróticas, estudios que muestran la capacidad de *C. pneumoniae* para replicarse en los diferentes tipos celulares presentes en las lesiones ateroscleróticas, ensayos de intervención con antibióticos en pacientes con arteriopatía coronaria e infección experimental del tracto respiratorio en conejos o ratones deficientes en apolipoproteína-E que conduce a cambios inflamatorios en la aorta (Danesh 1997, Fong 1997, Laitinen 1997, Moazed 1997). En conjunto, esos datos implican a *C. pneumoniae* como un factor causante y/o agravante de aterosclerosis.

C. trachomatis es un patógeno humano principal; transmitido de un ser humano a otro (no se conoce reserva animal), causa infecciones oculares y genitales que pueden producir secuelas a largo plazo. El tracoma, una infección ocular clamidial, es endémica en varios países en vías de desarrollo y es la principal causa en el mundo de ceguera evitable con millones de personas afectadas por la enfermedad. Las infecciones genitales clamidiales constituyen la enfermedad de transmisión sexual (ETS) bacteriana más común en todo el mundo. En 1996, la OMS generó una nueva serie de estimaciones globales para cuatro ETS principales que motivaron una extensa revisión de los datos de frecuencia publicados y no publicados (Gerbase 1998). Se ha estimado que en 1995, se produjeron 4 y 5,2 millones de nuevos casos de infección por *C. trachomatis* en individuos de 15-49 años de edad para Norteamérica y Europa Oriental, respectivamente; en todo el mundo *C. trachomatis* totalizó una estimación de 89,1 millones de nuevos casos. Colectivamente, los datos muestran índices de infección superiores en mujeres en comparación con hombres (Washington 1987, Peeling 1995, Cates 1991); se encuentra mayor incidencia en adolescentes y en adultos jóvenes, presentándose aproximadamente el 70% de las infecciones por clamidiales en el grupo de edad de 15-24 años (Peeling 1995).

Existe una clara necesidad de vacunas eficaces contra *Chlamydia trachomatis* y *Chlamydia pneumoniae*.

45 *Vesículas de membrana externa (ampollas)*

Las bacterias Gram-negativas están separadas del medio externo por dos capas sucesivas de estructuras de membrana. Estas estructuras, denominadas como membrana citoplásmica y membrana externa (OM), difieren tanto estructural como funcionalmente. La membrana externa juega un papel importante en la interacción de las bacterias patogénicas con sus respectivos huéspedes. Como consecuencia, las moléculas bacterianas expuestas en superficie representan dianas importantes para la respuesta inmune del huésped, lo que hace a los componentes de la membrana externa candidatos atractivos para proporcionar reactivos de vacuna, diagnóstico y terapéuticos.

Las vacunas de bacterias de célula completa (inactivadas o atenuadas) tienen la ventaja de suministrar múltiples antígenos en su microambiente natural. Los inconvenientes relacionados con este enfoque son los efectos secundarios inducidos por componentes bacterianos tales como fragmentos de endotoxina y peptidoglicanos. Por otro lado, las vacunas de subunidad acelulares que contienen componentes purificados de la membrana externa pueden suministrar solamente protección limitada y pueden no presentar los antígenos apropiadamente al sistema inmune del huésped.

Las proteínas, fosfolípidos y lipopolisacáridos son los tres constituyentes principales que se encuentran en la membrana externa de todas las bacterias Gram-negativas. Estas moléculas se distribuyen de forma asimétrica: los fosfolípidos de membrana (principalmente en la lámina interna), lipopolisacáridos (exclusivamente en la lámina externa) y proteínas (lipoproteínas de la lámina externa e interna, proteínas de membrana integrales o politópicas). Para muchos patógenos bacterianos que afectan a la salud humana, se ha demostrado que los lipopolisacáridos y las proteínas de membrana externa son inmunogénicos y responsables de conferir protección contra la enfermedad correspondiente mediante inmunización.

La OM de las bacterias Gram-negativas es dinámica y, dependiendo de las condiciones ambientales, puede experimentar transformaciones morfológicas drásticas. Entre estas manifestaciones, se ha estudiado y documentado la formación de vesículas de membrana externa o “ampollas” en muchas bacterias Gram-negativas (Zhoy, L. y col. 1998, *FEMS Microbiol. Lett.* 163: 223-228). Entre estas, una lista no exhaustiva de patógenos bacterianos de los que ha informado que producen ampollas incluyen: *Bordetella pertussis*, *Borrelia burgdorferi*, *Brucella melitensis*, *Brucella ovis*, *Chlamydia psittaci*, *Chlamydia trachomatis*, *Escherichia coli*, *Haemophilus influenzae*, *Legionella pneumophila*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Yersinia enterocolitica*. Aunque el mecanismo bioquímico responsable de la producción de ampollas de OM no está completamente comprendido, estas vesículas de membrana externa se han estudiado ampliamente ya que representan una metodología potente para aislar preparaciones de proteína de membrana externa en su conformación nativa.

Los ejemplos de especies bacterianas a partir de las que pueden prepararse vacunas de ampolla se han revisado en el documento WO 01/09350. Por ejemplo, el serogrupo B de *N. meningitidis* (menB) excreta ampollas de membrana externa en cantidades suficientes para permitir su fabricación a escala industrial. Se ha descubierto que dichas vacunas de proteína de membrana externa multicomponentes a partir de cepas menB de origen natural son eficaces para proteger a adolescentes de enfermedad por menB y se ha registrado en Latinoamérica. Un procedimiento alternativo para preparar vesículas de membrana externa es mediante el procedimiento de extracción con detergente de las células bacterianas (documento EP 11243).

20 Sumario de la invención

Se ha descubierto que las ampollas de bacterias Gram-negativas son un contexto ideal para presentar proteínas de membrana externa de *Chlamydia*. En particular las ampollas de gonococos son útiles en el caso de presentar OMP de *C. trachomatis* y ampollas de meningococos son útiles en el caso de que se presenten OMP de *C. pneumoniae*. Esto es porque a) estas proteínas de membrana externa pueden integrarse en dichas ampollas en una conformación nativa (o casi nativa) reteniendo de este modo un efecto inmunológico útil; b) las ampollas (particularmente a partir de cepas de *Neisseria*) pueden producirse en cantidades industriales, c) las ampollas pueden administrarse a la mucosa, y d) la combinación de antígenos de *Chlamydia* con los antígenos de ampollas nativas puede tener interacciones importantes para ciertas afecciones tales como salpingitis.

La presente invención proporciona por tanto preparaciones de ampollas bacterianas Gram-negativas ventajosas (obtenidas de cepas bacterianas que producen ampollas que se enumeran a continuación, y preferiblemente no obtenidas de *Chlamydia*) que presentan en su superficie uno o más antígenos proteicos recombinantes (y preferiblemente heterólogos) de *Chlamydia trachomatis* o *Chlamydia pneumoniae*. También se proporcionan formulaciones de vacuna y procedimientos de administración ventajosos.

Descripción de la invención

La presente invención proporciona una ampolla de bacterias Gram-negativas no obtenida de *Chlamydia*, que presenta en su superficie la proteína de membrana externa PorB de *Chlamydia trachomatis*, en la que la combinación del antígeno de *Chlamydia* con los antígenos de la ampolla bacteriana Gram-negativa interactúan en la prevención o tratamiento de salpingitis cuando está presente en una formulación de vacuna.

También se proporciona un ampolla Gram-negativa no obtenida de *Chlamydia*, que presenta en su superficie las proteínas de membrana externa PmpG y MOMP (de una o más variedades serológicas) de *Chlamydia trachomatis*, en la que la combinación de los antígenos de *Chlamydia* con los antígenos de la ampolla bacteriana Gram-negativa nativa interactúan en la prevención o tratamiento de salpingitis cuando está presente en una formulación de vacuna.

Además, se proporciona una ampolla Gram-negativa producida por *Neisseria meningitidis*, *Moraxella catarrhalis* o *Haemophilus influenzae* que presenta en su superficie un antígeno protector de *Chlamydia pneumoniae*.

En el contexto de esta solicitud, la expresión “que presenta en su superficie” indica que la proteína de *Chlamydia* debe estar expuesta a la membrana externa de la ampolla y debe estar unida a la membrana externa (preferiblemente estando integrada en la membrana externa). Más preferiblemente debe adoptar su plegamiento nativo en el contexto de ampolla heteróloga.

Una estrategia eficaz para modular la composición de una preparación de ampolla de esta manera es suministrar una o más copias de un segmento de ADN que contiene un casete de expresión que comprende un gen que codifica dicha proteína de membrana externa de *Chlamydia* en el genoma de una bacteria Gram-negativa.

Una lista no exhaustiva de especies bacterianas preferidas que podrían usarse como receptores para dicho casete incluye: *Bordetella pertussis*, *Borrelia burgdorferi*, *Brucella melitensis*, *Brucella ovis*, *Escherichia coli*, *Haemophilus influenzae*, *Legionella pneumophila*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Yersinia enterocolitica*. *Neisseria meningitidis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Moraxella catarrhalis*, *Haemophilus influenzae*, *Pseudomonas aeruginosa*, son más preferidas para este propósito, y *Neisseria gonorrhoeae* y *Neisseria meningitidis* son más preferidas para preparar las ampollas de esta invención. Las OMP de *Chlamydia* se expresan de forma heteróloga, y en dichas situaciones no deben usarse cepas de *Chlamydia* para preparar las ampollas de la invención.

El gen o genes contenidos en el casete de expresión pueden ser homólogos (o endógenos) (es decir, existen de forma natural en el genoma de la bacteria manipulada) o, preferiblemente, heterólogos (es decir, no existen de forma natural en el genoma de la bacteria manipulada). El casete de expresión introducido puede constar de secuencias de promotor/gen/operón “naturales” no modificadas o casetes de expresión manipulados en los que la región promotora y/o la región codificante o ambas se han alterado. Una lista no exhaustiva de promotores preferidos (preferiblemente fuertes) que podrían usarse para la expresión incluyen los promotores *porA*, *porB*, *lbpB*, *tbpB*, *p110*, *Ist*, *hpuAB* de *N. meningitidis* o *N. gonorrhoeae*, los promotores *p2*, *p5*, *p4*, *ompf*, *p1*, *ompH*, *p6*, *hin47* de *H. influenzae*, los promotores *ompH*, *ompG*, *ompCD*, *ompE*, *ompB1*, *ompB2*, *ompA* de *M. catarrhalis*, el promotor *λpL*, *lac*, *tac*, *araB* de *Escherichia coli* o promotores reconocidos específicamente por la ARN polimerasa de bacteriófagos tales como el bacteriófago T7 de *E. coli*.

El casete de expresión puede suministrarse e integrarse en el cromosoma bacteriano mediante recombinación homóloga y/o específica de sitio (como se analiza en el documento WO 01/09350). Los vectores de integración usados para suministrar dichos genes y/u operones pueden ser plásmidos condicionalmente replicativos o suicidas, bacteriófagos, transposones o fragmentos de ADN lineales obtenidos por hidrólisis de restricción o amplificación por PCR. La integración se dirige preferiblemente a regiones cromosómicas dispensables para el crecimiento *in vitro*. Una lista no exhaustiva de loci preferidos que pueden usarse para dirigir la integración de ADN incluye los genes *porA*, *porB*, *opa*, *opc*, *rmp*, *omp26*, *lecA*, *cps*, *IgtB* de *Neisseria meningitidis* y *Neisseria gonorrhoeae*, los genes *P1*, *P5*, *hmw1/2*, *IgA-proteasa*, *fimE* de NTHi; los genes *lecA1*, *lecA2*, *omp106*, *uspA1*, *uspA2* de *Moraxella catarrhalis*. Como alternativa, el casete de expresión usado para modular la expresión del componente o componentes de la ampolla puede suministrarse en una bacteria de elección mediante vectores episómicos tales como plásmidos replicativos circulares/lineales, cósmidos, fásmidos, bacteriófagos lisogénicos o cromosomas bacterianos artificiales. La selección del acontecimiento de recombinación puede realizarse mediante marcadores genéticos de selección tales como genes que confieren resistencia a antibióticos (por ejemplo kanamicina, eritromicina, cloranfenicol o gentamicina), genes que confieren resistencia a metales pesados y/o compuestos tóxicos o genes que complementan mutaciones auxotróficas (por ejemplo *pur*, *leu*, *met*, *aro*). Las ampollas pueden prepararse a partir de la cepa modificada resultante.

La expresión de algunas proteínas heterólogas en ampollas bacterianas puede requerir la adición de una señal o señales que se dirigen a la membrana externa. El procedimiento preferido para resolver este problema es crear una fusión genética entre un gen heterólogo y un gen que codifica una OMP residente como un enfoque específico para dirigir las proteínas recombinantes a las ampollas. Más preferiblemente, el gen heterólogo se fusiona con las secuencias de péptido señal de dicha OMP.

Una aplicación particularmente preferida de esta invención es la introducción de antígenos protectores de *Chlamydia (trachomatis* o *pneumoniae)* (preferiblemente proteínas de membrana externa) en ampollas bacterianas Gram-negativas no de cepas de *Chlamydia*. Esto tiene varias ventajas incluyendo el hecho de que dichas ampollas (y las vacunas que las comprenden) son extremadamente adecuadas para administración a la mucosa, lo que es beneficioso ya que una respuesta inmune de la mucosa (IgA) contra los antígenos de *Chlamydia* presentes en la ampolla será más protectora contra infecciones por *Chlamydia* que se manifiestan ellas mismas en la mucosa.

Antígenos de *Chlamydia trachomatis* integrados en una ampolla bacteriana Gram-negativa

Un uso particularmente preferido es en el campo de la profilaxis o tratamiento de enfermedades de transmisión sexual (ETS). A menudo es difícil para los facultativos determinar si la causa principal de una ETS se debe a gonococos o a infección por *Chlamydia trachomatis*. Estos dos organismos son las causas principales de salpingitis - una enfermedad que puede conducir a esterilidad en el huésped. Sería útil que pudiera vacunarse contra o tratarse una ETS con una vacuna combinada eficaz contra la enfermedad causada por los dos organismos. La Proteína de Membrana Externa Principal (MOMP u OMP1 u OMPI) de *C. trachomatis* ha demostrado ser la diana de anticuerpos protectores. Sin embargo, la integridad estructural de esta proteína de membrana integral es importante para inducir dichos anticuerpos. Además, los epítopes reconocidos por estos anticuerpos son variables y definen más de 10 variedades serológicas. El contexto de ampolla de la invención permite el plegamiento adecuado de una o más MOMP u otras proteínas de membrana de *Chlamydia* para propósitos de vacuna. La manipulación de una cepa (preferiblemente) de gonococos que expresa una o más variedades serológicas de MOMP de *C. trachomatis* y/o una o más OMP de *Chlamydia* protectoras en la membrana externa, y la producción de ampollas de la misma, produce una solución única a los múltiples problemas de proteínas de membrana plegadas de forma correcta, la presentación de suficientes variedades serológicas de MOMP y/o otras OMP de *Chlamydia* para proteger contra un amplio espectro de variedades serológicas, y la profilaxis/tratamiento simultáneos de infección por gonococos (y por consiguiente la falta de necesidad de que el facultativo decida inicialmente qué organismo causa los síntomas clínicos particulares - puede vacunarse contra ambos organismos simultáneamente permitiendo de este modo el tratamiento de la EST en una etapa muy temprana). Los loci preferidos para la inserción génica en el cromosoma de gonococos se han dado anteriormente. Genes de *C. trachomatis* protectores preferidos que podrían incorporarse son HMWP, PmpG y las OMP descritas en el documento WO 99/28475.

Una realización particularmente preferida de la invención proporciona una ampolla bacteriana Gram-negativa (preferiblemente de gonococos) que presenta en su superficie la proteína de membrana externa PorB (véase a continuación) de *Chlamydia trachomatis*.

ES 2 284 840 T3

Secuencia de ADN de PorB de la variedad serológica D de *Chlamydia trachomatis* (D/UW-3/Cx)

5 ATGAGTAGCAAGCTAGTGAACACTCTCCGTTTGACTTTCCTATCTTTTTAGGGATCGCATCTACTTCATTAGACGCTAT
GCCTGCGGGGAATCCGCGTTTCCAGTCATCCCGGGGATTAATATTGAACAGAAAAATGCCTGTCTTTTCGATTTATGTA
ATTCTTATGATGTAATACTCCGCACTGTCCGTAACCTGAAAGCTCTGCTTCTGCGGAGATTATATCTTTTCAGAAGAAGCT
CAGGTAAAAGATGTCCTGTGCTTACCTCTGTGACAACAGCTGGGGTTGGTCTTCTCCTGATATTACTTCGACAACCAA
AACGCGAAAATTCGATCTCGTGAACCTGTAATCTCAATACAACTGTGTAGCTGTAGCTTTTTCCCTTCTGATCGTTCCG
10 TGAGCGGATTCCTCTGTTTGTGATGTGAGTTTGAAGTGAAGTAGGAGGACTGAAACAATACTACCGCCTTCCCATGAAT
GCCTATCGAGACTTCACCTCGAACCTCTCAATTCTGAATCAGAAGTTACGGACGGGATGATTGAAGTACAGTCCAATTA
CGGATTTGTTGGGATGTTAGCTTGAAGAAAGTCATATGGAAGATGGCGTTTCTTTGTAGGCGTGGTGCAGACTATC
GCCATGCTTCTTCCCTATTGACTACATCATTTGCAAAAGTCAAGCTAATCCAGAAGTATTCATCGCTGACTCGGATGGG
AAACTGAACTTCAAGGAGTGGAGTGTCTGCGTAGGCTTACTACCTATGTGAATGACTACGTTCTTCTTACTTAGCGTT
15 TTCTATAGGGAGTGTTCCTCGCAAGCTCCGGACGACAGCTTCAAAAAATTAGAAGATCGTTCACTAACCTCAAATTA
AAGTTCGTAAAATTACCAGCTCTCATCGTGGAAACATCTGCATCGGAGCGACAAACTATGTCGCCGATAACTTCTTCTAC
AACGTAGAAGGAAGATGGGGAAGCCAGCGGCTGTGAACGCTCCGGAGGATTCCAATTCTAA

Secuencia de aminoácidos traducida

20

MSSKLVNYLR LTFLSFLGIA STSLDAMPAG NPAPFVPIGI
NIEQKNACSF DLCNSYDVLS ALSGNLKLCP CGDYIFSEE QVKDVPVVT
25 **VTTAGVGPSP DITSTTKTRN FDLVNCNLNT NCVAVAFSLP DRSLSAIPLF**
DVSFEVKVGG LKQYYRLPMN AYRDFTSEPL NSESEVTDGM IEVQSNYGFV

30 **WDVSLKKVIW KDGVSFVGVG ADYRHASCPY DYIIANSQAN PEVFIADSDG**
KLNFKEWSVC VGLTTYVNDY VLPYLAFSIG SVSRQAPDDS FKKLEDFTN
LKFKVRKITS SHRGNICIGA TNYVADNFFY NVEGRWGSQR AVNVSGGFQF

35

La presencia de PorB en las ampollas significa que el antígeno puede administrarse a la mucosa más fácilmente, y proporciona una protección más eficaz que si se administrara solo.

40 La presente invención proporciona además una ampolla bacteriana Gram-negativa (preferiblemente de gonococos) que presenta en su superficie una o más de las siguientes proteínas de *Chlamydia trachomatis*, o PorB de *C. trachomatis* en combinación con una o más de las siguientes proteínas. Será evidente para un especialista en la técnica que en lugar de las siguientes secuencias (y la secuencia de PorB anterior), podría usarse el análogo natural de las secuencias de otras variedades serológicas o serotipos de *C. trachomatis*, como también genes que codifican análogos funcionales de las proteínas que comprenden inserciones, deleciones o sustituciones de las secuencias mencionadas que no afectan a las propiedades inmunológicas de la proteína codificada. Debe seleccionarse preferiblemente una secuencia de una cepa de la variedad serológica D. Una cepa bacteriana capaz de producir dicha ampolla es un aspecto adicional de la invención.

50

(Secuencia pasa a página siguiente)

55

60

65

ES 2 284 840 T3

>gi|6578118|gb|AAC68456.2| Proteasa predicha que contiene los dominios IRBP y DHR [*Chlamydia trachomatis*]

5 MKMNRWL LLLT FSSAIHSPVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEOYLGWDLVQSSVSAQOK
LRTQENPSTSFCCQV LADFIGGLNDFHAGVTFFAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDIMTFESSEIRVGDEL
10 LEVDGAPVQDVLATLYGSNHKGTAAEESAALRTLFSRMASLGHKVPVSGRRTLKIRRFPGTTREVRVKWRY
VPEGVGLATIAPSIRAPQLQKSMRSFFPKDDAFHRSSSLFYSPMVPHFVAELRNHYATSGLKSGYNIG
STDGFLPVIGPVIWESEGLFRAYISSVTDGDGKSHKVGFLRIPTYSWQDMEDFDPSPPPPWEFEAKIIQV
15 FSSNTEALIIDQTNPPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKHRMILTQDEVVDALDWLTLENVDTNVESRL
ALGDNMEGYTVDLQVAEYLKSFGRQV LNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHPPHPRVQYKPICVLINEQDF
SCADFFPVVLKDNDRALIVGTRTAGAGGFVFNVPNRTGIKTCSLTGS LAVREHGAFIENIGVEPHIDL
PFTANDIRYKGYSEYLDKVKKLVLCQLINNDGTII LAEDGSF
>gi|3329331|gb|AE001359.1:101-1906,
15 ATGAAAATGAATAGGATTTGGCTATTACTGCTTACCTTTTCTTCTGCCATACATTCTCCTGTACAAGGAG
AAAGCTTGGTTTGAAGAATGCTCTTCAAGATTGAGTTTTTAGAGCATTATTACAGGTTAAATATGC
TCCTAAAACATGGAAAGAGCAATACTTAGGATGGGATCTTGTCAAAGCTCCGTTTCTGCACAGCAGAAG
CTTCGTACACAAGAAAATCCATCAACAAGTTTTGCCAGCAGGTCCTTGCTGATTTTATCGGAGGATTAA
ATGACTTTCACGCTGGAGTAACTTCTTTGCGATAGAAAAGTGCTTACCTTCCTTATACCGTACAAAAAAG
20 TAGTGACGGCCGTTTCTACTTTGTAGATATCATGACTTTTTCTCAGAGATCCGTTGGAGATGAGTTG
CTAGAGGTGGATGGGGCGCTGTC CAAGATGCTACTCGTACTCTATATGGAAGCAATCACAAAGGGACTG
CAGCTGAAGAGTCGGCTGCTTTAAGAACACTATTTCTCGCATGGCCTCTTTAGGGCACAAAAGTACCTTC
TGGGCGCACTACTTTAAAGATTCGTCGTCCTTTTGGTACTACGAGAGAAGTTCGTGTGAAATGGCGTTAT
25 GTTCTGAAGGTGTAGGAGATTTGGCTACCATAGCTCCTTCTATCAGGGCTCCACAGTTACAGAAATCGA
TGAGAAGCTTTTTCCCTAAGAAAGATGATGCGTTTCATCGGCTAGTTTCGCTATTCTACTCTCCAATGGT
TCCGCATTTTTGGGCAGAGCTTCGCAATCATTATGCAACGAGTGGTTGAAAAGCGGGTACAATATTGGG
AGTACCGATGGGTTTCTCCCTGTCAATGGGCCTGTATATGGGAGTCGGAGGGTCTTTTCCGCGCTTATA
30 TTTCTTCGGTGACTGGGGATGGTAAGAGCCATAAAGTAGGATTTCTAAGAATTCTACATATAGTTG
GCAGGCATGGAAGATTTGATCCTTCAGGACCGCTCCTTGGGAAGAATTTGCTAAGATTATTCAAGTA
TTTTCTTAATACAGAAGCTTTGATTATCGACCAACGAACAACCCAGGTGGTAGTGTCTTTATCTTT
ATGCACTGCTTTCCATGTTGACAGACCGTCTTTAGAACTTCTAACATAGAATGATTCTGACTCAGGA
35 TGAAGTGGTTGATGCTTTAGATTGGTTAACCCTGTTGGAACAAGTAGACACAAACGTGGAGTCTCGCCTT
GCTCTGGGAGACAACATGGAAGGATATACTGTGGATCTACAGGTTGCCGAGTATTTAAAAAGCTTTGGAC
GTCAAGTATTGAATTTGGAGTAAAGGGGATATCGAGTTATCAACGCCTATTCCTCTTTTTGGTTTTGA
40 GAAGATTCATCCACATCTCGAGTTCAATACTCTAAACCGATTTGTGTTTTGATCAATGAGCAAGACTTT
TCTTGTGCTGACTTCTTCCCTGTAGTTTTGAAAGACAATGATCGAGCTCTTATGTTGGTACTCGAACAG
CTGGAGCTGGAGGATTTGTCTTAAATGTGCAGTTCCCAAATAGAAGTGAATAAAAACTTGTCTTTAAC
AGGATCATTAGCTGTTAGAGAGCATGGTGCTTCAATGAGAACATCGGAGTCGAACCGCATATCGATCTG
CCTTTTACAGCGAATGATATTCGCTATAAAGGCTATTCCGAGTATCTTGATAAGGTCAAAAAATTGGTTT
45 GTCAGCTGATCAATAACGCGGTACCATTATCTTGCAGGAAAGATGGTAGTTTTTAA

>gi|6578109|gb|AAC68227.2| Homólogo de CHLPN de 76 kDa [*Chlamydia trachomatis*]

45 MKKYFYKGFV GALLLACGSTNLAFQAASSMDSQLWSVEDLDSYLSKGFVETRKRKRDGVLRLAGDVRARWI
YAKEDLETTQTPAKPMLPTNRYRSEFNLYVDYTAANSWMTSKMNWVTIAGGESSAAGLDINRAFLGYR FY
50 KNPETQAEVFAEIGRSGLDIFDSDVQFNSNFDGIELYAARRISEKLPFTMIVHGGPFVNMMAEKEYAWV
VEA I LNKLPGNFVVKTSVVDWNTL TAKTNDPADASAAQPAKPNTKYDYLWQWLVGKSTAMPWFNGQTKN
LYTYGAYLFPNLAIEPENWKQSTTPTTKITNGKENHAWFIGCSLGGVRRAGDWSATVRYEYVEALAIPEI
65 DVAGIGRGNQMKYWFQAQAIKQGLDPKESNGFTNYKGVSYQFVMGLTDSVSPRAYAAYSKPANDNLGSDFT
YRKYDLGLISSF

ES 2 284 840 T3

>gi|3329068|gb|AE001333.1:C3495-2197,

5 ATGAAAAAATACTTTTATAAAGGGTTTGTAGGCGCGCTTTTATTAGCTTGTGGGTCTACAACTTGGCCT
TTGCGCAGGCTAGTTCGATGGATAGCCAGCTATGGTCTGTTGAAGATTAGATTCTTATTTGAGTTC
10 AGGTTTGTGCGAGACTCGTAAGCGCGATGGAGTTCACGTTTAGCTGGAGATGTCGCGCTCGATGGATT
TATGCAAAAGAGGATCTTGAGACAACTCAGACTCCTGCTAAACCTATGTTACCTACCAATCGGTATCGTA
GTGAAATCAATTTGTATGTGGATTACACCGCTGCTAATAGTTGGATGACTTCGAAAATGAAATGGGTAAC
15 GATTGCTGGCGGAGAATCTTCTGCAGCAGGGTTAGATATTAATCGTGCCCTCTTAGGATACCGATTCTAC
AAAAACCCAGAAACGCAAGCAGAAGTATTTCAGAGATTGGTCGCTCGGATTGGGAGATATTTTGATT
CCGAGCTTCAGTTTAAATAGTAATTCGACGGAAATTCATTTATACGCTGCGCGACGTATTAGTGAGAACT
20 TCCTTTACCATGATGTTTCATGGTGGTCCCTTTTGTGCTGAATATGGCAGAGAAAGAGTATGCTTGGGTC
GTGGAAGCTATTTTGAATAAACTCCAGGAAATTCGTTGTGAAAACGAGTGTGTTGACTGGAATACGT
TAACAGCAAAAACGAATGATCCAGCAGACGCAAGCGCTGCACAACAGCTAAACCTAATACCAAGTACGA
TTATTTAGTATGGCAATGGTTGGTTGGGAAGAGCACAGCTATGCCATGGTTTAAATGGCAACAAAAAT
25 CTTTACACTTACGGAGCCTATCTCTTTAATCCATAGCGGAAATACCAGAGAACTGGAAACAAACAA
CTCCTACAACCAAAATTAACAAATGTTAAGGAAACCATGCTTGGTTCATCGGCTGCTCTTAGGCGGTGT
TCGACGAGCTGGAGACTGGTCTGCAACAGTTCGTTATGAGTATGTTGAAGCTTTAGCGATTCCAGAAAT
GATGTCGCGGGTATTGGTCGCGGAAACCAAAATGAAATATTGGTTGCTCAAGCTATCAACAAGGATTGG
30 ATCCTAAAGAATCTAACGGCTTACTTAACTATAAAGGAGTTTCCTATCAGTTTGTATGGGTCTGACAGA
TTCCGTTCTTTCCGAGCTTATGCTGCTTATTCTAAGCCTGCTAACGATAACCTTGGTAGCGACTTCACC
TATCGTAAGTATGACCTAGGTTTAAATTTCTTCATTCTAA

>gi|3329350|gb|AAC68472.1|Proteína de Membrana Externa I Putativa [*Chlamydia trachomatis*]

25 MRPDEMNFCCLCAAILSSTAVLFGQDPLGETALLTKNPNEVVCTFFEDCTMESLFPALCAHASQDDPLYV
LGNSYCWVFSKLIHTDPKEALFKEKGDLSIQNFRFLSFTDCSSKESPSIIHQKNGQLSLRNNGSMSFCR
30 NHAEGSGGAI SADAFSLQHNYLFTAPEENSSKNGGAIQAQTFSLSRNVSPISFARNRADLNGGAI CCN
LICSGNVNPLFFGTNSATNGGAI CCISDLNTSEKGLSLACNQETLFASNSAKEKGGAIYAKHMLRYNG
PVSFINNSAKIGGAI AIQSGGSL ILAGEGSLVFNNSQRTSDQGLVRNATYLEKDAI LSSLEARNGDIL
FFDPIVQESSKESPLPSSLQASVTSPTPATASPLVIQTSANRSVIFSSERLSEBEKTPDNLTSQLQPI
35 ELKSGRLVLDRAVLSAPSLSQDPQALLIMEAGTSLKTSDDLKATLSIPLHSLDTEKSVTHAPNLSIQ
KIFLNSNGDENFYENVLLSKEQNNIPLLTLSEKQSHLHLPDGNLSSHFGYQGDWTF SWKDSDEGHSLIA
NWTPKNYVPHPERQSTLVANTLWNTYSMDQAVQSMINTIAHGGAYLFGTWGSAVSNLFYAHDSGKPIDN
40 WHRSLGYLFGI STHSLDDESFCLAAGQLLGKSSDSFITSTETTSYIATVQAQLATPLMKISAQACYNES
IHELKTKYRSFSKEGFGSWHSAVVSGEVCASIPVSNGLFSFSPSIFSKLQGFSGTQDGFESSGSEIRS
FSASFNRNLSLPMGITFEKKSQKTRNYYYFLGAYIQDLKRDVESGPPVLLKNAVSWDAPMANLDSRAYMF
45 RL TNQRALHRLQTLNVSYLGRQSHS YSLDLGTYRF

>gi|3329348|gb|AE001361.1:c3451-815,

45 ATGCGACCTGATCATATGAACTTCTGTTGCTATAGTGTGCTATTTGTTCATCCACAGCGGTCCCTCTTTG
GCCAGGATCCCTTAGGTGAAACCGCCCTCCTCCTCAAAAAATCCTAATCATGTGCTGTTACATTTTGA
50 GGACTGTACCATGGAGAGCCTCTTTCCCTGCTCTTTGTGCTCATGCATCACAAGATGATCCTTTGTATGTA
CTTGAAATTCCTACTGTTGGTTCGTATCTAAACTCCATATCACGGACCCCAAGAGGCCTCTTTTAAAG
AAAAGGAGATCTTTCCATTCAAATTTTCGCTTCTTTTCTTCCAGATTGCTCTTCCAAGGAAAGCTC
55 TCCTTCTATTATTCAAAAGAATGGTCAGTTATCCTTGCAGCAATAATGGTAGCATGAGTTCTGTGCGA
AATCATGTGAAGGCTCGGAGGAGCCATCTCTGCGGATGCTTTTCTCTACAACACAACCTATCTTTCA
CAGCTTTTGAAGAGAATTTCTTAAAGGAAATGGCGGAGCCATTCAGGCTCAAACCTTCTCTTTATCTAG
AAATGTGTCGCCTATTTCTTTCGCCCCGTAATCGTGGGATTAAATGGCGGCGCTATTTGCTGTAGTAAT
60 CTTATTTGTTTCAGGGAATGTAACCCCTCTCTTTTCACTGGAACTCCGCCACGAATGGAGGCGCTATTT
GTTGTATCAGCGATCTAAACACCTCAGAAAAAGGCTCTCTCTCTGCTTGTAAACCAAGAAACGCTATT
65 TGCAAGCAATTTGCTAAAGAAAAAGGCGGGCTATTTATGCCAAGCACATGGTATTGCGTTATAACGGT

ES 2 284 840 T3

CCTGTTTCCTTCATTAACAACAGCGCTAAAAATAGGTGGAGCTATCGCCATCCAGTCCGGAGGGAGTCTCT
CTATCCTTGCAGGTGAAGGATCTGTTCTGTTCCAGAATAACTCCCAACGCACCTCCGACCAAGGTCTAGT
AAGAAAACGCCATCTACTTAGAGAAGATGCGATTCTTTCTTCCCTTAGAAGCTCGCAACGGAGATATCTTT
5 TTCTTTGATCCTATTGTACAAGAAAGTAGCAGCAAAGAATCGCCTCTTCCCTCCTCTTTGCAAGCCAGCG
TGACTTCTCCACCCAGCCACCGCATCTCCTTTAGTTATTAGACAAGTGCAAACCGTTEAGTGATTTT
CTCGAGCGAACGTCTTTCTGAAGAAGAAAAAAGTCTGATAACCTCACTTCCCAACTACAGCAGCCTATC
GAAC TGAATCCGGACGCTTAGTTTTAAAGATCGCGCTGTCCTTTCCGGCCCTTCTCTCTCAGGATC
CTCAAGCTCTCCTCATTATGGAAGCGGGAACCTCTTTAAAAAAGTCTGATTTGAAGTTAGCTACGCT
10 AAGTATTCCCTTCACTTCTTAGATACTGAAAAAGCGTAAC TATCCACGCCCTAACCTTTCTATCCAA
AAGATCTTCTCTCTAATTCGGAGATGAGAATTTTTATGAAAATGTAGAGCTTCTCAGTAAAGAGCAAA
ACAATATCCTCTCTTACTCTCTTAAAGAGCAATCTCATTTACATCTTCCCTGATGGGACCTCTCTTC
TCAC TTTGGATATCAAGGAGATTGGACTTTTTCTTGGAAAGATTCTGATGAAGGGCATTCTCTGATTGCT
AATTGGACGCCTAAAAACTATGTGCCTCATCCAGAACGTCAATCTACACTCGTTGCGAACACTCTTTGGA
ACACCTATTTCCGATATGCAAGCTGTGCAGTCCGATGATTAAATACAATAGCGCACGGAGGACCTATCTATT
15 TGGAAACGTGGGGATCTGCTGTTTCTAATTTATTCTATGCTCACGACAGCTCTGGGAAACCTATCGATAAT
TGGCATCATAGAAGCCTTGGCTACCTATTCCGGTATCAGTACTCACAGTTTAGATGACCATTCTTTCTGCT
TGGCTGCAGGACAATTACTCGGGAAGTCCGATTCCTTTATTACGTTACAGAAACGACCTCCTATAT
AGCTACTGTACAAGCGCAACTCGCTACCCCTCTAATGAAAATCTCTGCACAGGCATGCTATAATGAAAGT
ATCCATGAGCTAAAAACAAAATATCGCTCCTTCTCTAAAGAAGGATTCCGATCCTGGCATAGCGTTGCAG
20 TATCCGGAGAAGTGTGCGCATCGATTCTATTGTATCCAATGGTTCCGGACTGTTAGCTCCTTCTCTAT
TTTCTCTAAACTGCAAGGATTTTCAGGAACACAGGACGGTTTGGAGGAGATTCCGGAGAGATTCCGGTCC
TTTTCTGCCAGCTCTTTCAAAAATATTTCACTTCTATGGGAATAACATTTGAAAAAAAATCCCAAAAA
CACGAAACTACTATTACTTTCTGGGAGCCTACATCCAAAGACCTAAAACGTGATGTGGAATCCGGACCTGT
AGTGTACTCAAAAATGCCGTCTCCTGGGATGCTCCTATGGCGAACTTGGATTCCGGAGCCTACATGTTT
25 AGGCTTACGAATCAAAGAGCTCTGCATAGACTTCAAGCCTGTTAAATGTGTCTTACGTACTGCGCGGGC
AAAGCCATAGTTACTCCTGGATCTGGGGACCACTTACAGGTTCTAG

>gi|3329346|gb|AAC68469.1| Proteína de Membrana Externa G Putatitva [*Chlamydia trachomatis*]

MQTSFHKFFLSMILAYSCCSLSGGGYAAEIMIPQGIYDGETLTVSFPYTVIGDPSGTTVFSAGELTLKNL
DNSIAALPLSCFNLGSLFTVLGRGHSITFENIRTSNQAALSDSANSGLFTIEGFKELSFNSNLSLAV
35 LPAATTNNGSQPTTTSTPSNGTIYSKIDLLLLNNEKFSFYSNLVSGDGGAI DAKSLTVQGISKLCVQFE
NTAQADGGACQVVTFSFAMANEAPIAFIANVAGVRRGGIAAVQDQGGVSSSTSTEDPVVSFSRNTAVEF
DGNVARVGGGIYSYGNVAFLNNGKTLFLNNAVSPVYLAABQPTNGQASNTSDNYGDGGAI FCKNGAQAAG
SNNSGSVSFDGBGVVFFSSNVAAGKGGAIYAKKLSVANCGPVQFLGNLANDGGAIYLGESGELSLSDADYG
DIIFDGNLKR TAKENAADVNGVTVSSQAI SMGSGGKITTLRAKAGHQILFNDPIEMANGNNOPAQSSEPL
40 KINDGEGYTGDIVFANGNSTLYQNVTIEQGRIVLREKAKLSVNSLSQTGGSLYMEAGSTLDFVTPPPQQ
PPAANQLITLSNLHLSSLANNVTPNPPAQDSEPAIIGSTTAGSVTISGPIFFEDLDDTAYDRY
DWLGSNQKIDVLKQLGTQPSANAPSDLTLGNEMPKYGYQGSWKLAWDPNTANNGPYTLKATWTKTYNP
GPERVASLVPNSLWGSILDIRSAHSAIQASVDGRSYCRGLWVSGVSNFFYHDRDALGQGYRIISGGYSLG
ANSYFGSSMFGLAFTFVGRSKDYVVCRSNHHACIGSVYLSKQALCGSYLFGDAPIRASYGFGNQHMKT
45 SYTFAEESDVRWNNCLVGEIGVGLP IVITPSKLYLNLRLPFVQAEFSYADHESFTEEGDQARAFRSHL
MNLSPVGVKFDRCSSSTHPNKYSFMGAYICDAYRTISGTQTLLSHQBTWTTDAFHLARHGVIIVRGSMA
SLTSNIEVYGHGRYERDTSRGYGLSAGSKVRF

>gi|3329342|gb|AE001360.1.: 7736-10777,

5 ATGCAAACGTCTTTCCATAAGTCTTTCTTTCAATGATTCCTAGCTTATTCTTGCTGCTCTTTAAGTGGGG
 GGGGGTATGCAGCAGAAATCATGATTCTCAAGGAATTTACGATGGGGAGACGTTAACTGTATCATTTC
 CTATACTGTTATAGGAGATCCGAGTGGGACTACTGTTTTTTCTGCAGGAGAGTTAACGTTAAAAAATCTT
 GACAATTCATATGCAGCTTTGCTTTAAGTTGTTTTGGGAACTTATTAGGGAGTTTTACTGTTTTAGGGA
 GAGGACACTCGTTGACTTTTCGAGAACATACGGACTTCTACAAATGGAGCTGCCTAAGTGACAGCGCTAA
 10 TAGCCGGTTATTTACTATTGAGGGTTTTAAAGAAATATCTTTTTTCCAATTGCAACTTACTTGCCTGA
 CTGCCTGCTGCAACGACTAATAATGGTAGCCAGACTCCGACGACAACATCTACACCGTCTAATGGTACTA
 TTTATTCTAAAACAGATCTTTTGTACTCAATAATGAGAAGTTCTCATTCTATAGTAATTTAGTCTCTGG
 AGATGGGGGAGCTATAGATGCTAAGAGCTTAACGGTTCAAGGAATTAGCAAGCTTTGTGTCTTCCAAGAA
 AATACTGCTCAAGCTGATGGGGGAGCTTGTCAAGTAGTACCAGTTTTCTCTGCTATGGCTAACGAGGCTC
 15 CTATTGCTTTATAGCGAATGTTGCAGGAGTAAGAGGGGAGGAGTTGCTGCTGTTTCAGGATGGGCAGCA
 GCGAGTGTCACTACTTCAACAGAAGATCCAGTAGTAAGTTTTTCCAGAAATACTGCGGTAGAGTTT
 GATGGGAACGTAGCCCGAGTAGGAGGAGGGATTTACTCTACGGGAACGTTGCTTTCTGAATAATGGAA
 AAACCTTGTCTTCAACAAATGTTGCTTCTCCTGTTTACATTGCTGCTGAGCAACCAAAATGGACAGGC
 TTCTAATACGAGTGATAATTACGGAGATGGAGGAGCTATCTTCTGTAAGAATGGTGCACAAGCAGCAGGA
 20 TCCAATAACTCTGGATCAGTTTTCTTGTAGTGGAGAGGAGTAGTTTTCTTTAGTAGCAATGTAGCTGCTG
 GGAAGGGGGAGCTATTTATGCCCCAAAAGCTCCGGTTGCTAACTGTGGCCCTGTACAATTTTAGGGAA
 TATCGCTAATGATGGTGGAGCGATTTATTTAGGAGAATCTGGAGAGCTCAGTTTATCTGCTGATTATGGA
 GATATTATTTTCGATGGGAATCTTAAAAGAACAGCCAAAGAGAATGCTGCCGATGTTAATGGCGTAACTG
 TGTCTTCAAGCCATTTCGATGGGATCGGGAGGGAAAATAACGACATTAAGAGCTAAAGCAGGGCATCA
 GATTCTCTTAAATGATCCCATCGAGATGGCAAACGGAAATAACCAGCCAGCGCAGTCTTCCGAACCTCTA
 25 AAAATTAACGATGGTGAAGGATACACAGGGGATATGTTTTTGTCTAATGGAAACAGTACTTTGTACCAAA
 ATGTTACGATAGAGCAAGGAAGGATGTTCTTCTGTAAGAAAGGCAAAATATCAGTGAATCTCTAAGTCA
 GAGGTGGGAGTCTGTATATGGAACTGGGAGTACATTTGATTTTGTAACTCCACAACCACCACAACAG
 CCTCCTGCGCTAATCAGTTGATCACGCTTCCAATCTGCATTTGTCTCTTTCTTTGTTAGCAAACA
 ATGCAGTACGAATCTCCTACCATCCTCAGCGCAAGATCTCATCCTGCAATCATGGTAGCACAAAC
 30 TGCTGGTCTGTTACAATTAGTGGGCCATCTTTTTTGGAGATTTGGATGATACAGCTTATGATAGGTAT
 GATTGGCTAGGTTCTAATCAAAAATCGATGCTCTGAAATTAACAGTTAGGGACTCAGCCCTCAGCTAATG
 CCCCATCAGATTTGACTCTAGGGAAATGAGATGCTCCTAAGTATGGCTATCAAGGAAGCTGGAAGCTTGCCTG
 GGATCTAATAACAGCAATAATGGTCTTATACTCTGAAAGCTACATGGACTAAAACGGGTATAATCCT
 GGGCTGAGCGAGTAGCTTCTTTGGTTCCAAATAGTTTATGGGGATCCATTTTAGATATACGATCTGCC
 35 ATTCAGCAATTCAGCAAGTGTGGATGGGCGCTCTTATTTGTCGAGGATTATGGGTTTCTGGAGTTTCGAA
 TTTCTTCTATCATGACCGCGATGCTTTAGGTCAGGGAATACGGTATATTAGTGGGGTTATCTCTTAGGA
 GCAAACCTCTACTTTGGATCATCGATGTTTGGTCTAGCATTTTACCGAAGTATTGGTAGTAAAGATT
 ATGTAGTGTGTCGTTCCCAATCATATGCTTGCATAGGATCCGTTTATCTATCTACCAAACAAGCTTTATG
 TGGATCCTATTTGTTCCGGAGATGCGTTTATCCGTGCTAGCTACGGGTTTGGGAACCAGCATATGAAAACC
 40 TCATACACATTTGCAGAGGAGAGCGATGTTCCGTGGGATAATAACTGTCTGTTGGAGAGATTGGAGTGG
 GATTACCGATTGTGATTACTCCATCTAAGCTCTATTGAATGAGTTGCGTCTTTCTGCAAGCTGAGTT
 TTCTTATGCCGATCATGAATCTTTTACAGAGGAGGCGATCAAGCTCGGGCATTCAGGAGTGGACATCTC
 ATGAATGCTCAGTTCCGTGTTGGAGTAAAATTTGATCGATGTTCTAGTACACACCCTTAATAATAAGCT
 TTATGGGGCTTATATCTGTGATGCTTATCGCACCATCTCTGGGACTCAGACAACACTCCTATCCCATCA
 45 AGAGACATGGACAACAGATGCCCTTTCATTTGGCAAGACATGGAGTCATAGTTAGAGGGTCTATGTATGCT
 TCTCTAACAAGCAATATAGAAGTATATGGCCATGGAAGATATGAGTATCGAGATACTTCTCGAGGTTATG
 GTTTGTAGTGCAGGAAGTAAAGTCCGGTTCTAA

50 >gi|3329345|gb|AAC68468.1| Proteína de Membrana Externa F Putativa [*Chlamydia trachomatis*]

55 MIKRTSLSFACLSFFYLSTISILQANETDILQFRRTFFSDREIQFVLDPASLITAQNI VLSNLQSNGTGA
 CTISGNTQTQIFSNVNTTADSGGAFDMVTTSTASDNANLLFCNNYCTHNKGGGAI RSGGPIRFLNNQD
 VLFYNNISAGAKYVGTGDENEKNRGGALYATITLTGNRTLAFINNMSGDCGGAISADTQISITDITVKGI
 LFENNHTLNBIPTYQENMARGGAI CSRRDLCSISNNSGPIVFNYNQGKGGAISATRCVIDNNKERIIF
 SKNSSLGWSOSSASNGGAIQTTOGFTLRNKGSIYFDSNTATHAGGAINCGYIDIRDNGPVYFLNNSAA
 WGAAFNLSKPRSATNYIHTGTGDIVFNNNVFTLDGNLLGKRKLFHINNNEITPYTSLGAKKOTRIYFY
 60 DLFQWERVKENTSNNPPSPTSRRITITVNPETFP SGAVVFSYNQMSDIRTLMGKEHNYIKEAPTTLKFGT
 LAIEDDAELBIFNIPPTQNPSTLLALGSGATLVGKHGKLNITNLGVILPIILKEGKSPQCIRVNPQDMT
 QNTGTGQTPSSTSSISTPMIIFNGRLSIVDENYESVYDSMDLSRGKAEQLILSIEETITNDGQLDNSWSSL
 NTSLLSPHYGYQGLWTFPNWITTYTITLNNNSAPTSATSIAEQKKTSETFTPSNTTASIPNIKASAG
 SSGSASNSGEVTTIKRHLVWNWAPVGYIVDP IRRGDLIANSLVHSGRNM TMGLRSLLPDNSWFALQAA
 65 TILFTKQKRLSYHGYSASKGYTVSSQASGAGHGFLLSFSQSSDKMKEKETNNRLSSRYYLSALCFEH
 PMFDRIALIGAAACNYGTHNMRSFYGTKKSSKGFHSTTLGASLRCELRDSMPLRSIMLTPFAQALFSRT
 EPASIRESGDLARLFTLEQAHTAVVSPIGIKGAYSSDTWPTLSWEMELAYQPTLYWKRPLLNITLLIQNNG
 SWVTINTPLAKHSFYGRGSHSLKFSHLKLFANYQAEVATSTVSHYINAGGALVF

ES 2 284 840 T3

>gi|3329342|gb|AE001360.1.: c7571-4467,

5
 10
 15
 20
 25

ATGATTAAGAAGAACTTCTCTATCCCTTTGCTTGCCTCAGTTTTTTTTTATCTTTCAACTATATCCATTTTGC
 AAGCTAATGAAACGGATACGCTACAGTTCGGCGATTACTTTTTTCGGATAGAGAGATTCAAGTTCGTCCT
 AGATCCCGCTCTTTAATTACCGCCAAAACATCGTTTTTATCTAATTTACAGTCAAACGGAAACCGGAGCC
 TGTACCATTTTCAGGCAATACGCAAACCTAAATCTTTTCTAATTCGGTTAACACCACCGCAGATTCTGGTG
 GAGCCTTTGATATGGTTACTACCTCATTCACGGCCTCTGATAATGCTAATCTACTCTTCTGCAACAATA
 CTGCACACATAATAAAGGCGGAGGAGCTATTTCGTTCCGGAGGACCTATTTCGATTCTTAAATAATCAAGAC
 GTGCTTTTTTATAATAACATACTCGGCAGGGGCTAAATATGTTGGAAACAGGAGATCACAACGAAAAAATA
 GGGGCGGTGCGCTTTATGCAACTACTATCACTTTGACAGGGAATCGAACTCTTGCCTTTTATTAACAATAT
 GTCTGGAGACTGCGGTGGAGCCATCTCTGCTGACTCAAAATATCAATAACTGATACCGTTAAAGGAATT
 TTATTTGAAAAAATCACACGCTCAATCATATACCGTACACGCAAGCTGAAAAATATGGCAGGAGGAGGAG
 CAATCTGTAGTAGAAGAGACTTGTGCTCAATCAGCAATAATCTTGGTCCCATAGTTTTTAACTATAACCA
 AGGCGGGAAAGGTGGAGCTATTAGCGCTACCCGATGTTGTTATTGACAATAACAAGAAAGAAATCATCTTT
 TCAAACAATAGTTCCTGGGATGGAGCCAATCTTCTTCTGCAAGTAACGGAGGAGCCATTCAAACGACAC
 AAGGATTTTACTTTTACGAAATAATAAAGGCTCTATCTACTTTCGACAGCAACACTGCTACACACGCGGGGG
 AGCCATTAACCTGTGGTTACATTTGACATCCGAGATAACGGACCCGCTATTTTTCTAAATAACTCTGCTGCC
 TGGGGAGCGCCTTTAATTTATCGAAACCACGTTTCAGCGACAAATTATATCCATACAGGGACAGGCGGATA
 TTGTTTTTAAATAAATACGTTGTCTTTACTCTTGACGGTAATTTATTAGGGAAACGGAACTTTTTTATAT
 TAATAATAAGAGATAACACCATATACATTTGCTCTCGGCGCTAAAAAAGATACTCGTATCTATTTTAT
 GATCTTTTCAATGGGAGCGTGTAAAGAAAAATACAGCAATAAACCACCATCTCCTACAGTAAAAACA
 CCATTACCGTTAACCCGAAACAGAGTTTTCTGGAGCTGTTGTGTTCTCCTACAATCAAATGTCTAGTGA
 CATAAGACTCTGATGGGTAAGAACACAATTACATTAAAGAAGCCCCAACTACTTTAAAATTCGGAAACG
 CTAGCCATAGAAGATGATGCAGAAATAGAAATCTTCAATATCCCGTTTACCCAAAATCCGACTAGCCTTC
 TTGCTTTAGGAAGCGGCGCTACGCTGACTGTTGGAAGCACGGTAAGCTCAATATTACAAATCTTGGTGT
 TATTTTACCATTATTTCTCAAAGAGGGGAAGAGTCCGCCTTGTATTTCGCGTCAACCACAAGATATGACC

30
 35
 40
 45

CAAAATACTGGTACCGGCCAACTCCATCAAGCACAAAGTAGTATAAGCACTCCAATGATTATCTTTAATG
 GGCGCCTCTCAATTGTAGACGAAAATTATGAATCAGTCTACGACAGTATGGACTCTCCAGAGGGAAAGC
 AGAACAACTAATTTCTATCCATAGAAAACCACTAATGATGGCAATTAGACTCCAATTTGGCAAAGTTCTCTG
 AATACCTCTACTCTCTCTCCACACTATGGCTATCAAGGCTATGGACTCCTAATTTGGATAACAACAA
 CCTATCCATCAGCTCAGCTTAATAATAATTTCTCAGCTCCAACATCTGCTACCTCCATCGCTGAGCAGAAA
 AACTAGTGAACCTTTTACTCTAGTAACACAACACTACAGCTAGTATCCCTAATATAAAGCTTCCGCGAGGA
 TCAGGCTCTGGATCGGCTTCCAATTCAGGAGAAGTTACGATTACCAAACATACCTTGTGTAAACTGGG
 CACCAGTCCGGCTACATAGTAGATCCTATTCTGATAGGAGATCTGATAGCCAAATAGCTTAGTACATTCAGG
 AAGAAACATGACCATGGGCTTACGATCATTACTCCCGGATAACTCTTGGTTTGTCTTGCAGGAGCTGCA
 ACAACATTAATTAACAAAACAACAAAACGTTTGAGTTATCATGGCTACTCTTCTGCATCAAAGGGGTATA
 CCGTCTCTTCTCAAGCATCAGGAGCTCATGGTATAAGTTTCTTCTTCTTCTCCAGTCACTGATAA
 GATGAAAGAAAAAGAAAACAATAAACCCTTTCTTCTCGTTACTATCTTCTGCTTTATGTTTCGAACAT
 CCTATGTTTGTATCGCATGCTCTTATCGGAGCAGCAGCTTGCAATTAAGAACACATAACATGCGGAGTT
 TCTATGGAACATAAAAAATCTTCTAAAGGGAAATTCACCTACAACCTTAGGAGCTTCTCTTCGCTGTGA
 ACTACGCGATAGTATGCCCTTACGATCAATAATGCTCAACCCCATTTGCTCAGGCTTTATTTCTCGAACA
 GAACCAGCTTCTATCCGAGAAAGCGGTGATCTAGCTAGATTATTTACATTAGAGCAAGCCCATATGCGG
 TTGCTCTCCAATAGGAATCAAAGGAGCTTATCTTCTGATACATGGCCAACTCTCTTGGGAAATGGA
 ACTAGCTTACCAACCCACCTCTACTGGAACGCTCTACTCAACACACTATTAATCCAAAATAACGGT
 TCTTGGGTACCCACAATAACCCATTAGCTAAAATTCCTTTTATGGGAGAGGTTCTCACTCCCTCAAAT
 TTTCTCATCTGAAACTATTTGCTAATCAAGCAGAAGTGGCTACTTCCACTGTCTCACACTACATCAA
 TGCAGGAGGAGCTCTGTCTTTTAA

>gi|3329344|gb|AAC68467.1| Proteína de Membrana Externa E Putativa [*Chlamydia trachomatis*]

55
 60
 65

MKFAFFFLIGNSLSGLAREVPSRIPLMPNSVDPPTKESLSNKISLTGDTNLTNLCYLDNLRYLAILLQK
 TPNEGAAVTITDYLSEFFDTQKEGIYFAKNLTPESGGAIGYASPNSTVEIRDITIGPVI FENNTCCRLFTW
 RNPYAADKIREGGAIHAQNLYINHNDVVGFMKNFSYVQGGAI STANTFFVSENQSCFLFMDNICIQTNT
 AGKGGAIYAGTNSNFESNNDLFFINNACCAGGAI FSPICSLTGMRGNI VFYNNRCFKNVETASSEASDG
 GAIKVTTRLDVITGNRGRIFFSDNITKNYGGAIYAPVVTLVDNGPTYFINNIANNKGGAIYIDGTSNSKIS
 ADRHAIIFNENIVMVTNANGTSTSANPPRRNAITVASSSGEILLGAGSSQNLIFDPIEVSNAAGVSVF
 NKEADQTVSVFSGATVNSADPHQRNLQTKTPAPLTLNNGFLCIEDHAQLTVNRFTQTGGVSVLGNLAVL
 SCYKNGTDSASNASITLKHIGLNLSSILKSGAEIPLLWVEPINNSMNYTADTAATFSLSDVKLSLIDY
 GNSPYESTDLTHALSSQPMLSEASDNQLQSENIDFSGLVNPHYGWQGLWTWGWAKTQDPEPASSATIT
 DPQKANRFERTLLL TWLPAGYVSPKHRSP LANTLWGNMLLATESLKNSAELTPSGHPFWGITGGGLGM
 MVYQDPRENHPGFHMRSSGYSAGMLAGQTHFSLKFSQTYTKLNERYAKNNVSSKNYSQGEMLFSLQEG
 FLLTKLVGLYSYGDHNCHEFYTQGENLTSQGTFRSQIMGGAVFFDLPMKPFGSTHILTAPFLGALGIYSS
 LSHFTEVGLAYPRSPSTKTPLINVLVPIGVKGSFMNATHERPQAWTVELAYQPVLVYRQEPGIAAQLLASKGI
 WFGSGSPSSRHAMS YKISQQTQPLSWLTLHFQYHGFYSSSTFCNYLNGEIALRF

>gi|3329342|gb|AE001360.1.: c4464-1570,

ATGAAAAAAGCGTTTTTCTTTTCTTATCGGAAACTCCCTATCAGGACTAGCTAGAGAGGTTCCCTCTA
 5 GAATCTTTCTTATGCCCAACTCAGTTCAGATCCTACGAAAGAGTCGCTATCAAATAAAATTAGTTTGAC
 AGGAGACACTCACAATCTCACTAAGTCTATCTCGATAACCTACGCTACATACTGGCTATTCTACAAAA
 ACTCCCAATGAAGGAGCTGCTGTCACAAATAACAGATTACCTAAGCTTTTTTGATACACAAAAAGAAGGTA
 TTTATTTTGCAAAAAATCTCACCCCTGAAAGTGGTGGTGGATTGGTTATGCGAGTCCCAATTCCTCTAC
 CGTGGAGATTCTGTGATACAATAGTCTCTGTAATCTTTGAAAAATAATACCTGTTGCAAGACTATTACATGG
 10 AGAAATCCTTATGCTGCTGATAAAAATAAGAGAAGGCGGAGCCATTATGCTCAAAAATCTTTACATAAATC
 ATAATCATGATGTGGTGGGATTATGAAGAACTTTCTTATGCTCAAGGAGGAGCCATTAGTACCGCTAA
 TACCTTTGTTGTGAGCGAGAATCAGTCTTGTCTTCTTATGGAACAATCTGTATTCAAACCTAATACA
 GCAGGAAAAGTGGCGCTATCTATGCTGGAACGAGCAATCTTTGAGAGTAATAACTGCGATCTCTCTCT
 TCATCAATAACGCTGTTGTGTCAGGAGGAGCGATCTTCTCCCTATCTGTTCTTAAACAGGAAAATCGTGG
 TAACATCGTTTTCTATAACAATCGCTGCTTTAAAAATGTAGAAACAGCTTCTTCAAGACTTCTGATGGA
 15 GGAGCAATTAAGTAACCTACCTGCTAGATGTTACAGGCAATCGTGGTAGGATCTTTTTTAGTGACAATA
 TCACAAAAAATTATGGCGGAGCTATTTACGCTCCTGTAGTTACCTAGTGATAATGGCCCTACCTACTT
 TATAACAATATCGCCAATAATAAGGGGGCGCTATCTATATAGACGGAACAGTAACCTCAAAAATTTCT
 GCCGACCGCATGCTATTATTTAATGAAAAATTTGAGACTAATGTAACCTAATGCAAAATGGTACAGTA
 CGTCAGCTAATCTCCTAGAAAGAAATGCAATAACAGTAGCAAGCTCCTCTGGTGAATTTCTATTAGGAGC
 20 AGGGAGTAGCCAAAATTTAATTTTTATGATCCTATTGAAGTTAGCAATGAGGGGCTCTGTTGCTCTTC
 AATAAGGAAGCTGATCAACAGGCTCTGTAGTATTTTCAGGAGCTACTGTTAATTTCTGCAGATTTTCATC
 AACGCAATTTCAAAAACAAAACACCTCGACCCCTACTCTCAGTAATGGTTTTCTATGTAATCGAAGATCA
 TGCTCAGCTTACAGTGAATCGATTACACAACTGCGGGGTGTTGTTTTCTCTGGAAATGGGAGGTTCTG
 AGTTGCTATAAAAATGGTACAGGAGATTCTGCTAGCAATGCCTCTATAAACAATGAAGCATATTGGATTGA
 ATCTTTCTCCATTCTGAAAAGTGGTGTGAGATTCTTTATTGTTGGTGTAGAGCCTACAAATAACAGCAA
 25 TAACTATACAGCAGATACTGCAGCTACCTTTTCAATTAAGTGTATAAACTCTCACTCATTTGATGACTAC
 GGAACCTCTCCTTATGAATCCACAGATCTGACCAATGCTCTGTCTATCAAGCCTATGCTATCTATTTCTG
 AAGCTAGCATAACAGCTACAATCAGAAAATATAGATTTTTCGGGACTAAATGTCCCTATTATGGATG
 GCAAGGACTTTGGACTTGGGGCTGGGCAAAAACCTCAAGATCCAGAACCAGCATCTTACGCAACAATCACT

 30 GATCCAAAAAGCCAATAGATTTTATAGAACCTTACTACTAACATGGCTTCTGCGGGTATGTTCTTA
 GCCCAAAACACAGAAGTCCCTCATAGCTAACACCTTATGGGGGAATATGCTGCTGCAACAGAAAGCTT
 AAAAAATAGTGCAGAGCTGACACCTAGTGGTATCCTTTCTGGGGAATTACAGGAGGAGGACTAGGCATG
 ATGGTTTACCAAGATCCTCGAGAAAATCATCTGGATTCCATATGCGCTCTTCCGGATACCTGCGGGGA
 TGATAGCAGGGCAGACACACCTTCTCATTGAAATTCAGTCAGACCTACACCAAACCTCAATGAGCGTTA
 35 CGCAAAAAACAACGTATCTTCTAAAAATTAATGCTAGCAAGGAGAAATGCTCTTCTCATTGCAAGAAGGT
 TTTCTGCTGACTAAATAGTTGGGCTTTACAGCTATGGAGACCATAAATGTCACCAATTTCTTACTCAAG
 GAGAAAATCTAACATCTCAAGGGACGTTCCGCACTCAACGATGGGAGGTGCTGCTTTTTTGTATCTCCC
 TATGAAACCCTTTGGATCAACGCATATACTGACAGCTCCCTTTTATGGTGTCTTGGTATTTATCTAGC
 CTGCTCACTTTACTGAGGTGGGAGCTATCCGCGAAGCTTTTCTACAAAGACTCCTTTGATCAATGTCC
 TAGTCCCTATTGGAGTTAAAGGTAGCTTTATGAATGCTACCCACAGACTCAAGCCTGGACTGTAGAATT
 40 GGCATACCAACCCGTTCTGTATAGACAAGAACCAGGATCGCAGCCAGCTCCTAGCAGTAAAGGGTATT
 TGGTTCCGGTAGTGAAGCCCTCATCCGCTCATGCGATGCTCCTATAAAAATCTCACAGCAACAACCTT
 TGAGTTGGTTAATCTCCATTTCCAGTATCATGGATTCTACTCTCTTCAACCTTCTGTAATTTATCTCAA
 TGGGGAATGCTCTGCGATTCTAG

>gi|3329279|gb|AAC68408.1| Proteína de Membrana Externa D Putativa [*Chlamydia trachomatis*]

MSSEKDIKSTCSKFLSLSVVAAILASVSLASCVDLHAGGQSVNELVYVGPQAVLLLDQIRDLFVGSKDSQ
 AEGQYRLIVGDPSSPQEKDADTLPGKVEQSTLFSVTPVVFQGVDDQDQVSSQGLICSFSSNLDSPRDG
 50 ESFLGLIAFVGDSSKAGITLTDVKASLSGAALYSTEDLIFEKIKGGLEFASCSSLEQGGACAAQSILIHDC
 QGLQVKHCTAVNAEGSSANDELGFGGGAFFVTGSLGSEKSLYMPAGDMVVANCDGAI SFEGNSANFANG
 GAIAASGVLFVANDKKTSPFIENRALSGGALAASSDIAFQNCALVFKGNCAIGTEDKGLSGGGAISSLG
 TVLLQNGHITCDKNESASQGGAI PGKNCQISDNEGPVFRDSTACLGGGALAAQEVSIQNNQAGISFE
 GKGASFGGGLACGSFSSAGGASVLGTIDISKNLGAISFRTLCTTSDLGQMEYQGGALFGENISLSENA
 55 GVLTFKDNIVKTFASNGKILGGGAILATGKVEITNNSGIFSFTGNARAPQALPTQEFPLFSKKEGRPLS
 SGYSGGGAILGREVAIILHNAAVVFEQNRQLQSEEEATLLGCCGGGAVHGMDSISIVGNSSVRFGNVYAMG
 QGVVSGGALLSKTVQLAGNGSVD FSRNIALSGGALQASEGNCELVNDNGYVLPFRDNRGRVYGGAI SCLRGD
 VVISGNKGRVEFKDNIAATRLVVEETVEKVEEVEPAPEQKDNNELSFLGRAEQSFITAAANQALFASEDGL
 SPESSISSEELAKRRRCAGGAI FAKRVRIVDNQEAVVPSNPFSDIYGGAI FTGSLREEDKLDGQIPEVLI
 60 SGNAGDVVFSGNSSKRDEHLPHTGGGAICTQNLTI SQNTGNVLFYNNVACSSGAVRIEDHGNVLLRAFGG
 DIVFKGNSSFRAQSDAIYFAGKESHI TALNATEGHAIVFDALVFENLEERKSAEVLINSRENPLSYGTG
 SIRFLEAESKVPQCIHVQGSLELLNGATLCSYGFQDAGAKLVLAAGAKLKI LDSGTPVQOQGHAI SKPE
 AEIESSEBPEGABSLWIAKNAQTTPMVDIHTISVDLASFSSSQEGTVEAPQVIVPGGSYVRSSELNLE
 LVNNTGTGYENHALLKNEAKVPLMSFVASGDEASAEISNLSVSDLQIHVVTPETI EEDTYGHMGDWSEAKI
 65 QDGLTVISWNPTGYRLDPQKAGALVFNALWBEAVLSALKNARFAHNLTAQRMEFDYSVNVWGFAPGGFR
 TLSAENLVAIDGYKGAAGGASAGVD IQLMEDFVLGVSGAAFLGKMSQKFDAEVSRKGVTVVSGVYTFGLAG
 SWFFKQYSLGTEQNDMKTRYGVLGESASWTSRGLDALVEYRSLVGFPVRPTFYALHFNPNYVEVSYAS
 MKFPGPTEQGREARSFEDASLTNITIPLMKFELEAFIKGFSEVNSLGISYAWAYRKEVGGAVQLLEAG
 FDWEGAPMDLPRQELRVALENNTEWSSYFSTVLGLTAFCGGFTSTDSKLGYEANTGLRLIF

ES 2 284 840 T3

>gi|3329271|gb|AE001353.1.: 1:9710-14305,

5 ATGAGTCCGAGAAAGATATAAAAAGCACCTGTTCTAAGTTTCTTTGTCTGTAGTAGCAGCTATCCTTG
CCTCTGTAGCGGGTTAGCTAGTTGCGTAGATCTTCATGCTGGAGGACAGTCTGTAAATGAGCTGGTATA
TGTAGGCCCTCAAGCGGTTTTATTGTTAGACCAAATTCGAGATCTATTCGTTGGGTCTAAAGATAGTCAG
10 GCTGAAGGACAGTATAGGTTAATTGTAGGAGATCCAAGTTCTTTCCAAGAGAAAGATGCCGATACTCTTC
CCGGGAAGGTAGAGCAAAGTACTTTGTTCTCAGTAACCAATCCCGTGGTTTTCCAAGGTGTGGACCAACA
GGATCAAGTCTCTCCCAAGGGTTAATTGTAGTTTTACGAGCAGCAACCTTGATTCTCCTCGTGACGGGA
GAATCTTTTTAGGTATTGCTTTTGTGGGATAGTAGTAAGGCTGGAATCACATTAACCTGACGTGAAAAG
15 CTCTTGTCTGGAGCGGCTTTATATTCTACAGAAGATCTTATCTTTGAAAAGATTAAGGGTGGATTGGA
ATTTCATCATGTTCTCTCTAGAACAGGGGGGAGCTTGTGCAGCTCAAAGTATTTTGATTGATGATTGT
CAAGGATTGCAGGTTAAACACTGTACTACAGCCGTGAATGCTGAGGGGTCTAGTGCGAATGATCATCTTG
GATTTGGAGGAGGCGCTTTCTTTGTTACGGGTTCTCTTTTGGAGAGAAAAGTCTCTATATGCCCTGCAGG
AGATATGGTAGTTGCGAATTGTGATGGGGCTATATCTTTTGAAGGAAACAGCGCGAACTTTGCTAATGGA
20 GGAGCGATTGCTGCCCTCGGAAAAGTGTCTTTTGTGCTAATGATAAAAAGACTTCTTTTATAGAGAAC
GAGCTTTGTCTGGAGGAGCGATTGCAGCCTCTCTGATATTGCCCTTCAAACCTGCGCAGAAGCTAGTTTT
CAAAGGCAATTGTGCAATTGGAACAGAGGATAAAGGTTCTTTAGGTGGAGGGGCTATATCTTCTTAGGC
ACCGTCTTTTGAAGGGAATCACGGGATAACTTGTGATAAGAATGAGTCTGCTTCGCAAGGAGGCGCCA
TTTTGGCAAAAATTGTCAGATTTCTGACAACGAGGGCCAGTGGTTTTTCAGAGATAGTACAGCTTGTCT
25 AGGAGGAGGCGCTATTGCAGCTCAAGAAATTGTTTCTATTTCAGAACAAATCAGGCTGGGATTTCCTTCGAG
GGAGTAAGGCTAGTTTCGGAGGAGGTATGCGGTGTGGATCTTTTCTTCGCGAGGTGGTGTCTGTGTTT
TAGGGACCATTTGATATTTCGAAGAATTTAGGCGCGATTTCGTTCTCTGACTTTATGTACGACCTCAGA
TTTAGGCAAAATGGAGTACCAGGGAGGAGGACTCTATTTGGTGAATAATTTCTTTCTGAGAATGCT
GGTGTCTCACCTTTAAGACAACATTGTGAAGACTTTTGTCTCGAATGGGAAAATTCGGGAGGAGGAG
CGATTTTAGCTACTGGTAAGGTGGAATTAATAAATTCGAAGGAATTTCTTTTACAGGAAATGCGAG
30 AGCTCCACAAGCTCTCCAACCTCAAGAGGAGTTTCTTTATTTCAGCAAAAAGAAGGGCGACCACTCTCT
TCAGGATATTCTGGGGAGGAGCGATTTTAGGAAGAGAAGTAGCTATTCTCCACACCGCTGCAGTAGTAT
TTGAGCAAAATCGTTTGCAGTGCAGCGAAGAAGCCGACATTATTAGGTTGTTGTGGAGGAGGCGCTGT
TCATGGGATGGATAGCACTTCGATTGTTGGCAACTCTTCAGTAAGATTGGTAATAATTACGCAATGGGA
35 CAAGGAGTCTCAGGAGGAGCTCTTTATCTAAAACAGTGCAGTTCAGTGGAAATGGAAGCGTTCGATTTTT
CTCGAAATATTGCTAGTTTGGGAGGAGGAGCTCTTCAAGCTTCTGAAGGAATTTGTGAGCTAGTTGATAA
CGGCTATGTCTATTTCAGAGATAATCGAGGGAGGTTTATGGGGGTGCTATTTCTGCTTACGTGGAGAT
GTAGTCAATTTCTGGAACAGGGTAGAGTTGAATTTAAGACAACATAGCAACCGCTTTTATGTGGAAG
AACTGTAGAAAAGGTTGAAGAGGTAGAGCCAGCTCCTGAGCAAAAAGACAATAATGAGCTTTCTTTCTT
40 AGGAGAGCAGAACAGAGTTTATTACTGCAGCTAATCAAGCTCTTTTCGCATCTGAAGATGGGATTTA
TCACCTGAGTCACTCATTCTCTGAAGAACTTGCAGAAAAGAAGAGAGTGTGCTGGAGGAGCTATTTTTG
CAAAAACGGGTTGCTATTGTAGATAAACAAGAGGCCGTTGTATTCTCGAATAACTTCTCTGATATTTATGG
CGGCGCATTTTTACAGGTTCTCTTCGAGAAGAGGATAAGTTAGATGGGCAATCCCTGAAGTCTTGATC
45 TCAGGCAATGCAGGGGATGTTGTTTTTCCGGAATTCCTCGAAGCGTGTAGGATCTTCTCATAACAG
GTGGGGGAGCCATTTGACTCAAAATTTGACGATTTCTCAGAATACAGGGAATGTTCTGTTTTATAACAA
CGTGGCCTGTTTCGGAGGAGCTGTTGCTATAGAGGATCATGGTAATGTTCTTTTGAAGCTTTTGGAGGA
GATATTGTTTTTAAAGGAATTTCTTTTCAGAGCACAGGATCCGATGCTATCTATTTTGCAGGTAAG
AATCGCATATTACAGCCCTGAATGCTACGGAAGGACATGCTATTGTTTTCCACGACGCATTAGTTTTTGA
AACTTAGAAGAAAGGAAATCTGCTGAAGTATTGTTAATCAATAGTCGAGAAAATCCAGGTTACACTGGA
50 TCTATTTCGATTTTTTAGAAGCAGAAAGTAAAGTTCTCAATGTATTCTATGTACACAAAGGAAGCCTTGAGT
TGCTAAATGGAGCCACATTATGTAGTTATGGTTTTAACAAGATGCTGGAGCTAAGTTGGTATTGGCTGC
TGAGCTAAACTGAAGATTTTAGATTACGAACTCTGTACAAACAAGGGCATGCTATCAGTAAACCTGAA
GCAGAAAATCGAGTCACTCTTGAACCAGAGGGTGCACATTCTCTTTGGATTGCGAAGAATGCTCAAACAA
CAGTTCTATGTTGATATCCATACTATTTCTGTAGATTTAGCCTCTCTCTCTTAGTCAACAGGAGGG
55 GACAGTAGAAGCTCCTCAGGTTATTGTTCTCGAGGAAGTTATGTTCCGATCTGGAGAGCTTAATTTGGAG
TTAGTTAAACAACAGGTAAGTTATGAAAATCATGCTTTATTGAAGAATGAGGCTAAAGTTCCATTGA
TGTCTTTCGTTGCTTCTGATGAAGCTTCAGCGAAATCAGTAACCTTGTGCGTTTCTGATTTACAGAT
TCATGTAGTAACCTCCAGAGATTGAAGAAGCACATAACGGCCATATGGGAGATTGGTCTGAGGCTAAAATT
CAAGATGGAACCTTGTCTATTAGTTGGAATCCTACTGGATATCGATTAGATCCTCAAAGAGCAGGGGCTT
TAGTATTTAATGCATTATGGGAAGAAGGGGCTGCTTGTCTGCTCTGAAAATGCACGCTTTGCTCATAA
60 TCTCACTGCTCAGCGATGGAATTCGATTATTCACAAATGTGTGGGATTGCGCTTTGGTGGTTTTCCGA
ACTCTATCTGCAGAGAATCTGGTTGCTATTGATGGATACAAAAGGAGCTTATGGTGGTCTTCTGCTGGAG
TCGATATTCAATTGATGGAAGATTTTGTCTTAGGAGTTAGTGGAGCTGCTTTCTTAGGTAATAAGGATAG
TCAGAAGTTGATGCGGAGGTTTCTCGGAAGGGAGTTGTTGGTTCTGTATATACAGGATTTTTAGCTGGA
TCTTGGTTCTTCAAAGGACAATATAGCCTTGGAGAAAACAGAACGATATGAAAACCGGTTATGGAGTAC
TAGGAGAGTCCAGTGTCTTCTGGACATCTCGAGGAGTACTGGCAGATGCTTTAGTTGAATACCGAAGTTT
65 AGTTGGTCTGTGAGACCTACTTTTTATGCTTTGCATTTCAATCCTTATGTGCGAAGTATCTTATGCTTCT
ATGAAAATTCCTGGCTTTACAGAACAAAGGAAGGAAGCGGTTCTTTTGAAGACGCTTCCCTTACCAATA
TCACCATTCTTTAGGGATGAAGTTTGAATTTGGGTTTCATAAAAGGACAGTTTTCAGAGGTGAACCTTTT
GGGAATAAGTTATGCATGGGAAGCTTATCGAAAAGTAGAAGGAGGCGCGGTGCAGCTTTTAGAAGCTGGG
TTTGGATTGGGAGGAGCTCCAATAGGATCTTCTAGACAGGAGCTGCGTGTGCTCTGGAAAATAATACGG
AATGGAGTTCCTTACTTCAGCACACTTAGGATTAACAGCTTTTTTGTGGAGGATTACTTCTACAGATAG
TAAACTTAGGATATGAGGCGAATACTGGATTGCGATTGATCTTTTAA

ES 2 284 840 T3

>gi|3329169|gb|AAC68308.1| Análogo de Proteína de Membrana Externa [*Chlamydia trachomatis*]

MSSKL VNYLRLTFLSFLGIASTSLDAMPAGNPAFPVPIPGINIEQKNACSFDL CNSYDVL SALS GNKLKLCF
5 CGDYI FSEEAQVKDVPVVVTSVTTAGVGPSPDITSTTKTRNFDLVN CNLNTNCVAVAFSLPDRSLSAIPLF
DVSFEVKVGGGLKQYYRLPMNAYRDFITSEPLNSESEVTDGMIEVQSNYGFVWDVSLK KVIWKDGVSVFVGVG
ADYRHASCPIDYI IANSQANPEVFIADSDGKLNFKEWSVCVGLTTYVNDYVLPYLAFSIGSVSRQAPDDS
FKKLEDRFTNLKFKVRKITSSHRGNI CIGATNYVADNFFYNVEGRWGSQRVAVNVSGGFQF

>gi|3329166|gb|AE001342.1: c4638-3616,

ATGAGTAGCAAGCTAGTGAAC TACTCTCCGTTTGACTTTCTATCTTTTTTAGGGATCGCATCTACTTTCAT
15 TAGACGCTATGCCTGCGGGAATCCGGCGTTTCCAGTCATCCCGGGGATTAATATGAACAGAAAAATGC
CTGTTCTTTTCGATTTATGTAATTCTTATGATG TACTATCCGCAC TGTCGGTAACTGAAGCTCTGCTTC
TGCGGAGATTATATCTTTTCAGAAGAAGCTCAGGTAAAAGATGTCCCTGTCGTTACCTCTGTGACAACAG
CTGGGGTTGGTCTTCTCCTGATATTACTTCGACAACCAAAACGCGAAATTCGATCTCGTGAACGTAA
20 TCTCAATACAAACTGTGTAGCTGTAGCTTTTCCCTTCTGATCGTTCGCTGAGCGCGGATTCCTCTGTTT
GATGTGAGTTTCGAAGTGAAGTAGGAGGACTGAAACAATACTACCGCTTCCCATGAATGCCTATCGAG
ACTTACACTCGGAACCTCTCAATTCGAA TCAGAAGTTACGGACGGGATGATTGAAGTACAGTCCAATTA
CGGATTTGTTTGGGATGTTAGCTTGA AAAAAGTCATATGGAAGATGGCGTTTCTTTGTAGGCGTCCGT
GCAGACTATCGCCATGCTTCTTGCCCTA TTGACTACATCATTGCAAACAGTCAAGCTAATCCAGAAGTAT
25 TCATCGCTGACTCGGATGGGAAACTGA ACTTCAAGGAGTGGAGTGTCTGCGTAGGTCTTACTACCTATGT
GAATGACTACGTTCTTCTTACTTAGCGTTTCTATAGGGAGTGTTCCTCGCCAAGCTCCGGACGACAGC
TTCAAAAATTAGAAGATCGCTTCACTAACCTCAAATTTAAAGTTCGTA AAAATTACCAGCTCTCATCGTG
GAAACATCTGCATCGGAGCGACAAACTATGTCGCGGATAACTTCTTCTACAACGTAGAAGGAAGATGGGG
AAGCCAGCGCGCTGTGAACGTCTCCGAGGATTCCAATTCTAA

>gi|3328866|gb|AAC68034.1| Sulfito Reductasa [*Chlamydia trachomatis*]

MSLFSKFKAQWMLHSRELCSSSTSDIGNTCSDPVQVLCNPVRSEISYKVGDSLGVFPNPSILVDSVLD
35 ALQYGRSPVVSRHADSVLPLHEFLTSYVDL DKIPKSLRPFPPGDLDDTWSLAEAILVYQPRI PFEEFIR
SAMPLPRFYSIASSPTCSHGKLELL VRCVSVFQKTLQRYGLCSAFLCKDLQEGESFRGFIQPTRHFTLE
QKNFGKPLIMIGAGTG IAPYKGFLOHRI YHQDVGSNIFL FGERFEKSNFYRDFLQELIVSGKLQLFTAF
SRDSESKLYVQVNI EQKELIQEVYQEAF FVCGKKILGTEVKRALEQLILGPKAVRELI AQRLVSDVY

>gi|3328863|gb|AE001317.1.: c2573-1521,

ATGCTTTATTTTCTAAATTC AAGCTCAGTGGATGTTTTACATTCACGTGAGCTTTGTTCTTCCACAT
45 CGGATATGGGAATACTTGTTCGGATCC TGTTTTT CAGGTTTTATGTAATCCGGTTCGTTCTGAGATTT
CTATAAAGTTGGGGATTCTTTGGGGG TATTCCCAACAAATCCTTCCATATTAGTCGATT CAGTTCTAGAT
GCTTTACAGTATGGCCCAGGTCCTCTGTCGATCTCGGCATGCAGATTCTGTTCTCCCTCTCACGAAT
50 TCTTACTAGTTACGTAGACTTAGATAAAAATTC AAAATCGTTAAGACCTTTTTTCCAGGGGATTTAGA
CGATACCTGGTCTTTAGCTGAAGCTA TTTTGGTTTACCAGCCGCTATTCTTTTGAAGAGTTTTATTCCG
AGTGCATGCCTTTATGCTCTGATTTTATTCTATAGCTTCTTCTCCAACATGTTCTCATGGGAAGCTAG
AGTTGCTCGTGCCTGTGTTAGTTT CCAAGGTA AACCGCAGCTGCGCTATGGATTATGTTCCGGCTTTTTT
ATGTAAGGACTTACAAGAGGGAGAGTCTTTTCGTGGGTTTATACAACCGACGCGGCATTTTACTTTGGAG
55 CAGAAAAATTTTGGGAAACCTTTAAT TATGATCGGAGCAGGACAGGTATCGCTCCGTACAAGGGTCT
TACAACATCGAATATACCATCAGGACGTAGGCTCCAATATCTATTCTTTGGAGAGCGTTTTGAGAAAAG
TAACTTCTATTACCGGGATTTCTCCAGGAGCTGATCGTTTCAGGAAAACCTCCAGTATTCCAGCCCTT
TCCAGAGATTCAGGCTAAATTTGTA TGTTCAGAATGTTATAGAGCAACAAAAGA ACTTATACAAGAAG
60 TCTACGAACAAGAAGCTTCTTTTGT TGTGGGAAAAAAATCCTTGGTACGGAAGTTAAACGTGCTTT
AGAGCAGATATTAGGTCCTAAGCGGTACGAGAGCTGATTGCACAGAAGAGACTAGTTTCAGACGTATAC
TAA

ES 2 284 840 T3

>gi|3328843|gb|AAC68011.1| Proteína de Membrana Externa C Putativa [*Chlamydia trachomatis*]

5 MKPMSATAVFAAALS SVTEASSIQDQIKNTDCNVSKLGYSTSOAFTDMMLADNTEYRAADSVSFYDFST
SRLPRKELSSSEASPTTEGVSSSSSGETDEKTERELDNGGIIYAREKLTISESQDSLNSQIELEHNSI
PFGEGEVIFDHRVALKNGGAIYGEKEVVFENIKSLLVEVNLAVEKGGSVYAKERVSLENVTEATPSSNGG
EQGGGGIYSEQDMLISDCNNVHFQGNAAAGATAVKQCLDREMIVLLAECVDSLSEDTLDSTPETEQTESNG
10 NQDGSSE TEDTQVSESPSTPSPDDVLGKGGGIYTEKSLTITGITGTIDFVSNIA TDSGAGVFTKENLSC
TNINSLQFLKNSAGQHGGGAYVTQIMSVNTTSESIITPPLIGEVI FSENTAKGHGGGICTNKL SLSNLK
TVLTKNSAKESGGAIFD LASIPITDTPESSTPSSSSPASTPFRVVASAKINRFFASTAKPAAPSLTEAR
SDQTDOTETS DINSIDVSIENILNVA INQNTSAKKGAIYKKA KLSRINNLELSGNSSQDVGGLCLT
ESVEFDAIGSLLSHYNSAAKEGGA IHSKTIVTLSNLKSTPTPADNTVKAIVESTPEAPERIPVVEGEESTA
15 TEDPNSNTEGSSANTNLEGSQGD TADTGTGDVNNESQDTS DTGNAESEEQ LQDSTQSNRENTL PNSNIDQ
SNENTDESSD SHTEEITDESVS SSSSESGSSTPQDGAASSGAPSGDQSI SANACLAKSYAAS TSSPVS
SSGSEEPVTS SSSDSDVTASSDNP DSSSSGDSAGDSEEPTEPEAGSTTETLTLIGGGAIYGETVKIENFSG
QGIFSGNKAI DNTTEGSSSKSDV LGGAVYAKTLFNLD SGSSRRRTVTPSGNTVSSQS TTGQVAGGAIY SPT
VTIATPVVFSKNSATNNANNTD TQRKDTFGGAIGATS AVLSGGAHFLENVADLGSAILGLVPGTQNTET
VKLESGSYYPEKNKALKRAT IYAPVVS IKAYTATFNQNRSL EEGSAIYFTKEAS IESLGSVLPFGNLVTL
20 TLSTTTTEGT PATTSGDVTKYGAAL FGQIASSNGSQT DNLPLKLIASG GNICFRNNEYRPTS SDTGTSTFC
S IAGDVKLTMQA AKGKTI SFDAIRTS TKKTGTQATAYD TLDINKSE DSETVNSAFTGTILP SSELHENK
SYIPQNVVLHSGSLV LKPNTELHVIS FEQKEGSSLMVTPGS VLSNQTVADGALVINNM TIDLSSVEKNGI
AEGNI FTPELR I IDTTTGGSGGTP STDSESNQNSDDTEE QNNNDASNQGES ANGS SSPAVAAHTSRTR
NFAAAATATPTTPTATTTTS NQVILGGEIKLIDP NGTFFQNPALRSDQQI SLLVLPDTS KMQAQKIVL
25 TGDIAPOKGTGT LTLDPDQLQNGT ISVLWKFD S YRQWAYVPRDNH FYANS ILGSQMLMVTVKQGLLNDK
MNLARFEEVSYNNLWISGLG TMLSQVGTPTSEEF TYYSRGASVALD AKPAHDVIVGAAPSKMIGTKSLK
RENNYTHKGEYSYQASVYGGK PPHFVIN KCTEKS LPLLLQGVISYGYIKHDTVTHYPTIRERNKG EWED
30 LGWLTALRVSSVLRTPAQGDTKRITVYGELEYSSIRQKQFTET EYDPRYFDNCTYRNLAI PMGLAFEGEL
SGNDILMYNRF SVAYMLSIYRNSPTCKYQV LSSGEGE IICGVPTRNSARGEYSTQLYLGLPWLTYLGSYT
IRADAHTLAHMNCGARMTF

>gi|3328842|gb|AE001315.1.: 120-5432,

35 ATGAAATTTATGTCAGCTACTGCTGTATTTGCTGCGCACTCTCCTCCGTTACTGAGGGCGAGCTCGATCC
AAGATCAAATAAAGAATA CCGACTGCAATGTTAGCAAAT TAGGATATTC AACTTCTCAAGCATTTACTGA
TATGATGCTAGCAGACAACACAGAGTATCGAGCTGCTGATAGTGTTCATTCTATGACTTTTCGACATCT
40 TCCAGATTACCTAGAAAACATCTTAGTAGTAGTAGTGAAGCTTCTCCAACGACAGAAGGAGTGTCTTCAT
CTTCATCTGGAGAAACTGATGAGAAAA CAGAAGAAGAACTAGACAA TGGCGGAATCATTATGCTAGAGA
GAAACTA ACTATCTCAGAATCTCAGGACTCTCTCTCTAATCAAAGCATAGAACTCCATGACAA TAGTATT
TTCTTCGGAGAAGGTGAAGTTATCTTTGATCACAGAGTTGCCCTCAAAAACGGAGGAGCTATTTATGGAG
AGAAAGAGGTAGTCTTTGAAAACATAAAATCTCTACTAGTAGAAGTAAATATCGCGGTCGAGAAAGGGGG
TAGCGTCTATGCAAAAAGAACGAGTATCTTTAGAAAATGTTACCGAAGCAACCTTCTCCTCCAATGGTGGG
45 GAACAAGGTGTTGGTGAATCTATTCAGAACAGGATATGTTAATCAGTGATTGCAACAAATGACATTTCC
AAGGGAATGCTGCAGGAGCAACAGCAGTAAAACAATGCTGGATGAAGAAATGATCGTATTGCTCCGAGA
ATGCGTTGATAGCTTATCCGAAGATA CACTGGATAGCACTCCAGAAACGGAA CAGACTGAGTCAAATGGA
AATCAAGACGGTTCTGCTGAAACAGAA GATACACAAGTATCAGAATCACCAGAATCAACTCCTAGCCCCG

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

ACGATGTTTTAGGTAAGGTGGTGGTATCTATACAGAAAAATCTTTGACCATCACTGGAATTACAGGGAC
TATAGATTTTGTTCAGTAACATAGCTACCGATTCTGGAGCAGGTGTATTCACTAAAGAAAACCTTGTCTTGC
ACCAACCGAATAGCCTACAGTTTTGAAAACTCGGCAGGTCAAACATGGAGGAGGCTACGTTACTC
AAACCATGTCTGTTACTAATAACAACCTAGTGAAGTATAACTACTCCCCCTCTCATAGGAGAAGTGATTTT
CTCTGAAAATACAGCTAAAGGGCACGGTGGTGGTATCTGCACTAACAACTTTCTTTATCTAATTTAAAA
ACGGTGACTCTCACTAAAACTCTGCAAAGGAGTCTGGAGGAGCTATTTTTACAGATCTGGCGTCTATAC
CAATAACAGATACCCAGAATCTTCTACCCCCCTCTCTCTCTCGCCTGCAAGCACTCTGAAGTAGTTGC
TTCTGTCTAAAAATAATCGATTCTTTGCCCTACCGCAAACCGGCAGCCCCCTCTCTAACAGAGGCTGAG
TCTGATCAAACGGATCAAACAGAACTTCTGATACTAATAGCGATATAGACGTGCGATTGAGAACATTT
TGAATGTCGCTATCAATCAAAACACTTCTGCGAAAAAGGAGGGGCTATTTACGGGAAAAAAGCTAAACT
TTCCCGTATTAACAATCTTGAACCTTCAGGGAATTCATCCAGGATGTAGGAGGAGGTCTCTGTTTAACT
GAAAGCGTAGAATTTGATGCAATTGGATCGCTCTTATCCCCTATAACTCTGCTGCTAAAGAAGGTGGGG
CTATTTCACTTAAAAACGGTTACTCTATCTAACCTCAAGTCTACCTTCACTTTTGAGATAACACTGTTAA
AGCAATAGTAGAAGCACTCTGAAGCTCCAGAAGAGATTCCTCCAGTAGAAGGAGAAGAGTCTACAGCA
ACAGAAGATCCAAATCTAATAACAAGGAGTTCGGCTAACACTAACCTTGAAGGATCTCAAGGGGATA
CTGCTGATACAGGACTGGTGTATGTTAACAAATGAGTCTCAAGACACATCAGATACTGGAAACGCTGAATC
TGAAGAACAACCTACAGATTCTACACAATCTAATGAAGAAAATACCTTCCCAATAGTAATATTGATCAA
TCTAACGAAAACAGAGCAATCTGATAGCCACACTGAGGAAATAACTGACGAGAGTGTCTCATCTGCT
CCTCTGAAAGTGGATCATCTACTCTCAAGATGGAGGAGCAGCTTCTCAGGGGCTCCCTCAGGAGATCA
ATCTATCTCTGCAAACGCTTGTAGCTTAAAGCTATAGCTGCGAGTACTGATAGCTCCCCGCTATCTAAT
TCTTCAGGTTGAGAAGGCTGTCTACTTCTTTCAGATTGACAGCTTACTGCACTTCTGATAATCCAG
ACTCTTCTCTATCTGGAGATAGCGCTGGAGACTCTGAAGAACCGACTGAGCCAGAAGCTGGTCTACAAAC
AGAACTCTTACTTTAATAGGAGGAGGTGCTATCTATGGAGAACTGTTAAGATTGAGAATCTCTCTGGC
CAAGGAATATTTTCTGAAAACAAGCTATCGATAACACACAGAAGGCTCTCTTCCAATCTGACGCTCC
TCCGAGGTGCGGCTATGCTAAAACATGTTAATCTCGATAGCGGGAGCTCTAGACGAACCTGTCACCTT
CTCCGGGAATACTGTCTCTTCTCAATCTACAACAGGTGAGGTTGCTGGAGGAGCTATCTACTCTCTACT
GTAACCATTGCTACTCTGTAGTATTTCTAAAACTCTGCAACAACAATGCTAATAACACTACAGATA
CTCAGAGAAAAGACACCTTTGGAGGAGCTATCGGAGCTACTTCTGCTGTTCTCTATCAGGAGGGGCTCA
TTTCTTAGAAACGTTGCTGACCTCGGATCTGCTATTTGGGTTGGTGCCAGGCACACAAAATACAGAAACA
GTGAAATTAGAGTCTGGCTCCTACTACTTTGAAAAAAAATAAAGCTTTAAAACGAGCTACTATTTACGCAC
CTGTCTGTTTCCATTAAGCCTATACTGCGACATTTAACCAAAACAGATCTCTAGAAGAAGGAAGCCGAT
TTACTTTACAAAAGAAGCATCTATTGAGTCTTTAGGCTCTGTTCTCTTACAGGAAACTTAGTAACCTTA
ACGCTAAGCACAACCTACAGAAGGCACACAGCCACAACCTCAGGAGATGTAACAAAATATGTTGCTGCTA
TCTTTGGACAAATAGCAAGCTCAAACGGATCTCAGACGGATAACCTTCCCTGAAACTCATGCTTTCAGG
AGGAAATATTTTGTTTCCGAAACAATGAATACCGTCTACTTCTCTGATACCGGAACCTCTACTTTCTGT
AGTATTGCGGAGATGTTAAATTAACCATGCAAGCTGCAAAAGGGAAAAACGATCAGTTTTCTTTGATGCAA
TCCGGACCTCTACTAAGAAAACAGGTACACAGGCAACTGCCCTACGATACTCTCGATATTAATAAATCTGA
GGATTACAGAACTGTAACCTCTGCGTTTACAGGAACGATTCGTTCTCTCTGAAATTACATGAAAATAAAA
TCCTATATCCACAAAACGTTAGTTCTACACAGTGGATCTCTTGTATTGAAGCCAAATACCGAGCTTCATG
TTATTTCTTTGAGCAGAAAGAAGGCTTCTCTCTGTTATGACACCTGGATCTGTTCTTTGGAACCGAC
TGTGCTGATGAGCTTTGGTCAATAAATACATGACCATTGATTTATCCAGCGTAGAGAAAAATGGTATT
GCTGAAGGAAATATCTTTACTCTCCAGAATTGAGAATCATAGACACTACTACAGGTGGAAGCGGTGGAA
CCCCATCTACAGATAGTGAAAGTAACCAAGATAGTGATGATACCGAGGAGCAAAATAATATGACGCTC
GAATCAAGGAGAAAGCGCAATGGATCGTCTTCTCTGCACTAGCTGCTGCAACACATCTCGTACAAGA
AATTTTGGCTGAGCTACAGCCACACTACGACAAACCAACGGCTACAACCTACAACAGCAACCAAG
TAATCTTAGGAGGAGAAATTAACCTATCGATCTAATGGACCTTCTTCCAGAACCCTGCATTAAGATC
CGACCAACAATCTCCTTGTAGTCTCCCTACAGACTCATCAAAAATGCAAGCTCAGAAAATAGTACTG
ACGGTGAATTTGCTCTCAGAAAGGATATAACAGGAACCTCACTCTGGATCTGATCAACTACAAAATG
GAACGATCTCAGTCTCTGGAAATTTGACTCTTATAGACAAATGGGCTTATGTACCTAGAGACAAATCTTT
CTATGCGAACTCGATTCTGGATCTCAAATGTTAATGGTCAAGTCAAACAAGGCTTGTCAACGATAAAA
ATGAATCTAGCTCGCTTGGAGGAGTTAGCTATAACAACCTGTTGATATCAGGACTAGGAACGATGCTAT
CGCAAGTAGGAACCTACTTCTGAAGAATTCATTTATACAGCAGAGGAGCTTCTGTTGCCCTTAGATGC
TAAACCAGCCCATGATGTGATTGTTGGAGCTGCATTTAGTAAGATGATCGGGAAAAACAATCTTGA
AGAGAGATAACTACACTCACAAAGGATCCGAATATCTTACCAAGCATCGGTATACGGAGGCAAAACCAT
TCCACTTTGTAATCAATAAAAAACCGAAAAATCGCTACCGCTATTGTTACAAGGAGTCACTCTTACGG
ATATATCAAACATGATACAGTGACTCACTATCCAACGATCCGTGAACGAAAACAAGGAGAAATGGGAAGAC
TTAGGATGCTGACAGCTCTCCGTGTCTCTCTGTCTTAAAGAACTCTGCAACAAGGGGATACTAAACGTA
TCACTGTTTACGGAGAATTGGAATACTCCAGTATCCGTGCAAAACAATTCACAGAAACAGAATACGATCC
TCGTTACTTCGACAACCTGCACCTATAGAAAACCTTAGCAATCTCTATGGGGTTAGCAATCGAAGGAGCTC
TCTGGTAACGATATTTGATGTACAACAGATTCTCTGTAGCATAACATGCTATCAATCTATCGAAATCTC
CAACTGCAAAATACCAAGTGTCTCTTTCAGGAGAAGGCGGAGAAATTTTGTGGAGTACCGGACAAGAAA
CTCAGCTCGCGGAGAAATACAGCACGAGCTGTACCTGGGACCTTTGTGGACTCTGTATGGATCTTACAG
ATAGAAGCAGACGCACATACACTAGCTCATATGATGAACTGCGGTGCTCGTATGACATCTAA

ES 2 284 840 T3

>gi|3328815|gb|AAC67986.1| Proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

5 MMKPLRFGYFFCAIYFTLLQAAFAKEPNSCPDCQNNWKEVTETDQLPENI IHADDACYHSGYVQALIDMH
FLDSCCQVIVENQTAYLFSLPDQVTRNAI INLIKOLPFIHSVEICQASYQTCHHQGPHGKTSLEPQRSF
CTKVCGKEAIWLPQNTILFSPQVADPRQATNSAGIRFNDEVLGKRVGSATFGGDFIFLRLFDISRFGDM
10 DIGLQGAVFSVFDLDHPEACMVNSDFFVAALCNFAVNKWSYRFLWHLSSHLDGDEFILANQLPPKRYNR
SDEAVDFPASFRYTPQIRVYGGIGYIISRDLTFPEDPLYFEGGIELRPFGLREDNLBAQPVFAMHFRFWE
EHDFSIDQTYIVGMEWSKFPQDVGRKVRVLEYHQGFSHEGQFVREECDYGFRLSYGF

15 >gi|3328812|gb|AE001312.1.: 2790-4016,

20 ATGATGAAACCTCTACGTTTCGGTTATTTCTTTTGCGCAATCTATTTTACTTTGTTACAGGCAGCGTTTG
CTAAAGAACCAGTCTTGTCCCGACTGCCAGAATAATTGAAAAGAAGTCACCCACACGGATCAACTCCC
AGAAAACATCAATTCATGCTGATGATGCTTGTATCACTCTGGTTATGTACAGGCTCTCATTGATATGCAT
TTCTTAGATAGCTGCTGCCAGGTCATCGTTGAAAACCAAACTGCTTACTTATTTTCTCTTCTACAGATG
ATGTTACGCGCAACGCCATTATCAACCTAATTAAGACCTTCCATTCACTTCACTCCGTAGAAAATCTGCCA
25 AGCATCCTATCAAACCTGTCAATCAAGGCCCTCATGAAAAGACTTCTCTTCCAGAACAAAGCTTCTTTC
TGTACAAAGGCTGTGGAAAAGAAGCTATTTGGTTACCACAGAATACCATCCTATTCTCGCCTCTGTAG
CAGATCCTAGACAAGCAACTAATAGTGCAGGTATCCGTTTAAACGACGAAGTCTTAGGAAAACGTTGTTGG
CTCTGCTACCTTCGGTGGAGATTTCACTTCTTACGATTATTTGATATCTCCCGATTCCATGGAGACATG
GATATTGGTCTCCAAGGAGCTGTATTCTCTGTTTTCGACCTGGATCATCCAGAAGCTTGCATGGTCAACT
30 CTGACTTTTTTGTGCGCGCTTTGTGCAACTTTGCAGTGAAACAAATGGAGCTACCGCTTACAGACTATGGCA
TCTTCTTCTCATCTTGGCGACGAATTTATTCTTGCCAAACCAGTTACCTCCTAAAAACGTTATAATCGA
AGCGATGAAGCCGTCGATTTCTTGTCTTTTTCGTTTACTTCCACAGATCCGTTTATGGAGGTATG
GGTATATCATTAGTTCGAGATTTAATTCCTGGAAGATCCTCTTACTTTGAAGGAGGTATCGAACTACG
35 TCCTTTCGGATACGGGAAGACAACCTTCATGCCCAACCCGCTTTGCTATGCATTTTCGCTTTTGGGAA
GAGCATGACTTTTTCTATAGACCAAACCTATATAGTAGGCATGGAGTGGTCCAAATTCAGGATGTAGGGA
GAAAAGTGCAGCGCTGTATTGGAATACCACCAAGGTTTCTCCACGAAGGACAATTTGTCCGAGAAGAATG
CGATTATTATGGCTTTTCGATTAGTTATGGCTTCTAG

>gi|3328651|gb|AAC67834.1| Análogo de Omp85 [*Chlamydia trachomatis*]

40 MLGIRKKTILQLAVLLLLLTFSSFCSTSEGRMVVESITITTOGENTONKRAIPKIKTKQGLFSQADFD
EDLRTLKDFDRVEPIVEFRNGQAVISLILTAKPVIREINISGNEAIPTHKILKTLLELYKNDLDFRELFF
KNFDALRTLKRGYDSQLSYSHNEKEGFIIDISIEIKEGRHGRIKKTISGITRTEASDLGDIVLTK
45 QYSTTTSWFTGAGVYHPDMVEQDLFAITNYFQNKGYADAKVSKEVSTDAKGNITLLIVVDKGPLYTLGHV
HIEGFTALSKRLLDKQLLVGPNLSYCPDKIWTGAQKIRSAAYARYGVNTNVDVSPSAHPTLPVYDVYRV
SEGSFYKIGLIKIKGNTHETKHDVILHETSLFPDGTDFRLKLEGTETRLRNTGYFKSVSVYTVRSQDPLD
SNDLYRDFVEVKETETGNLGLFLGFSSIDHLFGGAEIAESNFDLFGARNFLKRGFKSLRGGGEYLFLKA
NLGDKVTDYTVKWKPHFLNTPWILGVELDKSINKALSKDYSVDTYGGNISTTYILNDKLYGMYRGSQ
50 TSLSLRKTSSSNRPGPDLDSNRGFVSAAGLNVLYDSIDNPRKPTMGIRSSLNFELSGLGGTYQFTKLTA
SGSIYRLLTCKKGVLVRAEAKPIKPFGTTAQGI PVSERFFLGGETTVRGYKPFII GPKFSPTPEQGGLS
SLLLTEFPQYPLISQPCINAFVLDLSDGFI GIBEYTI RLKDLCSAGFGLRFDMMNNVPIMLGWGWPFPRPT
EILNNEKIDVSORFFFALGGVF

ES 2 284 840 T3

>gi|3328646|gb|AE001297.1: 4000-6378,

5 ATGCTTGGAAATACGCAAAAAACGATTCTGCAACTCGCTGTTTTACTGTTGCTCACCTTTTCACGAAGTT
 CTTTCGTTCACACTTCAGAAAGGACGTATGGTCGTAGAGTCTATCACCATTACGACTCAAGGAGAGAATAC
 TCAAAAATAAACGAGCTATTCTAAATAAAAAACAAAGCAGGGGACGTTGTTCTCTCAAGCAGATTTTGAT
 GAAGATCTAAGAACACTTTTCGAAAGATTTTGATCGAGTAGAGCCTATCGTAGAGTTTCGTAATGGACAAG
 CTGTGATCTCTCTGATTCGACGGCAAAACCTGTTATCAGAGAGATCAATATTTTCAGGAAATGAAGCTAT
 10 CCCCACCTCATAAAAATTCTGAAAACTTTAGAGCTTTATAAAAAATGATCTTTTTGATCGGGAATTATCTTT
 AAAAAATTTTGATGCGCTAAGAACTCTTTATTTGAAACGAGGGTACTACGATTCTCAACTCTCCTATTCTC
 ATAATCATAATGAGAAAGAGGGCTTTATCGATATTTCCATCGAGATTAAAGAAGGACGTCACGGTCGCAT
 AAAAAAATTAACGATTTTCGGGAATTACCGCAACAGAAGCATCAGACTTAGGTGACATTTGTTTTAACTAAA
 CAATACTCCACAACAACGAGCTGGTTCACTGGTCCCGGAGTGTATCATCCGGACATGGTAGAGCAAGACT
 TATTTGCTATCACAAATTACTTCCAAAATAAAGGATATGCTGATGCTAAAGTAAGCAAAGAGGTCTCTAC
 15 AGATGCTAAAGGAAACATTACTTTGCTTATCGTTGTAGACAAAGGACCTTTATACACATTAGGTACAGTA
 CATATAGAAGGATTCACAGCTTATCCAAAAGACTGCTCGATAAACCACTATTGGTTGGACCTAACCTCT
 TATATTGCCAGATAAAAATTTGGACTGGAGCACAAAAGATTCGTAGCGCATACGCTAGATATGGCTACGT
 GAACACTAACGTTGATGTCCTTCTCAGCGCACCCCACTCTACCTGTTTACGATGTTACCTATCGAGTG
 AGTGAAGGATCTCCCTACAAAATCGGGTTAATTAATAAATCAAAGGGAACACTCATACTAAGCATGATGTA
 20 TTTGATGAGACTAGTCTTTCCCTGGAGACACTTTTGTATAGATTAAACTGGAAGGTACAGAGACTCG
 TTTACGCAACACCGGCTACTTTAAAAGTGTAAAGTGTCTATACGGTTCGTTCCCAATTAGATCCTCTGAT
 TCTAACGACCTTTATCGAGATGTTTTTATTGAAGTCAAAGAGACTGAAACAGGAAATCTTTGGGCTATTCT
 TAGGATTACGCTCCATTGACCATTATTTGGAGGGGCAGAAATGTCAGAAAGCAACTTTGATTTATTTGG
 AGCCCGAAACTTTCTCAAAAAGGATTCAAATCTTTAAGAGGTGGTGGAGAATACCTCTCTCAAAAAGCT
 25 AATTTAGGAGATAAGGTCACCGATTACACTGTTAAATGGACGAAACCACTTCTTAAATACCCCTTGGAA
 TCTTTGGAGTAGAATTAGATAAATCAATTAATAAAGCTTTTATCAAAAAGACTACTCTGTGGATACCTATGG
 AGGGAATATCAGTACCACCTACATTCTTAACGATAAGTTAAAATATGGGATGTTATACCGTGGTAGCCAA
 ACAAGCTTAAGTTTGCAGCAAAAACGCTCCAGCTCTAATAGACTGACCAGATTTAGATAGTAATAAAG
 GATTTGTTTCCGACGGGACTCAATGTTCTCTATGATTCTATTGATAATCCTAGAAAACCTACTATGGG
 30 AATCCGCAGCTCCTTAAACTTTGAATTATCTGGTTTAGCCGGAACCTTACCAATTTACTAACTAACAGCT

AGTGGTCTATCTATCGCTTATTAACATAAAAAGGTGTTTTGAAAGTCCGTGCAGAAGCTAAGTTTTATCA
 AACCTTCGGAACAACAACCTGCACAAGGCATTCTGTACAGCAACGGTCTCTTATAGGAGGTGAAACCAC
 TGTTCCGGTTACAAACCTTTTATTATTGGACCGAAATTTCTCCTACTGAACCACAAGGAGGCTTGCT
 35 TCCTACTATTAACAGAAGAATTTCAATATCCTTTGATTTCTCAACCTTGCAATAATGCTTTGATTTT
 TAGATTCGGGATTCATTGGGATAGAAGAGTACACTATTCCGCTGAAAGACCTTTCAGTAGCGCCGATT
 TGGTCTACGCTTTGATATGATGAATAATGTGCCAATTATGCTAGGCTGGGGTTGGCCGTTCCGCCAACAA
 GAAATCCTCAATAATGAAAATAATGATGTATCTCAAAGATTCTTTTTTGCCTTGGGAGGAGTATTCTAG

>gi|3328587|gb|AAC67774.1| CMP-ácido 2-ceto-3-desoxioctulosónico sintetasa [*Chlamydia trachomatis*]

45 MF AFLTSKVKVILPSRWGSSRFPKPLAKILGKTLVQRSYENALSSQSLDCVVVATDDQRI FDHVVEFGG
 LCVMTSTSCANGTERVEEVVSRHFPQAEIVVNIQGDPECLSPVIDGLVSTLENNPAADMVTSVTETDDP
 EAILTDHKVKCVFDKNGKALYFSRSAIPHNFKHPTPIYLHIGVYAFRKAFLSEYVKIPSSSLSLAEDLEQ
 LRVLEIGRSIYVHVQNTGSPVDYPEDITKVEQYLLCLSKASF

>gi|3328586|gb|AE001292.1: 216-980,

55 GTGTTTGCCTTTTAAACCAGCAAAAAGTCCGCATTCTCCCTCTAGATGGGGAAGCTCCCGCTTCCCG
 GAAAACCTCTAGCAAAAATCTAGGGAAAACCTTGTTCAAAAGATCCTATGAAAATGCCTTAAGCAGTCA
 ATCTCTAGATTGCGTTGTTGTGCAACAGATGATCAACGAATTTTGACCATGTCGTTGAATTTGGGGGG
 CTCTGTGTCATGACTAGCACATCTTGGCTAAACGGAACGAGCGAGTAGAAGAGGTTGTGTCTCGACATT
 60 TTCCCTAAGCAGAGATTGTTGTAACATCAAGGAGACGAGCCCTGTTTATCTCCTACCGTCATAGATGG
 GCTTGTGAGCACGCTAGAGAACAACTCTGTCAGATATGGTCACATCTGTTACAGAAACAACAGACCCC
 GAAGCGATATTGACAGATCACAAAGTGAAGTGTGTTTTCGATAAGAATGGCAAAGCTTTTACTTTAGCA
 GAAGCGCTATTCTCACAACTTTAAACACCCCAACGCCTATTATCTGCATATTGGTGTATTATGCTTTT
 AAAGCTTTTCTAAGTGAATATGTTAAAATCTCCTCCTCCTCGTTAAGCCTAGCCGAAGATCTTGAACAA
 65 TTACGAGTATTAGAAATAGGTCGTTCTATCTACGTTCTATGTCGTTTCAGAAATGCAACGGGCCCTTCTGTTG
 ATTATCCCGAAGATATAACCAAAGTGGAGCAGTATTTATATGTTCTTTCAAAGCATCTTTTTTGA

ES 2 284 840 T3

>gi|3329039|gb|AAC68197.1| Proteína de intercambio tio:disulfuro [*Chlamydia trachomatis*]

MIRQWYGFFLCCLLFSYTSFCFVVEENSGRATPTVELVSESEQAVEGEVLRIGVLLAIPEGEHIYWKNPGLK
5 GMPRLRISWDLPSGCRLLLEEHWPTPEIPEEDGVVYFGYKHSMTMVADIRVSKEIETRPLEIKAQVEWLSG
ASCLPGSSSRVLPIDQGPLIPNSKETFTFSRALAAQPRPLDAAIKISYQPDGLDVFPAGKADRATQA
WFAENTRDFAYAQEVPLBQATTYIWKLKHPGNMMPKGIKLSGILIFKDDAGKVVASYQVEENQVEQLSA
LSWRFLSILLMAFIGGILLNIMPCVPLIITLKVFSLIKSAADHSSSVIGGIGFTLGAIVSFWGLAFCAF
LLKVLGQNIWGWGFLQEPMFVAVLIIVFFLALSSLVGFEMGIICLSLGGKQLQEEGGASVRKNQIWGAFF
10 NGMLTTLVTTTCTGPFGLSVFGLVMAVSFVKQLAIFTAIGLGMASPYLLFASFPKMLAILPKPGPMMSTF
KQLTGFMLLATATWLIWIFGVETSATAVTILLVGLWLAAVGAWILGRWGTLVSPRNQRLLASVVFIFCIL
SSLVITSIGVRYFDENVPPAHSDDWQSFSPKLDLREKGI PVFVNFTAKWCLTCQLNKPLLHANMQAFA
AKGVVITLADWTKDKPKITEELARLGRASVPSVYYPAGNKAPLILPERLSQSALEMVFSQ

>gi|3329034|gb|AE001330.1.: c6695-4617,

ATGATTCCGGCAATGGTATGGATTTTTCTTTGCTTGCTGTTTCAGCTATACGCTCTGTTTTGGTGTAGAAG
20 AAAATAGTGAAGAGCTACGCCTACAGTAGAAGCTTGTAGTGAAGCGAACAGCTGTGTAAGGAGAAGT
GCTTCGTATCGGAGTATTGATTGCTATTCCAGAAGGAGAGCATATCTACTGGAAAAATCCAGGGAAGCTT
GGAATGCCTTTGCGCATTTCTTGGGATTTGCCATCAGGATGTAGGTTGCTGGAGGAACTTTGGCCGACTC
CAGAGATTTTCGAAGAGGATGGGGTTGTTTATTTTGGTTATAAACATTCTACAATGGTGGTTGCGGATAT
TCGCGTTTCTAAAGAGATAGAAACCGCTCCATTGGAGATAAAAAGCGCAAGTTGAATGGTTGTCTTGGCGT
25 GCATCTTGTCTCCAGGTTCTTCGTCAAGGGTTCTTGTGATTCTATAGATCAGGGGCCGTTAATTCCTA
ATAGTAAAGAGACATTCACTTTTTCCCGTGCCTTAGCGGCTCAACCTCGACCTTTGGATGCTGCCATAAA
GATTTCTTATCAGCCTGATGECTTAGATGTTTTGTGTCAGCAGGGAAAGCGGATCGGGCAACCAGGCA
TGGTTCATGTCTGAAACACGCGAGATTTGCTTATGCTCAAGAGGTTCCCTCTGAGCAAGCGACTACGT
ACATATGGAAGTTGAAACATCTGAAGGAAATATGCCTAAGGGTATTGGGTTGTCCGGGATTCTTATATT
CAAGGATGATGAGGGAAAGTAGTCGCTTCGTATCAAGTAGAAGAGAATCAAGTCGAACAGCTTTCGGCA
30 TTGAGCTGGAGGTTTCTCTCTATTCTTCTTATGGCTTTCATGGTGGAACTCTATTAACATCATGCCCT
GTGTATTGCCCTCTGATTACTTTGAAAGTATTTAGTTTAAATTAATCGGGCGGAGATCACCATTCTTCTCT
TGTGATTGGAGGGATTGGGTTTACTTTAGGGGCTATTGTAAGCTTTTGGGACTCGCTTTTGTGCGTTT
TTGTTAAAGGTTTTAGGGCAAAATATTGGATGGGGATTCCAGCTTCAAGAACCCTATGTTTGTGCGTTT
TAATTATTGTCTTCTCTTATTGCTCTGAGTTGCTTAGGCGTTTTTGGAGATGGGAATAATTTGTCTGAG
35 CCTAGCGAAAAAATTGCAAGAGAGGGAGGGGCATCGGTAAGGAAGAATCAGATCTGGGGAGCTTTTTTC
AATGGGATGTTGACTACCCTGGTTACAACCTCCTTGCCTGAGGCTTTTTCTTGGCTCTGTATTGGATTAG
TTATGGCAGTGTCTTTGTTAAGCAGCTGGCAATTTTTACTGCTATAGGATTAGGAATGGCAAGTCCCTA
TCTATATTGCTTCTTTCCGAAGATGCTAGCCATTTTACCTAAACCTGGTCTCTGGATGAGTACGTTT
40 AAACAGTTGACTGGGTTTATGTTGCTTGGCTACTGCAACTTGGCTTATCTGGATTTTTGGGGTAGAGACGA
GTGCAACCGCTGTAACATACTTCTTCTTGTAGGATTGTTGGTTGGCTGCTGTAGGTGCATGATTCTAGGGAG
ATGGGAAACCTTGTATCTCCGCGTAATCAGCGGCTTCTTGGCTTCCGTTGTATTCAATTTCTGTATTTA
AGTTCCCTTAGTGATTACCTCTATAGGTGTCGTTATTTGATGAGAACGTCCTCCTGCACATAGCTCTG
ATTGGCAATCTTTTTCTCCGAAAAGCTAGCTGATTTACCGGAAAAGGGATTCCAGTTTTTGTAAATTT
45 CACTGCAAAGTGGTGTTTAAACGTGTCAACTCAATAAGCCTCTTCTTCATGCCAATATGCAAGCTTTTGT
GCTAAGGGCGTAGTTACTTTAGAAGCAGATTGGACGAAAAAGATCCAAAAATTACAGAAGAACTCGCTC
GTTTAGGCCGAGCCAGTGTACCTTCTTATGTGATTACCTGCGGGGAACAAAGCTCCGCTTATTCTTCC
AGAAAGATTATCGCAATCTGCTTGGAAAGAGATGGTTTTTCTCAGTAG

>gi|3329000|gb|AAC68161.1| Lipoproteína 5 de translocación de proteínas Yop [*Chlamydia trachomatis*]

MFRYTLRSRSLFFILALFFCSACDSRSMITHGLSGRDANEIVVLLVSKGVAAQKVPQAASSTGGSGEQLWD
55 ISVPAAQITEALAILNQAGLPRMKGTSLLDLFAKQGLVPSSEMQEKIRYQEGLSQEMATTIRKMDGIVDAS
VQISFSPPEEDQRPLTASVYIKHRGVLDNPNSIMVSKI KRLVASAVPGLCPENVSVVSDRASYSIDITING
PWGLSDENYVSVWGIILAKHSLTKFRLVFYFLILLF ILSCGLLWVIWKTHLISALGGTKGFDPAPY
SOLSFTQNKPAKPKETPGAAREGAEQAQTA SEQSPS KENAEKQEENNEDA

ES 2 284 840 T3

>gi|3328999|gb|AE001327.1: 84-1064,

5 ATGTTTCGTTATACTCTTTCFCGATCCTTATTTTTTCATTTTGGCTCTTTTCFTCGCTCGGCTTGTGATA
GTCGTTCCATGATTACACACGGCTTGTTCAGGACCGTATGCTAATGAAATCGTAGTGCTTCTAGTCAGTAA
AGGGTTCGCTGCACAGAAAGTTCCCAAGCAGCGTCTCAACAGGAGGATCTGGAGAACAACCTCGGGAT
ATTTCCGTTCTCTGCAGCACAAATTACAGAGGCTCTAGCTATTCTGAACCAAGCTGGGCTTCCAAGAATGA
AAGGAACCAGCCTTCTTGATCTATTTCGCTAAACAAGGCTGGTCCCTTCTGAAATGCAAGAAAAATCCG
10 CTACCAAGAAGGCTTTTCAGAACAAATGGCTACGACCATAGAAAGATGGACGGTATCGTTCGATGCGAGC
GTACAGATTTCTTTTCTCTGAAGAAGAAGATCAACGGCCGCTAACAGCCTCTGTATATATCAAACACA
GAGGGGTATTAGACAACCCTAACAGTATTATGGTGTCTAAGATTAAACGTTTAGTTGCGAGTGTCTGCC
AGGACTATGTCCTCGAGAAGCTTTCCTAGTCAGTGACCGAGCTTCTTATAGTGACATTACTATTAATGGC
CCTTGGGGACTCTCCGATGAAATGAATTATGTTTCTGTATGGGGGATCATTTCTAGCTAAGCATTCCCTTA
15 CTAATTTCCGCTTGTCTTCTTATTTCTTAAATCTCCTTCTCTTCAATCTTCTGTGGGCTACTCTGGGT
CATTTGGAAAAACACACACTGATTTCTGCTCTGGGTGGAACAAAAGGATTCTTTGATCCTGCTCCTTAC
TCACAGCTCTCTTTCACTCAGAAATAAGCCAGCTCCAAAAGAACTCCTGGAGCAGCAGAAGGTGCGAAG
CGCAAACCGCTTCGGAACAACCTCTAAAGAAAACGCAGAAAAACAAGAAGAGAATAACGAGGACGCTTA
A

20 >gi|3328905|gb|AAC68071.1| Proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

25 MEKRGVIVHILVCLLTFIGTFLPAFGAHLAEQFYMDRFVFSQYPMETMEIHAERKRVQFDVDTG
SFPKLESVVYKGSFGLLRSKIKGCEPELSSVNLSCSCRMDLDFRGEWKKNASIYIRNEQEPITIMLPKD
IGVVVYTVQVDMNSKVVAEGLIKRGRGFWKRTFRNSLVGESPVTLTFHVETRNGGVIFLR

>gi|332891|gb|AE001320.1: c11104-10502,

30 ATGGAGAAGAGAGCGTTATTGTGCATATACTAGTTTGTGTTGTTGACAATCTTCGGAACGTTCAGTTTAC
CCGCTTTTCGGCGCGCATTTTCTCGCGAAGAAGAGCAGTTTATATGGATCGGTTTGTCTTCTCGGGCA
GTATCCAGATATGAAACTATGAAATCCATGCAGAAAGAAAAAACGTGTACAATTTGATGTGACGGGA
AGCTTCCCTAAGTTGGAGAGCGTGGTTATAAGGGATCTTTTGGATTGCTGCGTTCCGAAAATAAAGGGAG
AGTGTCCAGAAGTGTCTTCTGTAAATCTTCTTGTACCTCCTGCAGAAATGGATTAGATTTTCGAGGGGA
35 GTGGAAAAGAAATGCGTCTATTATATTTCGTAATGAGCAAGAGCCAATTACAATATGTTGCTTAAAGAC
ATTGGTGTAGTTGTCTATACGCAGGTTGATATGAATAGTAAAGTAGTTGCAGAGGGATCACTAATCAAGA
GAGGAAGAGGTTTTTGGAAGAAACTTTTCGGAATCTTTGGTAGGAGAATCCCTGTGACGCTAATTT
TCATGTAGAGACTCGTAATGGAGGAGTTATTTTTCTCCGTTAG

40 >gi|3328884|gb|AAC68051.1| Fosfatidato citidiltransferasa [*Chlamydia trachomatis*]

45 MFDSHDNSIFQSDLCQRLVHVSILLTFLVILLCTSLYPSSAFIVGLLSSACAALGTYEMGAMVRIKPPFS
FTRYALGSAIFIALTCLTARCKMCFPEHIDLWPFFLPFWTIRLVFKSRHYKLGPIGSTGLALFCLMYV
SVPIRLFLHILYGFVHTDTPFVGIWWAIFLIATTKSSDIFGYFFGKAFGKKRIAPVISPNKTVVGF IAGC
CGSILVSLFLFYSHLPKAFADQIAPVWILIALGTVLGVSGFPFDIIESTFKRDAQIKNSSDLESIGMLDV
LDSLILLSTPIVYAILLITQNRFTLG

>gi|3328881|gb|AE001319.1:1804-2721,

50 ATGTTTCGATTTCGGATCATAATCCATTTTTCAAAGCGATTTGTGTTCAGCGTCTGGTTCGCTCCACTCGATT
TTCTTACTTTCTTGTCAATTTCTCTCTGTACATTTTATATCCCAGCTCAGCCTTATTTGTTAGGGCTTCT
TTCTCCGCTTGCAGCTCTAGGAACATATGAGATGGGGCTATGGTTAGAATCAAGTTTCCATTTTCT
55 TTCACAGCTATAGTGCATTAGGATCCGCTATTTTCATTGCTCTGACCTGTCTTACAGCTCGTTGTAAA
TGTGTTTTCCAGAGCATATAGACCTACTTCTTGGTCTTTCTCTTCTTTTGGACGATTTCGTTAGTATT
TAAAAGTCGCCATTATAAACTTGGTCCCATAGGCTCAACTGGGCTCGCGTGTTTTGTATGCTTTATGTA
TCAGTCCCTATCCGCTTGTTCCTCCACATTTTGTATGGGTTTGTGCATACCGATACTCCATTTGTAGGAA
TTTGGTGGGCGATTTTCTTATCGCTACAACAAAAGCTCTGATATTTTGGTACTTCTTTGGAAAAGC
60 TTTGGGAAAAAACGCATTGCACCACTAGCCTAGCCGAAACAAAACAGTAGTAGGCTTCAATGCTGGTTGC
TGTGGATCTATCTGGTTAGCCTTCTTTTCTACTCCCATCTTCTTAAAGCCTTTGCTGATCAGATTGCGG
TGCCTTGGATCCTCATGCTTTAGGTACTGTGTTGGGCGTTAGTGGATTCTTTGGAGACATTATCGAATC
TACGTTCAAACGGGATGCACAGATCAAGAACAGCAGTGATCTGGAGTCTATCGGAGGAATGCTAGATGTG
65 CTAGACTCCTTGCTTCTTCGACTCCTATCGTTTACGCTATCCTCTTATCACTCAAATAGGACATTTT
TAGGATGA

ES 2 284 840 T3

>gi|3328855|gb|AAC68022.1| Proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

5 MRRSVCYVTPSVARAGQISTWRFEYSSANFLPEGTLKFDLGDGRPIDWEIPSTDLSQPCNTIYLET
 EDIVAAKAVYAPGGYIPTFEFTLPCDVEAGDTFSIILGSSPNFPQEDSSGNGAQLFTQRRKPFSLYVDP
 GKGSFEDPDIFTMDIRGNVLKNIRIFAPSYVIKKNRFDITVRFEDFNGLTFNPSPEETHIELSYEHLREN
 LNWLQFIPETGTVILPNLYFNEPGIYRIQLRNQATKEVFTSAPIKCFETSHELLWGLHGESERVDSEG
 NIESCLRYFRDDCALNFFATSSFBIDGLTPETIKTINQTVADFNEEDRFIALSGAQYLSEEPGEGIREV
 10 LLMKPKSPGKHKECKLFPKSKLYKQSTSHELISIPSFASKKPGYNFNHPEFERVVEIYNWAGCSER
 TEAEGNPFPIKGSIDSENPEGTVLSALKRNLRFPGFVAGGLDDRNLNHFSDSDQQQYSPGLTAVICNKYS
 RDSLLEALYQRCYATTGQRIIVNFQITSAPMGSELSTAIKPLVINRHISGYVAGTAKIASIEIIRNED
 ILHTFHPDGNFVEYEDDLSPPFAQVTLKDPQNGAPFAFYLRVTQENGAMAWSSPIWIDLN

15 >gi|3328850|gb|AE001316.1: 4105-5970,

ATGCGCAGATCTGTTTGTACGTTACTCCTTCAGTTGCTAGGGCTGGTCAAATTTCTACCTGGCGTTTCG
 20 AATATTCTTCAGCTAATTTCTTCCCGAAGGCACATGCTAAAATTTGACCTGGGAATAGACGGACCC
 TATAGACTGGGAGATTCCTTCTACAGATCTTCTCAACCATGTAATACAATTTATTTAGAAACGCCTTC
 GAGGATATTGTGGCTGCAAAGCTGTGTATGCTCCCGGAGGCTATATCCCTACTTTTCAATTTACTCTCC
 CTTGTGATGTGGAAGCTGGGACACTTTCTCTATTATTCTTGGCTCCTCTCCCAACTTCCCTCAAGAGGA
 CTCTTCAGGTAATGGTGCTCAATTATTTACTCAACGCCGTAACCTTTCTCTCTTTATGTTGACCCATCA
 25 GGGAAAGGATCTTTTGAAGATCCCGATATCTTCACAATGGATATCAGAGGAAATGTATTAAAAAATATCC
 GGATTTTGTCTCCTTCTTATGTGATCAAAAACAAACCGCTTGATATTAACAGTGGCTTCGAAGATGAATT
 TGGGAACCTAACCAATTTCTCCCGAAGAGACCCATATCGAGCTTTTCGTACGAACATCTTCGCGAAAAC
 CTCAATTGGCAATTGTTTATCCCTGAAACAGGCTTTGTGATCCTTCCAAACCTGTATTTCAATGAACCAG
 GTATTTATCGTATTCACTACGCAATCAAGCAACAAAAGAGGCTTTTACATCAGCGCCTATCAAATGTTT
 30 TGCAGAAACCTCCTCTCATCTTTTGTGGGGCTTCTACATGGAGAATCTGAACGTGTGACTCTGAAGGT
 AATATCGAGTCTTGCCTGCGTTATTTTCGTGATGACTGCGGTTAAACTTTTTTGCAACATCCTCTTTTCG
 AAATTCAGATGGCCTGACCCAGAAAACCAATTAACCAACCGTTGCTGATTTTAAATGAAGA
 AGATCGTTTTCATGCTTATCCGGAGCACAGTACCTTTCTGAAGAGCCTGGCGAGGGAAATCGTGAAGTA
 TTGCTGATGAAGGAACCCAAATCCCGAGGAAACATAAAGAATGCAAACTATTTCTTTTATCTAAGCTAT
 35 ATAAGCAATCACTAGTCATGATTAATCTCAATCCCAGCTTCACTGCTTCAAAGAAATTTGATACAA
 TTTAATAATTTCCATCCTGAATTTGAAAGAGTTGTTGAAATTTATAATGCCTGGGGATGCTCTGAAAGA
 ACTGAAGCTGAAGGAACCCCTTTCCCTATTAAAGGTTCTATCGACTCAGAAAATCAGAGGGAACCTGTT
 TATCTGCTTTAAAGAGAAACCTGCGTTTGGATTGCTAGCCGGTGGTCTTGATGATAGAAATCTATACAA
 TCACCTTTTTTGATTCCGATCAACAGCAATACTCCCCTGGATTAACAGCTGTGATCTGCAATAAATATTCT
 40 CGGGATTCTTACTCGAGGCATTATACCAACGACAATGCTATGCTACAACCGGCCAAAGAAATATCGTGA
 ATTTCCAGATTAATCATGCTCCTATGCGCTCCGAACTTCCACAGCCATTAAACCAGGGCTCGTGATCAA
 TAGACATATTTCCGGATATGTAGCGAAGTCCGCAAGATTGCGTCGATCGAAATCATCCGCAATGAGGAT
 ATTCTCCATACCTCCACCCAGATGGAATAACTTTGAGTATGAGTACGACGATCTCTCTCTTTTGCAC
 AAGTCACTCTAAAAGATCCTCAAATGGAGCTCCTTTGCTTTTACTACTTACGAGTCACTCAAGAGAA
 TGGAGCTATGGCTTGGAGCTCTCCTATTTGGATAGATCTTAATAA

45 >gi|3328772|gb|AAC67946.1| Proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

50 MKRFFPLPIGVLLAHTLPSEGLSHQAVQKKISYLSHFKGITGIMDVEDGVLHIHDDLRLQANKAYVENR
 TDCGIKIVAHGNVMVNYRGKILICDYLEYEDTDSCLLTNGRCSLYPWFIGGSTITISPSSIIHRGYIS
 TSEGPQKHICLSGDYLYSSDSVLSMGPSRLSICNTPVLLLPQISIMPMEIPKPIITFRGGSGGFLGSL
 GVSYSPI SKKHCSTTLPLDGF FKHGIGLGYNMRPSSQENPSNAINIKSYAHRLAIDSSGAKDRYRLHGD
 FTFSKERAHLAGFHLSDSWETVVDIFPNNFSLKNTGPTFVSLSWRDNFLFKMTSSVKVNSFQNVKQEL
 55 PQAIIHHRPVRIIRSRIFLENRLEAGFLDFHFNSSNIPGSNFSWRPSSAHKVYRGLVLPITGLTTPSLSGT
 AIYYTRMLSPNAAHQCQLSGSLSFDIRVALQKEYRHARHIVEPFCFLKTRPVLSSDEPHIFS IKDAFHS
 INLLHVGLSEKVLNKHSTPShLKLWTTYIFDEPHAKDTFPKTA CWFSLPLTLQNTLSLDAEWIWKSRWD
 HLNVIWEWILNDNLGLTLEFLHRSKYGFIKCAKONYLLDVSRLDILLASPLSDRRNLITGKLFVRPHPH
 WNYNLNLRYGWERPDPSPSYLEYQMLGHKIFERHQLFSVYEKREADKRCFFYLKLDKRRKQKRRHPFG

60

65

ES 2 284 840 T3

>gi|3328766|gb|AE001308.1: 6085-8178,

5 GTGAAACGATTTTTCCCACTTTTTATTTGGAGTGTGCTCGCGCACACTTTGCCGTGAGAAAGGCTTTTCTC
ATCAACAAGCTGTCCAAAAAAAATTTCTTATCTGAGCCATTTAAAGGCATTACAGGAATTATGGATGT
10 TGAGGATGGGGTATTACATATCCATGATGATCTACGCTTTCAAGCCAATAAAGCCTATGTTGAAAATCGC
ACGGATTGTGGGATCAAAATCGTTGCTCATGGCAACGTTATGGTCAATTATCGCGGGAAAATTTAATCT
GTGATTA TCTGAGTACTATGAAGATACAGATTCTTGT TACTCACCAATGGCCGCTGTTTCGTTATACCC
ATGGTTCAATGGAGGATCCACTATAACGATCTCACCATCTTCTATTATCATTCAATAAAGGGTATATCTCG
ACTTCTGAAGGTCCTCAGAAACATATTTGTTTATCCGGAGATTATTTAAAATACTCTTCAGACAGCGTAT
15 TATCTATGGGACCCTCACGCTTTCTATCTGTAATACGCCCTGTGTTATTGCTTCCCTCAAATCTCATTAT
GCCTATGGAGATTCTAAGCCTCCGATTACTTTTCGAGGTGGGAGTGGAGGATTTCTGGGATCCTACTTA
GGTGTAGTTATTCCCTATATCTAAAAGCATTGTTCTACGACTTTGTTCTTGATGGTTTTTTTAAAC

15 ATGGAATAGGTCTCGGCTATAACATGCGCTTTTCTCTCAGGAAAATCCAAGCAATGCCATAAATATTA
AAGCTATTACGCACATCGATTAGCTATTGATTATCAGGAGCAAAGATCGCTATCGATTACATGGAGAC
TTCACTTTTTCCAAAGAACGAGCCCATCTTGCTGGTGAATTCCATTTAAGTGATAGCTGGGAAACAGTTG
20 TGGATATCTTCCCAAATAACTTCTCTTTAAAAAATA CAGGCCCTACAGAAGTTAGCCTATCATGGCGGA
TAACAATTTATTTGGGAAAATGACTTCCCTGTCAAAGTCAACTCCTTTCAAATGTTAAACAAGAATTG
CCTCAAGCAATCTTCATCACCGACCAGTACGTATCAGGCGCTCTCGCATTTTCTTAGAGAAATCGCTTAG
AAGCTGGTTTTTTAGATTTTCATTT CAGTAGTAATATTCAGGCTCTAACTTCTCATCATGGAGGTTCTC
25 ATCCGCTCACAAAGTCTACCGTGGCTGTCTTCTTCTTAGGAAAGTTAACCCCTTCGCTATCTGGAAT
GCTATCTACTATAACCGCATGCTCTCCCAAATGAGCCCATTTGTC AATTATCTGGATCGCTATCTTTG
ATTATCGCGTTGCTTTACAAAAGAATATCGGCATGCAAGACATATTGTAGAGCCTTTTTGCTCCTTTTT
AAAAACCACTGCTCCTGTATTATCTCTGATGAGCCTCATATTTCTCGATTAAAGATGCTTTTCACTCT
30 ATCAACCTTCTACATGTAGGATTGGAGTCAAAGTCTTAAACAAACATTTCCACTCCTTCGCATCTGAAAC
TATGGACGACCTATATCTTTGATGAACCTCACGCTAAGGACACTTTCCCTAAAACCTGCTTGGTCTC
TCTTCCCTTACACTCCAAAATACTTTATCCTTAGATGCGGAATGGATTTGGAAAAAAGCCGATGGGAT
CATCTCAATGTAATCTGGGAATGGAFTTTGAATGATAATCTCGGTCTTACTTTAGAAATTTTACATAGAA
GTAAGTATGGCTTTTATTAAGTGCCTAAAGATAACTACACTCGATGTAAGCCGATCTTTAGACACATT
35 ACTAGCCTCTCTCTTTCCGATCGAAGAAATTTGATTACTGCGCAAACCTTTTTGTTGCTCCACATCCTCAT
TGGAAATATAATCTTAATCTTCGTTATGGATGGCATCGTCCAGACTCTCCATCCTATTTAGAATAACCAGA
TGATTCTGGGTCATAAAATCTTGAGCACTGGCAGCTATTCTCTGTCTACGAAAAACGTGAAGCTGATAA
GCGCTGCTTCTTTTATCTAAAATFAGATAAACGAAAACGAAAACCGCCATCCTTTTGGATAA

>gi|3329347|gb|AAC68470.1| Proteína de Membrana Externa H Putativa [*Chlamydia trachomatis*]

40 MPFSLRSTSFCLACLCSYSYGFASSPQVLT PNVVTPFKGDDVYLNQDCAFVN VYAGAENGS I I SANGDN
LTIITGQNHLSFTDSQGPVLQNYAFISAGETLTLKDFSSLMFSKNVSCGEKGMISGKTVSISGAGEVIPW
DNSVGYSPLSIVPASTPTPPAPAPAPAASSLSPTVSDARKGSI P SVETSLEISGVKKGVMFDNNAGNFG
TVFRGNSNNNAGSGSGSATTSPFTVKNCRGKVSFTDNVASC GG VVYKGTVLFKDNEGGIFFRGNTAYD
DLGILAASTRDQNTETGGGGGVICSPDDSVKFEFNKGSIVFDY NFAKGRGGSILTKFSLVADDSVVF SN
45 NTAEXGGGAIYAPTIDISTNGGSI LFERNRAEAGGAI CVSEASSGSGTGNLTLASDGDIVFSGNMTSDRP
GERSAARILSDGTTVSLNAGLSKLI FYDPVVQMN SAAGASTPSPSSSMPGAVTINQSGNGSVIFTAES
LTPSEKLQVLNSTSNFPGALTVSGGELVVTEGATLTGTITATSGRVTLGSGASLSAVAGAANNNYTCTV
SKLGIDLESFLTPNYKTAILGADGTVTVNSGSTLDLVMESAEVYDNPLFVGS LTI PFVTLSSSSASNGV
TKNSVTINDADAAHYGYQGSWSADWTKPPLAPDAKGMVPPNTNNTLYLTWRPASNYGEYRLDPQRKGLV
50 PNSLWVAGSALRTP TNLKEHYVSRDVG FVASLHALGDYILNYTQDDRDGFLARYGGFQATAASHYENG S
IFGVAFQLYGQTKSRMYSKDAGNMTLSCFGRSYVDIKGTETVMYWETAYGYSVHRMHTQYFNDKTQK
FDHSKCHWHNNNYAPVGAENHNFLEYCIPTROFARDYELTGFMRFEMAGGWSSTRETGSLTRYFARGSG
HNMSLPIGIVAHAVSHVRRSPPSKLTLNMGYRPDIWRVTPHCNMBLIANGVKTPIQGSP LARHAFPLEVH
65 DTLYIHFFGRAYMNYSLDARRRQTAFVSMGLNRI F

ES 2 284 840 T3

>gi|3329342|gb|AE001360.1: 10808-13858,

5 ATGCCTTTTCTTTGAGATCTACATCAITTTGTTTTTAGCTTGTTTGTGTTCCCTATTCGTATGGATTCCG
 CGAGCTCTCCCAAGTGTAAACACCTAATGTAACCACTCCTTTAAGGGGGACGATGTTTACTTGAATGG
 AGACTGCGCTTTTGTCAATGTCTATGCAGGGGCAGAGAACCGCTCAATTATCTCAGCTAATGGCGACAAT
 TTAACGATTACCGGACAAAACCATAACATTTATCATTACAGATTCTCAAGGGCCAGTTCTTCAAAAATTATG
 CCTTCAITTCAGCAGGAGAGACACTTACTCTGAAAGATTTTCGAGTTTGATGTTCTCGAAAAATGTTTC
 TTGCGGAGAAAAGGGAATGATCTCAGGGAAAACCGTGAGTATTTCCGGAGCAGGGCAAGTGATTTTGG
 10 GATAACTCTGTGGGTATTCCTCTTTGTCIATTTGTGCCAGCATCGACTCCAACCTCCAGCACAGCAC
 CAGCTCCTGCTGCTTCAAGCTCTTATCTCCAACAGTTAGTGATGCTCGGAAAGGGTCTATTTTCTGT
 AGAGACTAGTTTGGAGATCTCAGGCGTCAAAAAGGGGTCAATGTTGATAATAATGCCGGGAATTTTGGGA
 ACAGTTTTTCGAGGTAATAGTAATAAATAGTCTGGTAGTGGGGGTAGTGGGTCTGCTACAACACCAAGTT
 TTACAGTTAAAAACTGTAAAGGGAAAGTTTCTTTTACAGATAACGTAGCCTCCTGTGGAGGGCGAGTAGT
 15 CTACAAGGAACCTGTGCTTTTCAAAGACAATGAAGGAGGCATATTCTCCGAGGGAACACAGCATACGAT
 GATTTAGGGATCTTGGCTGCTACTAGTCGGGATCAGAATACGGAGACAGGAGGCGGTGGAGGAGTTATTT
 GCTCTCCAGATGATTTCTGTAAAGTTTGAAGGCAATAAAGGTTCTATTGTTTTTGTATTACAACTTTGCAA
 AGGCAGAGCGGAAGCATCTAACGAAAGAATTCTCTCTGTAGCAGATGATTCGGTGTCTTTAGTAAC
 AATACAGCAGAAAAAGGCGGTGGAGCTATTTATGCTCCTACTATCGATAAAGCACGAATGGAGGATCGA
 20 TTCATTTGAAAGAAACCGAGCTGCAGAAGGAGGCGCCATCTGCGTGAGTGAAGCAAGCTCTGGTTCAAC
 TGGAAATCTTACTTTAAGCGCTTCTGATGGGGATATGTTTTTCTGGGAATAAGACGGATGATCGTCCCT
 GGAGAGCGCAGCGCAGCAAGAATCTTAAGTGATGGAACGACTGTTTTCTTTAATGCTTCCGGACTATCGA
 AGCTGATCTTTATGATCTGTAGTACAAAATAATTCAGCAGCGGGTGCATCGACACCATCACCATCTTC
 TTCCTTATGCTTGGTGTCTCAGGATTAATCAGTCCGTAATGGATCTGTGATTTTACCGCCGAGTCA
 25 TTGACTCCTTCAGAAAACTTCAAGTTCTTAACTCTACTTCTAACTTCCCAGGAGCTCTGACTGTGTCAG
 GAGGGAGTTGGTTGTGACGGAAGGAGCTACCTTAACTACTGGGACCATTACAGCCACTCTGGACGAT
 GACTTTAGGATCCGGAGCTTCGTTGTCTGCCGTTGCAGGTGCTGCAAATAATAATTACTTGTACAGTA
 TCTAAGTTGGGGATTGATTTAGAATCCTTTTTAACTCTAACTATAAGACGGCCATACTGGGTGCGGATG
 GAACAGTTACTGTTAAACAGCGGCTCTACTTTAGACCTAGTGATGGAGAGTGAGGCAGAGGTATATGATAA
 30 TCCGCTTTTTTGTGGGATCGCTGACAATTCCTTTTTGTTACTCTATCTTCTAGTAGTGTAGTAACGGAGTT
 ACAAAAAATCTGTCACTATTAATGATGCAGACGCTGCGCACTATGGGTATCAAGGCTCTTGGTCTGCAG
 ATTGGACGAAACCGCTCTGGCTCTGATGCTAAGGGGATGGTACTCCTAATACCAATAACACTCTGTA
 TCTGACATGAGACCTGCTTCGAATTCAGGTGAATTCGACTGGATCCTCAGAGAAAGGAGAACTAGTA
 CCCAACTCTCTTTGGGTAGCGGGATCTGCATTAAGAACCCTTTACTAATGGTTTGAAAGAACACTATGTTT
 35 CTAGAGATGTTGGATTGTAGCATCTCTGCATGCTCTCGGGGATTATTTTTGAATTATACGCAAGATGA
 TCGGGATGGCTTTTAGCTAGATATGGGGGATTCAGGGCAGCCAGCCTCCCATATGAAAAATGGGTCA
 ATATTTGGAGTGGCTTTGGACAACCTCTATGGTCAGACAAAGAGCAGAATGTATTACTTAAAGATGCTG
 GGAACATGACGATGTTGTCCTGTTTCGGAAGAAGTTACGTAGATATTAAGGAACAGAAACTGTTATGTA
 TTGGGAGACGGCTTATGGCTATTCTGTGCACAGAATGCATACGAGTATTTTAAATGACAAAACGCAGAAG
 40 TTCGATCATTCGAAATGTCAATGGCACAACTAATACTATATGCGTTTGTGGGTGCGGAGCATAATTTCT
 TAGAGTACTGCATTCCTACTCGTCAGTTGCTAGAGATATGAGCTTACAGGTTTATGCGTTTTGAAAT
 GGCCGGAGGATGGTCCAGTTCTACAGGAGAACTGGCTCCCTAACTAGATAATTCGCTCGCGGGTCAGGG
 CATAATATGTCGCTTCCAAATAGGAATTTAGCTCATGCAGTTTCTCATGTGCGAAGATCTCCTCCTTCTA
 45 AACTGACACTAAAATATGGGATATAGACCAGACATTTGGCGTGTCACTCCACATTGCAATATGGAATTTAT
 TGCTAACGGAGTGAAGACACCTATAACAAGGATCTCCGCTGGCACGGCATGCCTTCTTCTTAGAAGTGCAT
 GATACTTTGTATATTCATCATTTTGGAAAGAGCCTATATGAACATTTGCTGGATGCTCGTCTGACAAA
 CGGCACATTTGTATCCATGGGCTTGAATAGAATCTTTTAA

>gi|3328874 |gb|AAC68042.1| OMP rica en cisteína de 60 kDa [*Chlamydia trachomatis*]

50 MRIGDPMNKLI RRAVTIFAVT SVASL FASGVLETSMAESLSTNVI SLADTKAKDNTSHKSKKARKNESKE
 TPVDRKEVAPVHESKATGPKQDSCFGRMYTVKVNDDRNVETQAVPEYATVGSYPPIBITATGKRDCVDV
 IITQQLPCEAEFVRSDPATPTADGKLVWKIDRLGQGEKSKI TVVVKPLKEGCCFTAATVCACPBIRSVT
 KCGQPAICVKQEGPENACLRCPVVYKINIVNQGATARNVVVENPVPDGYAHSSGQRLVFTFLGDMQPGE
 55 HRTITVEFPCPLKRGRATNLTAVSYCGGHKNTASVTTVINEPCVQVS IAGADWSYVCKPVEYVIVSVNPGD
 LVLRDVVVEDTLPVGVTVLEAAGAQISCNKVVWTVKELNPGESLQYKVLVRAQTGQFTNNVVVKSCSDC
 GTCTS CAEATTYWKVAATHM CVVDTCDPVCV GENTVYRI CVTNRGSAEDTNVSLMLKFSKELQPVFSFG
 PTKGTITGNTVVFDSLPRLSKETVEFSVTLKAVSAGDARGEAILVSDTLTPVPSDENTHIY

60
 65

ES 2 284 840 T3

>gi|3328863|gb|AE001371.1: c11039-9378,

5 ATGCGAATAGGAGATCCTATGAACAACTCATCAGACGAGCAGTGACGATCTTCGCGGTGACTAGTGTGG
 CGAGTTTATTTGCTAGCGGGGTGTTAGAGACCTCTATGGCAGAGTCTCTCTCTACAAACGTTATTAGCTT
 AGCTGACACCAAAGCGAAAGACAACACTTTCATAAAAAGCAAAAAGCAAGAAAAAACACAGCAAAGAG
 ACTCCCGTAGACCGTAAAGAGGTTGCTCCGGTTCATGAGTCTAAAGCTACAGGACCTAAACAGGATTCTT
 GCTTTGGCAGAAATGATACAGTCAAAGTTAATGATGATCGCAATGTTGAAATCACACAAGCTGTTCTCTGA
 ATATGCTACGGTAGGATCTCCCTATCTATTGAAATTACTGCTACAGGTAAGGGGATGTTGTTGATGTT
 10 ATCATTACTCAGCAATTACCATGTGAAGCAGAGTTCGTACGCGAGTGATCCAGCGACAACCTCTACTGCTG
 ATGGTAAGCTAGTTTGGAAAATTGACCGCTTAGGACAAGGCGAAAAGAGTAAAATTACTGTATGGGTAAA
 ACCTCTTAAAGAGGTTGCTGCTTTACAGCTGCAACAGTATGCGCTTGTCCAGAGATCCGTTCCGTTACA
 AAATGTGGACAACCTGCTATCTGTGTTAAACAAGAAGGCCAGAGAATGCTTGTGTTGCGTTGCCCAGTAG
 TTTACAAAATTAATATAGTGAACCAAGCAACAGCAACAGCTCGTAACGTTGTTGTTGAAAATCCTGTTCC
 AGATGGTTACGCTCATTCTTTCGGACAGCGTGTACTGACGTTTACTCTTGGAGATATGCAACCTGGAGAG
 15 CACAGAACAATTACTGTAGAGTTTGTCCGCTTAAACGTTGGTTCGTGCTACCAATATAGCAACGGTCTTCT
 ACTGTGGAGGACATAAAAATACAGCAAGCGTAAACAACCTGTGATCAACGAGCCTTCCGTACAAGTAAGTAT
 TGCAGGAGCAGATTGGTCTTATGTTTGTAGCCTGTAGAATAATGATCTCCGTTTCCAATCCTGGAGAT
 CTTGTGTTGCGAGATGTCGTCGTTGAAGACACTCTTCTCCCGGAGTCAAGTCTTGAAGCTGCAGGAG
 CTCAAATTTCTGTAATAAAGTAGTTTGGACTGTGAAGAAGTGAATCCTGGAGAGTCTCTACAGTATAA
 20 AGTTCTAGTAAGAGCACAACTCCTGGACAATTCACAAATAATGTTGTTGTAAGAGCTGCTGACTGT
 GGTACTTGTACTTCTTCCGAGAAAGCGACAACCTTACTGGAAAAGGAGTTGCTGCTACTCATATGTGCGTAG
 TAGATACTTGTGACCCTGTTTGTGTTAGGAGAAAATACTGTTTACCCTATTTGTGTCACCAACAGAGGTTT
 TGCAGAAGATACAAATGTTTCTTTAATGCTTAAATTCCTTAAAGAACTGCAACCTGTATCCTTCTCTGGA
 CCAACTAAAGGAACGATTACAGGCAATACAGTAGTATTCGATTGCTTACCTAGATTAGGTTCTAAAGAAA
 25 CTGTAGAGTTTCTGTAAACATTGAAAGCAGTATCAGCTGGAGATGCTCGTGGGGAAGCGATTCTTCTTC
 CGATACATTGACTGTTCCAGTTTCTGATACAGAGAATACACACATCTATTAA

>gi|3328841|gb|AAC68010.1| Proteína de Membrana Externa B Putativa [*Chlamydia trachomatis*]

30 MKWLSATAVFAAVLPSVSGFCFPEPKELNFSRVGTSSSTTFTETVGEAGAEYIVSGNASFTKFTNIPTTD
 TTTPNNSSSSSNGETASVSEDSDSLSTTTPDPKGGGAFYNAHSGVLSFMTRSGTEGSLTLSEIKITGEGG
 AIFSQGELLFTDLTLQNLNLSQLSGGAI FGESTISLSGITKATFSSNSAEVPAVKKPTEPKAQTAZE
 TSGSSSSSGNDSVSSPSSRAEPAAANLQSHFICATATPAAQTDTESTPSEKPGSGGAIYAKGDLTIAD
 35 SQEVLFINKATKGGAI FAEKDVSFENITSLKVQTNGAEBKGGAIYAKGDLISIQSSKQSLFNSNYSKQG
 GGALYVEGDINFQDLEIRIKYNKAGTFETKILTPKAQASAGNADAWASSPQSGSGATTVNSNGDSSS
 GSDSDTSETVPATAKGGGLYTDKNLSITNITGIEIANNKATDVGGGAYVKGTLTCENSHRLQFLKNSSD
 KQGGIYGEDNITLNLTKTLFQENTAKEBGGGLFKGTDKALMTGLDSFCLINNTSEKGGGAFVTK
 EISQTYTSDVETIPGITPVEGETVITGNKSTGGNGGVCTKRLALSNLQISISIGNSAEENGGAHTCPD
 40 SPPTADTAEQPAAASAATSTPESAPVSTALSTPSSSTVSSLTLLAASSQASPATSNKETQDPNADTDLL
 IDYVVDTTISKNTAKKGGIYAKKAKMSRIDQLNISENSATEIGGGICCKESLELDALVLSVTENLVGK
 EGGGLHAKTVNINLKSQFSSFNKANSSTGVATTASAPAAAAASLQAAAAAVPSSPATPTYSGVVGGA
 IYGEKVTFQCSGTCQFSGNQAI DNNPSQSSLNVOGGAIYAKTSLSIGSSDAGTSYIFSGNSVSTGKSQT
 TGQIAGGAIYSPTVTLNCPATFSSNNTASMATPKTSSSEDGSSGNSIKDTIGGAIAGTAITLGSVSRFSGNT
 45 ADLGAAGITLANANTPSATSGSNSITEKITLENGSFI FERNQANKRGAIYSPSVSIRKNNITFNQNTST
 HDGSAIYFTKDATIESLGSVLFNGNVTATQASSATSGQNTNTANYGAAIFGDPGTTQSSQTDAILLLA
 SSGNITFSNNSLQNNQDTPASKFCSIAGYVKLSLQAAGKTI SFDCVHTSTKKIGSTQNVYETLDINK
 EENSNPYTGTVFSSSELHENKSYI PQNAI LHNGLTVLKEKTELVVVSFEQKEGSKLIMKPGAVLSNQIA
 50 NGALVINGLTIDLSSMGTPQAGEIPSPPELRIVATTSSASGGSGVSSSIPNPKRISAAAPSGSAATPT
 MSENKVFLLTGLDLTLDPNGNFYQNPMLGSDLVPLIKLPTNTSDVQVYDLTSLGDLFPQKGYMGTWLDL
 NPQTGKLOARWTFDYRRWVYIPRDNHFYANSILGSONSMIVVKQGLINNMLNNARFDDIAYNFWVSGV
 GTFLAQQGTPLSEEPSYSRGTSVAIDAKPRQDFILGAAFSKMVGKTKAIKMMHNYFHKGSEYSYQASVY
 GSKFLYFLLNKQHGHALPFLIQGVVSYGHIKHDTTTTLYPSIHERNKGDWEDLGWLADLRISMDLKEPSK
 55 SSKRITVYGELEYSSIRKQFTEIDYDPRHFDDCAYRNLSLPVGCVEGAIMNCNIMLYNKLALAYMPSI
 YRNNPVCKYRVLSSNEAGQVICGVPTRTSARAEYSTQLYLGPFWTLYGNYTIDVGMYYLTSQMTSCGARM

ES 2 284 840 T3

>gi|3328833 |gb|AE001314.1: 9601-14856,

5 ATGAAATGGCTGTGCTACTGCGGTGTTTGCTGCTGTTCTCCCCTCAGTTTCAGGGTTTTGCTTCCCAG
AACCTAAAGAATFAAATTTCTCTCGCGTAGGAACCTTCTTCTCTACCACATTTTACTGAAACAGTTGGAGA
AGCTGGGGCAGAATATATCGTCTCTGGTAACGCATCTTTTCAAAAATTTACCAACATTTCTACTACCGAT
10 ACAACAACCTCCACGAACTCAAACCTCTTAGCTCTAACGGAGAGACTGCTTCCGTTTCTGAGGATAGTG
ACTCTACAACAACGATCCTGATCCTAAAGGTGGCGGCCTTTTTATAACGCGCACTCCGGAGTTTTATC
CTTTATGACACGATCAGGAACAGAAGGTTTCTTAACTCTGTCTGAGATAAAAAATAACTGGTGAAGGCGGT
15 GCTATCTTCTCTCAAGGAGAGCTGCTATTTACAGATCTGACAGGCTAACCAATCCAAAATAACTTATCCC
AGCTATCCGGAGGAGCGATTTTTGGAGAATCTACAATCTCCCTATCAGGGATTAATAAAGCGACTTTCTC
CTCCAACTCTGCAGAAGTTCTGCTCTGTTAAGAAACCTACAGAACCATAAGCTCAAACAGCAAGCGAA
ACGTCGGTCTTAGTAGTTCTAGCGGAAATGATTCCGGTGTCTTCCCCCAGTTCCAGTAGAGCTGAACCCG
CAGCAGCTAATCTCAAAGTCACTTTATTTGTGCTACAGCTACTCCTGCTGCTCAAACCGATACAGAACC
20 ATCAACTCCCTCTCATAAGCCAGGATCTGGGGGAGCTATCTATGCTAAAGGCGACCTTACTATCGCAGAC
TCTCAAGAGGTACTATTCTCAATAAATAAAGCTACTAAAGATGGAGGAGCGATCTTTGCTGAGAAAGATG
TTCTTTTCGAGAATATTACATCATTAAAAGTACAAACTAACGGTGTGAAAGAAAAGGGAGGAGCTATCTA
TGCTAAAGGTGACCTCTCAATCAATCTTCTAACACAGAGTCTTTTTAATTTCTAACTACAGTAAACAAAGG
GGTGGGGCTCTATATGTTGAAGGAGATATAAACTTCCAAGATCTTGAAGAAATTCGATTAAGTACAATA
AAGCTGGAACGTTTCGAAACAAAAAAATCACTTTACCAAAAAGCTCAAGCATCTGCAGGAAATGCAGATGC
25 TTGGCCCTCTTCTCTCCTCAATCTGGTTCTGGAGCAACTACAGTCTCCAACTCAGGAGACTCTAGCTCT
GGCTCAGACTCGGATCCTCAGAAACAGTTCCAGCCACAGCTAAAGGCGGTGGGCTTTATATAAGA
ATCTTTTCGATTACTAACATCAAGGAATTTATCGAAATGCAATAACAAAGCGACAGATGTTGGAGGTGG
TGCTTACGTAAGGAACCCCTTACTTGTGAAAACCTCTCACCGTCTACAATTTTTGAAAACTCTTCCGAT
AAACAAGGTGGAGGAATCTACGGAGAAGACAACATCACCTATCTAATTTGACAGGGAAAGACTCTATTC
30 AAGAGAATACTGCCAAGAAGAGGGCGGTGGACTCTTCATAAAAGGTACAGATAAAGCTCTTACAATGAC
AGGACTGGATGAGTTTCTGTTAATTAACAACATCAGAAAAACATGGTGGTGGAGCCTTTGTTACCAA
GAAATCTCTCAGACTTACACTCTGATGTGGAACAATTCAGGAATCACGCTGTACATCTGAAACAG
TCATTACTGGCAATAAATCTACAGGAGGTAATGGTGGAGGCGTGTGTACAAAACGCTTTGCCITATCTAA
CCTTCAAAGCATTCTATATCCGGGAATCTGCAGCTGAAAATGGTGGTGGAGCCCACACATGCCAGAT
35 AGCTTCCCAACGGCGGATACTGCAGAACAGCCCGCAGCAGCTTCTGCCCGGACGCTACTCCCGAGTCTG
CCCCAGTGGTCTCAACTGCTTAAGCACACCTTCATCTTCTACCGTCTCTTCATTAACTTACTAGCAGC
CTCTTCAACAAGCCTCTCCTGCAACCTCTAATAAGGAAACTCAAGATCCTAATGCTGATACAGACTTATTG
ATCGATTATGTAGTTGATACGACTATCAGCAAAAACACTGCTAAGAAAGGCGGTGGAATCTATGCTAABA
AAGCCAAGATGTCCCGCATAGACCAACTGAATATCTCTGAGAATCCGCTACAGAGATAGGTGGAGGTAT
40 CTGCTGTAAAGAATCTTTAGAACTAGATGCCCTAGTCTCCTTATCTGTAACAGAGAACCTTGTGGGAAA
GAAGTGGAGGCTTACATGCTAAAACGTAAATATTTCTAATCTGAAATCAGGCTTCTCTTCTCGAACA
ACAAAGCAAACCTCTCATCCACAGGAGTCGCAACAACAGCTTACAGCACTGCTGCAGCTGCTGCTTCCCT
ACAAGCAGCCCGCAGCAGCCGTACCATCATCTCCAGCAACACCAACTTATTCAGGTGTAGTAGGAGGAGCT
ATCTATGGAGAAAAGGTTACATTTCTCAATGTAGCGGGACTTGTAGTCTCTTGGGAACCAAGCTATCG
45 ATAACAATCCCTCCCAATCATCGTTGAAACGTACAAGGAGGAGCCATCTATGCCAAAACCTCTTTGCTAT
TGGATCTTCCGATGCTGGAACCTCCTATATTTTCTCGGGGAACAGTGTCTCCACTGGGAAATCTCAAACA
ACAGGGCAAATAGCGGGAGGAGCGATCTACTCCCTACTGTTACATGGAATTGTCTGCGACATTTCTTA
ACAATACAGCCTCTATGGCTACACCAAGACTTCTTCTGAAGATGGATCTCAGGAAATTTCTATTAAGA
TACCATTGGAGGAGCCATGACAGGACAGCCATACCTTATCTGGAGTCTCTCGATTTTACAGGAATACG
GCTGATTTAGGAGCTGCAATAGGAACCTAGCTAATGCAATACACCCAGTGCAACTAGCGGATCTCAAAA
50 ATAGCATTACAGAAAAAATTACTTTAGAAAACGGTCTTTTTATTTTTGAAAGAAACCAAGCTAATAAACG
TGGAGCGATTTACTCTCCTAGCGTTTTCCATTAAGGGAAATAATAATACCTTCAATCAAATACATCCACT
CATGATGGAAGTGCTATCTACTTTACAAAAGATGCTACGATTGAGTCTTTAGGATCTGTTCTTTTTACAG
GAAATAACGTTACAGCTACACAAGCTAGTTCTGCAACATCTGGACAAAATACAAATACTGCCAACTATGG

GGCAGCCATCTTTGGAGATCCAGGAACCACTCAATCGTCTCAAACAGATGCCATTTTAAACCCTTCTTGCT
 TCTTCTGGAAACCTTACTTTTAGCAACAACAGTTTACAGAATAACCAAGGTGATACTCCCGCTAGCAAGT
 TTTGTAGTATTCAGGATACGTCAAACTCTCTCTACAAGCCGCTAAAGGGGAAGACTATTAGCTTTTTTCGA
 TTTGTGTGCACACTCTACCAAAAAAATAGGTTCAACAACAAACGTTTATGAACTTTAGATATTAATAAA
 5 GAAGAGAACAGTAATCCATATACAGGAACFATGTGTCTCTCTGAAATTACATGAAAACAAACTTTACA
 TCCCACAGAAATGCAATCCTTCAACCGGAACCTTTAGTTCTTAAAGAGAAAACAGAACTCCACGTTAGTCTC
 TTTTGAGCAGAAAAGGGTCTAAATTAATTAATGAAACCCGGAGCTGTGTTATCTAACCAAAACATAGCT
 AACGGAGCTCTAGTTTCAATGGGTTAACGATTGATCTTTCCAGTATGGGGACTCCTCAAGCAGGGGAAA
 TCTTCTCTCCAGAAATTACGTATCGTTGCCAGCCTCTAGTGCATCCGGAGGAAGCGGGGTCAGCAG
 10 TAGTATACCAACAAATCCTAAAAGGATTTCTGCAGCAGCGCCTTCAGGTTCTGCCGCAACTACTCCAAC
 ATGAGCGAGAACAAAGTTTTCTAACAGGAGACCTTACTTTAATAGATCCTAATGGAACTTTTACCAAA
 ACCCTATGTTAGGAAGCGATCTAGATGTACCACTAATTAAGCTTCCGACTAACCAAGTGACGTCCAAGT
 CTATGATTTAACTTTATCTGGGGATCTTTCCCTCAGAAAGGTACATGGGAACCTGGACATTAGATTTCT
 AATCCACAACAGGGAAACTTCAAGCCAGATGGACATTCGATACCTATCGTCTGGGTATACATACCTA
 15 GGGATAATCATTTTTATGCGAACTCTATCTTAGGCTCCAAAACCTCAATGATTGTTGTGAAGCAAGGGCT
 TATCAACAACATGTTGAATAATGCCCGCTTCGATGATATCGCTTACAATAACTTCTGGGTTTCAGGAGTA
 GGAACCTTCTTAGCTCAACAAGGAACCTCTCTTCCGAAGAATTCAGTTACTACAGCCGCGGAACCTCAG
 TTGCCATCGATGCCAAACCTAGACAAGATTTTATCTTAGGAGCTGCATTTAGTAAGATGGTGGGAAAAAC
 CAAAGCCATCAAAAAAATGCATAATTACTCCATAAGGGCTCTGAGTACTCTTACCAAGCTTCTGTCTAT
 20 GGAGTAAATTTCTGTATTTCTTGCTCAA TAAGCAACATGGTTGGGCACTTCTTTTCTAATAACAAGGAG
 TCGTGTCTATGGACATATTAACATGATACAACAACACTTTACCTTCTATCCATGAAAGAAATAAGG
 AGATTGGGAAGATTTAGGATGGTTAGCGGATCTTCGTATCTCTATGGATCTTAAAGAACCTCTAAAGAT
 TCTTCTAAACCGATCACTGTCTATGGGAACTTGAGTATCCAGCATTCCGCAGAAACAGTTACAGAAA
 TCGATTACGATCCAAGACACTTCGATGATTGTCTTACAGAAATCTGTCTCTCTCTGATGCTGT
 25 CGAAGGAGCTATCATGAACGTAAATATTCTTATGTATAATAAGCTTGCATTAGCCTACATGCCCTTCTATC
 TACAGAAATAATCCTGTCTGTAATATCGGGTATTGTCTTCGAATGAAGCTGGTCAAGTTATCTGCGGAG
 TGCCAACTAGAACCTCTGCTAGAGCAGAATACAGTACTCAACTATATCTTGGTCCCTTCTGGACTCTCTA
 CGGAACTATATCGATGTAGGCATGTATACGCTATCGCAAATGACTAGCTGCGGTGCTCGCATGATC
 TTCTAA

>gi|3328840|gb|AAC68009.1| Proteína de membrana externa A putativa [*Chlamydia trachomatis*]

MNRVIEITHAHYDQRQLSQSPNTNFLVHHPYLTLIPKFLLGALIVYAPYSPAEMELAISGHKQKDRDFTFT
 MISSCEPNTYI INRKLILSDFSLNKVSSGGAFRNLGAKISFLGKNSASIHFKHININGFGAGVPSSES
 35 SIEFTDLRKLVAFGSESTGGIFTAKEDISFKNNHIAFRNNITKNGGVVQLQGDMDKGSVSVFDQRGAI I
 FTNNQAVTSSSMKHSGRGGAISGDFAGSRILEFLNNQOITFEGNSAVEGGAIYKNGLVEFLGNAGPLAFK
 ENTTLIANGGAIYTSNFKANQOTSPILFQNHANKKGGAIYAQYVNLBQNOQDITRPEKNTAKEGGGAI TSS
 QCSITAHNTIIFSDNAAGDLGGGAILLEGKPSLTLIAHSGNIAFSGNTMLHITKKASLDRHNSILIKEA
 PYKIQLAANKNHSIHFFDPVMALSASSPIQINAPEYETPFFSPKGMIVFSGANLLDDAREDVANRTSIF
 40 NQPVHLYNGTLSIENGAEHLIVQSFQKQTGGRISLSPGSSLALYTMNSFFHGNISSKEPLEINGLSFGVDIS
 PSNLQAEIRAGNAPLRLSGSPSIHDPEGLFYENRDTAASPYQMEILLTSDKIVDISKFTTDSLVTNKQSG
 FQGAWHFSWQPNLTNNKQKILRASWLPTEGYVLESNRVGRAVPSNLWSTFLLLQTASHNLGDHLCNNRS
 LIPTSYFVGLIGGTGAEMSTHSSEESFISRLGATGTSIIRLTPSLTLSSGGSHMFGDSFVADLPBHITS
 EGVQNVGLTHVWGPLTVNSTLCAALDENAMVRI CSKQDHTYKWDTFPMRGTLAGSAYTFLEYDQTMRFV
 45 SPANIEATNLIQRAFTEGTYNPRFSKTKLLNIAIPIGIGYEFCLGNSSFALLGKGSIGYSRDI KRENPS
 TLAHLAMNDFAWTTNGCSVPTSAHTLANQLILRYKACSLYITAYTINREGKNSLSLSCGGYVGF

>gi|3328833|gb|AE001314.1: 6535-9462,

ATGAATCGAGTTATAGAAATCCATGCTCACTACGATCAAAGACAACCTTTCTCAATCTCCAATACAAAC
 TCTTAGTACATCATCCTTATCTTACTCTTATCCCAAGTTTCTACTAGGAGCTCTAATCGTCTATGCTCC
 TTATTCGTTTGCAGAAATGGAATTAGCTATTTCTGGACATAAAACAGGTAAAGATCGAGATACCTTTACC
 55 ATGATCTCTTCTGTCTGAAGGCATAATTACATCATCAATCGCAAACCTATACTCAGTGATTTCTCGT
 TACTAAATAAAGTTTCAACAGGGGGAGCCTTTCCGGAATCTAGCAGGGAAAATTTCTTCTTAGGAAAAA
 TCTTCTGCGTCCATTCATTTTAAACACATTAATCAATGGTTTGGAGCCGGAGTCTTTTCTGAATCC
 TCTATTGAATTTACTGATTTACGAAAACCTTGTCTTTTGGATCTGAAAGCACAGGAGGAATTTTACTG
 CGAAAGAGGACATCTTTTAAAAACACCACCACATTCGCTTCCGCAATAATATCACCAAAAGGGAATGG
 60 TGGCGTTATCCAGCTCCAAGGAGATATGAAAGGAAGCGTATCCTTTGTAGATCAAAGTGGAGCTATCATC
 TTACCAATAACCAAGCTGTAACTTCTTCAATGAAACATAGTGGTCTGGAGGAGCAATTAGCGGTG
 ACTTCGAGGATCCAGAAATCTTTTTCTTAATAACCAACAAATTAATTTCTCGAAGGCAATAGCGCTGTGCA
 TGGAGGTGCTATCTACAATAAGAATGGCCTTGTGAGTCTTAGGAAATGCAGGACCTCTTGCCTTTAAA
 GAGAACAACAATAAGCTAACCGGGGAGCTATATACAAGTAATTTCAAAGCGAATCAACAACCATCCC
 CCATTTCTATCTCTCAAATCATGCGAATAAGAAAGGGGAGCGATTTACGCGCAATATGTGAACCTTAGA
 65 ACAGAATCAAGATACTATTCGCTTTGAAAAAAATACCGCTAAAGAAGGCGGTGGAGCCATCACCTCTTCT
 CAATGCTCAATTACTGCTCATAATACCATCATTTTTCCGATAATGCTGCCGGAGATCTTGGAGGAGGAG
 CAATTTCTTAGAAGGGAAAAACCTTCTAACCTTGATTGCTCATAGTGGTAATATTGCATTTAGCGG

ES 2 284 840 T3

CAATACCATGCTTCATATCACCAAAAAAGCTTCCCTAGATCGACACAATTCTATCTTAATCAAAGAAGCT
 CCCTATAAAAATCCAACCTGCAGCGAACAAAAACCATTCTATTCTTTGATCCTGTCATGGCATTGT
 CAGCATCATCTTCCCCTATACAAATCAATGCTCCTGAGTATGAAACTCCCCTTCTTCTCACCTAAGGGTAT
 5 GATCGTTTTCTCGGGTGCGAATCTTTTAGATGATGCTAGGGAAGATGTTGCAATAGAACATCGATTTTT
 AACCAACCCGTTTCATCTATATAATGGCACCCCTATCTATCGAAAATGGAGCCCATCTGATTGTCCAAAGCT
 TCAAAACAGACCCGAGGACGTATCAGTTTATCTCCAGGATCTCCTTGGCTCTATACAGGATGAACCTGTT
 CTTCCATGGCAACATATCCAGCAAAGAACCCTAGAAATTAATGGTTTAAGCTTTGGAGTAGATATCTCT
 CTTCTAATCTTCAAGCAGAGATCCGTGCCGGCAACGCTCCTTTACGATTATCCGGATCCCCATCTATCC
 10 ATGATCCTGAAGGATTATTCTACGAAAATCGCGATACTGCAGCATCACCATACCAAATGGAAATCTTGCT
 CACCTCTGATAAAAATGTAGATATCTCCAAATTTACTACTGATTCTCTAGTTACGAAACAAACAATCAGGA
 TTCCAAGGAGCCTGGCATTTTAGCTGGCAGCCAAATACTATAAAACAATACTAAACAAAAAATATTAGAG
 CTTCTTGGCTCCCAACAGGAGAAATATGTCCTTGAATCCAATCGAGTGGGGCGTCCGTTCCCTAATTCCTT
 ATGGAGCACATTTTACTTTTACAGACAGCCTCTCATAACTTAGGCGATCATCTATGTAATAAATCGATCT
 CTTATTCTACTTCACTTCTCGGAGTTTTAATTGGAGGAACTGGAGCAGAAATGTCTACCCACTCCTCAG
 15 AAGAAGAAAGCTTTATATCTCGTTTAGGAGCTACAGGAACCTCTATCATACGCTTAACCTCCCTCCGAC
 ACTCTCTGGAGGAGCTCACATATGTTCCGGAGATTGTTTCGTTGCAGACTTACCAGAACACATCACTTCA
 GAAGGAATTGTTTCAAGATGTCCGTTTAAACCCATGTCTGGGGACCCCTTACTGTCAATTCTACATTATGTG
 CAGCCTTAGATCACAAACGCGATGGTCCGCATATGCTCCAAAAAGATCACACCTATGGGAAATGGGATAC
 ATTCCGGTATCGAGGAACATTAGGAGCCTCTTATACATTCTAGAAATATGATCAAACATATGCGCGTATT
 20 TCATTGCGCAACATCGAAGCCACAAATATCTTGCAAAGAGCTTTTACTGAAACAGGCTATAACCCAAGAA
 GTTTTCCAAGACAAAACCTTAAACATCGCCATCCCATAGGGATTGTTTATGAATTCGCTTAGGGAA
 TAGCTCTTTGCTCTACTAGGTAAGGATCCATCGGTTACTCTCGAGATATTAACGAGAAAACCCATCC
 ACTCTTGCTCACCTGGCTATGAATGATTTTGGCTTGGACTACCAATGGCTGTTTCAAGTTCCAACCTCTGCAC
 ACACATTGGCAATCAATGATTCTTCGCTATAAAGCATGTTCTTATACATCACGGCATATACTATCAA
 25 CCGTGAAGGGAAGAACCTCTCCAATAGCTTATCTCGGGAGGCTATGTTGGCTTCTAA

>gi|3328763|gb|AAC67938.1| Familia de O-sialoglicoproteína endopeptidasa [*Chlamydia trachomatis*]

30 MYKYFIVDTSQSQFLAYVDCRDVLEVWSLPTGPDQGVVLFNFIFNSLDLFPQIGVSVGPGGFSATRVGV
 AFAQGLSLAKNVPLVGYSSLEGYLSLGOEEEALLLPLGKKGIVAINSELSLDGFLLTDTTSTPGILLSY
 SEALEYCLDKGCCHVISPDPTYFVELFSSRISVRKVVPCIDRIRKYVVSQFVLSQNLPLCLDYRSISSFF

>gi|3328757|gb|AE001307.1: c6730-6098,

35 GTGTACAAATATTTTATTGTAGACACTTCCGGTCTCAGCCGTTTGTGGCCTATGTCGATGTGCGAGATG
 TTTTAGAAGTATGGTCTTTGCCTACAGGCCAGATCAAGGAGTTGTGTTAAATTTCAATTTCAACAGCCT
 40 GGATTTGCCTTTCCAAGGTATTGGAGTCTCTGTTGGTCTGGGGGATTTTCTGCACTAGAGTGGGAGTT
 GCTTTTGTCTAAGGGCTCTCTGGCTAAAAATGTCCTTTTAGTTGGCTATAGCTCTTTAGAAGGATATC
 TTTCTTTGGGTCAAGAAGAGGAGGCTTTGCTTTTGCCTCTAGGGAAAAAGGGTGGGATTGTAGCTTTAAA
 CTCAGAGCTTTCTCTGATGGTTTCTGCTTACAGATACTACTTCTACTCCGGAAATTTATTGTCTTAT
 TCTGAAGCTCTAGAGTATTGTTTAGATAAGGGATGTTGTCATGTGATCTCTCCGGATCCAACGTATTTG
 45 TAGAACTATTTCTTCGCGTATTTCCGTAAGGAAGGTGGTTCCTTGTATCGATCGAATCCGTAAGTACGT
 TGTTCGCAGTTGTTCTGTCTCAAAATCTTCCGTTGTGTTTAGATTACCGGAGCATCTCTTCCCTTTTTT
 TAG

>gi|6578102|gb|AAC67897.2| Subunidad K de la ATP sintasa [*Chlamydia trachomatis*]

50 MIDVSVVGPVLAMALAMIGSAVCGMAGVASHAVMSRIDEGHGKIIGLSAMPSSQSIYGLIFMLLLNDAI
 KDGKVS AVSGIVMGI AVGSALLLSAFMQKCCVSAIQAYARSSAIYKSFASIGIVESFALPAFVPALLL
 F

>gi|3328718|gb|AE001303.1: c956-531,

60 ATGATAGATGTATCAGTAGTGGGGCCTGTATTGGCTATGGCTTTGGCAATGATTGGTAGCGCTGTTGGAT
 GTGGAATGGCTGGAGTCCGTTCTCACGCAGTGAATGCTCGAATCGATGAAGGACACGGGAAGATTATTGG
 TCTGTCTGCTATGCCCTCATCAATCCATTTACGGGTTGATTTTCAATGTTACTGCTGAATGATGCAATT
 AAGGATGGAAAAGTCTCTGCAGTCAAGTGGTATCGTAATGGGTATAGCTGTAGGATCTGCGTTATTGCTTT
 CTGCTTTTATGCAAGGGAAGTGTGTGAGTGTATTCAAGCCTATGCGCGTTCCCTCTGCAATATATGG
 65 TAAATCATTGCTTCGATTGGGATGTTGAGTCTTTTGGCTTATTGCTTTGCTTTGCTTTGCGCTATTGTTA
 TTCTAA

ES 2 284 840 T3

>gi|3329252|gb|AAC68382.1| Proteína ribosómica S14 [*Chlamydia trachomatis*]

5
MAKSAVAREVKRRKLVANFQKRAELRKLAKSLSVSEERERAREALNKMRRDTPSRLHNRCLLTGRP
RGYLRKFAISRICFRQMASMGDIPGVVKASW

>gi|3522908|gb|AE001351.1: 2436-2741,

10
ATGGCGAAGAAGTCAGCAGTAGCTAGAGAAGTTAAACGTCGAAAGTTAGTAGAAGCTAAITTTTCAGAAGA
GAGCAGAGCTTCGAAAACCTGCGAAGAGTTTATCTGTTAGCGAGGAAGAAAGAGAAAGAGCTCGGGAAGC
TCTCAATAAAAATGAGAAGAGATACTTCTCCTTCCTGTTTACATAATAGATGCCTATTAACAGCCGTCCT
CGTGGATACCTTAGAAAAGTTTGCTATCTCAAGAATTGTTTTAGACAAATGGCTTCTATGGGAGATATCC
15
CAGGCGTTGTGAAAGCAAGTTGGTAG

>gi|3329133|gb|AAC68276.1| Proteína de Membrana Externa Principal [*Chlamydia trachomatis*]

20
MKKLLKSVLVFAALSSASSLQALPVGNPAEPSLMIDGILWEGFGGDPCDPCATWCDIAISMRVGYGDFVF
DRVLKTDVNKEFQMGAKPTTDGNSAASPSTLTARENPAYGRHMQDAEMFTNAACMALNIWDRFDVFCITLG
ATSGYLKGNASFNLVGLFGDNENQKTVKAESVPMNSFDQSVVELYDITTFAWSVGARAALWECGCATLG
ASFYAQS KPKVEELNVLNAAEFTINKPKGYVGKEFPLDLTAGTDAATGTKDASIDYBEWQASLALS
25
LNMFTPYIGVKWSRASFDADTIRIAQPKSATAIFDITTLNPTIAGAGDVKTGAEGQLGDTMQIVSLQLNK
MKSXKSCGLAVGTTIVDADKYAVTVETRLIDERAHVNAQFRF

>gi|3329126|gb|AE001338.1: c6759-5578,

30
ATGAAAAAAGCTTTGAAATCGGTATTAGTATTTGCCGCTTTGAGTTCTGCTTCTCCTTGCAAGCTCTGC
CTGTGGGGAATCCTGCTGAACCAAGCCTTATGATCGACGGAAATCTGTGGGAAGGTTTCGGCGGAGATCC
TTGCGATCCTTGCGCCACTTGGTGTGACGCTATCAGCATGCGTGTGGTTACTACGGAGACTTTGTTTTTC
GACCGTGTTTTGAAGAACTGATGTGAATAAAGAATTTAGATGGGTGCCAAGCCTACAACGATAACAGGCA
35
ATAGTGCAGCTCCATCCACTCTTACAGCAAGAGAGAATCTCTGCTTACGGCCGACATATGCAGGATGCTGA
GATGTTTACAAATGCCGCTTGCAATGGCATTGAATATTTGGGATCGTTTTGATGATTTCTGTACATTAGGA
GCCACCACTGGATATCTTAAAGGAAACTCTGCTTCTTCAATTTAGTTGGATTGTTGGAGATAATGAAA
ATCAAAAAACGGTCAAAGCGGAGTCTGTACCAAATATGAGCTTTGATCAATCTGTGTTGAGTTGTATAC
AGATACTACTTTTGGTGGAGCGTCGGCGCTCGCGCAGCTTTGTGGGAATGTGGATGTGCAACTTTAGGA
GCTTCAATTCAAATATGCTCAATCTAAACCTAAAGTAGAAGAATTAACCGTTCTCTGCAATGCAGCAGAGT
40
TTACTATTAATAAACCTAAAGGGTATGTAGGTAAGGAGTTTCTCCTTGATCTTACAGCAGGAACAGATGC
TGCGACAGGAACCTAAGGATGCCTCTATTGATTACCATGAATGGCAAGCAAGTTTAGCTCTCTTTACAGA
CTGAATATGTTCACTCCCTACATGGAGTTAAATGGTCTCGAGCAAGCTTTGATGCCGATACGATTCTGTA
TAGCCAGCCAAAATCAGCTACAGCTATTTTTGATACTACCACGCTTAACCCAACTATTGCTGGAGCTGG
CGATGTGAAAACTGGCGCAGAGGGTCTGCTCGGAGACAAATGCAAACTCGTTTCTTGAATTTGAACAAG
45
ATGAAATCTAGAAAATCTTGCGGTATTGTCAGTAGGAACAACCTATTGTGGATGCAGACAAATACGCAGTTA
CAGTTGAGACTCGCTTGATCGATGAGAGCAGCTCACGTAATGCACAATTCGCTTCTAA

>gi|3328987|gb|AAC68150.1| Proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

50
MLKMFVWLNLSLVFSLLLSACGYTVLSPHYVEKFKFSLSEGIYVCP IEGDSLGLDLVSSLSYELEKRGHLHTRS
QGTSSGYVLKVSFLNETDENIGFAYTPQKPDEKPVKHFIVSNEGRLALS AKVQLIKNRTQEI LVEKCLRK
SVTFDFQPD LGTANAHQLALGQFEMHNEAIKSASRILYSQLAETIVQVYYDLF

>gi|3323898|gb|AE001325.1: 10880-11464,

60
ATGCTGAAAAATGTTTTGGTTGAATAGCCTCGTTTTCTTCTCGTTACTACTATCAGCCTGCGGCTATACAG
TGCTCTCCCCCACTATGTAGAAAAGAAATCTCGCTTTCCGAAGGCATCTATGTCTGCCCTATCGAAGG
AGATTCATTAGGAGATCTCGTATCCTCTCTTTCTTACGAATTAGAAAAGCGAGGACTCCACACACGATCT
CAAGGAACCTCTTCTGTTATGTAATCAAGTCTCTCTTTCAATGAGACTGATGAAAATATTGGATTTCG
CATACTCCCCAAAACCTGATGAAAACCTGTAAAACACTTCATTGTCTCTAATGAAGGGCGCTTAGC
65
GTTATCAGCAAAAAGTCCAACTAATCAAAAACCGCACAAAGAAATATTAGTGGAGAAATGCCTGAGAAAA
TCGGTTACTTTTTGATTTTCAACCTGACCTCGGAACCGCAATGCTCATCAGCTAGCTCTCGGACAAATTTG
AAATGCATAATGAAGCAATAAAAAGCGCTTCTCGTATATTGTATTGCAATTAGCAGAGACTATTGTACA
ACAGGTATACTATGACCTTTTCTGA

ES 2 284 840 T3

>gi|3328972|gb|AAC68136.1| Apoliproteína N-acetiltransferasa [*Chlamydia trachomatis*]

5 MFKLVSYIILSWVLVCLAQPDVSVVA.SVVSCI.CGYSLI.WAGLFALVEQLSWKKVWCIAFIWTTVEGAHF
SWMLEDLVVGTSIYFVWGIILSYLATLFASPSCLVVWCCRRKQYRGALVWLPVWVAIEAIRYYGLLSGVS
FDFIGWPLTATAYGRQFGSFFGWAGQSFLVIAANICCFVCLLKHSFSKGLWLTLCAPFYLLGGAHYEYL
KXHFSDSEVLRVAIVQPGYS.PMHAGRTASAIWRGLVSLCQTIQTPVDVIVFPEVSVVFPGLHRQAYTLHE
10 NQPVLESLLPNKSWGEFFTNLDWIQAIAERYQCTVIMGMERWENKGGILHLYNAECVSREGEITSYDKR
ILVPGGEYIPGGKIGFSLCQTFPEFALPFQRLPGEFSGVVMITERIKAGISICYEBTFGYAIRPYKROQ
ADILVNLTNDGWYPRSRPLVHFYHGMLRNQELGIPICIRACRTGVSAAVDSLGRIVGILPWESRTCFSVT
GVLQVSVPLYSYHTVYARLGDAPLLLIAVCSVIGAIAYFYRKKKETPPQTF

>gi|3328966|gb|AE001324.1: c6152-4524,

15
20 GTGTTTAAACTTGTGCATACATCATCCTTCTTGGGTGCTGGTCTGTTTGGCTCAGCCGGATGTAAGTG
TTGTAGCTTCTGTTGTTAGTTGTATTTCGGGTACAGCTTACTTTGGGCTGGGCTTTTGGCTTAGTAGA
GCAATTATCTTGAAGAAAGTTTGGTGCAATCGCTTTTATTTGGACTTGGACTGTGCAAGGCGCTCATTTC
TCTTGGATGCTTGAAGATCTTTATGTAGGGACAAGCATCTATTTGTTTGGGGTATACGCTTTCTTATC
TCGCCACCCTATTGCTAGTTTTCTTGTGTTGGTTGTGTTGTTGTCGCAAGCAATATAGGGGAGCTCT
25 TGTGTTGGCTTCCAGGGGTTTGGGTGGCGATAGAAGCAATACGCTATTATGGGTTGCTTTCAGGAGTTTCT
TTTGATTTTATTGGCTGGCCTCTTACAGCGACAGCCTATGGCCGCAATTCCGGCAGCTTTTTGGATGGG
CTGGACAAAGCTTCTAGTTATTGCTGCCAATATATGCTGTTTTCAGTATGTTTATTAACAACACTCTTT
TTCCAAAGGTTTGTGGTTGACGTTGTGCGCTTCCCTTATCTGTTAGGCGGAGCGCATACGAATACCTA
AAGAAGCATTTTTCCGACTCTGAAGTGCTTCGAGTTGCCATCGTGCAGCCTGGATATAGTCCTCATATGC
ATGCAGGGAGGACGGCTAGTGCTATTTGGAGAGGTTTGGTTTCTTGTGCCAGACTATTCAAACCTCTGT
AGATGTGATCGTTTTCCAGAAGTAAAGTGTTCCTTTTGGCTTACATAGACAAGCCTATACTCTTCATGAA
30 AATCAGCCTGTATTAGAAAAGTTTGGCTTCCCTAACAAATCTTGGGGCGAGTTTTTCACAAATTTGGATTGGA
TCCAAGCGATAGCTGAACGTTATCAATGCACCGTTATCATGGGAATGGAACGATGGGAAAATAAGGGGG
AATACTGCATTGTATAAATGCTGCTGAATGCGTATCGCGAGAAGGGGAAAATAACTAGCTATGATAAGCGG
ATTCTTGTCTCTGGAGGTGAGTACATCCCTGGAGGGAAAATAGGTTTTCTTGTGTCAAACCTTTTTTCC
CAGAATTTGCTCTTCCCTTCAACGTTTGCAGGAGAGTTTTCTGAGGTTGTGAATATAACAGAGCGAAT
35 AAAAGCTGGGATCTCTATTTGTTATGAGGAGACATTTGGGTATGCAATTCGCCCTTACAAAAGGCAACAA
GCCGATATTTTAGTAAATCTTACTAATGACGGTTGGTATCCGCGTTCAAGGCTGCCTCTAGTACATTTT
ATCATGGCATGTTACGTAATCAAGAGTTGGGTATACCTTGTATTTCGCGCCTGTGCGACAGGAGTTCTGC
TGCAAGTGGATTCTTGGGTAGAAATGTCGGCATACTTCCCTGGGAATCGAGAACTTGCCAGTTTCTACA
GGAGTACTCCAAGTTCCGTCCTCTTACAGTTATCATACTGTATATGCAAGGCTGGGTGATGCTCCTC
40 TGTTACTGATTGCAGTTTGTTCGGTTATCGGAGCGATTGCCATTTTTATAGGAAAAGAAAGAGACCCC
ACCACAAACATTTTTTTGA

>gi|3328612|gb|AAC67797.1 Fructosa-6-P fosfotransferasa [*Chlamydia trachomatis*]

45
50 MSSNKHASL.CQKTPSLCRELQKAPALLL.TEDIRPKALLNER.IDSV.AELFPCTYNS.PYYKFI.SKSDLSAET
SPLKVGVM.LSGGPAPGGHNV.LGLLHS.IK.LHPNSQLLGF.IRNGEGLLNNTVE.ITDEF.IE.FRNSGGFN
CIGTGRINI.I.TENKARCLQTANELDL.DGLVI.IGGDSNTATA.I.LAEYFAKHQAKTVLVGVPKTIDGDLQ
55 HL.FLDLTPGFDTATK.FYSS.I.SNISR.DALSCKGHY.F.I.KLMGRSSSHITL.CALQTH.PNIAL.I.GEEIAEK
SISLET.LIHD.I.CETIADRAAMGKYHG.VIL.I.PEGVIE.F.I.PEIQLSVK.BIES.I.PEQENLYQALS.LSSQQLLC
QFPEDI.CHQLLYNRDAHGNV.VYSKISVDKLL.IHLVR.QHLETHFRQVP.FNA.I.SHFLGYEGRSGT.PTHFDNV
YSYNLGYGAGVLVFNRCNGYLS.TIEGLT.SPIEKWRLRALP.IVRMLT.TKQKDS.KHYPLIKR.LVDIASPV
60 F.NK.FSLYRK.I.WALED.SYRFVGPLQ.IHS.PEDAHSDD.FP.LIL.FLN.HNEWQK.RCSIC.LR.IPDQDY

ES 2 284 840 T3

>gi|3328609|AE001294.1: 2452-4113,

5 ATGTCGTCGAATAAACATGCTTCTCTTTGTCAAAGACGCCTTCTTTGTGTCGGGAGCTTCAAAAAGCTC
CTGCTCTTCTATTAAACAGAAGACATAAGGTTTAAAGCTCTTCTTAAATGAACGCATTGACTCTGTTCAGAG
ACTATTTCCATGCCTTATAACTCTCCCTACTACAAATTTATTTGAAAGTCCGATCTTTCCGCTGAGACC
TCTCCCCTTAAAGTGGGCGTTATGCTTTCTGGAGGCCAGCTCTGCTGGTGGGCACAATGTCATCTTAGGAT
10 TGCTACACAGTATTAAAAAGCTCCATCCGAATAGTCAGCTTTTAGGATTTATTGCAATGGAGAAGGACT
TCTCAATAATAATCTGTAGAAATCACAGATGAATTCATTGAAGAGTTTCGTAACCTCTGGAGGCTTTAAT
TGCATAGGAACAGGTGCACTAATAATCATAACCGAAGAAAATAAAGCGCGCTGTTTACAAACAGCAAATG
AACTCGATTTAGATGGATTAGTGATTATGGAGGCGATGGTTCGAATACAGCCACGGCGATTCTTGCTGA
ATATTTTGCTAAGCATCAAGCAAAAACGGTATTAGTTGGTGTCCCAAACTATTGATGGAGATTTGCAG
CACCTATTTTAGACCTCACATTTGGGTTTGATACTGCTACTAAATTTTATTTCATCCATCATCAGCAACA
15 TTTCTAGAGAGCGCATTATCGTGTAAAGGCCACTATCATTPTTAACTAATGGGCCGGTCTTCTTCTCA
TATCACGCTAGAAATGGCACTACAGACTCACCCAAATATTGCTCTTATAGGCCAAGAGATTGCAGAAAAA
AGCATCTCCTTAGAAACATTAATCCATGATATTTGTAAACAATAGCAGATCGAGCTGCTATGGGGAAAT
ACCATGGCGTTATCTCATCCCTGAAAGGAGTCATTGAGTTTATTCCTGAAATACAGTCTCTGGTTAAAGA
AATTGAATCCATCCAGAGCAGGAGAATCTTTACCAAGCTTTATCCTTATCTTCTCAGCAACTTTTATGC
CAATTTCCGGAAGATATTTGCCATCAGCTCTTGTATAATAGAGATGCTCATGGCAACGCTATGTATCAA
20 AAATTAGTGTGATAAACTTCTGATTCATCTAGTTCTGTCACATTTAGAAACACATTTTAGACAAGTTCC
CTTCAATGCAATCTCCATTTTLAGGTTATGAAGGGCGTTCAGGAACTCCTACACATTTTGATAATGTG
TATAGCTATAACTTAGGATATGGTGTCTGGGTTCTCGTTTTTAAACCGCTGTAATGGGTATTTATCCACGA
TCGAAGGCTTAACTAGCCCTATGAAAAATGGCGATTGCGCGCTTTACCCATTGTTGCAATGTTGACGAC
CAAGCAGGGGAAAGACAGTAAACATTTATCCTCTGATAAAAAAAGATTGGTAGATATTGCTAGTCTCTGTT
25 TTTAATAAGTTCTCACTGTATCGGAAAATCTGGGCTTTAGAAGACTCCTATCGCTTTGTAGGGCCATTAC
AAATACATTCTCCGAGGATGCTCATTCTGATGATTTTCTCCTTTAATTTTGTTTTTGAATCATAATGA
ATGGCAAAAACGCTGTTCTATTGTTTAGAAATCCCGATCAGGATTATTA

30 >gi|3328517|gb|AAC67709.1| Proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

35 MICCDKVLSSVQSMFVIDKCSVTKCLQAKQAQAVLALSLFAVAFSGSLSILSAAVLFSGTAAVLPYLLIL
TTALLGFVCAVIVLLRNL SAVVQSKKRSPEEIEGAARPSDQQESGGRLSEESAS PQASPTSSTFGLESA
LRSIGDSVSGAFDDINKDNSRSRSHSF

40 >gi|3328516|gb|AE001286.1: 75-578,

45 ATGATCTGCTGTGACAAAGTCTTGTGCGAGCGTACAATCAATGCCTGTTATAGATAAATGCTCTGTAACGA
AATGCTTACAAACGGCTAAGCAAGCAGCTGTTCTTGGTGTGCTTTGTTGGCGGTGTTGCTTCAGGAAG
TTTATCCATATATCAGCGGCGGTACTGTTTAGTGGCACTGCTGCTGTTCTCCATATCTGCTGATATTA
ACAACAGCTCTCTAGGATTTGTTTGTGCTGTTATGTGCTTTTAAAGAAATTTATCAGCAGTTGTTGAGA
GTTGTAAAAGAGATCACCTGAAGAAATGAAGGGCTGCTCGTCCCTCTGATCAGCAGGAATCAGGAGG
50 ACGTTTGTCCGAGGAGCGCTTACCACAAGCATCTCTACTTCTGCTACTTTTGGTCTTGAATCCGCT
TTGCGCTCAATAGGAGATA

55 >gi|3328482|gb|AAC67677.1| Proteína ribosómica L28 [*Chlamydia trachomatis*]

MSKKCALTGRKPRRGYSYAIRGISKKKKIGLKVTRTKRRFFPNMMTKRLWSTEENRFLKLIKISAAALR
LVDKLGLDQVVARAKSKGF

60 >gi|3328480|gb|AE001283.1:c2251-1928,

65 ATGTCGAAAAAATGTGCGCTTACAGGAAGAAAGCCTCGTCGCGGTTATAGCTATGCTATCCGAGGGATTT
CTAAAAAGAAAAAGGGATCGGTTTGAAGTTACAGGAAGAAACAAAACGTCGATTCTTCCCTAATATGAT
GACTAAGAGACTATGGTCTACTGAGGAAAATCGCTTCTCCTCAAACCTCAAATTTCTGCAGCAGCTTTACGC
CTTGTGATAAAC TAGGGTTAGATCAGTTGTTGCTAGAGCTAAAAGCAAGGGTTTTTAG

ES 2 284 840 T3

>gi|3328436|gb|AAC67635.1| Proteína de unión ADN SS [*Chlamydia trachomatis*]

5 MLFGYLVGF~~LAADPEERMTSGGKRVVVLRLGVKSRVGSKDETVWCRCNIWNNRYDKMLPYLKKGSSVIVA~~
 GELSLESYVGRDGSPOQASISVSVDTLKFNSGSSRPDARGSEGRQRANDNVSIGFDGESLDTDSALDKEV
 YAGFGE~~DQQYASEDVPF~~

10 <gi|3328434|gb|AE001279.1: 160-1533,

15 ATGTTGTTCCGATATTTGGTAGGATTTCTAGCTGCCGATCCTGAAGAAAGAATGACATCCGGAGGTAAAC
 GGGTTGTTGTTTTACGTTTGGGTGTA~~AAATCTCGTGTAGGATCTAAAGATGAAACAGTGTGGTGCAGATG~~
 CAATATCTGGAACAACCGTTATGATAAGATGCTTCTTATTTGAAGAAAGGTTCTTCAGTCATTGTTGCT
 GGAGAGCTTTCTTTAGAAAGCTATGTAGGTAGAGACGGTTCTCCACAAGCTTCTATTTCTGTAAGCGTAG
 ATACATTA~~AAATTTAATTCCGGATCTTCTCGTCTGATGCTAGAGGTTCAGATGAAGGTGGTGCAGAGAGC~~
 TAATGATAATGTCTCTATTGGATTTGATGAGAAAGTTTAGATA~~CAGACTCTGCGCTTGATAAGGAAGTC~~
 TATGCAGGGTTTGGAGAAGACCAACAGTATGCTAGTGAGGATGTTCTTTT~~TTAG~~

>gi|3328411|gb|AAC67611.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

25 MKKQEKMHPQNLKVFIFFLAFFISYPSAEHSPLOSSIQEKILTARPGDYAVLSRGSQKFFFLIRQSSS
 EATVWEMSEFASLTQ~~QEKKLVEQSSWKNAFHQLOSSKQVYLLRI SKNPLMIFVLKNAQWMLSEKDP LPF~~
 FVKILRLPLSPAPSHLIK~~YK GKERTPWSPR TSLN GELITL PSSAWISVWP KDSS PLSEKNIL IYFSNNER~~
 LAFPLWTSIDTPTGTVI~~IKTIEMGHQAASSYPALPNF~~

<gi|3322886|gb|AE001277.1: c6191-5448,

35 ATGAAAAAGCAAGAAAAAATGCACCCTCAAACCTTCTTAAAGT~~TTTTATTTTTTTCTTGCCATTTTTCA~~
 TATCCTATCCCTCGGCTGAAGCCCATTCTCCTCTCCAATCATCAATCCAAGAAAAAATCTAACTGCCCG
 CCCCGGAGACTATGCCGCTTAAGCCGAGGATCTCAAAAAATTTTCTTTTAAATCGCCAAAGTTCTTCG
 GAAGCGACTTGGGTCGAAATGTCTGAATTTGCCCTCCCTAACACAGCAAGAAAAAATTAGTAGAACAGT
 CTTCTCGAAGAATGCCTTCCATCAACTCCAATCTTCAAAAAAGTGTACTTGTACGAATTTCCAAAAA
 TCCTCTTATGATTTTTGTCTCAAAAAATGCGCAATGGATGCCCTCTCTCAGAAAAAGATCCTTTGCCTTC
 TTGTAAAAAATCCTTCGACTCCCTTATCTCCAGCCCCCTCTCACTTAATTAATA~~CAAAGGGAAAGAAC~~
 GCACCCCTGGTCTCCGCGAACATCTTTGAATGGAGA~~ACTCATAACCCTTCCCTCCAGTGCTTGGATTT~~
 TGTTGGCCAAAGATTTCTCTCTATCAGAAAAAATATTTCTCATATATTTTCTAACAATGAACGT
 TTAGCGTTTCTCTATGGACTAGTATTGATACTCTACAGGGACAGTGATTATTAAGACTATTGAAATGG
 GGCACCAAGCCGCTCCTCCTATCCAGCTCTTCCCAATTTCTAG

50 crpA, proteína CHLTR rica en cisterna de 15 kD (*Chlamydia trachomatis* variedad serológica D (D/UW-3/Cx))

Secuencia de ADN

55 AATATGAGCACTGTACCCGTTGTTCAAGGAGCTGGATCTTCCAATTCGGCACAGGATATTTCCACTAGA
 CCATTAACACTGAAAGAGCGTATATCGAATCTTCTATCTTCCACTGCATTTAAGGTGGGATTAGTGGTG
 ATAGGACTACTTTTAGTGATTGCTACTTTGATATTC~~TAGTTTCGGCAGCTTCGTTTGTAAATGCCATC~~
 TATCTAGTAGCTATTCCTGCTATTTTGGGATGCGTGAATATCTGCGTAGGAATTTTATCCATGGAAGGA
 CACTGTTCTCCGGAGAGATGGATCTTATGTAAGAAGGTATTAAGACTTCAGAAGATATCATCGATGAT
 GGGCAGATAAACA~~ACTCTAATAAAGTGT TACTGATGAGAGGTTGAATGCCATAGGTGGGGTAGTGGAA~~
 TCTCTATCTAGAAGAAATAGTCTGGTGGATCAGACCCAATGA

65

ES 2 284 840 T3

Secuencia de aminoácidos traducida

5 **NMS TVPVVQGAGS SNSAQDISTR PLTLKERISN LLSSTAFKVG**
LVVIGLLLV I ATLIFLVSAA SFVNAIYLV IPAILGCVNI CVGILSMEGH
CSPERWILCK KVLKTSIEDII DDGQINNSNK VFTDERLNAI GGVVESLSRR
NSLVDQTQ*

10

Omca, lipoproteína compleja de membrana externa CHLTR rica en cisteína de 9 kD (*Chlamydia trachomatis* variedad serológica D (D(UW-3/Cx)

Secuencia de ADN

15

20 **GGGCTAGTTCTTTTATTGTTAAAAGAATTGCTTTTATCGATAAAAAGAACTTCAAGAGCCCTTTTCTAGAAAGGAGTCT**
GGAAGTTATGAAAAAACTGCTTACTCGCTGCTTTATGTAGTGTGTTTCTTTAAGTAGTGTGTGTCGTATCGTTGACT
GTTGCTTCGAAAGATCCATGCCACCTATCCAATGTTACCTTGTGAATCTAAGAAGAAAGACGTAGACGGTGGTTGCAAC
TCTTGTAAACGGGTATGTCCAGCTTGCAAACCTTGGCGAGGGGATACGCACCAAGATGCTAAACATGGCCCTCAAGCTAG
AGGAATTCAGTTGACGGCAAATGCAGACAATAG

25

Secuencia de aminoácidos traducida

30 **GL VSFTVKRIAF IDKRNFKSPP**
LERSLVVMKK TALLAALCSV VLSGCCRIY DCCFEDPCAP IQCSPCESKK
KDVGDCNC NGYVPACKPC GGDTHQDAKH GPQARGIPVD GKCRQ*

cutE, apolipoproteína N-aciltransferasa (*Chlamydia trachomatis* variedad serológica D (D/UV-3-/Cx)

35

Secuencia de ADN

40 **GCTAGTAAGGGAGCCCTTTAGTGTAAAACCTGTGTACATCATCCTTCTTGGGTGCTGGTCTGTTGGCTCAGCC**
GGATGTAAGTGTGTAGCTTCTGTTGTAGTTGTATTTGCGGTTACAGCTTACTTTGGGCTGGGCTTTTGTCTTATGATAG
AGCAATATCTTGGAAGAAAGTTGGTGCAATCGCTTTTATTTGGACTTGGACTGTCGAAGGCGCTATTTCTCTGGATG
CTTGAAGATCTTTATGTAGGGACAAGCATCTATTTGTTGGGGTACTGCTTCTTATCTGCCACCCTATTTGCTAG
TTTTTCTGTTTGGTGTGTGGTGTGTGCGCAAGCAATATAGGGGAGCTCTTGTGTTGGCTCCAGGGGTTGGGTGGCGA
TAGAAGCAATACGCTATTTATGGGTTGCTTTCAGGAGTTCTTTGATTTTATGGCTGGCTTACAGGACAGCCTAT
GGCCGGCAATTCGGCAGCTTTTTGGATGGGCTGGACAAAGCTTCTAGTTATTGCTGCCAATATATGCTGTTTTGCAGT
ATGTTATATAAACACTCTTTTCCAAAGGTTGTGGTTGACGTTGTGCGGTTCCCTTATCTGTTAGGCGGAGCGCATT
ACGAATACCTAAAGAAGCATTTTCCGACTCTGAAGTGTCTCGAGTTGCCATCGTGCAGCCCTGGATATAGTCCATATG
CATGCAAGGAGGACCGCTAGTGTATTTGGAGAAGTTGGTTTCTTTGTGCCAGACTATTCAAACCTCCTGTAGATGTGAT
CGTTTTCCAGAAAGTAAAGTGTTCCTTTGGCTTACATAGACAAAGCCTATACTCTTCAAGAAAACAGCCTGTATTAGAAA
GTTTGTCTCCTAAACAAATCTTGGGGCGAGTTTTTCAAAATTTGGAATGGATCCAAGCGATAGCTGAACGTTATCAATGC
ACCGTTATCATGGGAAATGGAACGATGGGAAAATAAGGGGAAATACTGCATTTGTATAATGCTGCTGAATGCGTATCGCG
AGAAGGGGAAAATACTAGCTATGATAAGCGGATCTTGTCTCTGGAGGTGAGTACATCCCTGGAGGGAAAATAGGTTTTT
CCTGTGTCAAACCTTTTTCCAGAAATTTGCTCTTCCCTTTCAACGTTTGCAGGAGAGTTTCTGGAGTTGTGAATATA
ACAGAGCGAATAAAAAGCTGGGATCTCTATTTGTATGAGGAGACATTTGGGTATGCAATTCGCCCTTACAAAAGGCAACA
AGCCGATATTTIAGTAAATCTTACTAATGACGGTTGGTATCCGGTTCAAGGCTGCTTACTAGTACATTTTATCATGGCA
TGTTACGTAATCAAGAGTTGGGTATACCTTGTATTCGGCCTGTGCGACAGGAGTTCTGCTGCAGTGGATTCTTTGGGT
AGAAATGTCCGCATACTTCCCTGGGAAATCGAGAATTCGCCAGTTTCTACAGGAGTACTCCAAGTTCCGTCCTTTA
CAGTTATCATACTGTATATGCAAGGCTGGGTGATGCTCCTCTGTTACTGATTGCAAGTTTGTTCGGTATCGGAGCGATTG
CCTATTTTTATAGGAAAAAGAAAGAGACCCACCACAAACATTTTTTTGA

60

65

ES 2 284 840 T3

Secuencia de aminoácidos traducida

ASKG

5 APLVFKLVSY ILSWVLVCL AQPDSVSVAS VVSCICGYSL LWAGLFALVE
 QLSWKKVWCI AFIWTWTVEG AHFSWMLLEDL YVGTSIYFVW GILLSYLATL
 FASFSLVWV CCRKQYRGAL VWLPGVWVAI EAIRYGLLS GVSDFIGWP
 LTATAYGRQF GSFFGWAGQS FLVIAANICC FAVCLLKHSF SKGLWLTCA
 FPYLLGGAHY EYLKHFSDS EVLRVAIVQP GYSPHMHAGR TASAIWRGLV
 10 SLQTIQTIV DVIVFPEVSV PFGLHRQAYT LHENQPVLES LLPNKSWGEF
 FTNLDWIQAJAERYQCTVIM GMERWENKGG ILHLYNAAEC VSREGEITSY
 DKRILVPGGE YIPGGKIGFS LCQITFFPEFA LPFQRLPGEF SGVVNITERI
 KAGISICYEE TFGYAIRPYK RQADILVNL TNDGWYPRSR LPLVHFYHGM
 LRNQELGIPC IRACRTGWSA AVDSLGRIVG ILPWESRTCP VSTGVLQVSV
 PLYSYHTVYA RLGDAPELLI AVCSVIGALA YFYRKKKETP PQITFF*

15 pal, lipoproteína asociada a peptidoglicano (*Chlamydia trachomatis* variedad serológica D (D/UW-3/Cx)

Secuencia de ADN

G AAAATGTGA TAGGATCAGG

20 AGAGAAAGCT TCCCCTGCT GGGGAGCATT TCCTTCACAA CATATAAGA
 AAACCTCATG AGAAAGACTA TTTTAAAGC GTTTAATTTA TTATCTCCC
 TTCTTTTCT TTCTTCATGC TCTTATCCTT GCAGAGATTG GGAATGCCAT
 25 GGTGGCACT CCGCAAGACC TCGTAAATCC TCTTTGGAT TCGTACCTT
 CTACTCOGAT GAAGAAATTC AACAAAGCTTT TGITGAAGAT TTTGATTCCA
 AAGAAGAGCA GCTGTACAAA ACGAGCGCAC AGAGTACCTC TTTCCGAAAT
 ATCACTTTCG CTACAGATAG TTATCTATT AAAGGAGAGG ATAACCTCAC
 GATTCTTGCA AGCTTAGTTC GTCATTTGCA TAAATCTCCT AAAGCTACGC
 TATATATAGA GGGCCATACA GATGAACGTG GAGCTGCAGC TTATAACCTA
 30 GCTTTAGGAG CTCGTCGTGC GAATGCTGTA AAACAATACC TCATCAAACA
 GGGAAATCGCT GCAGACCGCT TATTCATAT TTCTTACGGA AAAGAACA TC
 CTGTTGATCC AGGCCATAAT GAATTAGCTT GGCAACAAAA TCGTCGTACT
 GAATTAAGA TCCATGCTCG CTA

Secuencia de aminoácidos traducida

ENCYRIR

35 RSTFPMLGSI SFTTYKENLM RKTIFKAFNL LFSLLFLSSC SYPGRDWECH
 GCDSARPRKS SFGFVPFYS D EEIQAFVED FDSKEEQLYK TSAQSTFRN
 40 ITFATDSYSI KGEDNLTILA SLVRHLHKSP KATLYIEGHT DERGAAAYNL
 ALGARRANAV KQYLIKQGLA ADRLFTISYG KEHPVHPGHN ELAWQQRRT
 EFKIHAR*

45 Las siguientes proteínas de membrana de externa de *Chlamydia trachomatis* (secuencias completas anteriormente) se describen por primera vez como útiles en una vacuna contra *C. trachomatis*.

Secuencias de aminoácidos:

>gi|6578118|gb|AAC68456.2| Proteasa predicha que contiene los dominios IRBP y DHR [*Chlamydia trachomatis*]

50 >gi|6578109|gb|AAC68227.2| Homólogo de CHLPN de 76 kDa [*Chlamydia trachomatis*]

>gi|3328866|gb|AAC68034.1| Sulfito Reductasa [*Chlamydia trachomatis*]

55 >gi|3328815|gb|AAC67986.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

>gi|3328587|gb|AAC67774.1| CMP-ácido 2-ceto-3-desoxioctulosónico sintetasa [*Chlamydia trachomatis*]

>gi|3329039|gb|AAC68197.1| Proteína de Intercambio tio:disulfuro [*Chlamydia trachomatis*]

60 >gi|3329000|gb|AAC68161.1| Lipoproteína J de translocación de proteínas Yop [*Chlamydia trachomatis*]

>gi|3328905|gb|AAC68071.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

65 >gi|3328884|gb|AAC68051.1| Fosfatidato Citidiltransferasa [*Chlamydia trachomatis*]

>gi|3328855|gb|AAC68022.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

ES 2 284 840 T3

- >gi|3328772|gb|AAC67946.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]
>gi|3328763|gb|AAC67938.1| familia de *O*-sialoglicoproteína Endopeptidasa [*Chlamydia trachomatis*]
5 >gi|657802|j|b|IAC67897.2| Subunidad K de la ATP Sintasa [*Chlamydia trachomatis*]
>gi|3329252|gb|AAC68382.1| Proteína Ribosómica S14 [*Chlamydia trachomatis*]
>gi|3328987|gb|AAC68150.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]
10 >gi|3328972|gb|AAC68136.1| Apolipoproteína J N-Acetiltransferasa [*Chlamydia trachomatis*]
>gi|3328612|gb|AAC67797.1| Fructosa-6-P Fosfotransferasa [*Chlamydia trachomatis*]
15 >gi|3328517|gb|AAC67709.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]
>gi|3328482|gb|AAC67677.1| Proteína Ribosómica L28 [*Chlamydia trachomatis*]
>gi|3328436|gb|AAC67635.1| Proteína de Unión a ADN SS [*Chlamydia trachomatis*]
20 >gi|3328411|gb|AAC67611.1| proteína hipotética [*Chlamydia trachomatis*]

De nuevo cuando dichas ampollas están presentes en una formulación de vacuna pueden ser más protectoras contra infección por *Chlamydia trachomatis* que el uso de la proteína aislada.

Pares de antígenos de *Chlamydia trachomatis* particularmente beneficiosos son un aspecto adicional de la invención. En este aspecto adicional se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de gonococos) que presenta en su superficie las proteínas de membrana externa PorB y PmpG de *Chlamydia trachomatis*. Además, se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de gonococos) que presenta en su superficie las proteínas de membrana externa PorB y MOMP (de una o más variedades serológicas) de *Chlamydia trachomatis*. Por último, se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de gonococos) que presenta en su superficie las proteínas de membrana externa PmpG y MOMP (de una o más variedades serológicas) de *Chlamydia trachomatis*.

Se prefiere que una o más MOMP (u OMP1 u OMP I) de una o más variedades serológicas (1, 2, 3,4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 o más) se seleccionen de una lista de variedades serológicas constituida por B, Ba, D, Da, E, L1, L2, L2a, F, G, K, L3, A, C, H, L, Ia y J; más preferiblemente de una lista constituida por D, E, F, G, K, H, I y J. Más preferiblemente una o más de MOMP debe comprender al menos MOMP de la variedad serológica D o E (más preferiblemente D). Una estrategia preferida adicional es la selección de una o más MOMP de cada uno de los tres siguientes grupos serológicos: grupo serológico B (constituido por las variedades serológicas B, Ba, D, Da, E, L1, L2 y L2a, y preferiblemente seleccionado entre las variedades serológicas D, Da y E); grupo serológico F-G (constituido por las variedades serológicas F y G); y grupo serológico C (constituido por las variedades serológicas A, C, H, I, Ia, J, K y L3, y preferiblemente seleccionado entre las variedades serológicas H, I, Ia, J y K).

Más preferiblemente los genes de los antígenos de *Chlamydia trachomatis* deben insertarse en el locus PorA del *Neisseria* (preferiblemente gonococos).

Dicha preparación formulada como una vacuna puede proporcionar protección potenciada a un huésped contra *Chlamydia trachomatis* cuando se administra un único antígeno.

Preferiblemente la ampolla se ha obtenido de una cepa (preferiblemente gonococos) que se ha modificado por regular positivamente uno o más antígenos de membrana externa protectores (como se describe a continuación).

Preferiblemente la ampolla se ha obtenido de una cepa (preferiblemente gonococos) que se ha modificado para regular negativamente uno o más antígenos de membrana externa variables inmunodominante o no protectores (como se describe a continuación).

Preferiblemente las ampollas se obtienen de una cepa (preferiblemente gonococos) que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha manipulado genéticamente para reducir o apagar la expresión de uno o más genes que hacen que LPS sea tóxico (preferiblemente seleccionados entre los siguientes genes, u homólogos de los mismos htrB, msbB y IpxK, véase la siguiente sección).

Preferiblemente las ampollas se obtienen de una cepa (preferiblemente gonococos) que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha manipulado para expresar a un nivel mayor uno o más genes que producen un producto génico que es capaz de detoxificar LPS (preferiblemente seleccionado entre los siguientes genes u homólogos de los mismos: pmrA, pmrB, pmrE y pmrF; véase la siguiente sección).

También se prevén composiciones de vacuna que comprenden la ampolla de la invención y un excipiente o vehículo farmacéuticamente adecuado. Preferiblemente la vacuna comprende adicionalmente un adyuvante de mucosa. Los

ES 2 284 840 T3

adyuvantes de mucosa son bien conocidos en la técnica (véase Vaccine Design “The subunit and adjuvant approach” (eds Powell M. F. & Newman M.J.) (1995) Plenum Press New York). Un adyuvante de mucosa preferido es LT2 (o LTII, que puede dividirse en LTIIa y LTIIb - véase Martin y col. Infection and Immunity, 2000 68: 281-287). Preferiblemente dichas vacunas deben formularse y administrarse como se describe a continuación en “formulaciones de vacuna”.

El contenido de ampollas por dosis en la vacuna estará típicamente en el intervalo de 1-100 μg , preferiblemente 5-50 μg , más típicamente en el intervalo de 5-25 μg .

Las cantidades óptimas de componentes para una vacuna particular pueden determinarse por estudios convencionales que implican la observación de respuestas inmunes apropiadas en sujetos. Después de una vacunación inicial, los sujetos pueden recibir una o varias inmunizaciones de refuerzo espaciadas adecuadamente.

También se proporciona un procedimiento para fabricar un medicamento para prevenir la infección por *Chlamydia trachomatis* en un huésped que comprende las etapas de administrar una cantidad eficaz de la vacuna anterior a un huésped en necesidad de la misma. Preferiblemente, la vacuna se administra a la mucosa por vía intranasal, oral, intradérmica o intravaginal.

Antígenos de *Chlamydia pneumoniae* integrados en una ampolla bacteriana Gram-negativa

En un aspecto adicional, la invención proporciona una ampolla Gram-negativa que presenta en su superficie un antígeno protector de *Chlamydia pneumoniae*. *Neisseria meningitidis*, *Moraxella catarrhalis* y *Haemophilus influenzae* son las especies para la producción de dicha ampolla. Dichos antígenos protectores son preferiblemente uno o más de los enumerados a continuación:

1) Envuelta celular: Proteínas de Membrana, Lipoproteínas y Porinas

| Gen: | Función proteica: |
|-------|--|
| yaeT | homólogo de OMP85 |
| 60 IM | proteína de membrana interna de 60 kD |
| Igt | prolipoproteína diacilgliceril transferasa |
| crpA | proteína CHLTR rica en cisteína de 15 kD |
| omcB | proteína compleja de membrana externa rica en cisteína de 60 kD |
| omcA | lipoproteína compleja de membrana externa rica en cisteína de 9 kD |
| cutE | apolipoproteína N-acetiltransferasa |
| ompA | proteína de la membrana externa principal |
| pal | lipoproteína asociada a peptidoglicano |
| porB | análogo de proteína de membrana externa |

2) Genes codificantes (no en *C. trachomatis*)

| Gen: | Función proteica: |
|---------|--|
| yqff | proteína de membrana interna hipotética conservada |
| yxjG | proteína hipotética |
| guaA | GMP sintasa |
| guaB | inosina 5'-monofosfato deshidrogenasa |
| argR | similitud con el represor de arginina |
| CPn0232 | similitud con 5'-metiltioadenosina nucleosidasa |
| CPn0251 | proteína hipotética conservada |

ES 2 284 840 T3

| | | |
|----|---------|---|
| | CPn0278 | lipoproteína de membrana externa conservada |
| | CPn0279 | posible permeasa transportadora ABC |
| 5 | yxjG | proteína hipotética |
| | yqeV | proteína hipotética |
| | CPn0486 | prolina permeasa hipotética |
| 10 | CPn0505 | 3-metiladenina ADN glicosilasa |
| | CPn0562 | proteína CHLPS de 43 kDa |
| 15 | CPn0585 | similitud con CHLPS IncA |
| | yvyD | proteína hipotética conservada |
| | CPn0608 | uridina 5'-monofosfato sintasa |
| 20 | CPn0735 | uridina quinasa |
| | CPn0907 | proteína de tolerancia a cationes divalentes periplasmática tipo CutA |
| 25 | CPn0927 | proteína CHLPS de 43 kDa |
| | CPn0928 | proteína CHLPS de 43 kDa |
| | CPn0929 | proteína CHLPS de 43 kDa |
| 30 | CPn0980 | similar a la proteína de 52,9 kDa de <i>S. cerevisiae</i> |
| | bioA | adenosilmetionina-8-amino-7-oxononanoato aminotransferasa |
| 35 | bioD | destiobiotina sintetasa |
| | bioB | biotina sintasa |
| | CPn1045 | proteína de membrana hipotética conservada |
| 40 | CPn1046 | triptófano hidroxilasa |

3) Proteínas específicas de *Chlamydia*

| | | |
|----|---------|---|
| 45 | Gen: | Función proteica |
| | pmp_1 | proteína de membrana externa polimófica |
| 50 | pmp_2 | proteína de membrana externa polimófica |
| | pmp_3 | proteína de membrana externa polimófica |
| | pmp_3 | proteína de membrana externa polimófica |
| 55 | pmp_4 | proteína de membrana externa polimófica |
| | pmp_4 | proteína de membrana externa polimófica |
| 60 | pmp_5 | proteína de membrana externa polimófica |
| | pmp_5 | proteína de membrana externa polimófica |
| | CPn0133 | proteína CHLPS hipotética |
| 65 | CPn0186 | similitud a IncA |

ES 2 284 840 T3

| | | |
|----|---------|--|
| | incB | proteína de inclusión de membrana B |
| | incC | proteína de inclusión de membrana C |
| 5 | CPn0332 | proteína CHLTR T2 |
| | ItuB | proteína LtuB |
| 10 | pmp_6 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_7 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_8 | proteína de membrana externa polimórfica |
| 15 | pmp_9 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_10 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_11 | proteína de membrana externa polimórfica |
| 20 | pmp_12 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_13 | proteína de membrana externa polimórfica |
| 25 | pmp_14 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_15 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_16 | proteína de membrana externa polimórfica |
| 30 | pmp_17 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_17 | proteína de membrana externa polimórfica |
| 35 | pmp_18 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_10 | proteína de membrana externa polimórfica |
| | pmp_20 | proteína de membrana externa polimórfica |
| 40 | euo | proteína CHLPS Euo |
| | CPn0562 | homólogo de la proteína CHLPS de 43 kDa |
| 45 | CPn0585 | similar a la proteína de membrana de inclusión CHLPS A |
| | CPn0728 | homólogo de la proteína CHLPN de 76 kDa |
| | CPn0729 | homólogo de la proteína CHLPN de 76 kDa |
| 50 | gp6D | proteína plasmídica CHLTR |
| | CPn0927 | homólogo de la proteína CHLPS de 43 kDa |
| 55 | CPn0928 | homólogo de la proteína CHLPS de 43 kDa |
| | CPn0929 | homólogo de la proteína CHLPS de 43 kDa |
| | pmp_21 | proteína de membrana externa polimórfica |
| 60 | ItuA | proteína LtuA |

(La información de secuencia completa se ha publicado en el sitio web del Chlamydia Genome Project: <http://chlamydia-www.berkeley.edu:4231/index.html>).

65

Genes adicionales de Chlamydia, y proteínas codificadas, adecuadas para la expresión en bacterias Gram-negativas para la preparación de vacuna

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

OMV:

Gen de la proteína de membrana externa putativa de 98kDa de Chlamydia **WO200026237-A2**

Inventores de la Patente *DUNN PL*
OOMEN RP
MURDIN AD

Gen precursor de POMP91B de Chlamydia **WO200026239-A2**

Inventores de la Patente *DNN PL*
OOMEN RP
MURDIN AD

Secuencia codificante de longitud completa del antígeno CPN100634 de Chlamydia **WO200032794-A2**

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
WANG J
MURDIN AD

Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100634 del Chlamydia **WO200032794-A2**

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
WANG J
MURDIN AD

Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100635 del Chlamydia **WO200032794**

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
WANG J
MURDIN AD

Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100635 del Chlamydia **WO200032794-A2**

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
WANG J
MURDIN AD

Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100638 del Chlamydia **WO200032794-A2**

| | | | |
|----|---|---|-----------------------|
| 5 | Inventores de la Patente | <i>OOMEN RP</i> <i>WANG J</i> <i>MURDIN AD</i> | |
| 10 | Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100638 del Chlamydia | | WO200032794-A2 |
| 15 | Inventores de la Patente | <i>OOMEN RP</i> <i>WANG J</i> <i>MURDIN AD</i> | |
| 20 | Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100639 del Chlamydia | | WO200032794-A2 |
| 25 | Inventores de la Patente | <i>OOMEN RP</i> <i>WANG J</i> <i>MURDIN AD</i> | |
| 30 | Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100639 del Chlamydia | | WO200032794-A2 |
| 35 | Inventores de la Patente | <i>OOMEN RP</i> <i>WANG J</i> <i>MURDIN AD</i> | |
| 40 | Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100708 del Chlamydia | | WO200032794-A2 |
| 45 | Inventores de la Patente | <i>OOMEN RP</i> <i>WANG J</i> <i>MURDIN AD</i> | |
| 50 | Fase de lectura abierta del gen del antígeno CPN100708 del Chlamydia | | WO200032794-A2 |
| 55 | Inventores de la Patente | <i>OOMEN RP</i> <i>WANG J</i> <i>MURDIN AD</i> | |
| 60 | Secuencia codificante de la ATPADP translocasa de C. pneumoniae | | |
| 65 | Inventores de la Patente | <i>DUNN P</i> <i>OOMEN RP</i> <i>WANG J</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200039157-A1 |
| | Gen de la proteína CPN100640 de membrana | | WO200032784-A1 |

externa de 98 kDa de Chlamydia pneumoniae

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

Región codificante de la proteína de membrana externa de 98 kDa de Chlamydia pneumoniae

WO200032784-A1

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

ADN que codifica la proteína de membrana rica en cisteína de 9 kDa

WO200053764-A1

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

ADN que codifica la proteína de membrana rica en cisteína de 60 kDa

WO200055326-A1

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

Una proteína de membrana rica en cisteína de 9 kDa

WO200063764-A1

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

Una proteína de membrana rica en cisteína de 60 kDa de Chlamydia pneumoniae

WO200055326-A1

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J

MURDIN AD

5 **mip de *C. pneumoniae* (proteína de membrana externa)**

WO200006741-A1

Inventores de la Patente *DUNN PL*

OOMEN RP

MURDIN AD

10 **Proteína truncada de mip de *C. pneumoniae* (proteína de membrana externa)**

WO200006741-A1

15 Inventores de la Patente *DUNN PL*

OOMEN RP

MURDIN AD

20 **Secuencia de la proteína omp de *C. pneumoniae***

WO200006743-A2

25 Inventores de la Patente *DUNN PL*

OOMEN RP

MURDIN AD

30 **Secuencia truncada de la proteína omp de *C. pneumoniae***

WO200006743-A2

35 Inventores de la Patente *DUNN PL*

OOMEN RP

MURDIN AD

40 **Secuencia de aminoácidos del polipéptido CPN100111**

WO200011183-A2

45 Inventores de la Patente *OOMEN RP*

MURDIN AD

50 **Secuencia de aminoácidos del polipéptido CPN100224**

WO200011183-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

MURDIN AD

55 **Secuencia de aminoácidos del polipéptido CPN100230**

WO200011183-A2

60 Inventores de la Patente *OOMEN RP*

MURDIN AD

65 **Secuencia de aminoácidos del polipéptido CPN100231**

WO200011183-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

**Secuencia de aminoácidos del polipéptido
CPN100232**

WO200011183-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

**Secuencia de aminoácidos del polipéptido
CPN100233**

WO200011183-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

**Secuencia de aminoácidos del polipéptido
CPN100394**

WO200011183-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

**Secuencia de aminoácidos del polipéptido
CPN100395**

WO200011183-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

**Secuencia de aminoácidos de la proteína
POMP91A de Chlamydia pneumoniae**

WO20001180-A1

Inventores de la Patente *DUNN PL*
OOMEN RP
MURDIN AD

**Secuencia proteica del antígeno CPN100202
de Chlamydia pneumoniae**

WO200006739-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

**SEC ID N° 2 de la proteína del antígeno
CPN100149 de Chlamydia pneumoniae**

WO200006740-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

**SEC ID N° 2 de la proteína del antígeno
CPN100605 de Chlamydia pneumoniae**

W200006742-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

Antígeno CPN100634 de Chlamydia

WO200032794-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

WANG J

MURDIN AD

Antígeno CPN100635 de Chlamydia

WO200032794-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

WANG J

MURDIN AD

Antígeno CPN100635 maduro de Chlamydia

WO200032794-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

WANG J

MURDIN AD

Antígeno CPN100638 de Chlamydia

WO200032794-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

WANG J

MURDIN AD

Antígeno CPN100639 de Chlamydia

WO200032794-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

WANG J

MURDIN AD

Antígeno CPN100708 de Chlamydia

WO200032794-A2

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

WANG J

MURDIN AD

**Secuencia de la proteína ATP/ADP
translocasa de *C. pneumoniae***

WO200039157-A1

Inventores de la Patente *DUNN P*

OOMEN RP

WANG J

MURDIN AD

**Proteína de membrana externa putativa de 98
kDa de Chlamydia**

WO200026237-A2

Inventores de la Patente *DUNN P*

OOMEN RP

MURDIN AD

Proteína precursora de POMP19B de Chlamydia **WO200026239-A2**

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
MURDIN AD

Proteína CPN100640 de membrana externa de 98 kDa de Chlamydia pneumoniae **WO200032784**

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

Proteína CPN100640 de membrana externa de 98 kDa procesada de Chlamydia pneumoniae **WO200032784-A1**

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

ADN que codifica mip (proteína de membrana externa) de C. pneumoniae **WO200006741-A1**

Inventores de la Patente *DUNN PL*
OOMEN RP
MURDIN AD

ADN que codifica la proteína omp de C. pneumoniae **WO200006743-A1**

Inventores de la Patente *DUNN P*
OOMEN RP
WANG J
MURDIN AD

ADN que codifica el polipéptido CPN100111 **WO200011183-A2**

Inventores de la Patente *OOMEN RP*
MURDIN AD

ADN que codifica el polipéptido CPN100224 **WO200011183-A2**

Inventores de la Patente *OOMEN RP*

MURDIN AD

| | | |
|----|--|-----------------------|
| 5 | ADN que codifica el polipéptido CPN100230 Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011183-A2 |
| 10 | ADN que codifica el polipéptido CPN100231 Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011183-A2 |
| 15 | ADN que codifica el polipéptido CPN100232 Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011183-A2 |
| 20 | ADN que codifica el polipéptido CPN100232 Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011183-A2 |
| 25 | ADN que codifica el polipéptido CPN100233 Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011183-A2 |
| 30 | ADN que codifica el polipéptido CPN100394 Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011183-A2 |
| 35 | ADN que codifica el polipéptido CPN100395 Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011183-A2 |
| 40 | Secuencia de nucleótidos del gen POMP19A de Chlamydia pneumoniae Inventores de la Patente <i>DUNN PL</i> <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200011180-A1 |
| 50 | Secuencia de nucleótidos del antígeno CPN100202 de Chlamydia pneumoniae Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200006739-A2 |
| 55 | SEC ID N° 1 del ADN que codifica la proteína del antígeno CPN100149 de Chlamydia pneumoniae Inventores de la Patente <i>OOMEN RP</i> <i>MURDIN AD</i> | WO200006740-A1 |
| 60 | | |
| 65 | | |

**SEC ID Nº 1 del ADN que codifica la proteína
del antígeno CPN100605 de *Chlamydia
pneumoniae***

WO200006742-A1

**Inventores de la Patente OOMEN RP
MURDIN AD**

10 Cuando dichas ampollas están presentes en una formulación de vacuna pueden ser más protectoras contra infección por *Chlamydia pneumoniae* que el uso de la proteína/antígeno aislado.

15 También se han descubierto pares de antígeno de *Chlamydia pneumoniae* particularmente beneficiosos. Por tanto en un aspecto adicional se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de meningococos) que presenta en su superficie las proteínas de membrana externa PorB y MOMP de *Chlamydia pneumoniae*. Además, se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de meningococos) que presenta en su superficie MOMP y una o más proteínas externas de la membrana Pmp de *Chlamydia pneumoniae*. Adicionalmente se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de meningococos) que presenta en su superficie PorB y una o más proteínas de membrana externa PmP de *Chlamydia pneumoniae*. También se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de meningococos) que presenta en su superficie las proteínas PorB y Npt1 de *Chlamydia pneumoniae*. Adicionalmente se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de meningococos) que presenta en su superficie las proteínas Npt1 y una o más proteínas Pmp de *Chlamydia pneumoniae*. Por último se proporciona una ampolla Gram-negativa (preferiblemente de meningococos) que presenta en su superficie las proteínas Npt1 y MOMP de *Chlamydia pneumoniae*.

25 Dichas preparaciones formuladas como una vacuna pueden proporcionar protección potenciada para un huésped contra *Chlamydia* que cuando se administra un único antígeno.

30 Preferiblemente, la ampolla se ha obtenido de una cepa que se ha modificado para regular positivamente uno o más antígenos de membrana externa protectores (véase a continuación; por ejemplo para antígenos de membrana externa protectores de meningococos véase la sección "preparaciones de ampolla de Neisseria" para aquellos antígenos que preferiblemente deben regularse positivamente).

35 Preferiblemente, la ampolla se ha obtenido de una cepa que se ha modificado para regular negativamente uno o más antígenos de membrana externa variables o no protectores inmunodominantes (como se describe a continuación; por ejemplo, para antígenos de membrana externa variables/no protectores de meningococos véase la sección "preparaciones de ampolla de Neisseria" para aquellos antígenos que preferiblemente deben regularse negativamente).

40 Preferiblemente, las ampollas se obtienen de una cepa que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha modificado genéticamente para reducir o apagar la expresión de uno o más genes que causan que LPS sea tóxico (preferiblemente seleccionado entre los siguientes genes, u homólogos de los mismos htrB, msbB e IpxK; véase la siguiente sección).

45 Preferiblemente, las ampollas se obtienen de una cepa que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha modificado genéticamente para que exprese un nivel mayor de uno o más genes que producen un producto génico que es capaz de detoxificar LPS (preferiblemente seleccionado entre los siguientes genes, u homólogos de los mismos pmrA, pmrB, pmrE y pmrF; véase la siguiente sección).

50 También se prevén composiciones de vacuna que comprenden la ampolla de la invención o un excipiente o vehículo farmacéuticamente aceptable. Preferiblemente, la vacuna comprende adicionalmente un adyuvante de mucosa. Los adyuvantes de mucosa son bien conocidos en la técnica (véase Vaccine Design "The subunit and adjuvant approach" (eds Powell M.F. & Newman M.J.) (1995) Plenum Press New York). Un adyuvante de mucosa preferido es LT2 (o LTII, que puede dividirse en LTIIa y LTIIb - véase Martin y col. Infection and Immunity, 2000, 68: 281-287). Preferiblemente dichas vacunas deben formularse y administrarse como se describe a continuación en "Formulaciones de vacuna".

55 El contenido de ampollas por dosis en la vacuna típicamente estará en el intervalo de 1-100 μg , preferiblemente 5-50 μg , más típicamente en el intervalo de 5-25 μg .

60 Las cantidades óptimas de los componentes para una vacuna particular pueden determinarse por estudios convencionales que implican la observación de respuestas inmunes apropiadas en sujetos. Después de una vacunación inicial, los sujetos pueden recibir una o varias inmunizaciones de refuerzo adecuadamente espaciadas.

65 La eficacia de una vacuna contra *C. pneumoniae* puede evaluarse en un modelo de ratón de infección tal como el descrito por Murdin y col., 2000, J. Infect. Dis. 181 (supl. 3): S5444-51. La protección provocada por una formulación de vacuna puede evaluarse por reducción de la carga bacteriana en el pulmón después de una infección de exposición con *C. pneumoniae*.

También se proporciona un procedimiento para fabricar un medicamento para prevenir infección por *Chlamydia pneumoniae* en un huésped que comprende las etapas de administrar una cantidad eficaz de la vacuna anterior a un huésped que lo necesita. Preferiblemente, la vacuna se administra a la mucosa por vía intranasal, intradérmica u oral.

5 Mejoras adicionales en las bacterias y ampollas de la invención

La bacteria Gram-negativa puede modificarse genéticamente de forma adicional por uno o más procedimientos seleccionados entre el siguiente grupo: (a) un procedimiento para regular negativamente la expresión de antígenos variables o no protectores inmunodominantes, (b) un procedimiento para regular positivamente la expresión de antígenos OMP protectores, (c) un procedimiento para regular negativamente un gen implicado en la transformación de la parte de lípido A de LPS tóxico, (d) un procedimiento para regular positivamente un gen implicado en la transformación de la parte de lípido A de LPS menos tóxico, y (e) un procedimiento para regular negativamente la síntesis de un antígeno que comparte una similitud estructural con una estructura humana y puede ser capaz de inducir una respuesta autoinmune en seres humanos. Estos procedimientos se describen con detalle en el documento WO 01/09350.

Dichas vacunas de ampolla de la invención están diseñadas para centrarse en la respuesta inmune de unos pocos antígenos o epítopes protectores (preferiblemente conservados) - formulados en una vacuna de múltiples componentes. Cuando dichos antígenos son OMP integrales, las vesículas de membrana externa de vacunas de ampolla asegurarán su elevamiento apropiado. Esta invención proporciona procedimientos para optimizar la composición de OMP y LPS de vacunas contra OMV (ampolla) delecionando OMP variables inmunodominantes así como no protectoras, creando OMP conservadas por deleción de regiones variables, regulando positivamente la expresión de OMP protectoras, y eliminando los mecanismos de control para la expresión (tales como restricción de hierro) de OMP protectoras. Además se proporciona la reducción en la toxicidad de lípido A por modificación de la parte lipídica o cambiando la composición de fosforilo reteniendo su actividad adyuvante o por enmascarado. Cada uno de estos nuevos procedimientos de mejora individualmente mejoran la vacuna de ampolla, sin embargo una combinación de uno o más de estos procedimientos funcionan en conjunto para producir una vacuna de ampolla optimizada genéticamente que es inmunoprotectora y no tóxica - particularmente adecuada para uso pediátrico.

30 (a) un procedimiento para regular negativamente la expresión de antígenos variables o no protectores inmunodominantes

Muchos antígenos de superficie son variables entre cepas bacterianas y como consecuencia son protectores sólo contra un conjunto limitado de cepas estrechamente relacionadas. Se describe la reducción en la expresión, o preferiblemente, la deleción del gen o genes que codifican la proteína o proteínas superficiales variables que provoca que la cepa bacteriana produzca ampollas que, cuando se administran en una vacuna, tengan un potencial mayor para reactividad cruzada contra diversas cepas debido a la mayor influencia ejercida por las proteínas conservadas (retenida en las membranas externas) en el sistema inmune del vacunado. Los ejemplos de dichos antígenos variables incluyen: para *Neisseria* - pili (PilC) que experimenta variaciones antigénicas, PorA, Opa, TbpB, FrpB; para *H. influenzae* - P2, P5, pilina, IgA1-proteasa; y para *Moraxella* - CopB, OMP106.

Otros tipos de genes que podían regularse negativamente o apagarse son genes que, *in vivo*, pueden encenderse fácilmente (expresarse) o apagarse por la bacteria. Como las proteínas de membrana externa codificadas por dichos genes no siempre están presentes en las bacterias, la presencia de dicha proteínas en las preparaciones de ampolla también puede ser nociva para la eficacia de la vacuna por las razones indicadas anteriormente. Un ejemplo preferido para regular negativamente o deleccionar es la proteína Opc *Neisseria*. La inmunidad anti-Opc inducida por una vacuna de ampolla que contiene Opc tendría solamente capacidad protectora limitada ya que el organismo de infección podría llegar a ser fácilmente Opc⁻ - HgpA y HgpB de *H. influenzae* son otros ejemplos de dichas proteínas.

En el procedimiento a), estos genes variables o no protectores se regulan negativamente en la expresión, o se apagan de forma terminal. Esto tiene la sorprendente ventaja de concentrar el sistema inmune en antígenos mejores que están presentes en cantidades bajas en la superficie externa de las ampollas.

La cepa puede modificarse genéticamente de este modo por varias estrategias que incluyen inserción de transposones para alterar la región codificante o región promotora del gen, o mutaciones o deleciones puntuales para conseguir un resultado similar. También puede usarse recombinación homóloga para deleccionar un gen de un cromosoma (donde la secuencia X comprende parte (preferiblemente toda) la secuencia codificante del gen de interés). Puede usarse adicionalmente para cambiar su fuerte promotor por un promotor más débil (o no). Todas estas técnicas se describen en el documento WO 01/09350.

60 (b) un procedimiento para regular positivamente la expresión de antígenos OMP protectores

Esto puede hacerse insertando una copia de dicha OMP protectora en el genoma (preferiblemente por recombinación homóloga), o regulando positivamente la expresión del gen nativo reemplazando el promotor nativo por un promotor más fuerte, o insertando un promotor fuerte cadena arriba del gen en cuestión (también por recombinación homóloga). Dichos procedimientos pueden conseguirse usando las técnicas descritas en el documento WO 01/09350.

ES 2 284 840 T3

Dichos procedimientos son particularmente útiles para potenciar la producción de componentes de ampolla inmunológicamente relevantes tales como proteínas de membrana externa y lipoproteínas (preferiblemente OMP conservadas, habitualmente presentes en las ampollas a bajas concentraciones).

- 5 (c) un procedimiento para regular negativamente un gen implicado en la transformación de la parte de lípido A de LPS tóxico

La toxicidad de las vacunas de ampolla presenta uno de los mayores problemas en el uso de ampollas en vacunas. Se describe un procedimiento para detoxificar genéticamente el LPS presente en ampollas. El lípido A es el componente principal de LPS responsable de la actividad celular. Muchas mutaciones en genes implicados en esta vía conducen a fenotipos esenciales. Sin embargo, mutaciones en los genes responsables de etapas de modificaciones terminales conducen a fenotipos sensibles a la temperatura (*htrB*) o permisivos (*msbB*). Las mutaciones que producen una expresión disminuida (o ausente) de estos genes provocan una actividad tóxica alterada de lípido A. De hecho, en el lípido A no lauroilado (mutante *htrB*) [también definido por la ausencia resultante de LPS de ambas cadenas secundarias de acilo] o no miristoilado (mutante *msbB*) [también definido por la ausencia resultante de LPS sólo de una cadena secundaria de acilo] son menos tóxicos que el lípido A de tipo silvestre. Las mutaciones en el gen codificante de la lípido A 4'-quinasa (*lpxk*) también disminuye la actividad tóxica de lípido A.

El procedimiento c) implica por tanto la delección de parte (o preferiblemente toda) de una o más de las fases de lectura abierta o promotores. Como alternativa, los promotores podrían reemplazarse por promotores más débiles. Preferiblemente, las técnicas de recombinación homóloga se usan para realizar el procedimiento. Preferiblemente, se usan los procedimientos descritos en el documento WO 01/09350. Las secuencias de los genes *htrB* y *msbB* de *Neisseria meningitidis* B, *Moraxella catarrhalis*, y *Haemophilus influenzae* se proporcionan en el documento WO 01/09350 para este propósito.

- 25 (d) un procedimiento para regular positivamente un gen implicado en la transformación de la parte de lípido A de LPS menos tóxico

La actividad tóxica de LPS también podría alterarse introduciendo mutaciones en genes/loci implicados en la resistencia a polimixina B (dicha resistencia se ha correlacionado con la adición de aminoarabinosa en el fosfato 4' del lípido A). Estos genes/loci podrían ser *pmrE* que codifica una UDP-glucosa deshidrogenasa, o una región de genes de resistencia a péptido antimicrobiano común a muchas enterobacterias que podrían estar implicados en la síntesis y transferencia de aminoarabinosa. El gen *pmrF* que está presente en esta región codifica una dolico1-fosfato manosil transferasa (Gunn J.S., Kheng, B.L., Krueger J., Kim K., Guo L., Hackett M., Miller S.I. 1998. *Mol. Microbiol.* 27: 1171-1182).

Mutaciones en el sistema regulador PhoP-PhoQ, que es un sistema regulador de dos componentes dependientes de fósforo (fenotipo constitutivo f. i. PhoP, PhoP^c), o bajo Mg⁺⁺, en condiciones ambientales o de cultivo (que activan el sistema regulador PhoP-PhoQ) conducen a la adición de aminoarabinosa en el fosfato-4' y reemplazo de 2-hidroximiristato por el miristato (hidroxilación de miristato). Este lípido A modificado presenta capacidad reducida de estimular la expresión de selectina E por las células endoteliales humanas y la secreción de TNF- α de monocitos humanos.

El procedimiento d) implica la regulación positiva de estos genes usando una estrategia descrita en el documento WO 01/09350.

- 45 (e) un procedimiento para regular negativamente la síntesis de un antígeno que comprende una similitud estructural con una estructura humana y puede ser capaz de inducir una respuesta autoinmune en seres humanos

El aislamiento de ampollas de membrana externa bacterianas de bacterias Gram-negativas encapsuladas a menudo provoca la co-purificación de polisacárido capsular. En algunos casos, este material "contaminante" puede demostrar ser útil ya que el polisacárido puede potenciar la respuesta inmune conferida por otros componentes de la ampolla. En otros casos, sin embargo, la presencia de material polisacárido contaminante en las preparaciones de ampolla bacteriana puede demostrar ser nociva para el uso de las ampollas en una vacuna. Por ejemplo, se ha demostrado al menos en el caso de *N. meningitidis* que el polisacárido capsular de serogrupo B no confiere inmunidad protectora y es susceptible a inducir una respuesta autoinmune adversa en seres humanos. Por consiguiente, el procedimiento e) es la modificación genética de la cepa bacteriana para producción de ampollas de modo que esté libre de polisacárido capsular. Las ampollas después serán adecuadas para su uso en seres humanos. Un ejemplo particularmente preferido de dicha preparación de ampolla es uno de *N. meningitidis* del serogrupo B desprovisto de polisacárido capsular.

Esto puede conseguirse usando cepas que producen ampollas modificadas en las que los genes necesarios para la biosíntesis capsular y/o exportación se han alterado como se describe en el documento WO 01/09350. Un procedimiento preferido es la delección de algunos o todos los genes *cps* de *Neisseria meningitidis* para la biosíntesis y exportación de polisacáridos. Para este propósito, puede usarse el plásmido de reemplazo pMF121 (descrito en Frosh y col. 1990, *Mol. Microbiol.* 4: 1215-1218) para suministrar una mutación que deleciona el grupo de genes *cpsCAD* (+*galE*). Como alternativa, podría deleccionarse el gen *siaD*, o regularse negativamente en la expresión (el gen *siaD* de meningococos codifica la alfa-2,3-sialitransferasa, una enzima necesaria para la síntesis de polisacárido capsular y LPS). Dichas mutaciones también pueden retirar estructuras similares al huésped en la parte de sacárido del LPS de las bacterias.

ES 2 284 840 T3

Combinaciones de los procedimientos a) - e)

5 Puede apreciarse que uno o más de los procedimientos anteriores pueden usarse para producir una cepa modificada de la que preparar preparaciones de ampolla mejoradas de la invención. Preferiblemente, uno de dichos procedimientos se usa, más preferiblemente dos o más (2, 3, 4 ó 5) de los procesos se usan para fabricar la vacuna de ampolla. Cuando se usa cada procedimiento adicional en la fabricación de la vacuna de ampolla, cada mejora funciona en conjunto con los otros procedimientos usados para preparar una preparación de ampolla optimizada genéticamente.

10 Una preparación de ampolla de meningococos preferida (particularmente *N. meningitidis* B) comprende el uso de los procedimientos b), c) y e) (opcionalmente combinados con el procedimiento a)). Dichas preparaciones de ampolla son seguras (sin estructuras similares a las estructuras del huésped), no tóxicas, y estructuradas de modo que la respuesta inmune del huésped se centrará en los elevados niveles de antígenos protectores (y preferiblemente conservados). Todos los elementos anteriores funcionan juntos para proporcionar una vacuna de ampolla optimizada.

15 De forma similar para *M. catarrhalis*, *H. influenzae* no tipificable, gonococos, y cepas de meningococos de serotipo no B (por ejemplo, serotipo A, C, Y o W), las preparaciones de ampolla preferidas comprenden el uso de los procedimientos b) y c), opcionalmente combinados con el procedimiento a).

Preparaciones de ampolla de *Neisseria* preferidas

20 Se prefieren uno o más de los siguientes genes (que codifican antígenos protectores) para la regulación positiva mediante el procedimiento b) cuando se realiza en una cepa de *Neisseria*, incluyendo gonococos, y meningococos (particularmente *N. meningitidis* B): NspA (documento WO 96/29412), tipo Hsf (documento WO 99/31132), Hap (documento PCT/EP99/02766), PorA, PorB, OMP85 (documento WO 00/23595), PilQ (documento PCT/EP99/03603), PldA (documento PCTIEP99/06718), FipB (documento WO 96/31618), TbpA (documento US 5.912.336), TbpB, FrpA/FrpC (documento WO 92/01460), LbpA/LbpB (documento PCT/EP98/05117), FhaB (documento WO 98/02547), HasR (documento PCT/EP99/05989), lipo02 (documento PCT/EP99/08315), Tbp2 (documento WO 99/57280), MltA (documento WO 99/57280), y ctrA (documento PCT/EP00/00135). También se prefieren como genes que puedan introducirse de forma heteróloga en otras bacterias Gram-negativas.

30 Uno o más de los siguientes genes se prefieren para la regulación negativa mediante el procedimiento a): PorA, PorB, PilC, TbpA, TbpB, LbpA, LbpB, Opa, y Opc (más preferiblemente PorA).

35 Uno o más de los siguientes genes se prefieren para regulación negativa mediante el procedimiento c): htrB, msbB e IpxK (más preferiblemente msbB que retira solamente una única cadena secundaria de acilo de la molécula LPS).

Uno o más de los siguientes genes se prefieren para la regulación positiva mediante el procedimiento d): pmrA, pmrB, pmrE, y pmrF.

40 Uno o más de los siguientes genes se prefieren para la regulación negativa mediante el procedimiento e): galE, siaA, siaB, siaC, siaD, ctrA, ctrB, ctrC, y ctrD (los genes se describen en el documento WO 01/09350).

Muchas de las fases de lectura abierta anteriores y regiones cadena arriba se describen en el documento WO 01/09350.

45 Los genes de gonococos preferidos para regular positivamente mediante el procedimiento b) incluyen uno o más de los siguientes:

Gen del precursor del receptor de lactoferrina de *Neisseria gonorrhoeae* (lbpA), cds completa.

50

ACCESO U16260
VERSIÓN U16260.1 GI: 915277

55 Fuente: *Neisseria gonorrhoeae*/cepa = "FA19"

gen = "lbpA" nucleótidos: 278..3109

proteína_id = "AAC13780.1" / db_xref = "GI: 915278"

60

/ traducción = "MNKKHGFPPLTLTALAIATAFPAYAAQAGAAALDAAQSQSLKEVT
VRAAKVGRRSKEATGLGKIVKTSSETLNKEQVLGIRDLTRYPGVAVVEQNGASGGYS
IRGVDKNRVAVSVDGVAQIQAFTVQGSLSGYGGRGGSGAINEIEYENISTVEIDKQAG
SSDHGSGALGGAVAFRTKEAADLISDGKSWGIQAKTAYGSKNRQFMKSLGAGPSKDGW
65 EGLLIRTERQGRETRPHGDIADGVEYIDRLDAFRQTYDIKPKTTEPFVFLVEGENTLK
PVAKLAGYGIYLNRLNRWVKERIEQNQPLSAEERAQVREAQARHENLSAQAYTGGGR

ES 2 284 840 T3

LLPDPMDYRSGSWLAKLGYRFGGRHYVGGVFEDTKQRYDIRDMTEKQYYGTDEAEKFR
 DKSGVYDGDGDFRDGLYFVFNTEEWKGDKNLVKIGLKYSRTKFIDEHRRRRRMGLLYR
 5 YENEKYSNDWADKAVLSFDKQGVATDNNTLKLNCVYPAVDKSCRASADKPYSYDSSD
 RFHYREQHNVLNASFEKSLKNKWTKHHLTLGFGYDASKAVSRPEQLSHNAARISESTG
 FDEKNQDKYRLGKPEVVEGVCYIETLRSRKCVPKINGSNIHISLNDRFSIGKYFD
 10 FSLGGRYDRKNFTTSEELVRSGRYADRSWNSGIVFKPNRHFSVSYRASSGFRTPSFQE
 LFGIDIYHDYPKGWRPALKSEKAANREIGLOWKGDGFLFLEISSFRNRYTDMIAVADQ
 KTKLPDSAGRLTEIDIRDYNAQNMSLQGINILGKIDWNGVYKGLPEGLYTTLAYNRI
 15 KPKSVSNRPDLSLRSYALDAVQPSRYVLGFGYDQPEGKKGANIMLTYSKGNPDELAY
 LAGDQKRYASAGRVTSWKTADVSAYLNLKKRLTLRAIYNIGNYRYVTWESLRQTAES
 20 TANRHGGDSNYGRYAAPGRNFSLALEMKF "

1 ctcgggataa cggcatcaat ctttcgggaa atggttcgac taatcctcaa agtttcaaag
 .61 cggacaatct tcttgtaacg ggcggctttt acggcccgca ggcggcggaa ttggggcggca
 121 ctatcttcaa taaggatggg aatcctcttg gtataactga agatattgaa aatgaagtg
 25 181 aaaatgaagc tgatgttggc gaacagttag aacctgaagt taaaccccaa ttcggcgtgg
 241 tattcgggtgc gaagaaagat aataaagagg tggaaaaatg aataagaaac acggttttcc
 301 gctgactttg acggcgttgg ccattgcaac cgcttttccg gcttatgctg cccaagcggg
 361 ggcggcggca cttgatgagg cgcaaatgca atcattgaaa gaggttaccg tccgtgccgc
 421 caaagtggga cggcgaatcga aagagggcag aggtttgggg aaaatcgtca aaacgtcggg
 481 aacgttgaac aaagaacagg tactcgggat ccgacgactg acgcgctacg atccgggctg
 30 541 ggcgggttgc gaacagggca acggcggcag cggcggctac tcgatacggc gcgtagataa
 601 aaaccgtgtg gcggtttcgg ttgacggcgt tgcccaata caggcgttta ccgtgcaggg
 661 atcgttgagc ggatacggcg gacgcggcgg cagcggcgca atcaacgaaa tcgaatatga
 721 aaacatcagc acggtggaaa tcgacaaagg cgcgggttcg tccgatcacg gcagcggcgc
 781 actcggcggc gcggtcgcc tccgcaccaa agagggcgca gacctgatt cagacggcaa
 35 841 aagctggggg atacaggcaa aaaccgctta cggcagtaaa aaccgcaat ttatgaagtc
 901 gctcggcggc ggggtcagca aagacggttg ggaagggctg ctaatccgaa ccgaacgcca
 961 agggcgggaa acgcgcccgc acggcagatg tgccgacggg gtggaatac gcatagaccg
 1021 tttggacggc ttcggccaga catacagat taaacgcaag acaacagagc catttttctt
 1081 agtagagggc gagaatacac tcaagcccgt ggcaaaattg gcgggctaag ggatatattt
 40 1141 gaaccgcccag ctcaaccgct gggtaaaaga acgtattgaa caaaatcagc ctttaagtgc
 1201 tgaagaagag gcgcaggtgc gggaggcgca ggcgcgccac gaaaacctgt ccgcccaagc
 1261 ctacacgggc ggcggcagga tattgcccga tccgatggat taccgcagcg gctcttggtt
 1321 tgccaagctg ggtaccgct tcggcggcag gcatatgct ggcggctgtg ttgaggatac
 1381 caaacagcgt tacgacatcc gcgatatgac ggaaaaacag tattacggta cggacgaggc
 45 1441 ggaaaagttt agagacaaga gcggggtgta cgacggcgac gatttccgcg acggcttgta
 1501 ttttgtgccg aatataagaag agtgaaggg cgataaaaat ttggtcaagg gcataggttt
 1561 gaaatattcc cgcaccaa tttattgacga acatcaccgc cgcgccgta tgggtttgct
 1621 gtaccgttat gaaaatgaga aatactcggg caactggcg gataagggcg tgtgtcgtt
 1681 tgacaaacag ggcgtggcaa ccgacaacaa cacgctgaag ctgaattgcg ccgttatcc
 50 1741 tgccgtggac aaatcctgcc gcgcgtcggc ggacaaaccg tattcctacg acagcagcga
 1801 ccggtttccac taccgcgaac agcacaatgt ttgaaatgcc tcggttgaga agtcgctgaa
 1861 aaacaaatgg acgaaacacc atctgacttt gggcttcggt tacgatgctt ccaaagcagt
 1921 atcccccca gaacagcttt cccacaatgc ggcaaggatt tcggaatcca cgggattcga
 1981 tgaaaagaat caagataagt accgtttggg taagcccga gtcgctgaag ggtcggctcg
 55 2041 cggctatatc gaaacctgc gttcccgcaa atcggtgcca agaaaaatca acggcagcaa
 2101 tatccacatt tctttgaacg accgtttttc aatcggcaaa tattttgatt tcagcttggg
 2161 cggcaggtac gaccggaaaa acttcaccac gtcggaagaa ctcgctcgca gggcgggta
 2221 tcccgaccgt tcgtggaaca cgcgcatcgt gttcaaaccg aaccggcatt tttccgtgtc
 2281 ttaccgcgcc tccagcggct tcagaacgcc ttccttccaa gaacttttcg ggatagacat
 2341 ttatcacgat tatccgaaag gctggcagcg tcccgccctg aaatcggaaa aggcagccaa
 2401 ccgggaaatc ggtttgcagt ggaagggcga tttcggcttt ttggaaatca gcagttccg
 60 2461 caaccgttat accgatatga ttgcccgtgc cgatcaaaaa accaaattgc cggattcagc
 2521 aggacgattg acagagattg atatacgcga ttattacaat gcccacaaata tgcgcttca

ES 2 284 840 T3

```

2581 aggcatacaac atcttgggga aaatcgactg gaacggcgta tacggcaaac tgcccgaagg
2641 cctgtacacc acattggcgt acaaccgtat caaacccgaa tcggtatcca accggccgga
2701 cttgtccctc cgagctatg ctttggatgc ggtacagccg tcgcttatg ttttggggtt
2761 cggatacgac cagcccagg ggaatgggg cgcaaacatt atgctgacct attcceaagg
2821 gaaaaaccct gacgagcttg cttatctggc aggcgatcaa aaacgatatt cggcaggaag
5 2881 ggttacgtct tcttggaaaa cggcagatgt ttccgcttat ctgaatctga aaaaacggct
2941 gaccttgagg gcggtatct acaatatcgg caactaccgc tacgttactt gggaatcctt
3001 ggcggcagact gcggaagca cggcaaacgg gcacggcggc gacagcaact atggaaggta
3061 tgccgcaccg ggcaggaact tcagcctcgc gctcgaaatg aagttttaa ggaaatgccg
10 3121 tctggaagct tgatctgcac cccaaaagtc ggactaaacc gccactgat taaggtgcag
3181 gtttttttga ttcaatataa acaagattc gcgcgtcatt cccgcgcagg cgggaatccg
3241 gacattcaat gctaaggcaa tttatcggaa atgactgaaa ctcaaaaaac cggattccca

```

Precursor de la proteína B de unión a lactoferrina de *Neisseria gonorrhoeae*

Fuente: *Neisseria gonorrhoeae* "/cepa = "FA19"

ACCESO AAD08809
 PID g4106393
 20 VERSIÓN AAD08809.1 GI: 4106393

/gen = "lbpB" secuencia codificante: 1..728, "AF072890.1: 310..2496"

```

25 1 mrklnyygia llplmlascg gnfgvqvve stptaypvtf kskdvptspp paepsvettp
61 vnrpavgaam rllrrntafh redgtaipds kqaeeclsfk egdvlflygs kgnklqqkks
121 eihkrdsdve irtsekenk ygyefvdagy vytkngkdei eqnsggkrft hrfgydgfvy
181 ysgerpsqsl psagtvyfyg nwqymtdakr hrtgkavasd dlgyitfygn digatsyaak
241 daddrekhpae eytvdfdkki lkgeliknqy vqkndpkkp ltiynitadl ngnrftgsak
30 301 vntevktrba dkeylffhtd adqrleggff gdngeelagr fisndngvfg vfagkqktna
361 sgtnpampfg khtkildslk isvdeatden prpfvstmp dfghpdkllv egreiplvsk
421 ektidladr kmtvsaccdf ltyvklgrik terpavkpa qdeedsginn geesedeeri
481 aeesevse ddngededei veeedeae eeeeeeeep eeespeegn vsdgippape
541 alkgrdidlf lkgirtae ad ipktgtabyt gtwearigep iqwdnkadka akaefdvdg
35 601 nksisgtl e qngvepafri engviegnf hptartrdng inlsgngstn pqsfkadnll
661 vtggfygpa aelggatifnk dgkslgted ienevenead vgeqlepevk pqfgvvfgak
721 kdnkevek

```

Gen de la proteína A de unión a transferrina (tbpA) de *Neisseria gonorrhoeae*, cds completa

ACCESO AF241227
 VERSIÓN AF241227.1 GI: 9719361

Fuente: *Neisseria gonorrhoeae*/cepa = "Pgh3-2"

gen "tbpA" secuencia codificante: 223..2946

/proteína_id = "AAF97766.1"

/db-xref = "GI: 9719362"

```

/ traducción ="MQQQHLFRFNILCLSLMTALPAYAENVQAGQAQEKQLDTIQVKA
55 KKQKTRRDNEVTGLGKLVKTADTLSKEQVLDIRDLTRYDPGLAVVEQGRGASSGYSIR
GMDKNRVSLTVDGLAQIQSYTAQAALGGTRTAGSSGAINIEIYENVKAVEISKGSNSV
EQSGGALAGSVAFQTKTADDVIGEGRQWGIQSKTAYSGKNRGLTQSIALAGRIGGAEA
60 LLIRTGRHAGEIRAHEAAGRGVQSFNRLAPVEDGSDYAYFVVEGECPPDGYAACDKPK
KDVVGEDKRQTVSTRDYTGPNRFLADPLSYESRSWLFPRPGFRFENKRHYIGGILERTQ
QTFDTRDMIVPAFLTKAVFDANSXQAGSLRGNGKYAGNEKYGGLFTNGENNAPVGAEY
65 GTGVFYDETHTKSRYGLEIVYTNADKDTWADYARLSYDRQIGLDNHFQQTCSADGS

```

ES 2 284 840 T3

DRYCRPSADKPFSSYKSDRVIYGESHRLLQAAFKSFDTAKIRENLSVNLGYDRFGSN
 LRHQDYQQSANRAYSLKTPPONNGKKTSPYWVSI GRGNVVTGQICRSGNNTYIDCTP
 5 RSINGKSYAAVRDNVRLGRWADVAGLRYDYRSTHSDDGSVSTGTHTLSWNTGIVL
 KPADWLDLTYRTSTGFRLLPSFAEMYGWRSGDKIKAVKIDPEKSFNKEAGIVFKGDFGN
 LEASWFDNAYRDLIVRGYEAIEKNGKEQAKGAPAYLNAQSARITGINILGKIDWNGVW
 10 DKLEPGWYSTFAYNRVRVRDIKRRADRTDIQSHLFDIAIQPSRYVVGSGYDQPEGKWGV
 NGMLTYSKAKEITELLGSRALLNGNSRNTKATARRTRPWYIVDVSGYYTVKXHTLRA
 GVYNLLNHERYVTWENVRQTAAGAVNQHKNVGVYNYRYAAPGRNYTFSLEMKF"

15 1 cgaagagttg ggcggatggt ttgcctatcc gggcaatgaa caaacgaaaa atgcgcaagc
 61 ttcacccggc aatggaatt cagcaggcag cgcgaccgtg gtattcgggtg cgaaacgcca
 121 aaagcttgty caataagcac ggctgcccga caatcgagaa taaggcttca gacggcatcg
 181 ttccctgccga ttccgtctga aagcgaagat tagggaaca ctatgcaaca gcaacatttg
 241 ttccgattca atattttatg cctgtcttta atgactgccc tgcccgttta tgcaaaaaat
 20 301 gtgcaagccg gacaagcaca ggaaaaacag ttggacacca tacaggtaaa agccaaaaaa
 361 agcaaaaacc gccgcgataa cgaagtaacc ggtttgggca aattggtcaa aaccgcccgc
 421 aactcagca aagaacaggt actcgacatc cgcgacctga cgcgttacga ccccggcatc
 481 gccgtcgtcg aacagggggcg cggcgcaagc tcgggctact cgatacggcg tatggacaaa
 541 aaccgctgtc ccttgacggg ggacggcttg gcgcaatac agtctacac cgcgaggcg
 25 601 gcattggggc ggacgaggac ggccggcagc agcggcgcaa tcaatgaaat cgagtatgaa
 661 aacgttaagg ctgtcgaaat cagcaaaagg tcaaactcgg tcgaacaagg cagcggcgca
 721 ttggcggggt cggctgcatt tcaaaccaaa accgcagacg atgttatcgg ggaaggcagg
 781 cagtggggca ttcagagtaa aaccgcctat tccggcaaaa accgggggct tacccaatcc
 841 atcgcgctgg cggggcgcat cggcggctgc gaggtttgc tgatccgcac cggccggcac
 901 gcgggggaaa tccgcgcccc cgaagccgcc ggacgcggcg ttcagagctt taacaggctg
 30 961 gcgcccgttg aagacggcag tgactatgcc tttttgtgg tcgaaggaga atgcctgat
 1021 ggatattcgg cttgtaaaaga caaacgaaa aaagatggtg tcggcgaaga caaacgtcaa
 1081 acggtttcca cccgagacta cacgggcccc aaccgcttc ttccgatcc gctttcatic
 1141 gaaagccggt cgtggctggt ccgcccgggt tttcgtttg agaataagc ggactacac
 1201 gcgggcatac tcgaacgcac gcaacaaact ttcgacacgc gcgatagac tttcgggca
 35 1261 ttccctgacca aggcggtttt tgatgcaaat tcaaacagc cgggttcttt gcgcccgaac
 1321 ggcataatcg cgggcaacca caaatacggc gggctgttta ccaacggcga aaacaatgcg
 1381 ccggtggggc cggaaatcgg tacgggctg ttttacgacg agacgcacac caaaagccgc
 1441 tacggtttgg aatattgcta taccaatgcc gataaagaca cttgggcgga ttatgcccgc
 1501 ctctcttacg accggcaggg catcggttg gacaaccatt ttcagcagac gcaactgtct
 40 1561 gccgacgggt cggacaaaata ttgcccgcg agtgccgaca agcgttttc ctattacaaa
 1621 tccgaccgcg tgatttacgg ggaaagccac aggtctcttg aggcggcatt caaaaaatcc
 1681 tctgataccg ccaaatccg ccacaactc agcgtgaatc tcggttacga ccgctcggc
 1741 tctaactcgc gccatcagga ttattattat caaagtcca accgcgcta ttcggtgaaa
 1801 acgccccctc aaaacaacgg caaaaaaac agcccctatt gggtcagcat aggcagggga
 1861 aatgctggtta cggggcaaat ctgcccctcg ggcaacaata cttatacggga ctgcaacggc
 45 1921 cgcagcatca acggcaaaaag ctattacgcg cgggtccggg acaatgtccg ttggggcagg
 1981 tgggcccgatg tcggcgcggg ctgcccctac gactaccgca gcacgcattc ggacgacggc
 2041 agcgtttcca ccggcacgca ccgcaccctg tccctggaaca ccggcatcgt cctcaaacct
 2101 gccgactggc tggatttgac ttaccgcaat tcaaccggct tccgctgccc ctctgttgcg
 2161 gaaatgtacg gctggcggtc gggcgataaa ataaaagccg tcaaaatcga tccggaaaaa
 50 2221 tcgttcaaca aagaagccgg catcgtggtt aaaggcgatt tcggcaactt ggaggcaagt
 2281 tggttcgaca atgcccaccg cgatttgatt gtccggggtt atgaagcggg aattaaaaaa
 2341 ggcacaagaac aagccaaagg cgcgccggct tacctcaatg ccaaaagcgc gcggattacc
 2401 ggcatacaata ttttgggcaa aatcgattgg aacggcgtat gggataaatt gcccgagggt
 2461 tggatttcta catttgccca taatcgtgct cgtgtccgcg acatcaaaaa acgcccagac
 55 2521 cgcaccgata tccaatcaca cctgtttgat gccatccaac cctcgcgcta tgcgctggc
 2581 tcgggctatg accaaccgga aggcaaaatg ggctggaacg gtatgtgac ttattccaaa
 2641 gccaggaaa tcacagagtt gttgggcagc cgggctttgc tcaacggcaa cagccgcaat
 2701 acaaaaagcca ccgcgcgccc taccgcccct tgggtatattg tggatgtgct cgggtattac
 2761 acggttaaaa aacacttcac cctccgtgcg ggctgtgaca acctcctcaa ccaccgctat
 60 2821 gttacttggg aaaatgtgcg gcaaaactgcc gcggcgcgag tcaacaaca caaaaatgct
 2881 ggcgtttaca accgatatgc cgcgccggc cgcaactaca catttagctt ggaatgaag
 2941 ttctaaccgt ccgaacggcg caaatgccgt ctgaaaggct tcgacggcg ttttttacac
 3001 aatccccacc gtttcccac cttcccagata caccg

ES 2 284 840 T3

Gen de la proteína de unión a transferrina 2 (tbpB) de la cepa UU1008 de *Neisseria gonorrhoeae*, cds completa.

ACCESO U65222
 VERSIÓN U65222.1 GI: 2286066

Fuente: *Neisseria gonorrhoeae*/cepa = "UU1008"

gen = "tbpB" secuencia codificante: 1..2052

/proteína_id = "AAB64243.1"

/db_xref = "GI: 2286067"

/ traducción = *MNNPLVNQAAMVLPVFLLSACLGGGGSFDLDSVDTEAPRAAPKY
 QDVPSKPKPEARLQGGYGFAMRFKRRNRYRAANENEVVKLKESEDWEQTDDEIKNPFKQ
 KNIINALPGNEGELLQDSSQQGKTSKVRDEHDFKYVWSGFFYKRIKIKITTKKDESHKI
 IEARSGPDGYIFYKGRNPSRKL PVSGEVTYKGTWDFLTDVKANQKFTDLGNASTKSGD
 QYSAFSGELDYIVKKEEDKKEKELGLLTFEITVDFEKKTLIGKLIKNNMLINNNTKP
 TTQYYSLEAQVITGNRFSGXAMATEKGENKQHPFVSDSSSLSGGFFGPGQEELGFRFLS
 DDGKVAUVVGS AKTKDETASSGGTSGGASVSTSNGAAGTSS ENKLTIVLDAVBLTPNGK
 KIKDLDNFNSNAQLVVDGIMIPLLPKDSESGSHTDKGENGKTAPFYETTYTPESDKE
 DAQTGMATNGVQTVSNTAGGTS GKTKTHEYVQACCSNLNLYLKYGLLTRKNSSQADAKM
 GQVEQSMFLOGERTDEKEIPQEONVVYSGTWYGHIA TNGTSWTR EASDQENGNRANFD
 VNFKDKRITGTLTAENRSEATFTIEAMIEGNGFKGTAKTGNNGFAPDQNSSTGTHKVE
 ITNAAVQGGFYGPNAEELGGWFPAYPGNGQTKNAQTSSGNGNSAGSATVVF GAKRQQELV
 K*

1 atgaacaatc cattggtgaa tcaggctgct atggtgctgc ccgtgttttt gttgagcgcct
 61 tgtctgggcg gaggcggcag tttegatctt gattctgtcg ataccgaagc cccgcgtgcc
 121 gcgccaaagt atcaagatgt tccttccaaa aaaccggaag cccgaaaaga ccaaggcggc
 181 tacggtttcg cgatgcgctt caagcggcgg aattggtatc gggcggcaaa cgaaaacgag
 241 gttaactga aagagagtga ttgggaacaa acggatgatg atgagatcaa aaaccctttc
 301 aaacaaaaaa atattattaa tgccttacct ggaatgagc ggaattatt gcaagattcc
 361 agtcaacaag gtaagggtac atctaaggtt agggaccatc acgattttaa atacgtatgg
 421 tcgggttttt tttataaacg gattaagatt acaactaaaa aagacgaatc tcataaata
 481 atcgaagcca gaagcggctc tgacggttat attttttata aaggcagaaa tcctctgaga
 541 aaacttctcg tttcagggga ggttacgtac aaaggtactt gggatttttt aactgatgtg
 601 aaagcaaatc agaaatttac agatttagga aatgcttcta cgaaatccgg agaccaatat
 661 agtgcttttt ccggggagtt ggattatata gtcaaaaaag aggaggataa aaaagaaaag
 721 cacaagggtt tgggattaac aacggaata acggttgatt ttgagaaaaa aacctgatc
 781 ggaaaattaa ttaaaaaaa catgttaatc aataataaca ctaaacccac cacccaatat
 841 tacagccttg aggtcaagt aacaggcaac cgcttcagcg gcaaggcgat ggcaaccgaa
 901 aaaggcgaaa acaacaaca tcctttggtt tccgactcgt cttctctgag cggcggcttt
 961 ttcggcccgc aggggtgagga attgggtttc cgctttttga gcgacgatgg aaaagtggcc
 1021 gttgtcggca gcgcgaaaac caaagacgaa accgcaagca gtggcggcac ttcggcgggt
 1081 gcaagcgttt ccacatcaaa cggtcgaggca ggcaagcgtc ctgaaaaaa gctgaccacg
 1141 gttttggatg cgggtgaatt gacaccaaac ggcaagaaa tcaaatgatc cgacaacttc
 1201 agcaacggcg cccaactggt tgcgcagcggc attatgatc cgtctcctgc caaggattcc
 1261 gaaagcgggg gcagtcatac agataaaggc gaaaacggca aaacagcctt tatctacgaa
 1321 acaacctaca cggcgaaaag tgataaagaa gacgctcaaa caggtatggc gaccaatggc
 1381 gtgcaaacgy tttcaaatc ggcaggcggc acaagtggca aaacaaaaac ccattatgaa
 1441 gtccaagcct gctgttcaa cctcaattat ctgaaatagc ggttgctgac gcgtaaaaac
 1501 agtagtcaag ctgacgctaa aatgggacaa gttgaacaaa gtatgttcc ccaaggcgag
 1561 cgcaccgatg aaaaagaaat tccacaagaa caaatgtcg tttattcagg cacttggtac
 1621 ggcgatattg ccaccaacgg cacaagttgg acccgcaag cctccgatca ggaaaatggc
 1681 aatcgggcaa attttgact gaatttcaa gacaaaagaa ttaccggcac gtaaccgct
 1741 gaaaacaggt cggaggcaac cttaccatt gaagccatga ttgagggcaa cggctttaa
 1801 ggtacggcga aaaccggtaa tggcggcttt gcgcccgatc aaaacagcag caccggtaca
 1861 cataaagtgc acatcacaaa tgcgcgggtg caggcgggtt tttaccggcc taacgcgaa
 1921 gagttgggcg gttggtttgc ctatccgggc aatggacaaa cgaaaaatgc gcaacttca
 1981 tccggcaatg gaattcagc aggcagcggc accgtggtat tcggtgcaaa acgccaacag
 2041 cttgtgaaat aa

ES 2 284 840 T3

Genes pilO, pilP y pilQ, grupo de genes de la biogénesis del pilus de *Neisseria gonorrhoeae*, cds completa.

ACCESO U40596
5 VERSIÓN U40596.1 GI: 1173872

fuelle: *Neisseria gonorrhoeae*/cepa = "MS11"

gen = "pilO" secuencia codificante 22..669

10 /proteína_id = "AAC43601.1"

/db_xref = "GI: 1173873"

15 / traducción = *MASKSSKTNLDLNHLHLNLPARLFIALLVVAAVLGLGYAGLFK
SQMESLEEYEAKETELKNTYKQKSIDAASLNNLRDELASIRSAFDIMLKQLPTDAEIP
20 NLVQELHQAGSSNGLRLDSVMPQPPVDDGPIKCLPYSISITGNYEQISQPTRDVGSL
RIITLESCLKIAQSPENGGNPDGKSSILNLSAIATTYQAKSIEELAAEAAQNAEQ*

gen = "pilP" secuencia codificante 687..1229

25 /proteína_id = "AAC43602.1"

/db_xref = "GI: 1173874"

30 / traducción = "MKHYALLISFLALSACSQSSDLNEWMAQTRREAKAEIIPFOAP
TLPVAVPVYSPQLTGPNADFRRMETAKKGENAPDTKRIKETLEKFSLENMRYVGILK
35 SGQKVSQGFIEAEGYVYTVGVGNLYGQNYGRIESITDDSIILNELIEDSTGNWVSRKAE
LLNSSDKNTEQAAQPEEQN"

gen = "pilQ" secuencia codificante 1248..3410

40 /proteína_id = "AAC43603.1"

/db_xref = "GI: 1173875"

45 / traducción = "MNTKLTKIISGLFVATAAFQTASAGNITDIKVS SLPNKQKIVKV
SFDKEIVNPTGFVTSSPARIALDFEQTGISMDQOVLEYADPLLSKISAAQNSSRARLV
LNLNKPQYNTTEVRGNKWWIFINESDDTVSAPARPAVKAAPAAPAKQQAAPPTESVV
50 SVSAPFSPAKQQAASAKQQAATPAKQTNIDFRKDGKNAGIIELAALGFAGQPDISQQ
HDHIIVTLKNETLPTALQRS LDVADF KTPVQKVT LKRLNNDTQLIITTTGNWELVNKS
AAPGYFTFQVLPKKQNLSEGGVNNAPKTFPTGRKISLDFQDVEIRTI LQILAKESGMNI
55 VASDSVSGKMTLSLKDVPWDQALDLVMQARNLDMRQQGNIVNMAPRRAACQRQSLT
GKRHCRSGRAVFPKLPFIEIQKGRIPQHPALDNADTTGNRNTLVSGRGSVLIDPATNT
LIVTDTRSVIEKFRKLI DELDVP AQQVMIEARIVEAADGFSRDLGVKFGATGRKCLKN
60 ETSAPFGWVNSGFGGDXWEAKPKSTCRLPCRKQHFAGARDFSGALNLELSASESLSK
TKTLANPRVLTQNRKBAKIESGYEIPFTVTTRSGGGNSTNTELKKA VLG LTVTANITP
65 DGQIIMTVKINKDSPRQCASGNNTILCISTKSLNTQAMVENGGTLIVGGIYEENNGNT
LTKVPLLATSPLSATS LKHSKGNRPPRTADPQLPPREL"

ES 2 284 840 T3

1 aaacgcacag gaggaaactg aatggcttct aaatcatcta aaaccaactt ggatctcaac
 61 aaccttcacc tgctcaacct tcttgccagg cttttatcgy ccctgctggg eggtgcccgc
 121 gtgctggggc tccggttatgc cggattgttc aaaagccaga tggaatccct tgaggaatat
 181 gaagcaaaag aaaccgaact gaaaaacacc tacaacaga aaagtatcga cgcggccagc
 241 ctgaacaacc ttagggacga acttgectca atccgctctg ccttcgatat catggtgaaa
 301 cagctgccga cagatgcaga aattcccaat ttggttcaag agcttcatca ggcgggttcg
 361 agcaacggtc tgcgcttggg cagcgttatg ccccaacctc ccgtagatga cgggccatc
 421 aaaaaattac cctattccat ttccattacc ggaaattacg aacagatcag ccaatttacc
 481 cgcgatgtcg gcagtctctc ccgaatcatt acccttgagt cgtgaaaaat cgcccaatct
 541 cccgaaaacg gcggcaatcc tgacggcaag agcagtatcc tgaacctcag aaatctgccc
 601 accacttacc aagcaaaatc cataggaagag cttgccgcag aagcggcaca ccactgcccg
 661 caaaaataac ttacgttagg gaaacatga aacactatgc cttactcadc agctttctgg
 721 ctctctccgc gtgttcccaa agttctgaag acctaaacga atggatggca caaacgcgac
 781 gcgaagccaa agcagaaatc ataccttcc aagcacctac cctgcccgtt gcgcccgtat
 841 acagcccgcg gcagcttaca gggcccgaac ccttcgactt ccgcccgcag gaaaccgcca
 901 aaaaaggggg aaatgcccc gcaccaacgc gtattaaaga aacgctggaa aaattcagtt
 961 tggaaaaatg gcgttatgtc ggcattttga agtccggaca gaaagtctcc ggcttcatcg
 1021 aggtgaagg ttatgtctac actgtcgggt tccgcaacta tttgggacaa aactacggta
 1081 gaatcgaaag cattaaccgac gacagcatca tcttgaacga gctgatagaa gacagcacgg
 1141 gcaactgggt ttcccgttaa gcagaactgc tgttgaattc ttcgacaaa aacaccgaa
 1201 aagcggcaca gaaatcagg cctgaggaa caaaatgaag aagaggatta ctccattatg
 1261 tgacaaaaat catttccggg ctctttgtcg caaccgccc ctttcagacg gcatcggcag
 1321 gaaacattac agacatcaaa gtttccctccc tgcccaacaa acagaaaatc gtcaaagtca
 1381 gctttgacaa agagattgtc aaccgaccg gcttcgtaac ctccctaccg gcccgcatcg
 1441 ccttggactt tgaacaaacc ggcatttcca tggatcaaca ggtactcgaa tatgcccgat
 1501 ctctgttgag caaaatcagt gccgcacaaa acagcagccc tgcgctctg tgcgctgatt
 1561 tgaacaaacc gggccaatac aataccgaag tacgcccggaa caaagtttg atattcatta
 1621 acgaatcgga cgataccgtg tccgccccgc cccgcccagc cgtaaaagcc ggcctgccc
 1681 caccggcaca acaacaggct gccgcaccgt ttaccgagtc cgtagatcc gtagccgac
 1741 cgttcagccc ggcaaaaaca catcagcgg ccatcggcaa catcggcaca acaacaggcg gcgacaccgg
 1801 caaaaacacc caatatcgat ttccgcaaa acggcaaaaa tgcccggcatt atcgaattgg
 1861 cggcattggg ctttgcgggg cagcccgaca tcagccaaca gcacgaccac atcatcgtta
 1921 cgctgaaaaa ccataccctg ccgaccgccc tccaacgcag tcttgatgtg gcagacttca
 1981 aaacaccggg tcaaaagggt acgctgaaac gcctcaataa cgacaccag ctgattatca
 2041 caaacaaccg caactgggaa ctcgtcaaca aatccgccc gcccggatac tttaccttcc
 2101 aagtcctggc gaaaaaaca aacctcgagt caggcggcgt gaacaatgcg cccaaaacct
 2161 tcacaggccg gaaaatctcc cttgacttcc aagatgtcga aatccgcacc atcctgcaga
 2221 ttttgcaaaa agaaccggg atgaacattg ttgccagcga ctccgtcagc ggcaaaatga
 2281 cctctccct caaagacgta ccttgggatc aggttttggg tttggttatg caggcgcgca
 2341 acctcgatat gcgcccagca gggaaactcg tcaacatggc cccgcccagc gctgcttccc
 2401 aaagacaaag ccttcttaca agcggaaaaa gacattgccc atctgggccc atctgattcc
 2461 caaaacttcc aattgaaata caaaaatgtg gaagaattcc gcagcatcct gctttggaca
 2521 atgcccagac gaccggaaac cgcaacacgc ttgtcagcgg caggggcagc gtgctgatcg
 2581 atcccggcac caacaccctg attgttaccg ataccgcag cgtcatcgaa aaattccgca
 2641 aactgattga cgaattggac gtaccgcgce aacaagtgat gattgaggcg cgtatcgtcg
 2701 aagcggcaga cggcttctcg cgcgatttgg cgtttaaagt cggcgcgaca cggcaggaaa
 2761 aactgaaaaa tgagacgagc gcattcggct ggggctgaa ctccggcttc gggggcggcg
 2821 ataaatggga ggccaaacca aatcaacct gcctgggtgcc gtgcccgaat cagcatttcc
 2881 ctggtgcccg cgatttctcc ggcgcttga atttggaatt gtccgcatcc gagtcgctt
 2941 caaaaaccaa aacgcttgc aatccgccc tgctgaccca aaaccgcaaa gggccaaaa
 3001 tcgaatccgg ttacgaaatt cctttaccg taactacacg ctccggcggc ggaactcta
 3061 ccaacacgga actcaaaaaa gccgtcttgg ggctgaccgt tacggcgaac atcacgccc
 3121 acggacaaat catcatgacc gtcaaaatca acaagactc gcctcgacaa tgtgcttccg
 3181 gcaacaacac aatcctatgt atttccagca aaagcctgaa tacgcaggct atgggtgaaa
 3241 acggcggcac tttgatgtc ggcgggtatt atgaagaaaa caacggcaat acgctgacca
 3301 aagtcacctt gttggctaca tccccgtat cggcaacctc tttaaaacac ctccggaaaa
 3361 accgaccgcc gcgaactgct gattttcaat taccocgag ggaattatag atacgggca
 3421 acagcctgcg ctattgatgc gtcaaaataa gggcatatgt tttacagcat atgcccctt
 3481 tttatgcttt ttgcccgcag cgaaatgccc tcatccccc gagcgaatcc aacttgcct
 3541 gtttcgggtt ttttctgct cgtaactttt gagccgtcat tcccgcgaaa tcggaaatcc
 3601 agtcccgttc gtttcgggta tttccgataa atctctgtg atctctgtaa tccaaagcct ctagattccc
 3661 acttctgtgg aataacggcg gaaggatata atcctcgcaa tcccgcgag aggcggaatc
 3721 acaaaaaaca gcaacccgaa acaccctgct attcccgcag aggcggaatc tagaaccgca
 3781 acgccaggaa tctgtcggat acggctgaaa ccgaacgact ggattcccg

ES 2 284 840 T3

NspA

Gen de la proteína de membrana externa de *Neisseria gonorrhoeae*, cds completa

5 ACCESO U52069
VERSIÓN U52069.1 GI: 1808968

fuelle *Neisseria gonorrhoeae*/cepa = "B2"

10 Gen "NspA" secuencia codificante: 141..665

/proteína_id = "AAB41581.1"

15 /db_xref = "GI: 1808969"

**/ traducción = "MKKALAALIALALPAAALAE GASGFYVQADAAHAKASSSLGSAK
GFSPRISAGYRINDLRFAVDYTRYKNYKAPSTDFKLYSIGASVIYDFDTQSPVKPYFG
ARLSLNRASAHLGGSDFSFKTSAGLGLVLAGVSYAVTPNVDL DAGYRYNYVGKVN TVKN
VRSGELSAGVRVKF"**

25 1 cggcaaagca gccggatgcc gccgcgtatc ttgaggcatt gaaaatatta cgatgcaaaa
61 agaaaatttc agtataatac ggcaggatc tttaacggat tattaacaat ttttctccct
121 gaccataaag gaaccaaaat atgaaaaaag cacttgccgc actgattgcc ctgcactcc
181 cggccgccgc actggcggaa ggcgcacacg gcttttacgt ccaagccgat gccgcacacg
241 ccaaagcctc aagctcttta ggttctgcca aaggcttcag cccgcgcacg tccgcaggct
301 accgcatcaa cgacctccgc ttcgccgctg attacacgcg ctacaaaaac tataaagccc
361 catccaccga tttcaaactt tacagcatcg gcgcgtccgt catttacgac ttcgacaccc
421 aatcgcccgt caaacctgat ttcggcgcgc gcttgagcct caaccgcgt tccgccact
481 tgggcggcag cgacagcttc agcaaaacct ccgccggcct cggcgtattg gcgggcgtaa
541 gctatgccgt taccctgaat gtcgatttgg atgccggcta ccgctacaac tacgtcggca
601 aagtcaacac tgtcaaaaac gtccgttccg gcgaactgtc cgccggcgtg cgcgtcaaat
35 661 tctgatatac gcgttattcc gcaaaccgcc gagccttcgg cggttttttg

40 Gen de la proteína de membrana externa de *Neisseria gonorrhoeae* (omp85), cds completa

ACCESO U81959
VERSIÓN U81959.1 GI: 1766041

45 Fuente: *Neisseria gonorrhoeae*/cepa = "FA19"

gen = "omp85" secuencia codificante 1..2379

/proteína_id = "AAC17600.1"

50 /db_xref = "GI: 1766042"

55

60

65

/ traducción = "MKLKQIASALMMLGISPLAFADFTIQDIRVEGLQRTEPSTVFNY
 LPVKVGDYNDTHGSALKSLYATGFFDDVRVETADGLLLLTIVCPTIGSLNITGAK
 5 MLQNDALIKKNLESFGLAQSOYFNQATLNQAVAGLKSEYLGRGKLNIQITPKVTKLARN
 RVDIDITIDEKSAKITDIEFEGNQVYSRDKLMRQMSL/TEGGIWTWLTRSDRFDRQKF
 10 AQDMEKVTDYQMNQYFDFRILDTDIQTNEDKTRQTIKITVHEGGRFRWGKVSIEGDT
 NEVPKAELEKLLTMKPGKWYERQOMTAVLGEIQNEMGSAGYAYSEISVQPLPNAGTKT
 VDFVLHI EPRRKIYVNEIHI TGNKTRDEVVRELRQMESAPYDTSKLQRS KERVELL
 15 GYFDNVQFDAVPLAGTPDKVDLNMSLTERSTGSLDLSAGWVQDTGLVMSAGVSQDNLF
 GTGKSAALRASRSKTTLNGSLSFDPYFTADGVS LGYDIYGKAFDPRKASTSVKQYKT
 TTAGGGVRMGIPVTEYDRVNFGLAAEHLTVNTYNKAPKRYADFIKQYKTDGADGSPK
 20 GLLYKGTVGWGRNKTDLSALWPTRGYLTGVHAEIALPGSKLQYYSATHNQTWFFPLSKT
 FTLMLGGEVGIAGGYGRKTEIPFFENFYGGGLGSRVGYESGTLGPKVYDEYGEKISYG
 25 GNKKANVSAELLFPMPGAKDARTVRLSLFADAGSVWDGRITYTAAENGNNKSVYSENAH
 KSTFTNELRYSAGGAVTWLSPLGPMKFIYAYPLKCKPEDEIQRFQFLGTTF"

1 atgaaactga aacagattgc ctccgcaactg atgatgttgg gcatatcgcc tttggcattt
 61 gccgacttca ccatccaaga catccgtgtc gaaggcttgc agegtaccga gccgagcacc
 30 121 gtattcaact acctgcccg ccaagtcggc gacacctaca acgacacaca cggcagtgcc
 181 atcatcaaaa gcctgtacgc caccggttc tttgacgacg tacgagtcga aactgcccga
 241 gggctgcttc tgctgaccgt tatcgtatgc cctaccatcg gctcgctcaa catcaccggc
 301 gccaaaatgc tgcagaacga cgccatcaag aaaaacctcg aatcgltcgg gctggcgag
 361 tcgcaatact ttaatcaggc gacactcaac caggcagtcg ccggcctgaa agaagaatat
 421 ctccggcgcg gcaaaactca tatccaaatc acgcccagaag taaccaact cgcccgaac
 35 481 cgcgtcgaca tcgacatcac gattgacgag ggcaaatccg ccaaaatcac cgacatcgaa
 541 tttgaaggca accaagtcta ttccgaccgc aaactgatgc ggcagatgct gctgaccgaa
 601 ggcggcattt ggacatggct gacacgaagc gaccggttcg accgcccaga attcgccaa
 661 gacatggaaa aagtaaccga cttctaccag aacaacggct acttcgattt ccgatcctc
 40 721 gataccgaca tccaaaccaa cgaagacaaa accaggcaga ccatcaaaaat caccgtccac
 781 gaaggcggac gttcccgctg gggcaaatg tgcattgaag gcgacaccaa cgaagtcccc
 841 aaggccgaac tggaaaaact gctgaccatg aagcccggca aatggtacga acgcccagc
 901 atgaccgccc ttttgggtga gattcagaac cgcatgggct cggcaggcta cgcatacagc
 961 gaaatcagcg tacagccgct gccgaacgccc ggaaccaaaa ccgctcgattt cgtcctgac
 45 1021 atcgaaccg gcaaaaaat ctacgtcaac gaaatccaca tcaccggcaa caaaaaacc
 1081 cgcgacgaag tcgtgcccgg cgaattgcgc caaatggaat ccgcccctta cgacacctcc
 1141 aagctgcaac gctccaaaga gcgcgtcgag cttttgggct acttcgacaa cgtacagttt
 1201 gatgcccgtc cgcttgcggg tacgcccagc aaagtcgatt tgaacatgag cctgaccgaa
 1261 cgttccaccg gctcgctcga cttgagcggc ggctgggttc aggataccgg cttggtcatg
 1321 tccgcccggc tatcgcagga caacctgttc ggtacgggca agtcggccgc cctgcccgc
 50 1381 tcgcaagca aaaccacgct caacggctcg ctgctgttta ccgaccgta cttcacggca
 1441 gacgggggtca gcctgggcta cgatatttac ggaaaagcct tcgaccgcg caaagcatcg
 1501 accagcgtca aacaatataa aaccaccacc gccggcggcg gcgtaaggat gggatcccc
 1561 gttaccgaat acgaccgct caatttcggg ctggcggcg aacacctgac cgtcaacacc
 1621 tacaacaaag caccacaaag ctatgccgac tttatcaaac aatacggcaa aaccgacggc
 55 1681 gcagacggca gcttcaaagg cctgctgtac aaaggcactg tcggctgggg gcgcaaacag
 1741 accgacgag ccttatggcc gacgcggcg tacctgaccg gcgtaaatgc cgaaatcgcc
 1801 ctgcccggca gcaactgca atactactcc gccaccaca accaaacctg gttcttcccc
 1861 ttaagcaaaa ccttcacgct gatgctcggc ggcaagtcg gcattgccc gggctcggc
 1921 agaaccacaa aatccccctt ctttgaaac ttctacggcg gcggcctggg ttcggtgccg
 1981 ggctacgaaa gcggcaccgct cggcccgaaa gtgtatgagc aatacggcga aaaaatcagc
 60 2041 tacggcggca acaaaaaagc caacgtctcc gccgagctgc tottcccgat gcccggtgcg
 2101 aaagacgcac gcaccgtccg cctgagcctg tttgcccagc caggcagctg gtgggacggc
 2161 agaaccata ccgcccggca aaacggtaac acaaaatcgg tttactcggc aaacgcgat
 2221 aatccacct ttaccaacga attgcgctat tccgcccggc gcgcccgtac ctggctctcg
 2281 cttttgggcc cgatgaaatt catctacgcc taccgctga agaaaaacc ggaagacgaa
 65 2341 atccaacgct tccaattcca gctcggcagc acgttctaa

ES 2 284 840 T3

Homólogo de *pIdA1* en *Neisseria gonorrhoeae*

Fuente: proyecto de secuenciación U. de Oklahoma

5 secuencia codificante de tipo *PIdA1*

>GONUCTG01_15 Continuación (15 de 22) de *gonuctg01* a partir de la base 1400001

10

```
ATGAATACACGAAATATGCGCTATATTCTTTGACAGGACTGTTGCCGACGGCATCCGCT
TTTGGAGAGACCGCGCTGCAATGCGCCGCTTTGACGGACAATGTTACGCGTTTGGCGTGT
TACGACAGGATTTTTCGCGCACAGCTTCCGTCCTCGGCAGGGCAGGAAGGGCAGGAGTCG
15 AAAGCCGTA CTCAATCTGACGAAACCCTCCGACGAGCTTGGATAAGGGCAGGCGGTC
ATTGTTGTTGAAAAAGGCGGGGATGCGCTTCCGCGACAGTGGGGCGAAACCCTCCGAT
ATCTATACGCCTTTGAGCCTGATGTACGACTTGGACAAAAACGATTTGCGCGGGCTGTTG
GGCGTACGCGAACACAATCCGATGTACCTTATGCGGTTTGGTATAACAATTCGCCAAC
TATGCCCGGAGTTCCGCGACGCGCGGTACGACTGTACAGGAAAAATTCGGACAGCAGAAA
20 CGTGCGGAAACCAAATTGCAGGTTTCGTTCAAAAAGCAAAATTGCCGAAAAATTTGTTTAAA
ACCCGCGCGGATCTGTGGTTCGGCTACACCCAAAGATCCGATTGGCAGATTTACAACCAA
GGCAGGAAATCCGCGCCGTTCCGCAATACGGATTACAAACCTGAAATTTTCTGACCCAG
CCTGTGAAGGCGGATTTGCCGTTCCGCGCGGAGGCTGCGTATGCTCGGTGCGGGTTTGTG
25 CACCAGTCCAACGGACAGAGCCGTCGCCAATCGCGTTCGTGGAACAGGATTTATGCCATG
GCAGGCATGGAATGGGGCAAATTGACGGTGATTCCGCGCGTGTGGTGCCTGCGTTTCGAT
CAGAGCGGCGATAAAAACGACAATCCCGATATTGCCGACTATATGGGGTATGGCGACGTG
AAGCTGCAGTACCGCTGAACGACAGGCAGAATGTGTATTCCGATTGCGCTACAACCC
AAAACGGGCTACGGCGCGATTGAAGCCGCTACACGTTTCCGATTAAGGGCAAACCTCAA
```

30

```
GGCGTGGTACGCGGATTCCACGGTTACGGCGAGAGCCTGATCGACTACAACCACAAGCAG
AACGGTATCGGTATCGGGTTGATGTTCAACGACTGGGACGGCATCTGA
```

35

Secuencia de aminoácidos de tipo *PIdA1*

40

```
MNTRNMRYILLTGLLPTASAFGETALQCAALTDNVTRLACYDRIFAAQLPSSAGQEGQESKAVLNLTE
TVRSSLKGEAV
IVVEKGGDALPADSAGETADIYTPLSLMYDLKNDLRGLLGVREHNPMYLMPFWYNNSPNYAPSSPT
RGTTVQEKFGQK
45 RAETKLQVSFKSKIAENLFKTRADLWFGYTQRSDWQIYNQGRKSAPFRNTDYKPEIFLTQPVKADLPFG
GRLRMLGAGFV
HQSNGQSRPESRSWNRIYAMAGMEWGKLTVIPRVVWRAFDQSGDKNDNPDIADYMGYGDVKLQYRL
NDRQNVYSVLRYNP
50 KTYGAEAEAA YTFPIKGLKGVVRFHGYGESLIDYNEHQNGIGIGLMFNDWDGL
```

55

1000 pares de bases cadena arriba de la secuencia de tipo *PIdA1* (útiles para reemplazar el promotor por una secuencia más fuerte)

60

65

ES 2 284 840 T3

>GONOPCTG01_15 Continuación (15 de 22) de gonocctg01 a partir de la base 1400001

5 TTTTGGCTTCCAGCGTTTCGTTGTTTTTCGTACAAATCGTAAGTCAGCTTCAGATTGTTGG
CTTTTTTAAAGTCTTCGACCGTACTCTCGTCAACATAATTCGACCAGTTGTAGATGTTCA
GAGTATCGGTGGCAGCGGCTTCGGCATTGGCAGCAGGTGCGCTGCTGCTTGAGGCTGCA
CGGCGTTTTTTTCGCTGCCGCCGAGGCTGCCAGAGACAGCGCGGCCAAAACGGCTAATA
10 CGGATTTTTTCATACGGGCAGATTCTGTATGAAAGAGGTTGGAAAAAAGAAAAACCCCGC
GCCCCATAAACACCCCGGCGCAAGGTTTGGGTATTGTAAGTAAATTTGTGCAAACTCAA
AGCGATATTGGCCTGATTTTTCTAAAAAATTACCCTGTTTCCAAAAAAGGGGGGAAACG
GCCGCCCGATTTTGCCGTTTTTTTTCGCCCGTACGGGTGTCCGACGGGCGGATAGAGAAAA
AAGGCTTGCATATAATGTAACCCCTTTAAAAATTGCGCGTTTACAGAATTTATTTTTCT
15 TTCAGGAGATTCCAATATGGCAAACAGCGCACAAGCACGCAAACGTGCCCGCCAGTCCGT
CAAACAACGCGCCACAACGCTAGCCTGCGTACCGCATTCCGCACCGCAGTGAAAAAAGT
ATTGAAAGCAGTCGAAGCAGGCGATAAAGCTGCCGCACAAGCGGTTTACCAAGAGTCCGT
CAAAGTCAATCGACCGCATCGCCGACAAAAGGCGTGTTCATAAAAAACAAAGCGGCTCGCCA
CAAAAGCCCGCTGTCTGCAAAAAGTAAAGCACTGGCTGATTTTGCAAAACCGCCAAG
20 CGGTTGATACGCGATAAGCGGAAAACCCTGAAGCCCGACGGTTTCGGGGTTTTCTGTATT
TCGGGGGTAAAGTTGAAATGGCGGAAAGGTTGCGGTTTTTTATCCGAATCCGCTATAAA
ATGCCGTTTTGAAAACCAATATGCCGACAATGGGGGCGGAG

25 Los genes de gonococos preferidos para regular negativamente por el procedimiento a) incluyen uno o más de los siguientes:

Gen de la proteína de membrana externa regulada por hierro preFrbP (frpB) de *Neisseria gonorrhoeae*, cds completa

30 ACCESO U13980
VERSIÓN U13980.1 GI: 833694

Fuente: *Neisseria gonorrhoeae* cepa = "FA19"

35 gen = "frpB" secuencia codificante: 318..2459

/proteína_id = "[AAC43332.1](#)"

40 /db_xref = "GI: 833695"

/ traducción = "MNAPFFRLSLLSLTLAAGFAHAAENNANVALDVTVTVKGDRQGSK
IRTNIIVTLQKDESTATDMRELLKEEPSIDFGGNGTSQFLTLRGMGQNSVDIKVDNA
45 YSDSQILYHQGRFIVDPALVKVVSQKAGSASAGIGATNGAI IAKTVDAQDLLKGLD
KNWGVRLNSGFAGNNGASYGASVFGKEGNFDGLFSYNRNDEKDYEAGKGFNRDNGGKT
VPYSALDKRSYLAKIGTTFGDGDHRIVLSHMKDQHRGIRTVREEFAVSEKNSRITIKR
50 QAPSYRETTQSNINLAYTGKDLGFVEKLDANAYVLEKKRYSADDKONGYAGNVKGPNH
TRIA TRSMNFNDSRLAEQTLKYGINYRHQRIKPQAFLNSEFEIKDKEKATNBEKKK
NRENEKIAKAYRLTNPTKIDTGAYIEAIEIDGFTLTGGLRYDRFKVKTHDGKTVSSS
55 SLNPSFGVIWQPREHWSFSASHNYAGRSPRLYDALQTEGKRGIIISIDGTKAERARNT
EIGFNYNDGTFANGSYFRQTIKDALANPQNRHDSVAVREAVNAGYIKNHGYELGASY
60 RTGGLTAKVGVSHSKPRFYDTHKDKLLSANPEFGAQVGRWTASLAYSFKPNPNLEIGW
RGRYVQKAVGSILAAGQKDRDGLKLVVRQGFVNDVFANWKPLGKDTLNVNLSVNNV
FDKFFYPHSQRWINTLPGVGRDVRLLGVNYKF"

65

ES 2 284 840 T3

```

1 aaaccggtac ggcggtgcc cgccttagct caaagagaac gattccctaa ggtgctgaag
  61 caccgagtga atcgggtccg tactatattgt actgtctgcg gcttcgcccg cttgtcctga
 121 tttttgtag tccacatata catttccgac aaaacctgtc acaaaaaaac aacgcttcgc
 181 aaataaaaac gataatcagc tttacacaac ccccccccgc taatataaac aaaaataatt
5 241 attattattt tttcttatcc tgccaaacct taacggtttg gcttaacttc ccttcataca
 301 ctcaaaaagg cgaacaaatg aacgcctcgc ttttccgctc cagcctgttc tcgctcacac
 361 ttgcccggcg ctttgccac ggcgcagaaa ataatgcca tgctgcattg gataccgtta
 421 ccgtaaaaagg cgaccgcca ggcagcaaaa tccgtacca catcgttacg cttcaacaaa
 481 aagacgaaag caccgcaacc gatatgcgcy aactcctaaa agaagagccc tccatcgatt
10 541 tcggcggcgg caacggcacg tcccaattcc tgacgctgcy cggtatgggt cagaactctg
 601 tcgacatcaa ggtggacaac gcctattccg acagccaaat cctttaccac caagycagat
 661 ttattgtcga tcccgctttg gttaaagtcc tttccgtaca gaaaggcgcg ggttccgctc
 721 ctgcccgtat cggcgcgacc aacggcgcga tcatcgcca aaccgctgat gcccaagacc
 781 tgctcaaagg cttggataaa aactggggcg tgccctcaa cagcggcttt gccggcaaca
15 841 acggcgcaag ctacggcgca agcgtattcc gaaaagaggg caacttcgac ggtttgttct
 901 cttacaaccg caacgatgaa aaagattacc aagccggcaa aggtttccgc aatgacaacg
 961 gcggcaaaac cgtaccgtac agcgcgctgg acaaacgcag ctacctcgc aaaatcggaa
1021 caaccttcgg cgacggcgac caccgcatcg tgttgagcca tatgaaagac caacaccggg
1081 gcatccgcac tgtgcgtgaa gagtttgccg tcagcgaaaa aaattcacgg ataactatta
1141 aacgccaaag cccatcctac cgcgaaacca ctcaatcaa caccaactcg gcgtacacog
20 1201 gcaaaagatt gggctttgtc gaaaaactgg atgccaaacg ctatgtgttg gaaaagaaac
 1261 gctattccgc cgatgacaaa gataacggct acgcaggcaa tgtaaaaggc cccaaccata
 1321 cccgaatcgc cactcggagt atgaacttea acttcgacag ccgccttgcc gaacaaacc
 1381 tigtgaaata cggcatcaac taccgccatc aggaaatcaa accgcaagcg tttttgaact
 1441 cgggaattga aataaaagat aaagaaaaag caactaatga agagaaaaag aagaaccgtg
25 1501 aaaatgaaaa aattgccaaa gcctaccgce tgaccaacc gaccaaaacc gataccggcg
 1561 cgtatatcga agccattcac gagattgacg gctttaccct gaccggcggg ctgcttacg
 1621 accgcttcaa ggtgaaaacc caccgacggca aaaccgtttc aagcagcagc ctcaaccgca
 1681 gtttcggcgt gatttggcag ccgcgcgaaac actggagctt cagcgcgagc cacaactacg
 1741 cggcgcgag cccgcgcctg tatgacgctc tgcaaaccca cggcaagcgc ggcacatctc
30 1801 cgattgccga cggcacgaaa gccgaaccgc cgcgcaatac cgaaatcggc ttcaactaca
 1861 acgacggcac gtttgccgca aacggcagct acttccggca gaccatcaaa gacgcgcttg
 1921 ccaatccgca aaaccgccac gactccgctc ccgtccgca agcctcaac gccggctaca
 1981 tcaaaaacca cggttacgaa ttggggcgcgt cctaccgcac cggcggcctg accgccaaag
2041 tcggcgtaag ccacagcaaa ccgcgctttt acgatacgca caaagacaag ctgttgagcg
35 2101 cgaacctga atttggcgca caagtcggcc gcacttgga ggcctccctt gcctaccgct
 2161 tcaaaaacc gaatctggaa atcggctggc gcggtcgta tgttcaaaa gccgtgggtt
 2221 cgatattggc ggcaggtcaa aaagaccgcy acggcaaat ggaaaacgct gtacgccaag
 2281 gtttcgggtg gaacgatgtc ttcgccaact ggaaaaccgct gggcaagac acgctcaatg
 2341 ttaatcttc ggttaacaac gtgttcgaca agttctacta tccgcacagc caacgctgga
40 2401 ctaaccctt gccggcgtg ggacgtgatg tacgcctggg cgtgaactac aagttctaaa
 2461 acgcacatcc cgaaaaaatg ccgtctgaaa gcctttcaga cggcatctgt cctgataatt
 2521 tgatataatg tggattaaca aaaaccggta cggcgttgcc ccgccttagc tcaaaaggaa
2581 cgattcceta aggtgctgaa

```

45 Gen estructural de *N. gonorrhoeae* para la proteína III de gonococos (PIII).

ACCESO X05105
 VERSIÓN X05105.1 GI: 44889

50 fuente: *Neisseria gonorrhoeae*/db_xref = "taxón: 485"

secuencia codificante del gen PIII: 103..813

55 /proteína_id = "CAA28752.1"

/db_xref = "GI: 44890"

/db_xref = "SWISS-PROT: P07050"

60

65

/ traducción = "MTKQLKLSALFVALLASGTAVAGEASVQGYTVSGQSNEIVRNNY
 GECWKNAYFDKASQGRVECGDAVAVPEPEPAPVAVVEQAPQYVDETIISLSAKTLFGFD
 5 KDSLRAEAQDNLKVLQRLSRTNVQSVRVEGHTDFMGSEKYNQALSERRAYVVANNLV
 SNGVPASRISAVGLGESQAQMTQVQCAEVAKLGAKASKAKKREALIACIEPDRRVDVK
 IRSIVTRQVVPARNHHQH"

10 1 gaattcctat cegatttgc gccatgttcc tacagcggcc tgtatgttgg caattcagca
 61 gttgcttctg tatctgctgt acaaatctaa tgaggaata aaatgaccaa acagctgaaa
 121 ttaagcgcatt tattegttgc attgctcgtc tccggcactg ctggtgctgg cgagggctcc
 181 gttcagggtt acaccgtaag cggccagtcg aacgaaatcg tacgcaaca ctatggagaa
 241 tgctggaaaa acgcctactt tgataaagca agccaaggtc gcgtagaatg cggcgatgag
 15 301 gttgctgctc cegagcccg acccgcgctt gtcgcccgtg tggagcaggc tcctcaatat
 361 gttgatgaaa ccatttccct gctgcccata accctgttcg gtttcgataa ggattcattg
 421 cgcgcccgaag ctcaagacaa cctgaaagta ttggcgcaac gcctgagtcg aaccaatgct
 481 caatctgctc gcgtcgaagg ccataccgac tttatgggtt ctgaaaaata caatcaggct
 541 ctgtccgaac gccgcgcata cgtagtggca aacaacctgg tcagcaacgg cgtacctct
 20 601 tctagaattt ctgctgctcg cttggcgaa tctcaagcgc aaatgactca agtttctca
 661 gccgaagtgg ccaactggg tgcgaaagcc tctaaagcca aaaaactgta ggctctgatt
 721 gcatgtatcg aacctgaccg ccgctagat gtgaaaatcc gcagcatcgt aacctgctg
 781 gttgtgcccg caccgaatca tcaccaacac taaggctagg taatatcttg ccgatgcatg
 841 aggttagcgg atttgtacc gggtagctgt gcaatattcg tgaaactcgc gccggtatcg
 25 901 atgatgtgaa acaaaccccg cttttgccc gtttgtttt ttgggtggtt ttctgaaacg
 961 gctatcgtca gaatcggggt gcaggctcgg attcggattc agattcatgt ttgtgtcca
 1021 ttgcccgctt ttatagtga ttaacaaaa tcaggacaag gcgacgaagc cgcagacagt
 1081 acaatagtag ggcaaggcga ggcaacgccc taccggtta aatttaacc actatctgg
 1141 ttgaaactct gattttaagg cggtaggctg tgggttgcc catagcaagg gaatccttc
 1201 tgtatcaagc cccgaaaggg ataattcata caaattcacg cctttcccc tcattgggaa
 30 1261 atggatggaa tcgtgcccga tgtgtgccc actgtatgcc ggatattggtt ttatcatcat
 1321 cccttttcgg ttgaaacccc gcggaattc

35 *Preparaciones de ampolla de Pseudomonas aeruginosa preferidas*

Se prefieren uno o más de los siguientes genes (que codifican antígenos protectores) para la regulación positiva mediante el procedimiento b): PcrV, OprF, OprL. También se prefieren como genes que puedan introducirse de forma heteróloga en bacterias Gram-negativas.

40 *Preparaciones de ampolla de Moraxella catarrhalis preferidas*

Se prefieren uno o más de los siguientes genes (que codifican antígenos protectores) para la regulación positiva mediante el procedimiento b): OMP106 (documentos WO 97/41731 y WO 96/34960), HasR (documento PCT/EP99/03824), PilQ (documento PCT/EP99/03823), OMP85 (documento PCT/EP00/01468), lipo06 (documento GB 9917977.2), lipo10 (documento GB 9918208.1), lipo11 (documento GB 9918302.2), lipo18 (documento GB 9918038.2), P6 (documento PCT/EP99/03038), ompCD, CopB (Helminen ME, y col (1993) Infect. Immun. 61: 2003-2010), D15 (documento PCT/EP99/03822), OmpIA1 (documento PCT/EP99/06781), Hly3 (documento PCT/EP99/03257), LbpA y LbpB (documento WO 98/55606), TbpA y TbpB (documentos WO 97/13785 y WO 97/32980), OmpE, UspA1 y UspA2 (documento WO 93/03761), FhaB (documento WO 99/58685) y Omp21. También se prefieren como genes que pueden introducirse de forma heteróloga en otras bacterias Gram-negativas.

Se prefieren uno o más de los siguientes genes para la regulación negativa mediante el procedimiento a): CopB, OMP106, OmpB1, TbpA, TbpB, LbpA y LbpB.

55 Se prefieren uno o más de los siguientes genes para la regulación negativa mediante el procedimiento c): htrB, msbB e IpxK (más preferiblemente msbB).

Se prefieren uno o más de los siguientes genes para la regulación positiva mediante el procedimiento d): pmrA, pmrB, pmrE y pmrF.

Muchas de las fases de lectura abierta anteriores y regiones cadena arriba se describen en el documento WO 01/09350.

65 *Preparaciones de ampolla de Haemophilus influenzae preferidas*

Se prefieren uno o más de los siguientes genes (que codifican antígenos protectores) para la regulación positiva mediante el procedimiento b): D15 (documento WO 94/12641), P6 (documento EP 281673), TbpA, TbpB, P2, P5

ES 2 284 840 T3

(documento WO 94/26304), OMP26 (documento WO 97/01638), HMW1, HMW2, HMW3, HMW4, Hia, Hsf, Hap, Hin47, lomp1457 (documento GB 0025493.8), Ytfn (documento GB 0025488.8), VirG (documento GB 0026002.6), lomp1681 (documento GB 0025998.6), OstA (documento GB 0025486.2) e Hif (todos los genes en este operón deben estar regulados positivamente para regular positivamente la pilina). También se prefieren como genes que pueden introducirse de forma heteróloga en otras bacterias Gram-negativas.

Se prefieren uno o más de los siguientes genes para la regulación negativa mediante el procedimiento a): P2, P5, Hif, IgA1-proteasa, HgpA, HgpB, HMW1, HMW2, Hxu, TbpA, y TbpB.

Se prefiere uno o más de los siguientes genes para la regulación negativa mediante el procedimiento c): htrB, msbB e IpxK (más preferiblemente msbB).

Se prefieren uno o más de los siguientes genes para la regulación positiva mediante el procedimiento d): pmrA, pmrB, pmrE, y pmrF.

Muchas de las fases de lectura abierta anteriores y regiones cadena arriba se describen en el documento WO 01/09350.

Preparaciones de vesículas de membrana (ampollas) de la invención

La fabricación de preparaciones de ampolla a partir de cualquiera de las cepas modificadas mencionadas anteriormente puede conseguirse recogiendo ampollas desprendidas de forma natural por las bacterias, o por cualquier otro de los procedimientos bien conocidos para los especialistas en la técnica (por ejemplo, como se describe en los documentos EP 301992, US 5.597.572, EP 11243 o US 4.271.147). Para Neisseria, se usa preferiblemente el procedimiento descrito en el siguiente Ejemplo.

Preferiblemente, la preparación de vesículas de membrana es capaz de filtrarse a través de una membrana de 0,22 μm .

También se prevé una preparación estéril (preferiblemente homogénea) de vesículas de membrana que se pueden obtener pasando las vesículas de membrana a través de una membrana de 0,22 μm .

Formulaciones de Vacuna

Una realización preferida de la invención es la formulación de las preparaciones de ampolla de la invención en una vacuna que también puede comprender un excipiente farmacéuticamente aceptable.

La preparación de vacunas se describe en líneas generales en Vaccine Design ("The subunit and adjuvant approach" (eds Powell M.F. & Newman M.J.) (1995) Plenum Press New York).

Las preparaciones de ampolla de la presente invención pueden potenciarse con adyuvante en la formulación de vacuna de la invención. Los adyuvantes adecuados incluyen una sal de aluminio tal como gel de hidróxido de aluminio (alumbre) o fosfato de aluminio, pero también puede ser una sal de calcio (particularmente carbonato cálcico), hierro o cinc, o puede ser una suspensión insoluble de tirosina acilada, o azúcares acilados, polisacáridos derivatizados catiónica o aniónicamente, o polifosfazenos.

Los sistemas adyuvantes Th1 adecuados que pueden usarse incluyen, monofosforil lípido A, particularmente monofosforil lípido A 3-des-O-acilado, y una combinación de monofosforil lípido A, preferiblemente monofosforil lípido A 3-des-O-acilado (3D-MPL) junto con una sal de aluminio. Un sistema potenciado implica la combinación de un monofosforil lípido A y un derivado de saponina particularmente la combinación de QS21 y 3D-MPL como se describe en el documento WO 94/00153 o una composición menos reactogénica en la que se inactive QS21 con colesterol como se describe en el documento WO96/33739. Una formulación adyuvante particularmente potente que implica QS21 3D-MPL y tocoferol en una emulsión de aceite en agua se describe en el documento WO 95/17210 y es una formulación preferida.

La vacuna puede comprender una saponina, más preferiblemente QS21. También puede comprender una emulsión de aceite en agua y tocoferol. Oligonucleótidos que contienen CpG no metilado (documento WO 96/02555) también son inductores preferentes de una respuesta TH1 y son adecuados para su uso en la presente invención.

La preparación de vacuna de la presente invención puede usarse para proteger o tratar a un mamífero susceptible a infección, mediante la administración de dicha vacuna por vía sistémica o mucosa. Estas administraciones pueden incluir inyección por vía intramuscular, intraperitoneal, intradérmica o subcutánea; o por administración a la mucosa por el tracto oral/alimentario, respiratorio, genitourinario.

La cantidad de antígeno en cada dosis de vacuna se selecciona como una cantidad que induce una respuesta inmunoprotectora sin efectos secundarios adversos significativos en vacunados típicos. Dicha cantidad variará dependiendo de qué inmunógeno específica se emplea y cómo se presenta. Generalmente, se espera que cada dosis comprenda 1-100 μg de antígeno proteico, preferiblemente 5-50 μg , y más típicamente en el intervalo de 5-25 μg .

ES 2 284 840 T3

Una cantidad óptima para una vacuna particular puede determinarse por estudios convencionales que implican la observación de respuestas inmunes apropiadas en sujetos. Después de una vacunación inicial, los sujetos pueden recibir una o varias inmunizaciones de refuerzo espaciadas adecuadamente.

5 Vacunas de células Completas Fantasma o Inactivadas

Se prevé que las cepas bacterianas modificadas anteriores no sólo pueden ser útiles para generar preparaciones de ampolla útiles en vacunas - también pueden usarse fácilmente para preparar preparaciones de células completas fantasma o inactivadas y vacunas (con ventajas idénticas). Los procedimientos para preparar preparaciones fantasma (células vacías con envueltas intactas) a partir de cepas Gram-negativas son bien conocidos en la técnica (véase por ejemplo el documento WO 92/01791). Los procedimientos para inactivar células completas para preparar preparaciones celulares inactivadas para su uso en vacunas son bien conocidos. Las expresiones “preparaciones de ampolla” y “vacunas de ampolla” así como los procedimientos descritos en todo este documento por lo tanto son aplicables a las expresiones “preparación fantasma” y “vacuna fantasma”, y “preparación de células completas inactivadas” y “vacuna de células completas inactivadas”, respectivamente, para los propósitos de esta invención.

Ejemplos

Los siguientes ejemplos se realizan usando técnicas convencionales, que son bien conocidas y rutinarias para los especialistas en la técnica, excepto donde se describe de otro modo con detalle. Los ejemplos son ilustrativos, y no limitan la invención.

Ejemplo 1

25 Ejemplos previamente presentados

Ejemplos que describen: Construcción de una cepa de *Neisseria meningitidis* serogrupo B que carece de polisacáridos capsulares; Construcción de vectores de suministro de genes versátiles (la serie pCMK) que se dirigen a la integración en el locus *porA* de *Neisseria meningitidis*; Construcción de una cepa de *Neisseria meningitidis* serogrupo B que carece tanto de polisacáridos capsulares como del antígeno inmunodominante principal PorA; Regulación positiva de la producción de proteína de membrana externa *NspA* en ampollas derivadas de una cepa de *Neisseria meningitidis* serogrupo B recombinante que carece de los genes *porA* y *cps* funcionales; Regulación positiva del antígeno de proteína de membrana externa D15/Omp85 en ampollas derivadas de una cepa de *Neisseria meningitidis* serogrupo B recombinante que carece de los genes *cps* funcionales pero que expresa PorA; Construcción de vectores de suministro de promotores versátiles; Procedimientos de fermentación para producir ampollas recombinantes; Identificación de promotores bacterianos adecuados para la regulación positiva de genes que codifican antígenos; Regulación positiva del gen *Omp85* de *N. meningitidis* serogrupo B por reemplazo de promotor; Regulación positiva del antígeno proteico Hsf en una cepa de *Neisseria meningitidis* serogrupo B recombinante que carece de los genes *cps* funcionales pero que expresa PorA; Expresión de la Proteína Fluorescente Verde en una cepa de *Neisseria meningitidis* serogrupo B que carece de los genes *cps* funcionales pero que expresa PorA; Regulación positiva del gen *NspA* de *N. meningitidis* serogrupo B por reemplazo de promotor; Regulación positiva del gen *pldA* (*omplA*) de *N. meningitidis* serogrupo B por reemplazo de promotor; Regulación positiva del gen *tbpA* de *N. meningitidis* serogrupo B por reemplazo de promotor; Regulación positiva del gen *pilQ* de *N. meningitidis* serogrupo B por reemplazo de promotor; Construcción de un casete *kanR/sacB* para introducir mutaciones no marcadas “limpias” en el cromosoma de *N. meningitidis*; Uso de pequeñas secuencias recombinogénicas (43 pb) para permitir la recombinación homóloga en el cromosoma de *Neisseria meningitidis*; Protección activa de ratones inmunizados con ampollas de *Neisseria meningitidis* WT y recombinantes; e Inmunogenicidad de ampollas recombinantes medida por procedimientos de ELISA de células completas y específicos que se han descrito en el documento WO 01/09350.

50 Ejemplo 2

Ampollas de gonococos que expresan proteínas de Chlamydia trachomatis en su superficie para su uso en una composición de vacuna

55 Tanto *Chlamydia trachomatis* como *N. gonorrhoeae* causan enfermedades de transmisión sexual, incluyendo uretritis, cervicitis, salpingitis y enfermedad inflamatoria pélvica. La infección mixta tanto con CT como CG no sucede. Por lo tanto, en el diseño de una vacuna que se dirija a una o más de estas enfermedades, la posibilidad de producir protección contra ambos organismos con una única formulación crea una ventaja técnica.

60 Protección contra *N. gono*

Puede obtenerse una vacuna OMV contra *N. gonorrhoeae* a partir de una o más cepas productoras de ampollas en las que la expresión de uno o varios genes se haya regulado positivamente y/o negativamente. Se ha proporcionado anteriormente una lista de genes que codifican proteínas de *N. gonorrhoeae* para las que es particularmente útil regular su expresión positiva y/o negativamente.

Una vacuna satisfactoria para la prevención de infección por *N. gono* puede requerir más de uno de los siguientes elementos: generación de anticuerpos séricos y/o en la mucosa para facilitar la eliminación mediada por el comple-

mento de los gonococos, y/o para potenciar la fagocitosis y eliminación microbiana por los leucocitos tales como leucocitos polimorfonucleados, y/o para evitar la unión de los gonococos a los tejidos del huésped; la inducción de una respuesta inmune mediada por células también puede participar en la protección.

5 El potencial de una preparación de vacuna de ampolla contra gono puede evaluarse analizando la respuestas inmunes inducidas para los anticuerpos séricos y/o de la mucosa que tienen antiadherencia y/o propiedades de opsonización, y/o actividad bactericida, como se ha descrito por otros (McChesney D y col, Infect. Immun. 36: 1006, 1982; Boslego J y col: Efficacy trial of a purified gonococci pilus vaccine, en Program and Abstracts of the 24th Interscience Conference on Antimicrobial Agents and Chemotherapy, Whashington, American Society for Microbiology, 1984; Siegel M y col, J. Infect. Dis 145: 300, 1982; de la Pas, Microbiology, 141 (Pt4): 913-20, 1995).

Recientemente se ha descrito un modelo de ratón de infección génica por *N. gono* (Plante M, J. Infect. Dis., 1982: 848-55, 2000). La eficacia de una vacuna de ampolla contra gono también puede evaluarse por su capacidad de evitar o reducir la colonización por *N. gono* en este modelo de ratón de infección.

15 *Protección contra CT*

Puede obtenerse una vacuna de ampolla de GC/CT a partir de una cepa que expresa uno o varios genes de Chlamydia, preferiblemente seleccionados entre la lista anterior de genes que codifican proteínas de membrana externa predichas.

Otros genes de interés para la sobreexpresión en Neisseria son genes de *C. trachomatis* para los que no se ha descubierto homólogo en *C. pneumoniae*. Dicho conjunto de genes se ha descrito en Richard S.; p: 9-27, Stephens Stephens Ed. ASM Press, Washington DC, Chlamydia: Intracellular Biology, Pathogenesis, and Immunity ISBN: 1-55581-155-8 páginas: 380.

Las combinaciones más preferidas de los genes de *Chlamydia trachomatis* son los siguientes: Proteína de membrana externa principal MOMP (de una o varias variedades serológicas diferentes) y el Análogo de Proteína de Membrana Externa (también conocida como PorB), MOMP (de una o varias variedades serológicas diferentes) y la Proteína de Membrana Externa Putativa G (pmpG); y PorB y pmpG.

Aunque la inmunidad contra CT no se entiende completamente, hay evidencias de que los Ab juegan un papel en la protección. Los Ab contra CT en fluidos genitales se han asociado con inmunidad contra CT (Brunham RC, Infect Immun. 1983 Mar; 39(3): 1491-4). También se ha mostrado un papel protector de los anticuerpos séricos en la inmunidad contra infección genital clamidial (Rank RG, Infect Immun. 1989 Jan; 57(1): 299-301.). Los anticuerpos, por ejemplo anticuerpos específicos contra MOMP, han demostrado ser capaces de neutralizar una infección por CT *in vitro* e *in vivo* (Caldwell y col. 1982 Infect. Immun. 38: 745-54, Lucero y col, 1985, Infect. Immun. 50: 595-97, Zhang y col. 1987 J. Immunol. 138: 575-581). El antígeno de superficie MOMP de CT ha demostrado tener epítopes superficiales lineales que se dirigen a anticuerpos neutralizantes (Fan J, J. Infect Dis 1997, 176(3): 713-21).

Por tanto, un objetivo importante en el diseño de una vacuna contra chlamydia protectora incluye la identificación de una o más formulaciones de los antígenos CT capaces de optimizar la inducción de respuestas de anticuerpos específicos para chlamydia. La optimización de la respuesta de Ab incluye dirigirse a la mucosa genital, y/o presentación de antígenos de Chlamydia plegados apropiadamente, y/o una combinación de varias dianas de anticuerpo.

La dirección a la mucosa de la respuesta inmune contra antígenos de Chlamydia puede conseguirse por administración a la mucosa de la vacuna. La administración intranasal de una vacuna de vesícula de membrana externa puede inducir anticuerpos locales en la mucosa persistentes y anticuerpos séricos con fuerte actividad bactericida en seres humanos.

Para ciertos epítopes de células B, tales como epítopes no lineales, la presentación del antígeno al sistema inmune de un modo apropiadamente plegado es crítica. Una vacuna de ampolla preparada a partir de una cepa que expresa uno o más antígenos de Chlamydia ofrece a la OMP de chlamydia un entorno de membrana externa que puede ser crítico para mantener estos antígenos en una estructura apropiadamente plegada.

La combinación de varias dianas de anticuerpo puede crear una eficacia aumentada abordando la infección en diferentes etapas del ciclo de vida de las bacterias, tales como adhesión a la célula huésped, internalización por la célula huésped y/o interferencia con etapas adicionales del desarrollo intracelular.

La inducción y reclutamiento de células Th1 en las mucosas genitales locales son importantes para la inmunidad contra Chlamydia. Por tanto, un objetivo principal en el diseño de una vacuna anti-chlamydia protectora incluye la identificación de una o más formulaciones de uno o más antígenos CT capaces de optimizar la inducción de células Th1 específicas para chlamydia, y preferiblemente el reclutamiento de estas células en las mucosas genitales. Una vacuna de ampolla preparada a partir de una cepa que expresa uno o más antígenos de chlamydia puede inducir una respuesta CMI específica de chlamydia. Las respuestas de células T específicas de antígeno pueden inducirse en seres humanos después de inmunización intranasal con una vacuna de vesícula de membrana externa.

ES 2 284 840 T3

Una ventaja particular de una vacuna de ampolla de GC/CT es su capacidad de inducir respuestas tanto Ab como CMI.

La eficacia de la vacuna de ampolla de GC/CT puede evaluarse por su capacidad de provocar respuestas Ab y/o CMI específicas de Ag o Chlamydia. Las respuestas de Ab pueden evaluarse por técnicas clásicas tales como ELISA o transferencia de western. Preferiblemente, los anticuerpos inducidos pueden neutralizar la efectividad de Chlamydia en un ensayo *in vitro* (Byrne G. y col. (J Infect Dis. 1993 Aug; 168(2): 415-20). Preferiblemente, la respuesta CMI está desviada al fenotipo Th1. Una respuesta inmune desviada a Th1 puede evaluarse por proporciones IgG2a/IgG1 específicas de antígeno elevadas en ratones (Snapper y col. 1987, Science 236: 944-47). La proporción elevada de citoquinas Th1/Th2, por ejemplo la proporción de IFN-gamma/IL-5 elevada después de la estimulación *in vitro* de células T inmunes con el antígeno o antígenos también puede indicar dicha respuesta Th1 desviada.

La capacidad de la formulación de provocar Ab en la mucosa específicos de Ag es de particular interés, y puede demostrarse por detección de anticuerpos, tales como IgG o IgA en fluidos de la mucosa, tales como secreción del tracto genital, lavados vaginales. Para este fin, cierta vía de administración de la vacuna puede desearse particularmente tal como suministro intranasal, oral, intravaginal, intradérmico.

La eficacia de la vacuna de ampolla de CG/CT puede evaluarse por su capacidad de inducir protección contra una exposición a Chlamydia en uno o más modelos animales. Los ejemplos de dichos modelos animales se han descrito en la bibliografía: infección genital con MoPn en ratones (Barron y col. J. Infect. Dis. 1143: 63-66), infección genital con cepas humanas en ratones (Igietsme y col. 2000, Infect. Immun. 68: 6798-806, Tuffrey y col. 1992 J. Gen. Microbiol. 138: 1707-1715), Tuffrey), infección genital con la cepa GPIC en cobayas (Rank y col. 1992 Am. J. Pathol. 140: 927-936). La protección contra la infección puede evaluarse por reducción del desprendimiento de Chlamydia del sitio infectado y/o reducción de las reacciones histopatológicas después de una infección de exposición en animales inmunizados.

La ventaja de combinar dos o más antígenos de Chlamydia (como se ha descrito anteriormente) puede evaluarse por una o más de las siguientes técnicas:

→ Capacidad de provocar una respuesta protectora de Ab y/o células T multi-diana

→ Capacidad de provocar títulos de Ab en un ensayo de neutralización *in vitro*, y/o Ab neutralizante contra múltiples cepas (antigénicamente distintas)

→ Capacidad de provocar una respuesta inmune protectora contra Chlamydia en un modelo de ratón de infección genital como se evalúa por el desprendimiento reducido de bacterias y/o patología después de la exposición.

Ejemplo 3

Expresión de antígenos heterólogos (MOMP y PorB de Chlamydia trachomatis) en ampollas derivadas de una cepa de Neisseria meningitidis serogrupo B recombinante que carece de los genes porA y cps funcionales

Otros genes de interés para la sobre-expresión en *Neisseria* son los genes de *Chlamydia trachomatis* para los que no se han encontrado homólogos en *Chlamydia pneumoniae*. Entre estos, la proteína de membrana externa principal (MOMP) y el análogo de proteína de membrana externa (PorB) han demostrado jugar un papel protector contra infección genital por chlamydia. La optimización de la respuesta Ab podría conseguirse por presentación de proteínas apropiadamente plegadas.

Las vesículas de ampolla MenB pueden usarse como vectores de suministro para expresar antígenos de proteína de membrana heterólogos bajo el control del promotor *porA-lacO* modificado genéticamente descrito en el documento WO 01/09350. Expresado en el contexto de las ampollas, MOMP y PorB recombinantes de la variedad serológica D y K de *Chlamydia trachomatis* pueden plegarse correctamente en la membrana y exponerse en la superficie. Las cepas de *Neisseria meningitidis* que carecen de los genes *cps* funcionales se usan de forma ventajosa como cepas receptoras para expresar los antígenos heterólogos (documento WO 01/09350).

Amplificaciones por PCR de los genes que codifican MOMP (Chlamydia trachomatis)

Se lisaron células McCoy murinas (ATCC) infectadas con *Chlamydia trachomatis* variedad serológica K (UW31-CX-serK), o variedad serológica D (UW31-CX-serD) en 400 μ l de tampón de lisis: KCl 50 mM, Tris HCl 10 mM pH 8,3, MgCl₂ 2,5 mM, Nonidet P40 al 0,45%, Tween 20 al 0,45% que contenía 60 μ g/ml de proteinasa K, 3 horas a 56°C. Se usaron diez μ l del lisado como molde para amplificar los genes correspondientes. El gen que codifica MOMP (variedad serológica K) (SEC ID N° 1 a continuación) se amplificó por PCR usando los cebadores oligonucleotídicos CYK/OMP/5/NDE y CYKD/OMP/3BG (véase tabla 1). El gen que codifica MOMP (variedad serológica D) (SEC ID N° 2 a continuación) se amplificó por PCR usando los cebadores oligonucleotídicos CYD/OMP/5/NRU y CYKD/OMP/3BG (véase la tabla 1). Las condiciones usadas para la amplificación por PCR son las descritas por el proveedor (ADN polimerasa HiFi, Boehringer Mannheim, GmbH). El ciclo térmico fue el siguiente: 25 veces (94°C 1 min, 52°C 1 min, 72°C 3 min) y 1 vez (72°C 10 min, 4°C hasta la recuperación). Los amplicones correspondientes (1194 pb) se digirieron con las enzimas de restricción *NdeI/Bg/II* o *NruI/Bg/II* y pueden clonarse en

ES 2 284 840 T3

los sitios de restricción correspondientes del vector de suministro pCMK(+) (como se describe en el documento WO 01/09350).

Amplificaciones por PCR de los genes que codifican PorB (Chlamydia trachomatis)

Se lisaron células McCoy murinas (ATCC) infectadas con *Chlamydia trachomatis* variedad serológica K (UW31-CX-serK), o variedad serológica D (UW31-CX-serD), en 400 µl de tampón de lisis: KCl 50 mM, Tris HCl 10 mM pH 8,3, MgCl₂ 2,5 mM, Nonidet P40 al 0,45%, Tween 20 al 0,45% que contenía 60 µg/ml de proteinasa K, 3 horas a 56°C. Se usaron diez µl del lisado como molde para amplificar los genes correspondientes.

Las secuencias PorB están altamente conservadas entre las variedades serológicas D y K (SEC ID N° 3 a continuación). Se usaron los mismos cebadores para amplificar los genes correspondientes en ambas variedades serológicas: CYD/PORB/5/NRU y CYD/PORB/3/BG (véase la tabla 1). Las condiciones usadas para la amplificación por PCR fueron las descritas por el proveedor (ADN polimerasa HiFi, Boehringer Mannheim, GmbH). El ciclo térmico fue el siguiente: 25 veces (94°C 1 min, 52°C 1 min, 72°C 3 min) y 1 vez (72°C 10 min, 4°C hasta la recuperación). Los amplicones correspondientes (1035 pb) se digirieron con las enzimas de restricción *NruI/BglII* y pueden clonarse en los sitios de restricción correspondientes del vector de suministro pCMK(+) (como se describe en el documento WO 01/09350).

Transformación

Plásmidos pCMK recombinantes linealizados pueden transformarse en una cepa de *Neisseria meningitidis* serogrupo B que carezca de los genes *cps* funcionales (descrita en el documento WO 01/09350). La integración que produce un cruce doble entre los vectores pCMK y el locus *porA* cromosómico pueden seleccionarse por una combinación de PCR y exploración por Transferencia de Western como se describe en el documento WO 01/09350.

TABLA 1

Oligonucleótidos usados en este trabajo

| Oligonucleótidos | Secuencia | Marcas |
|------------------|--|--|
| CYK/OMP/5/NDE | 5'-GGG AAT CCA TAT GAA AAA ACT CTT GAA ATC GG-3' | Sitio de clonación <i>NdeI</i> |
| CYKD/OMP/3/BG | 5'-GGA AGA TCT TTA GAA GCG GAA TTG TGC AT-3' | Sitio de clonación <i>Bgl II</i> |
| CYD/OMP/5/NRU | 5'-CTG CAG AAT CGC GAA TGA AAA AAC TCT TGA AAT CGG-3' | Sitio de clonación <i>NruI</i> |
| CYD/POR/5/NRU | 5'-CTG CAG AAT CGC GAA TGA GTA GCA AGC TAG TGA AC-3' | Sitio de clonación <i>NruI</i> |
| CYD/POR/3/BG | 5'-AGG AGA TCT TTA GAA TTG GAA TTG GAA TCC TCC GG-3' | Sitio de clonación <i>Bgl II</i> |

ES 2 284 840 T3

SEC ID N° 1:

Secuencia de nucleótidos del ADN que codifica la proteína MOMP de la variedad serológica K de *Chlamydia trachomatis*

5
10
15
20
25
30

atgaaaaactcttgaaatcggatattgatttggcgccttgagttctgcttcctcttgcagctctgcttggtgggaa
tcctgctgaaccaagccttatgatcagcgaattctgtgggaagggttcggcggagatccttgcgatccttgaccactt
gggtgacgctatcagcatgcgcgttggtactacggagactttgtttcaccgtgttttgaaaactgatgtgaataaa
gaattcagatgggagcggcgcctactaccagcggatgtagaaggccttacaacgatccaacaacaaatgttgcctgccc

aaatcccgcctatggcaaacacatgcaagatgctgaaatgtttacgaacgctgcttacatggcattanaatatcgggac
gtttgatgtatttgtacattgggagcaactaccgggtatttaagaggaaactccgcttcctcaacttagttggatta
ttcggaacaaaaacacaatattctaagtttaatacagcgaactgttccaaactgcttggatcagctgtggttga
gcttatacagacaccaccttgcctggagcgtaggctcctgagcctctgggaaatgtgggtgtcaacgtaggag
cttcttccaatgatcgaactaaacctaaagtagaaggttaaatgttcttgaatgcatccgaattactaataat
aagccgaaaggatattgtggggtggaattccacttgatattaccgaggaacagaagctgcgacaggactaaggatgc
ctctattgactaccaatgagtggaagcaagtttagcccttcttacagaltaaatattgtcactccttacattggagta
aatggtctagagtaagtttgcacacgatccgtatcgtcagcctaaattggctgaagcaatcttggatgact
actctaaaccggaccatcgtggtaaggagctgtggtctctccggaagcgataacgaactgctgatacaatgcaaat
cgttccttgcagtgaaacaagctgaaatctgaaaacttgcggatgtcagtaggaacgactattgtagatgcagata
aatacgcagttacagttgagactcgttgatc gatgagagagcagctcacgtaaatgcacaattccgcttctaa

SEC ID N° 2:

Secuencia de nucleótidos del ADN que codifica la proteína MOMP de la variedad serológica D de *Chlamydia trachomatis*

35
40
45
50
55
60
65

atgaaaaactcttgaaatcggatattgatttggcgccttgagttctgcttcctcttgcagctctgcttggtgggaa
tcctgctgaaccaagccttatgaicgacggaattctgtgggaagggttcggcggagatccttgcgatccttgcgccactt
gggtgacgctatcagc atgcgtgttggtactacggagactttgtttcaccgtgttttgaaaactgatgtgaataaa
gaattcagatgggtccaagcctacaactgatacaggcaatagtcagcctccatccactcttacagcaagagagaatcc
tgcttacggccgacafatgcaggatgctgagatgtttacaaaatgccgcttgcattgcaatatttgggactgtttg
atgtattcgtacattaggagccaccagtgatcttaaggaaactctgcttcttcaatttagttggattgtttgga
gataatgaaaatcaaaaaacgggtcaaaagcggagctgtaccaaaatagagctttgatcaatctgtttgtgattgtatac
agatactacttttgcgtggagcgtcggcgtcgcgcagcttgtgggaatgtggatgtgcaactttaggagcttcatcc
aatatgctcaatctaaacctaaagtagaagaataaacgttctcgaatgcagcagagttactattaataaacctaaa
gggtatgtaggtaaggagtttctcttgaicttacagcaggaacagatgctgcgacaggaactaaggatgcctctattga
ttaccatgaatggcaagcaagtttagctcctcttacagactgaatatgttactccctacattggagttaaatggctc
gagcaagccttgaigccgatacattctgatatgccagccaaaatcagctacagctattttgatactaccacgctaac
ccaactattgctggagctggcgtatgtgaaaactggcgcagagggctcagctcggagacacaatgcaaatcgttcttgc
attgaacaagatgaaatctgaaaacttgcggatgtcagtaggaacaactattgtggatgcagacaaatagcagtta
cagttgagactcgttgatc gatgagagagcagctcacgtaaatgcacaattccgcttctaa

ES 2 284 840 T3

SEC ID N° 3:

Secuencia de nucleótidos del ADN que codifica la proteína PorB de la variedad serológica D de *Chlamydia trachomatis*

5

```
atgagtagcaagctagtagaactatctccgtttgacttctctatcttttttagggatcgcactacttcattagacgctat
gcctgcggggaatccggcgttccagtcacccgggattaatattgaacagaaaaatgcctgttcttfcgattatgta
attcttatgatgtactatccgcactgtccgtaacctgaagctctgcttctcggagattatcttttcagaagaagct
caggtaaaagatgiccctgtcgttacctcigtgacaacagctgggggttgctccttctctgatattacttcgacaaccaa
aacgcgaaattcgcactcgtgaactgtaatctcaatacaaaactgtgtagctgtagcttttcccttctctgatcgttcgc
tgagcgcgattcctctgtttgatgtgagttcgaagtgaagtagggaggactgaacaatactaccgccttccatgaat
gcctatcgagacttcaccctcgaacctctcaattctgaatcagaagttacggacgggatgattgaaglacagtccaatta
cggatttggtgggatgttagctgaaaaaagtcatatgaaagatggcgttctttagggcgtcgggtcagactatc
gccatgcttcttgcctattgactacatcattgcaaacagtaagctaataccagaagtattcatcgctgactcggatggg
aaactgaactcaaggagtggagtgtctgcgtaggtcttactacctatgtgaatgaclacgttcttcttacttagcgtt
ttctatagggagtgttctcgcgaagctccggacgacagcttcaaaaaaftagaagatcgcttactaaccctcaaatfta
aagttcgtaaaattaccagctctcctcgtgaaacatctgcacggagcgacaaaactatgtcggcgataacttcttctac
```

10

15

20

25

aacgtagaaggaagatggggaagccagcgcgtgtgaacgtctccggaggattccaattctaa

30 Ejemplo 4

Aislamiento y purificación de ampollas de meningococos desprovistas de polisacárido capsular

Las ampollas recombinantes pueden purificarse como se describe a continuación. Se suspende la pasta celular (42 g) en 211 ml de tampón Tris-Cl 0,1 M pH 8,6 que contiene EDTA 10 mM y Desoxicolato Sódico al 0,5% (DOC). La proporción de tampón a biomasa debe ser 5/1 (V/P). La biomasa se extrae por agitación magnética durante 30 minutos a temperatura ambiente. El extracto total después se centrifuga a 20.000 g durante 30 minutos a 4°C (13.000 rpm en un rotor JA-20, centrifuga Beckman J2-HS). Debe desecharse el sedimento. El sobrenadante se ultracentrifuga a 125.000 g durante 2 horas a 4°C (40.000 rpm en un rotor 50.2Ti, ultracentrifuga Beckman L8-70M) para concentrar las vesículas. Debe desecharse el sobrenadante. El sedimento se suspende suavemente en 25 ml de tampón Tris-Cl 50 mM pH 8,6 que contiene EDTA 2 mM, DOC al 1,2% y sacarosa al 20%.

40

Después de una segunda etapa de ultracentrifugación a 125.000 g durante 2 horas a 4°C, se suspenden suavemente las vesículas en 44 ml de sacarosa al 3% y se almacenan a 4°C. Todas las soluciones usadas para la extracción de ampollas y purificación contenían tiomersalato al 0,01%. Como se ilustra en el documento WO 01/019350, este procedimiento produce preparaciones proteicas altamente enriquecidas en proteínas de membrana externa.

45

Ejemplo 5

50 *Modelos para ensayar la protección contra infección por gonococos y C. trachomatis*

Esto puede hacerse como se ha descrito anteriormente en el Ejemplo 2. Además Whittum-Hudson y col. (Vaccine 16 de julio de 2001; 19 (28-29): 4061-71) "The anti-idiotypic antibody to chlamydial glycolipid exoantigen (GLXA) protects mice against genital infection with a human biovar of *Chlamydia trachomatis*" es un modelo de inoculación vaginal para *C. trachomatis* que también puede usarse para ensayar la eficacia de la vacuna.

55

60

65

REIVINDICACIONES

- 5 1. Una ampolla bacteriana Gram-negativa no derivada de *Chlamydia*, que presenta en su superficie la proteína de membrana externa PorB de *Chlamydia trachomatis*, en la que la combinación del antígeno de *Chlamydia* con los antígenos de ampolla bacteriana Gram-negativa nativa interacciona en la prevención o tratamiento de la salpingitis cuando están presentes en una formulación de vacuna.
- 10 2. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 1 que presenta adicionalmente en su superficie las proteínas de membrana externa PmpG de *Chlamydia trachomatis*.
3. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 1 que presenta adicionalmente en su superficie MOMP de una o más variedades serológicas de *Chlamydia trachomatis*.
- 15 4. Una ampolla Gram-negativa no derivada de *Chlamydia*, que presenta en su superficie las proteínas de membrana externa tanto PmpG como MOMP (de una o más variedades serológicas) de *Chlamydia trachomatis*, en la que la combinación de los antígenos de *Chlamydia* con los antígenos de la ampolla bacteriana Gram-negativa nativa interacciona en la prevención o tratamiento de salpingitis cuando están presentes en la formulación de vacuna.
- 20 5. La ampolla de las reivindicaciones 1-4 que son ampollas de gonococos.
6. La ampolla de la reivindicación 5 que se ha obtenido de una cepa de gonococos que se ha modificado para regular positivamente uno o más antígenos de membrana externa de gonococos protectores.
- 25 7. La ampolla de las reivindicaciones 5 y 6 derivadas de una cepa de gonococos que se ha modificado para regular negativamente uno o más antígenos de membrana externa de gonococos variables o no protectores inmunodominantes.
8. La ampolla de la reivindicaciones 5-7 derivada de una cepa que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha modificado genéticamente para reducir o apagar la expresión de uno o más genes seleccionados entre el grupo constituido por: htrB, msbB y IpxK.
- 30 9. La ampolla de las reivindicaciones 5-8 en la que la preparación de ampolla se obtiene de una cepa que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha modificado genéticamente para expresar a un nivel mayor uno o más genes seleccionados entre el grupo constituido por: pmrA, pmrB, pmrE y pmrF.
- 35 10. Una composición de vacuna que comprende la ampolla de las reivindicaciones 1-9, y un excipiente o vehículo farmacéuticamente adecuado.
11. La vacuna de la reivindicación 10, que comprende adicionalmente un adyuvante de mucosa.
- 40 12. Uso de las ampollas de las reivindicaciones 1-9 en la fabricación de una vacuna para prevenir la infección por *Chlamydia trachomatis* en un huésped que comprende las etapas de administrar una cantidad eficaz de la vacuna de la reivindicación 10 u 11 a un huésped que lo necesita.
- 45 13. El uso de la reivindicación 12 en el que la vacuna se administra a la mucosa por vía intranasal, oral, o intravaginal.
14. Una ampolla Gram-negativa producida a partir de *Neisseria meningitidis*, *Moraxella catarrhalis* o *Haemophilus influenzae* que presentan en su superficie un antígeno protector procedente de *Chlamydia pneumoniae*.
- 50 15. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 14 que presenta en su superficie la proteína de membrana externa PorB de *Chlamydia pneumoniae*.
- 55 16. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 15 que presenta adicionalmente en su superficie la proteína de membrana externa MOMP de *Chlamydia pneumoniae*.
17. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 15 que presenta adicionalmente en su superficie una o más proteínas de membrana externa Pmp de *Chlamydia pneumoniae*.
- 60 18. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 15 que presenta adicionalmente en su superficie la proteína Npt1 de *Chlamydia pneumoniae*.
19. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 14 que presenta en su superficie una o más proteínas Pmp de *Chlamydia pneumoniae*.
- 65 20. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 19 que presenta adicionalmente en su superficie la proteína Npt1 de *Chlamydia pneumoniae*.

ES 2 284 840 T3

21. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 19 que presenta adicionalmente en su superficie la proteína MOMP de *Chlamydia pneumoniae*.

5 22. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 14 que presenta en su superficie la proteína MOMP de *Chlamydia pneumoniae*.

23. La ampolla Gram-negativa de la reivindicación 22 que presenta adicionalmente su superficie la proteína NptI de *Chlamydia pneumoniae*.

10 24. La ampolla de las reivindicaciones 14-23 que son ampollas de meningococos.

25. La ampolla de la reivindicación 24 derivada de una cepa de meningococos que se ha modificado para regular positivamente uno o más antígenos de membrana externa de meningococos protectores.

15 26. La ampolla de las reivindicaciones 24 o 25 derivada de una cepa de meningococos que se ha modificado para regular negativamente uno o más antígenos de membrana externa de meningococos variables o no protectores inmunodominantes.

20 27. La ampolla de las reivindicaciones 24-26 derivada de una cepa que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha modificado genéticamente para reducir o apagar la expresión de uno o más genes seleccionados entre el grupo constituido por: htrB, msbB e IpxK.

25 28. La ampolla de las reivindicaciones 24-27 en la que la preparación de ampolla se obtiene de una cepa que tiene una parte destoxificada de lípido A de LPS bacteriano, debido a que la cepa se ha modificado genéticamente para expresar a un nivel mayor uno o más genes seleccionados entre el grupo constituido por: pmrA, pmrB, pmrE y pmrF.

29. Una composición de vacuna que comprende la ampolla de las reivindicaciones 14-28 y un excipiente o vehículo farmacéuticamente aceptable.

30 30. La vacuna de la reivindicación 29, que comprende adicionalmente un adyuvante de mucosa.

35 31. Uso de las ampollas de las reivindicaciones 14-28 en la fabricación de una vacuna para prevenir infección por *Chlamydia pneumoniae* en un huésped que comprende las etapas de administrar una cantidad eficaz de la vacuna de la reivindicación 29 ó 30 a un huésped que lo necesite.

32. El uso de la reivindicación 31 en el que la vacuna se administra a la mucosa por vía intranasal u oral.

40

45

50

55

60

65

ES 2 284 840 T3

LISTA DE SECUENCIAS

- <110> SmithKline Beecham Biologicals s.a.
- 5 <120> Composición de Vacuna
- <130> B45261
- 10 <160> 108
- <170> FastSEQ para Windows Versión 4.0
- 15 <210> 1
<211> 1023
<212> ADN
<213> *Chlamydia trachomatis*
- 20 <400> 1
- ```

25 atgagtagca agctagtgaa ctatctccgt ttgactttcc tatctttttt agggatcgca 60
 tctacttcat tagacgctat gcctgcgggg aatccggcgt ttccagtcac cccggggatt 120
 aatattgaac agaaaaatgc ctgttctttc gatttatgta attcttatga tgtactatcc 180
 gcactgtccg gtaacctgaa gctctgcttc tgcggagatt atatcttttc agaagaagct 240
30 caggtaaaag atgtccctgt cgttacctct gtgacaacag ctggggttgg tccttctcct 300
 gatattactt cgacaaccaa aacgcgaaat ttcgatctcg tgaactgtaa tctcaataca 360
 aactgtgtag ctgtagcttt ttcccttccct gatcgttcgc tgagcgcgat tcctctgttt 420
 gatgtgagtt tcgaagtgaa agtaggagga ctgaaacaat actaccgect tcccatgaat 480
35 gcctatcgag acttcacctc ggaacctctc aattctgaat cagaagttac ggacgggatg 540
 attgaagtac agtccaatta cggatttggt tgggatgtta gcttgaaaaa agtcatatgg 600
 aaagatggcg tttcctttgt aggcgtcggt gcagactatc gccatgcttc ttgccctatt 660
40 gactacatca ttgcaaacag tcaagctaata ccagaagtat tcatcgctga ctcggatggg 720
 aaactgaact tcaaggagtg gagtgtctgc gtaggtctta ctacctatgt gaatgactac 780
 gttcttccctt acttagcggt ttctataggg agtgtttctc gccaaagctcc ggacgacagc 840
45 ttcaaaaaat tagaagatcg cttcactaac ctcaaattta aagttcgtaa aattaccagc 900
 tctcatcgtg gaaacatctg catcggagcg acaactatg tcgccgataa cttcttctac 960
 aacgtagaag gaagatgggg aagccagcgc gctgtgaacg tctccggagg attccaattc 1020
50 taa 1023
```
- <210> 2  
<211> 340  
<212> PRT  
<213> *Chlamydia trachomatis*
- 60
- 65

ES 2 284 840 T3

<400> 2

Met Ser Ser Lys Leu Val Asn Tyr Leu Arg Leu Thr Phe Leu Ser Phe  
 1 5 10 15  
 5 Leu Gly Ile Ala Ser Thr Ser Leu Asp Ala Met Pro Ala Gly Asn Pro  
 20 25 30  
 Ala Phe Pro Val Ile Pro Gly Ile Asn Ile Glu Gln Lys Asn Ala Cys  
 10 35 40 45  
 Ser Phe Asp Leu Cys Asn Ser Tyr Asp Val Leu Ser Ala Leu Ser Gly  
 50 55 60  
 15 Asn Leu Lys Leu Cys Phe Cys Gly Asp Tyr Ile Phe Ser Glu Glu Ala  
 65 70 75 80  
 Gln Val Lys Asp Val Pro Val Val Thr Ser Val Thr Thr Ala Gly Val  
 85 90 95  
 20 Gly Pro Ser Pro Asp Ile Thr Ser Thr Thr Lys Thr Arg Asn Phe Asp  
 100 105 110  
 Leu Val Asn Cys Asn Leu Asn Thr Asn Cys Val Ala Val Ala Phe Ser  
 115 120 125  
 25 Leu Pro Asp Arg Ser Leu Ser Ala Ile Pro Leu Phe Asp Val Ser Phe  
 130 135 140  
 Glu Val Lys Val Gly Gly Leu Lys Gln Tyr Tyr Arg Leu Pro Met Asn  
 145 150 155 160  
 Ala Tyr Arg Asp Phe Thr Ser Glu Pro Leu Asn Ser Glu Ser Glu Val  
 165 170 175  
 35 Thr Asp Gly Met Ile Glu Val Gln Ser Asn Tyr Gly Phe Val Trp Asp  
 180 185 190  
 Val Ser Leu Lys Lys Val Ile Trp Lys Asp Gly Val Ser Phe Val Gly  
 195 200 205  
 40 Val Gly Ala Asp Tyr Arg His Ala Ser Cys Pro Ile Asp Tyr Ile Ile  
 210 215 220  
 Ala Asn Ser Gln Ala Asn Pro Glu Val Phe Ile Ala Asp Ser Asp Gly  
 225 230 235 240  
 Lys Leu Asn Phe Lys Glu Trp Ser Val Cys Val Gly Leu Thr Thr Tyr  
 245 250 255  
 50 Val Asn Asp Tyr Val Leu Pro Tyr Leu Ala Phe Ser Ile Gly Ser Val  
 260 265 270  
 Ser Arg Gln Ala Pro Asp Asp Ser Phe Lys Lys Leu Glu Asp Arg Phe  
 275 280 285  
 55 Thr Asn Leu Lys Phe Lys Val Arg Lys Ile Thr Ser Ser His Arg Gly  
 290 295 300  
 Asn Ile Cys Ile Gly Ala Thr Asn Tyr Val Ala Asp Asn Phe Phe Tyr  
 305 310 315 320  
 Asn Val Glu Gly Arg Trp Gly Ser Gln Arg Ala Val Asn Val Ser Gly  
 325 330 335  
 65 Gly Phe Gln Phe  
 340

ES 2 284 840 T3

<210> 3

<211> 601

<212> PRT

5 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 3

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

50

55

60

65

ES 2 284 840 T3

Lys Ile Arg Arg Pro Phe Gly Thr Thr Arg Glu Val Arg Val Lys Trp  
 195 200 205  
 5 Arg Tyr Val Pro Glu Gly Val Gly Asp Leu Ala Thr Ile Ala Pro Ser  
 210 215 220  
 Ile Arg Ala Pro Gln Leu Gln Lys Ser Met Arg Ser Phe Phe Pro Lys  
 225 230 235 240  
 10 Lys Asp Asp Ala Phe His Arg Ser Ser Ser Leu Phe Tyr Ser Pro Met  
 245 250 255  
 Val Pro His Phe Trp Ala Glu Leu Arg Asn His Tyr Ala Thr Ser Gly  
 15 260 265 270  
 Leu Lys Ser Gly Tyr Asn Ile Gly Ser Thr Asp Gly Phe Leu Pro Val  
 275 280 285  
 20 Ile Gly Pro Val Ile Trp Glu Ser Glu Gly Leu Phe Arg Ala Tyr Ile  
 290 295 300  
 Ser Ser Val Thr Asp Gly Asp Gly Lys Ser His Lys Val Gly Phe Leu  
 25 305 310 315 320  
 Arg Ile Pro Thr Tyr Ser Trp Gln Asp Met Glu Asp Phe Asp Pro Ser  
 325 330 335  
 30 Gly Pro Pro Pro Trp Glu Glu Phe Ala Lys Ile Ile Gln Val Phe Ser  
 340 345 350  
 Ser Asn Thr Glu Ala Leu Ile Ile Asp Gln Thr Asn Asn Pro Gly Gly  
 355 360 365  
 35 Ser Val Leu Tyr Leu Tyr Ala Leu Leu Ser Met Leu Thr Asp Arg Pro  
 370 375 380  
 Leu Glu Leu Pro Lys His Arg Met Ile Leu Thr Gln Asp Glu Val Val  
 385 390 395 400  
 40 Asp Ala Leu Asp Trp Leu Thr Leu Leu Glu Asn Val Asp Thr Asn Val  
 405 410 415  
 45 Glu Ser Arg Leu Ala Leu Gly Asp Asn Met Glu Gly Tyr Thr Val Asp  
 420 425 430  
 Leu Gln Val Ala Glu Tyr Leu Lys Ser Phe Gly Arg Gln Val Leu Asn  
 435 440 445  
 50 Cys Trp Ser Lys Gly Asp Ile Glu Leu Ser Thr Pro Ile Pro Leu Phe  
 450 455 460  
 Gly Phe Glu Lys Ile His Pro His Pro Arg Val Gln Tyr Ser Lys Pro  
 465 470 475 480  
 55 Ile Cys Val Leu Ile Asn Glu Gln Asp Phe Ser Cys Ala Asp Phe Phe  
 485 490 495  
 60 Pro Val Val Leu Lys Asp Asn Asp Arg Ala Leu Ile Val Gly Thr Arg  
 500 505 510  
 Thr Ala Gly Ala Gly Gly Phe Val Phe Asn Val Gln Phe Pro Asn Arg  
 515 520 525  
 65

# ES 2 284 840 T3

|    |                                                                 |     |     |     |
|----|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
|    | Thr Gly Ile Lys Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu |     |     |     |
|    | 530                                                             | 535 | 540 |     |
| 5  | His Gly Ala Phe Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu |     |     |     |
|    | 545                                                             | 550 | 555 | 560 |
|    | Pro Phe Thr Ala Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu |     |     |     |
| 10 |                                                                 | 565 | 570 | 575 |
|    | Asp Lys Val Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr |     |     |     |
|    | 580                                                             | 585 | 590 |     |
|    | Ile Ile Leu Ala Glu Asp Gly Ser Phe                             |     |     |     |
| 15 | 595                                                             | 600 |     |     |

<210> 4

<211> 1806

20 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 4

|    |                                                                         |
|----|-------------------------------------------------------------------------|
| 25 | atgaaaatga ataggatttg gctattactg cttacctttt cttctgccat acattctcct 60    |
|    | gtacaaggag aaagcttggt ttgcaagaat gctcttcaag atttgagttt tttagagcat 120   |
|    | ttattacagg ttaaataatgc tcctaaaaca tggaaagagc aatacttagg atgggatcct 180  |
| 30 | gttcaaagct ccgtttctgc acagcagaag cttcgtacac aagaaaatcc atcaacaagt 240   |
|    | ttttgccagc aggtccttgc tgattttatc ggaggattaa atgactttca cgctggagta 300   |
|    | actttctttg cgatagaaaag tgcttacctt ccttataaccg tacaanaaag tagtgacggc 360 |
| 35 | cgtttctact ttgtagatat catgactttt tcttcagaga tccgtggttg agatgagttg 420   |
|    | ctagaggtgg atggggcgcc tgtccaagat gtactcgcta ctctatatgg aagcaatcac 480   |
|    | aaagggactg cagctgaaga gtcggctgct ttaagaacac tattttctcg catggcctct 540   |
|    | ttagggcaca aagtaccttc tgggcgcact actttaaaga ttcgtcgtcc ttttggtact 600   |
| 40 | acgagagaag ttcgtgtgaa atggcgttat gttcctgaag gtgtaggaga tttggctacc 660   |
|    | atagctcctt ctatcagggc tccacagtta cagaaatcga tgagaagctt tttccctaag 720   |
|    | aaagatgatg cgtttcatcg gtctagttcg ctattctact ctccaatggg tccgcatttt 780   |
| 45 | tgggcagagc ttcgcaatca ttatgcaacg agtggtttga aaagcgggta caatattggg 840   |
|    | agtaccgatg ggtttctccc tgcattggg cctgttataat gggagtcgga gggctctttc 900   |
|    | cgcgcttata tttcttcggt gactgatggg gatggtaaga gccataaagt aggatttcta 960   |
|    | agaattccta catatagttg gcaggacatg gaagattttg atccttcagg accgcctcct 1020  |
| 50 | tgggaagaat ttgctaagat tattcaagta ttttcttcta atacagaagc tttgattatc 1080  |
|    | gaccaaacga acaaccagg tggtagtgtc ctttatcttt atgcaactgt tccatggtg 1140    |
|    | acagaccgtc ctttagaact tcctaaacat agaattgattc tgactcagga tgaagtgggt 1200 |
| 55 | gatgctttag attggttaac cctggttgaa aacgtagaca caaacgtgga gtctcgctt 1260   |
|    | gctctgggag acaacatgga aggatatact gtggatctac aggttgccga gtatttaaaa 1320  |
|    | agctttggac gtcaagtatt gaattggttg agtaaagggg atatcgagtt atcaacgcct 1380  |
| 60 | attcctcttt ttggttttga gaagattcat ccacatcctc gagttcaata ctctaaaccg 1440  |

65

ES 2 284 840 T3

atttgtgttt tgatcaatga gcaagacttt tcttgtgctg acttcttccc thtagttttg 1500  
 aaagacaatg atcgagctct tattgttggg actcgaacag ctggagctgg aggatttgtc 1560  
 5 tttaatgtgc agttccc aaa tagaactgga ataaaaactt gttctttaac aggatcatta 1620  
 gctgttagag agcatggtgc cttcattgag aacatcggag tcgaaccgca tatcgatctg 1680  
 ccttttacag cgaatgatat tcgctataaa ggctattccg agtatcttga taagggtcaaa 1740  
 10 aaattggttt gtcagctgat caataacgac ggtaccatta ttcttgcgga agatggtagt 1800  
 ttttaa 1806

<210> 5

15 <211> 432

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

20 <400> 5

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

65

# ES 2 284 840 T3

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

<210> 6

<211> 1299

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 6

```

atgaaaaaat acttttataa agggtttgta ggcgcgcttt tattagcttg tgggtctaca 60
aacttgctt ttgcgcaggc tagttcgatg gatagccagc tatggtctgt tgaagattta 120
gattcttatt tgagttccaa aggttttgtc gagactcgta agcgcgatgg agttctacgt 180
ttagctggag atgtccgcgc tcgatggatt tatgcaaaag aggatcttga gacaactcag 240
actcctgcta aacctatgtt acctaccaat cggtatcgta gtgaattcaa tttgtatgtg 300
gattacaccg ctgctaatag ttggatgact tcgaaaatga attgggtaac gattgctggc 360
ggagaatctt ctgcagcagg gttagatatt aatcgtgcct tcttaggata ccgattctac 420

```

ES 2 284 840 T3

5 aaaaaccag aaacgcaagc agaagtattt gcagagattg gtcgctctgg attgggagat 480  
 atttttgatt ccgacgttca gtttaatagt aatttcgacg gaattcattt atacgctgcg 540  
 cgacgtatta gtgagaaact tcctttcacc atgattgttc atgggtggcc ttttgcctgtg 600  
 aatatggcag agaaaagagta tgcttgggtc gtggaagcta ttttgaataa actcccagga 660  
 aatttcgttg tgaaaacgag tgttgttgac tggaatacgt taacagcaaa aacgaatgat 720  
 10 ccagcagacg caagcgctgc acaaccagct aaacctaata ccaagtacga ttatttagta 780  
 tggcaatggt tggttgggaa gagcacagct atgccatggt ttaatggaca aacaaaaaat 840  
 ctttacactt acggagccta tctctttaat ccattagcgg aaataccaga gaactggaaa 900  
 caatcaacaa ctcctacaac caaaattaca aatggtaagg aaaaccatgc ttggttcatc 960  
 15 ggctgctctc taggcggtgt tcgacgagct ggagactggt ctgcaacagt tcgttatgag 1020  
 tatgttgaag ctttagcgat tccagaaatt gatgtcgcgg gtattggtcg cggaaaccaa 1080  
 atgaaatatt ggtttgctca agctatcaaa caaggattgg atcctaaaga atctaacggc 1140  
 20 ttactaact ataaaaggagt ttcctatcag tttgttatgg gtctgacaga ttcggtttct 1200  
 ttccgagctt atgctgctta ttctaagcct gctaacgata accttggtag cgacttcacc 1260  
 tatcgtaagt atgacctag ttttaatttct tcattctaa 1299

25 <210> 7

<211> 878

<212> PRT

30 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 7

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

65

ES 2 284 840 T3

145                            150                            155                            160  
 Tyr Leu Phe Thr Ala Phe Glu Glu Asn Ser Ser Lys Gly Asn Gly Gly  
 5                            165                            170                            175  
 Ala Ile Gln Ala Gln Thr Phe Ser Leu Ser Arg Asn Val Ser Pro Ile  
 10                            180                            185                            190  
 Ser Phe Ala Arg Asn Arg Ala Asp Leu Asn Gly Gly Ala Ile Cys Cys  
 15                            195                            200                            205  
 Ser Asn Leu Ile Cys Ser Gly Asn Val Asn Pro Leu Phe Phe Thr Gly  
 20                            210                            215                            220  
 Asn Ser Ala Thr Asn Gly Gly Ala Ile Cys Cys Ile Ser Asp Leu Asn  
 25                            225                            230                            235                            240  
 Thr Ser Glu Lys Gly Ser Leu Ser Leu Ala Cys Asn Gln Glu Thr Leu  
 30                            245                            250                            255  
 Phe Ala Ser Asn Ser Ala Lys Glu Lys Gly Gly Ala Ile Tyr Ala Lys  
 35                            260                            265                            270  
 His Met Val Leu Arg Tyr Asn Gly Pro Val Ser Phe Ile Asn Asn Ser  
 40                            275                            280                            285  
 Ala Lys Ile Gly Gly Ala Ile Ala Ile Gln Ser Gly Gly Ser Leu Ser  
 45                            290                            295                            300  
 Ile Leu Ala Gly Glu Gly Ser Val Leu Phe Gln Asn Asn Ser Gln Arg  
 50                            305                            310                            315                            320  
 Thr Ser Asp Gln Gly Leu Val Arg Asn Ala Ile Tyr Leu Glu Lys Asp  
 55                            325                            330                            335  
 Ala Ile Leu Ser Ser Leu Glu Ala Arg Asn Gly Asp Ile Leu Phe Phe  
 60                            340                            345                            350  
 Asp Pro Ile Val Gln Glu Ser Ser Ser Lys Glu Ser Pro Leu Pro Ser  
 65                            355                            360                            365  
 Ser Leu Gln Ala Ser Val Thr Ser Pro Thr Pro Ala Thr Ala Ser Pro  
 70                            370                            375                            380  
 Leu Val Ile Gln Thr Ser Ala Asn Arg Ser Val Ile Phe Ser Ser Glu  
 75                            385                            390                            395                            400  
 Arg Leu Ser Glu Glu Glu Lys Thr Pro Asp Asn Leu Thr Ser Gln Leu  
 80                            405                            410                            415  
 Gln Gln Pro Ile Glu Leu Lys Ser Gly Arg Leu Val Leu Lys Asp Arg  
 85                            420                            425                            430  
 Ala Val Leu Ser Ala Pro Ser Leu Ser Gln Asp Pro Gln Ala Leu Leu  
 90                            435                            440                            445  
 Ile Met Glu Ala Gly Thr Ser Leu Lys Thr Ser Ser Asp Leu Lys Leu  
 95                            450                            455                            460  
 Ala Thr Leu Ser Ile Pro Leu His Ser Leu Asp Thr Glu Lys Ser Val  
 100                            465                            470                            475                            480  
 Thr Ile His Ala Pro Asn Leu Ser Ile Gln Lys Ile Phe Leu Ser Asn

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|
|    |     |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |  |  |
|    | Ser | Gly | Asp | Glu | Asn | Phe | Tyr | Glu | Asn | Val | Glu | Leu | Leu | Ser | Lys | Glu |  |  |
|    |     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |  |  |
| 5  | Gln | Asn | Asn | Ile | Pro | Leu | Leu | Thr | Leu | Ser | Lys | Glu | Gln | Ser | His | Leu |  |  |
|    |     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |  |  |
|    | His | Leu | Pro | Asp | Gly | Asn | Leu | Ser | Ser | His | Phe | Gly | Tyr | Gln | Gly | Asp |  |  |
| 10 |     | 530 |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |  |  |
|    | Trp | Thr | Phe | Ser | Trp | Lys | Asp | Ser | Asp | Glu | Gly | His | Ser | Leu | Ile | Ala |  |  |
|    | 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |  |  |
| 15 | Asn | Trp | Thr | Pro | Lys | Asn | Tyr | Val | Pro | His | Pro | Glu | Arg | Gln | Ser | Thr |  |  |
|    |     |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     | 575 |     |  |  |
|    | Leu | Val | Ala | Asn | Thr | Leu | Trp | Asn | Thr | Tyr | Ser | Asp | Met | Gln | Ala | Val |  |  |
| 20 |     |     |     | 580 |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |  |  |
|    | Gln | Ser | Met | Ile | Asn | Thr | Ile | Ala | His | Gly | Gly | Ala | Tyr | Leu | Phe | Gly |  |  |
|    |     |     | 595 |     |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |  |  |
|    | Thr | Trp | Gly | Ser | Ala | Val | Ser | Asn | Leu | Phe | Tyr | Ala | His | Asp | Ser | Ser |  |  |
| 25 |     | 610 |     |     |     |     | 615 |     |     |     |     | 620 |     |     |     |     |  |  |
|    | Gly | Lys | Pro | Ile | Asp | Asn | Trp | His | His | Arg | Ser | Leu | Gly | Tyr | Leu | Phe |  |  |
|    | 625 |     |     |     |     | 630 |     |     |     |     | 635 |     |     |     |     | 640 |  |  |
| 30 | Gly | Ile | Ser | Thr | His | Ser | Leu | Asp | Asp | His | Ser | Phe | Cys | Leu | Ala | Ala |  |  |
|    |     |     |     |     | 645 |     |     |     |     | 650 |     |     |     |     | 655 |     |  |  |
|    | Gly | Gln | Leu | Leu | Gly | Lys | Ser | Ser | Asp | Ser | Phe | Ile | Thr | Ser | Thr | Glu |  |  |
| 35 |     |     |     |     | 660 |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |     |  |  |
|    | Thr | Thr | Ser | Tyr | Ile | Ala | Thr | Val | Gln | Ala | Gln | Leu | Ala | Thr | Pro | Leu |  |  |
|    |     |     |     |     |     |     |     |     | 680 |     |     |     |     | 685 |     |     |  |  |
| 40 | Met | Lys | Ile | Ser | Ala | Gln | Ala | Cys | Tyr | Asn | Glu | Ser | Ile | His | Glu | Leu |  |  |
|    |     | 690 |     |     |     |     |     | 695 |     |     |     |     | 700 |     |     |     |  |  |
|    | Lys | Thr | Lys | Tyr | Arg | Ser | Phe | Ser | Lys | Glu | Gly | Phe | Gly | Ser | Trp | His |  |  |
|    | 705 |     |     |     |     | 710 |     |     |     |     |     | 715 |     |     |     | 720 |  |  |
| 45 | Ser | Val | Ala | Val | Ser | Gly | Glu | Val | Cys | Ala | Ser | Ile | Pro | Ile | Val | Ser |  |  |
|    |     |     |     |     |     | 725 |     |     |     |     |     | 730 |     |     | 735 |     |  |  |
|    | Asn | Gly | Ser | Gly | Leu | Phe | Ser | Ser | Phe | Ser | Ile | Phe | Ser | Lys | Leu | Gln |  |  |
| 50 |     |     |     |     | 740 |     |     |     | 745 |     |     |     |     | 750 |     |     |  |  |
|    | Gly | Phe | Ser | Gly | Thr | Gln | Asp | Gly | Phe | Glu | Glu | Ser | Ser | Gly | Glu | Ile |  |  |
|    |     |     |     | 755 |     |     |     | 760 |     |     |     |     | 765 |     |     |     |  |  |
| 55 | Arg | Ser | Phe | Ser | Ala | Ser | Ser | Phe | Arg | Asn | Ile | Ser | Leu | Pro | Met | Gly |  |  |
|    |     | 770 |     |     |     |     | 775 |     |     |     |     |     | 780 |     |     |     |  |  |
|    | Ile | Thr | Phe | Glu | Lys | Lys | Ser | Gln | Lys | Thr | Arg | Asn | Tyr | Tyr | Tyr | Phe |  |  |
|    | 785 |     |     |     |     | 790 |     |     |     |     |     | 795 |     |     |     | 800 |  |  |
| 60 | Leu | Gly | Ala | Tyr | Ile | Gln | Asp | Leu | Lys | Arg | Asp | Val | Glu | Ser | Gly | Pro |  |  |
|    |     |     |     |     | 805 |     |     |     |     |     | 810 |     |     |     | 815 |     |  |  |
|    | Val | Val | Leu | Leu | Lys | Asn | Ala | Val | Ser | Trp | Asp | Ala | Pro | Met | Ala | Asn |  |  |

65

# ES 2 284 840 T3

|    |                                                                 |     |     |
|----|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
|    | 820                                                             | 825 | 830 |
|    | Leu Asp Ser Arg Ala Tyr Met Phe Arg Leu Thr Asn Gln Arg Ala Leu |     |     |
| 5  | 835                                                             | 840 | 845 |
|    | His Arg Leu Gln Thr Leu Leu Asn Val Ser Tyr Val Leu Arg Gly Gln |     |     |
|    | 850                                                             | 855 | 860 |
| 10 | Ser His Ser Tyr Ser Leu Asp Leu Gly Thr Thr Tyr Arg Phe         |     |     |
|    | 865                                                             | 870 | 875 |

15 <210> 8

<211> 2637

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

20 <400> 8

```

atgcgacctg atcatatgaa cttctgttgt ctatgtgctg ctatcttctc atccacagcg 60
gtcctctttg gccaggatcc cttaggtgaa accgccctcc tcactaaaaa tcctaatacat 120
25 gtcgtctgta cattttttga ggactgtacc atggagagcc tctttcctgc tctttgtgct 180
catgcatcac aagatgatcc tttgtatgta cttggaaatt cctactgttg gttcgtatct 240
aaactccata tcacggaccc caaagaggct ctttttaaag aaaaaggaga tctttccatt 300
30 caaaattttc gcttcccttc cttcacagat tgctcttcca aggaaagctc tccttctatt 360
attcatcaaa agaatggtca gttatccttg cgcaataatg gtagcatgag tttctgtcga 420
aatcatgctg aaggctctgg aggagccatc tctgctgatg ccttttctct acaacacaac 480
35 tatcttttca cagcttttga agagaattct tctaaaggaa atggcggagc cattcaggct 540
caaaccttct ctttatctag aatgtgtctg cctatttctt tcgcccgtaa tcgtgctgat 600
ttaaattggc gcgctatttg ctgtagtaat cttatttggt cagggaatgt aaaccctctc 660
40 tttttcactg gaaactccgc cacgaatgga ggcgctattt gttgtatcag cgatctaaac 720
acctcagaaa aaggctctct ctctcttgct tgtaaccaag aaacgctatt tgcaagcaat 780
tctgctaaaag aaaaaggcgg ggctatttat gccaaagcaca tggatttgcg ttataacggg 840
cctgtttcct tcattaacaa cagcgctaaa ataggtggag ctatcgccat ccagtccgga 900
45 gggagtctct ctatccttgc aggtgaagga tctgttctgt tccagaataa ctcccaacgc 960
acctccgacc aaggctctag aagaaacgcc atctacttag agaaagatgc gattctttct 1020
tccttagaag ctgcaacgg agatattctt ttctttgatc ctattgtaca agaaagtagc 1080
50 agcaaagaat cgctcttcc ctctctttg caagccagcg tgacttctcc caccacagcc 1140
accgcatctc ctttagttat tcagacaagt gcaaaccggt cagtgatttt ctcgagcgaa 1200
cgtctttctg aagaagaaaa aactcctgat aacctcactt cccaactaca gcagcctatc 1260
55 gaactgaaat cgggacgctt agttttaaaa gatcgcgctg tcctttccgc gccttctctc 1320
tctcaggatc ctcaagctct cctcattatg gaagcgggaa cttctttaaa aacttctctc 1380
gatttgaagt tagctacgct aagtattccc cttcattcct tagatactga aaaaagcgta 1440
actatccacg ccctaacct ttctatccaa aagatcttcc tctctaattc tggagatgag 1500
60 aatttttatg aaaatgtaga gcttctcagt aaagagcaaa acaatattcc tctccttact 1560
ctctctaaag agcaatctca tttacatctt cctgatggga acctctcttc tcactttgga 1620

```

65

ES 2 284 840 T3

5     tatcaaggag attggacttt ttcttgaaa gattctgatg aagggcattc tctgattgct 1680  
       aattggacgc ctaaaaaacta tgtgcctcat ccagaacgtc aatctacact cgttgcgaac 1740  
       actctttgga acacctattc cgatatgcaa gctgtgcagt cgatgattaa tacaatagcg 1800  
       cacggaggag cctatctatt tggaacgtgg ggatctgctg tttctaattt attctatgct 1860  
       cacgacagct ctgggaaacc tatcgataat tggcatcata gaagccttgg ctacctattc 1920  
 10     ggtatcagta ctcacagttt agatgacatc tctttctgct tggctgcagg acaattactc 1980  
       gggaaatcgt ccgattcctt tattacgtct acagaaacga cctcctatat agctactgta 2040  
       caagcgcaac tcgctacccc tctaataaaa atctctgcac aggcattgta taatgaaagt 2100  
       atccatgagc taaaaacaaa atatcgctcc ttctctaaag aaggattcgg atcctggcat 2160  
 15     agcgttgagc tatccggaga agtgtgcgca tcgattccta ttgtatccaa tggttccgga 2220  
       ctgttcagct ccttctctat tttctctaaa ctgcaaggat tttcaggaac acaggacggt 2280  
       tttgaggaga gttcgggaga gattcggctc ttttctgcca gctctttcag aatattttca 2340  
 20     cttccatgga gaataacatt tgaaaaaaaa tcccaaaaaa cacgaaacta ctattacttt 2400  
       ctgggagcct acatccaaga cctaaaacgt gatgtggaat cgggacctgt agtggttactc 2460  
       aaaaatgccg tctcctggga tgctcctatg gcgaacttgg attcgcgagc ctacatgttc 2520  
 25     aggcttacga atcaaagagc tctgcataga cttcagacgc tgttaaatgt gtcttacgta 2580  
       ctgcgcgggc aaagccatag ttactccctg gatctgggga ccacttacag gttctag     2637

<210> 9

30 <211> 1013

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

35 <400> 9

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | Met | Gln | Thr | Ser | Phe | His | Lys | Phe | Phe | Leu | Ser | Met | Ile | Leu | Ala | Tyr |
|    | 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |
| 40 | Ser | Cys | Cys | Ser | Leu | Ser | Gly | Gly | Gly | Tyr | Ala | Ala | Glu | Ile | Met | Ile |
|    |     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |
| 45 | Pro | Gln | Gly | Ile | Tyr | Asp | Gly | Glu | Thr | Leu | Thr | Val | Ser | Phe | Pro | Tyr |
|    |     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
|    | Thr | Val | Ile | Gly | Asp | Pro | Ser | Gly | Thr | Thr | Val | Phe | Ser | Ala | Gly | Glu |
|    | 50  |     |     |     |     |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |     |
| 50 | Leu | Thr | Leu | Lys | Asn | Leu | Asp | Asn | Ser | Ile | Ala | Ala | Leu | Pro | Leu | Ser |
|    | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
|    | Cys | Phe | Gly | Asn | Leu | Leu | Gly | Ser | Phe | Thr | Val | Leu | Gly | Arg | Gly | His |
|    |     |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |
| 55 | Ser | Leu | Thr | Phe | Glu | Asn | Ile | Arg | Thr | Ser | Thr | Asn | Gly | Ala | Ala | Leu |
|    |     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |
| 60 | Ser | Asp | Ser | Ala | Asn | Ser | Gly | Leu | Phe | Thr | Ile | Glu | Gly | Phe | Lys | Glu |
|    |     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |
|    | Leu | Ser | Phe | Ser | Asn | Cys | Asn | Ser | Leu | Leu | Ala | Val | Leu | Pro | Ala | Ala |

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |
|    | Thr | Thr | Asn | Asn | Gly | Ser | Gln | Thr | Pro | Thr | Thr | Thr | Ser | Thr | Pro | Ser |
| 5  | 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |
|    | Asn | Gly | Thr | Ile | Tyr | Ser | Lys | Thr | Asp | Leu | Leu | Leu | Leu | Asn | Asn | Glu |
|    |     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |
| 10 | Lys | Phe | Ser | Phe | Tyr | Ser | Asn | Leu | Val | Ser | Gly | Asp | Gly | Gly | Ala | Ile |
|    |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |
|    | Asp | Ala | Lys | Ser | Leu | Thr | Val | Gln | Gly | Ile | Ser | Lys | Leu | Cys | Val | Phe |
|    |     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |
| 15 | Gln | Glu | Asn | Thr | Ala | Gln | Ala | Asp | Gly | Gly | Ala | Cys | Gln | Val | Val | Thr |
|    |     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |
|    | Ser | Phe | Ser | Ala | Met | Ala | Asn | Glu | Ala | Pro | Ile | Ala | Phe | Ile | Ala | Asn |
| 20 | 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |
|    | Val | Ala | Gly | Val | Arg | Gly | Gly | Gly | Ile | Ala | Ala | Val | Gln | Asp | Gly | Gln |
|    |     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |
| 25 | Gln | Gly | Val | Ser | Ser | Ser | Thr | Ser | Thr | Glu | Asp | Pro | Val | Val | Ser | Phe |
|    |     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |
|    | Ser | Arg | Asn | Thr | Ala | Val | Glu | Phe | Asp | Gly | Asn | Val | Ala | Arg | Val | Gly |
|    |     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
| 30 | Gly | Gly | Ile | Tyr | Ser | Tyr | Gly | Asn | Val | Ala | Phe | Leu | Asn | Asn | Gly | Lys |
|    |     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
|    | Thr | Leu | Phe | Leu | Asn | Asn | Val | Ala | Ser | Pro | Val | Tyr | Ile | Ala | Ala | Glu |
| 35 | 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |
|    | Gln | Pro | Thr | Asn | Gly | Gln | Ala | Ser | Asn | Thr | Ser | Asp | Asn | Tyr | Gly | Asp |
|    |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
| 40 | Gly | Gly | Ala | Ile | Phe | Cys | Lys | Asn | Gly | Ala | Gln | Ala | Ala | Gly | Ser | Asn |
|    |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |
|    | Asn | Ser | Gly | Ser | Val | Ser | Phe | Asp | Gly | Glu | Gly | Val | Val | Phe | Phe | Ser |
|    |     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     |     | 365 |     |     |     |
| 45 | Ser | Asn | Val | Ala | Ala | Gly | Lys | Gly | Gly | Ala | Ile | Tyr | Ala | Lys | Lys | Leu |
|    |     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |
|    | Ser | Val | Ala | Asn | Cys | Gly | Pro | Val | Gln | Phe | Leu | Gly | Asn | Ile | Ala | Asn |
| 50 | 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |
|    | Asp | Gly | Gly | Ala | Ile | Tyr | Leu | Gly | Glu | Ser | Gly | Glu | Leu | Ser | Leu | Ser |
|    |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |     |
| 55 | Ala | Asp | Tyr | Gly | Asp | Ile | Ile | Phe | Asp | Gly | Asn | Leu | Lys | Arg | Thr | Ala |
|    |     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |
|    | Lys | Glu | Asn | Ala | Ala | Asp | Val | Asn | Gly | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Gln | Ala |
|    |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |
| 60 | Ile | Ser | Met | Gly | Ser | Gly | Gly | Lys | Ile | Thr | Thr | Leu | Arg | Ala | Lys | Ala |
|    |     | 450 |     |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |
|    | Gly | His | Gln | Ile | Leu | Phe | Asn | Asp | Pro | Ile | Glu | Met | Ala | Asn | Gly | Asn |

65



ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |      |     |     |     |      |     |     |     |     |      |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|------|-----|-----|-----|------|-----|-----|-----|-----|------|-----|-----|-----|
|    |     |     |     |     | 805  |     |     |     |      |     | 810 |     |     |      |     |     | 815 |
|    | Cys | Gly | Ser | Tyr | Leu  | Phe | Gly | Asp | Ala  | Phe | Ile | Arg | Ala | Ser  | Tyr | Gly |     |
| 5  |     |     |     |     | 820  |     |     |     | 825  |     |     |     |     | 830  |     |     |     |
|    | Phe | Gly | Asn | Gln | His  | Met | Lys | Thr | Ser  | Tyr | Thr | Phe | Ala | Glu  | Glu | Ser |     |
|    |     |     |     |     | 835  |     |     |     | 840  |     |     |     |     | 845  |     |     |     |
| 10 | Asp | Val | Arg | Trp | Asp  | Asn | Asn | Cys | Leu  | Val | Gly | Glu | Ile | Gly  | Val | Gly |     |
|    |     |     |     |     | 850  |     |     |     | 855  |     |     |     |     | 860  |     |     |     |
|    | Leu | Pro | Ile | Val | Ile  | Thr | Pro | Ser | Lys  | Leu | Tyr | Leu | Asn | Glu  | Leu | Arg |     |
|    | 865 |     |     |     |      | 870 |     |     |      |     | 875 |     |     |      |     | 880 |     |
| 15 | Pro | Phe | Val | Gln | Ala  | Glu | Phe | Ser | Tyr  | Ala | Asp | His | Glu | Ser  | Phe | Thr |     |
|    |     |     |     |     | 885  |     |     |     |      |     | 890 |     |     |      |     | 895 |     |
|    | Glu | Glu | Gly | Asp | Gln  | Ala | Arg | Ala | Phe  | Arg | Ser | Gly | His | Leu  | Met | Asn |     |
| 20 |     |     |     |     | 900  |     |     |     | 905  |     |     |     |     | 910  |     |     |     |
|    | Leu | Ser | Val | Pro | Val  | Gly | Val | Lys | Phe  | Asp | Arg | Cys | Ser | Ser  | Thr | His |     |
|    |     |     |     |     | 915  |     |     |     | 920  |     |     |     |     | 925  |     |     |     |
| 25 | Pro | Asn | Lys | Tyr | Ser  | Phe | Met | Gly | Ala  | Tyr | Ile | Cys | Asp | Ala  | Tyr | Arg |     |
|    |     |     |     |     | 930  |     |     |     | 935  |     |     |     |     | 940  |     |     |     |
|    | Thr | Ile | Ser | Gly | Thr  | Gln | Thr | Thr | Leu  | Leu | Ser | His | Gln | Glu  | Thr | Trp |     |
|    | 945 |     |     |     |      | 950 |     |     |      |     | 955 |     |     |      |     | 960 |     |
| 30 | Thr | Thr | Asp | Ala | Phe  | His | Leu | Ala | Arg  | His | Gly | Val | Ile | Val  | Arg | Gly |     |
|    |     |     |     |     | 965  |     |     |     |      |     | 970 |     |     |      |     | 975 |     |
|    | Ser | Met | Tyr | Ala | Ser  | Leu | Thr | Ser | Asn  | Ile | Glu | Val | Tyr | Gly  | His | Gly |     |
| 35 |     |     |     |     | 980  |     |     |     | 985  |     |     |     |     | 990  |     |     |     |
|    | Arg | Tyr | Glu | Tyr | Arg  | Asp | Thr | Ser | Arg  | Gly | Tyr | Gly | Leu | Ser  | Ala | Gly |     |
|    |     |     |     |     | 995  |     |     |     | 1000 |     |     |     |     | 1005 |     |     |     |
| 40 | Ser | Lys | Val | Arg | Phe  |     |     |     |      |     |     |     |     |      |     |     |     |
|    |     |     |     |     | 1010 |     |     |     |      |     |     |     |     |      |     |     |     |

<210> 10

45 <211> 3042

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

50 <400> 10

|    |            |            |            |            |            |            |     |
|----|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
|    | atgcaaacgt | ctttccataa | gttctttctt | tcaatgattc | tagcttattc | ttgctgctct | 60  |
|    | ttaagtgggg | gggggatgc  | agcagaaatc | atgattcctc | aaggaattta | cgatggggag | 120 |
| 55 | acgttaactg | tatcatttcc | ctatactggt | ataggagatc | cgagtgggac | tactgttttt | 180 |
|    | tctgcaggag | agttaacggt | aaaaaatctt | gacaattcta | ttgcagcttt | gcctttaagt | 240 |
|    | tgttttggga | acttattagg | gagttttact | gttttaggga | gaggacactc | gttgactttc | 300 |
| 60 | gagaacatac | ggacttctac | aatggagct  | gcactaagtg | acagcgctaa | tagcgggtta | 360 |
|    | tttactattg | agggttttaa | agaattatct | ttttccaatt | gcaactcatt | acttgccgta | 420 |

65

# ES 2 284 840 T3

ctgcctgctg caacgactaa taatggtagc cagactccga cgacaacatc tacaccgtct 480  
 aatggtaacta tttattctaa aacagatctt ttgttactca ataatgagaa gttctcattc 540  
 5 tatagtaatt tagtctctgg agatggggga gctatagatg ctaagagctt aacggttcaa 600  
 ggaattagca agctttgtgt cttccaagaa aatactgctc aagctgatgg gggagcttgt 660  
 caagtagtca ccagtttctc tgctatggct aacgaggctc ctattgcctt tatagcgaat 720  
 10 gttgcaggag taagaggggg agggattgct gctgttcagg atgggcagca gggagtgtca 780  
 tcatctactt caacagaaga tccagtagta agtttttcca gaaatactgc ggtagagttt 840  
 gatgggaacg tagccccgagt aggaggaggg atttactcct acgggaacgt tgctttcctg 900  
 15 aataatggaa aaacctgtt tctcaacaat gttgcttctc ctgtttacat tgctgctgag 960  
 caaccaacaa atggacaggc ttctaatacg agtgataatt acggagatgg aggagctatc 1020  
 ttctgtaaga atggtgcgca agcagcagga tccaataact ctggatcagt ttcctttgat 1080  
 ggagaggggag tagttttctt tagtagcaat gtagctgctg ggaaaggggg agctatttat 1140  
 20 gccaaaaagc tctcggttgc taactgtggc cctgtacaat tcttagggaa tategctaata 1200  
 gatgggtggag cgatttattt aggagaatct ggagagctca gtttatctgc tgattatgga 1260  
 gatattattt tcgatgggaa tcttaaaaga acagccaaag agaatgctgc cgatgttaat 1320  
 25 ggcgtaactg tgctctcaca agccatttcg atgggatcgg gagggaaaat aacgacatta 1380  
 agagctaaag cagggcatca gattctcttt aatgatccca tcgagatggc aaacggaaat 1440  
 aaccagccag cgcagctctc cgaacctcta aaaattaacg atggtgaagg atacacaggg 1500  
 30 gatattgttt ttgctaattg aaacagtaact ttgtaccaa atgttacgat agagcaagga 1560  
 aggattgttc ttcgtgaaaa ggcaaaatta tcagtgaatt ctctaagtca gacaggtggg 1620  
 agtctgtata tggaagctgg gagtacattg gattttgtaa ctccacaacc accacaacag 1680  
 cctcctgccg ctaatcagtt gatcacgctt tccaatctgc atttgtctct ttcttctttg 1740  
 35 ttagcaaaaca atgcagttac gaatcctcct accaatcctc cagcgcgaaga ttctcatcct 1800  
 gcaatcattg gtagcacaac tgctggttct gttacaatta gtgggcctat cttttttgag 1860  
 gatttgatg atacagctta tgataggtat gattggctag gttctaataca aaaaatcgat 1920  
 40 gtcctgaaat tacagttagg gactcagccc tcagctaattg ccccatcaga tttgactcta 1980  
 gggaatgaga tgcctaagta tggctatcaa ggaagctgga agcttgctg ggatcctaata 2040  
 acagcaaaata atggctctta tactctgaaa gctacatgga ctaaaactgg gtataatcct 2100  
 45 gggcctgagc gagtagcttc tttggttcca aatagtttat ggggatccat tttagatata 2160  
 cgatctgcgc attcagcaat tcaagcaagt gtggatgggc gctcttattg tcgaggatta 2220  
 tgggtttctg gagtttcgaa tttcttctat catgaccgcg atgctttagg tcagggatat 2280  
 cggtatatta gtggggggtta ttccttagga gcaaaactcct actttggatc atcgatgttt 2340  
 50 ggtctagcat ttaccgaagt atttggtaga tctaaagatt atgtagtgtg tcgttccaat 2400  
 catcatgctt gcataggatc cgtttatcta tctacaaac aagctttatg tggatcctat 2460  
 ttgttcggag atgcgtttat ccgtgctagc tacgggtttg ggaaccagca tatgaaaacc 2520  
 55 tcatacacat ttgcagagga gagcgatggt cgttgggata ataactgtct ggttggagag 2580  
 attggagtgg gattaccgat tgtgattact ccatctaagc tctatttgaa tgagttgcgt 2640  
 cctttcgtgc aagctgagtt ttcttatgcc gatcatgaat cttttacaga ggaaggcgat 2700  
 60 caagctcggg cattcaggag tggacatctc atgaatctat cagttcctgt tggagtaaaa 2760  
 tttgatcgat gttctagtac acaccctaata aatatagct ttatgggggc ttatatctgt 2820  
 gatgcttate gcaccatctc tgggactcag acaaacctcc tatcccatca agagacatgg 2880  
 65 acaacagatg cctttcattt ggcaagacat ggagtcatag ttagagggtc tatgtatgct 2940

ES 2 284 840 T3

tctctaacaa gcaatataga agtatatggc catggaagat atgagtatcg agatacttct 3000  
cgaggttatg gtttgagtgc aggaagtaaa gtccggttct aa 3042

5 <210> 11

<211> 1034

<212> PRT

10 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 11

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

65

ES 2 284 840 T3

Gln Gly Gly Lys Gly Gly Ala Ile Ser Ala Thr Arg Cys Val Ile Asp  
 260 265 270  
 5 Asn Asn Lys Glu Arg Ile Ile Phe Ser Asn Asn Ser Ser Leu Gly Trp  
 275 280 285  
 Ser Gln Ser Ser Ser Ala Ser Asn Gly Gly Ala Ile Gln Thr Thr Gln  
 10 290 295 300  
 Gly Phe Thr Leu Arg Asn Asn Lys Gly Ser Ile Tyr Phe Asp Ser Asn  
 305 310 315 320  
 15 Thr Ala Thr His Ala Gly Gly Ala Ile Asn Cys Gly Tyr Ile Asp Ile  
 325 330 335  
 Arg Asp Asn Gly Pro Val Tyr Phe Leu Asn Asn Ser Ala Ala Trp Gly  
 340 345 350  
 20 Ala Ala Phe Asn Leu Ser Lys Pro Arg Ser Ala Thr Asn Tyr Ile His  
 355 360 365  
 Thr Gly Thr Gly Asp Ile Val Phe Asn Asn Asn Val Val Phe Thr Leu  
 25 370 375 380  
 Asp Gly Asn Leu Leu Gly Lys Arg Lys Leu Phe His Ile Asn Asn Asn  
 385 390 395 400  
 30 Glu Ile Thr Pro Tyr Thr Leu Ser Leu Gly Ala Lys Lys Asp Thr Arg  
 405 410 415  
 Ile Tyr Phe Tyr Asp Leu Phe Gln Trp Glu Arg Val Lys Glu Asn Thr  
 420 425 430  
 35 Ser Asn Asn Pro Pro Ser Pro Thr Ser Arg Asn Thr Ile Thr Val Asn  
 435 440 445  
 Pro Glu Thr Glu Phe Ser Gly Ala Val Val Phe Ser Tyr Asn Gln Met  
 40 450 455 460  
 Ser Ser Asp Ile Arg Thr Leu Met Gly Lys Glu His Asn Tyr Ile Lys  
 465 470 475 480  
 45 Glu Ala Pro Thr Thr Leu Lys Phe Gly Thr Leu Ala Ile Glu Asp Asp  
 485 490 495  
 Ala Glu Leu Glu Ile Phe Asn Ile Pro Phe Thr Gln Asn Pro Thr Ser  
 500 505 510  
 50 Leu Leu Ala Leu Gly Ser Gly Ala Thr Leu Thr Val Gly Lys His Gly  
 515 520 525  
 Lys Leu Asn Ile Thr Asn Leu Gly Val Ile Leu Pro Ile Ile Leu Lys  
 55 530 535 540  
 Glu Gly Lys Ser Pro Pro Cys Ile Arg Val Asn Pro Gln Asp Met Thr  
 545 550 555 560  
 60 Gln Asn Thr Gly Thr Gly Gln Thr Pro Ser Ser Thr Ser Ser Ile Ser  
 565 570 575  
 Thr Pro Met Ile Ile Phe Asn Gly Arg Leu Ser Ile Val Asp Glu Asn  
 580 585 590  
 65

ES 2 284 840 T3

Tyr Glu Ser Val Tyr Asp Ser Met Asp Leu Ser Arg Gly Lys Ala Glu  
 595 600 605  
 5 Gln Leu Ile Leu Ser Ile Glu Thr Thr Asn Asp Gly Gln Leu Asp Ser  
 610 615 620  
 Asn Trp Gln Ser Ser Leu Asn Thr Ser Leu Leu Ser Pro Pro His Tyr  
 625 630 635 640  
 10 Gly Tyr Gln Gly Leu Trp Thr Pro Asn Trp Ile Thr Thr Thr Tyr Thr  
 645 650 655  
 Ile Thr Leu Asn Asn Asn Ser Ser Ala Pro Thr Ser Ala Thr Ser Ile  
 15 660 665 670  
 Ala Glu Gln Lys Lys Thr Ser Glu Thr Phe Thr Pro Ser Asn Thr Thr  
 675 680 685  
 20 Thr Ala Ser Ile Pro Asn Ile Lys Ala Ser Ala Gly Ser Gly Ser Gly  
 690 695 700  
 Ser Ala Ser Asn Ser Gly Glu Val Thr Ile Thr Lys His Thr Leu Val  
 705 710 715 720  
 25 Val Asn Trp Ala Pro Val Gly Tyr Ile Val Asp Pro Ile Arg Arg Gly  
 725 730 735  
 Asp Leu Ile Ala Asn Ser Leu Val His Ser Gly Arg Asn Met Thr Met  
 30 740 745 750  
 Gly Leu Arg Ser Leu Leu Pro Asp Asn Ser Trp Phe Ala Leu Gln Gly  
 755 760 765  
 35 Ala Ala Thr Thr Leu Phe Thr Lys Gln Gln Lys Arg Leu Ser Tyr His  
 770 775 780  
 Gly Tyr Ser Ser Ala Ser Lys Gly Tyr Thr Val Ser Ser Gln Ala Ser  
 785 790 795 800  
 40 Gly Ala His Gly His Lys Phe Leu Leu Ser Phe Ser Gln Ser Ser Asp  
 805 810 815  
 Lys Met Lys Glu Lys Glu Thr Asn Asn Arg Leu Ser Ser Arg Tyr Tyr  
 45 820 825 830  
 Leu Ser Ala Leu Cys Phe Glu His Pro Met Phe Asp Arg Ile Ala Leu  
 835 840 845  
 50 Ile Gly Ala Ala Ala Cys Asn Tyr Gly Thr His Asn Met Arg Ser Phe  
 850 855 860  
 Tyr Gly Thr Lys Lys Ser Ser Lys Gly Lys Phe His Ser Thr Thr Leu  
 55 865 870 875 880  
 Gly Ala Ser Leu Arg Cys Glu Leu Arg Asp Ser Met Pro Leu Arg Ser  
 885 890 895  
 60 Ile Met Leu Thr Pro Phe Ala Gln Ala Leu Phe Ser Arg Thr Glu Pro  
 900 905 910  
 Ala Ser Ile Arg Glu Ser Gly Asp Leu Ala Arg Leu Phe Thr Leu Glu  
 915 920 925  
 65

ES 2 284 840 T3

Gln Ala His Thr Ala Val Val Ser Pro Ile Gly Ile Lys Gly Ala Tyr  
 930 935 940  
 5 Ser Ser Asp Thr Trp Pro Thr Leu Ser Trp Glu Met Glu Leu Ala Tyr  
 945 950 955 960  
 Gln Pro Thr Leu Tyr Trp Lys Arg Pro Leu Leu Asn Thr Leu Leu Ile  
 965 970 975  
 10 Gln Asn Asn Gly Ser Trp Val Thr Thr Asn Thr Pro Leu Ala Lys His  
 980 985 990  
 Ser Phe Tyr Gly Arg Gly Ser His Ser Leu Lys Phe Ser His Leu Lys  
 15 995 1000 1005  
 Leu Phe Ala Asn Tyr Gln Ala Glu Val Ala Thr Ser Thr Val Ser His  
 1010 1015 1020  
 20 Tyr Ile Asn Ala Gly Gly Ala Leu Val Phe  
 1025 1030

<210> 12

25 <211> 3105

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

30 <400> 12

atgattaaaa gaacttctct atcctttgct tgcctcagtt ttttttatct ttcaactata 60  
 tccattttgc aagctaataa aacggatagc ctacagttcc ggcgatttac ttttccggat 120  
 35 agagagattc agttcgtcct agatcccgcc tctttaatta ccgccccaaa catcgtttta 180  
 tctaatttac agtcaaacgg aaccggagcc tgtaccattt caggcaatac gcaaaactcaa 240  
 atcttttcta attccgttaa caccaccgca gattctgggtg gagcctttga tatggttact 300  
 40 acctcattca cggcctctga taatgctaata ctactcttct gcaacaacta ctgcacacat 360  
 aataaaggcg gaggagctat tcgttccgga ggacctattc gattcttaaa taatcaagac 420  
 gtgctttttt ataataacat atcggcaggg gctaaatatg ttggaacagg agatcacaac 480  
 gaaaaaata ggggcggtgc gctttatgca actactatca ctttgacagg gaatcgaact 540  
 45 cttgccttta ttaacaatat gtctggagac tgcggtggag ccatctctgc tgacactcaa 600  
 atatcaataa ctgataccgt taaaggaatt ttatttgaaa acaatcacac gctcaatcat 660  
 ataccgtaca cgcaagctga aaatatggca cgaggaggag caatctgtag tagaagagac 720  
 50 ttgtgctcaa tcagcaataa ttctgggtccc atagttttta actataacca aggcgggaaa 780  
 ggtggagcta ttagcgctac ccgatgtgtt attgacaata acaaagaaag aatcatcttt 840  
 tcaaacaata gttccctggg atggagccaa tcttcttctg caagtaacgg aggagccatt 900  
 55 caaacgacac aaggatttac tttacgaaat aataaaggct ctatctactt cgacagcaac 960  
 actgctacac acgccggggg agccattaac tgtggttaca ttgacatccg agataacgga 1020  
 cccgtctatt ttctaaataa ctctgctgcc tggggagcgg cctttaattt atcgaaacca 1080  
 60 cgttcagcga caaattatat ccatacaggg acagggcagata ttgtttttaa taataacggt 1140  
 gtctttactc ttgacggtaa tttattaggg aaacggaaac tttttcatat taataataat 1200

65

## ES 2 284 840 T3

```

gagataacac catatacatt gtctctcggc gctaaaaaag atactcgtat ctatTTTTat 1260
gatctTTTTcc aatgggagcg tgttaaagaa aataactagca ataaccacc atctcctacc 1320
5 agtagaaaca ccattaccgt taaccCGGaa acagagTTTT ctggagctgt tgtgTTctcc 1380
tacaatcaaa tgtctagtga catacgaact ctgatgggta aagaacacaa ttacattaaa 1440
gaagCCCCaa ctactTTaaa attcGgaacg ctagccatag aagatgatgc agaattagaa 1500
10 atcttcaata tccCGTTtac ccaaaatccg actagccttc ttgctttagg aagcggcgct 1560
acgctgactg ttgGaaagca cgGtaagctc aatattacaa atcttggtgt tattttacc 1620
attattctca aagagggGaa gagtccgcct tgtattcGcg tcaaccaca agatatgacc 1680
caaaatactg gtaccggcca aactccatca agcacaagta gtataagcac tccaatgatt 1740
15 atctttaatg ggCGctctc aattgtagac gaaaattatg aatcagtcta cgacagtatg 1800
gacctctcca gagggaaagc agaacaacta attctatcca tagaaaccac taatgatggg 1860
caattagact ccaattggca aagtTctctg aatacttctc tactctctcc tccacactat 1920
20 ggctatcaag gtctatggac tcctaattgg ataacaacaa cctataccat cacgcttaat 1980
aataattctt cagctccaac atctgctacc tccatcGctg agcagaaaaa aactagtGaa 2040
acttttactc ctagtaacac aactacagct agtatcccta atattaaagc ttccgcagga 2100
25 tcaggctctg gatcggcttc caattcagga gaagttacga ttaccaacaa tacccttggt 2160
gtaaactggg caccagtcgg ctacatagta gatcctattc gtagaggaga tctgatagcc 2220
aatagcttag tacattcagg aagaaacatg accatgggct tacgatcatt actcccggat 2280
aactcttggt ttgctttgca aggagctgca acaacattat ttacaaaaca acaaaaacgt 2340
30 ttgagttatc atggctactc ttctgcatca aaggggtata cCGTctcttc tcaagcatca 2400
ggagctcatg gtcataagtt tcttctttcc ttctcccagt catctgataa gatgaaagaa 2460
aaagaaacaa ataaccgcct ttcttctcgt tactatcttt ctgctttatg tttcgaacat 2520
35 cctatgTTtg atcGcattgc tcttatcGga gcagcagctt gcaattatgg aacacataac 2580
atgCGgagtt tctatggaac taaaaaatct tctaaagGga aatttctctc tacaacctta 2640
ggagcttctc ttCGctgtga actacGcgat agtatGcctt tacgatcaat aatgctcacc 2700
40 ccatttgctc agGctttatt ctctcGaaac gaaccagctt ctatccgaga aagcgggtgat 2760
ctagctagat tatttacatt agagcaagcc catactgCGg ttgtctctcc aataggaatc 2820
aaaggagctt attcttctga tacatggcca aactctctt gggaaatgga actagcttac 2880
caaccacccc tctactggaa acgtcctcta ctcaacacac tattaatcca aaataacggg 2940
45 tcttgGgtca ccacaaatac ccattagct aaacattcct tttatgggag aggttctcac 3000
tcctcaaat tttctcatct gaaactattt gctaactatc aagcagaagt ggctacttcc 3060
actgtctcac actacatcaa tgcaggagga gctctggtct tttaa 3105

```

50

<210> 13

<211> 964

<212> PRT

55

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 13

60

```

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

```

65

ES 2 284 840 T3

Leu Ala Arg Glu Val Pro Ser Arg Ile Phe Leu Met Pro Asn Ser Val  
 20 25 30  
 5 Pro Asp Pro Thr Lys Glu Ser Leu Ser Asn Lys Ile Ser Leu Thr Gly  
 35 40 45  
 Asp Thr His Asn Leu Thr Asn Cys Tyr Leu Asp Asn Leu Arg Tyr Ile  
 10 50 55 60  
 Leu Ala Ile Leu Gln Lys Thr Pro Asn Glu Gly Ala Ala Val Thr Ile  
 65 70 75 80  
 15 Thr Asp Tyr Leu Ser Phe Phe Asp Thr Gln Lys Glu Gly Ile Tyr Phe  
 85 90 95  
 Ala Lys Asn Leu Thr Pro Glu Ser Gly Gly Ala Ile Gly Tyr Ala Ser  
 100 105 110  
 20 Pro Asn Ser Pro Thr Val Glu Ile Arg Asp Thr Ile Gly Pro Val Ile  
 115 120 125  
 Phe Glu Asn Asn Thr Cys Cys Arg Leu Phe Thr Trp Arg Asn Pro Tyr  
 25 130 135 140  
 Ala Ala Asp Lys Ile Arg Glu Gly Gly Ala Ile His Ala Gln Asn Leu  
 145 150 155 160  
 30 Tyr Ile Asn His Asn His Asp Val Val Gly Phe Met Lys Asn Phe Ser  
 165 170 175  
 Tyr Val Gln Gly Gly Ala Ile Ser Thr Ala Asn Thr Phe Val Val Ser  
 180 185 190  
 35 Glu Asn Gln Ser Cys Phe Leu Phe Met Asp Asn Ile Cys Ile Gln Thr  
 195 200 205  
 Asn Thr Ala Gly Lys Gly Gly Ala Ile Tyr Ala Gly Thr Ser Asn Ser  
 40 210 215 220  
 Phe Glu Ser Asn Asn Cys Asp Leu Phe Phe Ile Asn Asn Ala Cys Cys  
 225 230 235 240  
 45 Ala Gly Gly Ala Ile Phe Ser Pro Ile Cys Ser Leu Thr Gly Asn Arg  
 245 250 255  
 Gly Asn Ile Val Phe Tyr Asn Asn Arg Cys Phe Lys Asn Val Glu Thr  
 260 265 270  
 50 Ala Ser Ser Glu Ala Ser Asp Gly Gly Ala Ile Lys Val Thr Thr Arg  
 275 280 285  
 Leu Asp Val Thr Gly Asn Arg Gly Arg Ile Phe Phe Ser Asp Asn Ile  
 55 290 295 300  
 Thr Lys Asn Tyr Gly Gly Ala Ile Tyr Ala Pro Val Val Thr Leu Val  
 305 310 315 320  
 60 Asp Asn Gly Pro Thr Tyr Phe Ile Asn Asn Ile Ala Asn Asn Lys Gly  
 325 330 335  
 Gly Ala Ile Tyr Ile Asp Gly Thr Ser Asn Ser Lys Ile Ser Ala Asp  
 340 345 350  
 65

ES 2 284 840 T3

Arg His Ala Ile Ile Phe Asn Glu Asn Ile Val Thr Asn Val Thr Asn  
 355 360 365  
 5 Ala Asn Gly Thr Ser Thr Ser Ala Asn Pro Pro Arg Arg Asn Ala Ile  
 370 375 380  
 Thr Val Ala Ser Ser Ser Gly Glu Ile Leu Leu Gly Ala Gly Ser Ser  
 385 390 395 400  
 10 Gln Asn Leu Ile Phe Tyr Asp Pro Ile Glu Val Ser Asn Ala Gly Val  
 405 410 415  
 Ser Val Ser Phe Asn Lys Glu Ala Asp Gln Thr Gly Ser Val Val Phe  
 15 420 425 430  
 Ser Gly Ala Thr Val Asn Ser Ala Asp Phe His Gln Arg Asn Leu Gln  
 435 440 445  
 20 Thr Lys Thr Pro Ala Pro Leu Thr Leu Ser Asn Gly Phe Leu Cys Ile  
 450 455 460  
 Glu Asp His Ala Gln Leu Thr Val Asn Arg Phe Thr Gln Thr Gly Gly  
 465 470 475 480  
 25 Val Val Ser Leu Gly Asn Gly Ala Val Leu Ser Cys Tyr Lys Asn Gly  
 485 490 495  
 Thr Gly Asp Ser Ala Ser Asn Ala Ser Ile Thr Leu Lys His Ile Gly  
 30 500 505 510  
 Leu Asn Leu Ser Ser Ile Leu Lys Ser Gly Ala Glu Ile Pro Leu Leu  
 515 520 525  
 35 Trp Val Glu Pro Thr Asn Asn Ser Asn Asn Tyr Thr Ala Asp Thr Ala  
 530 535 540  
 Ala Thr Phe Ser Leu Ser Asp Val Lys Leu Ser Leu Ile Asp Asp Tyr  
 545 550 555 560  
 40 Gly Asn Ser Pro Tyr Glu Ser Thr Asp Leu Thr His Ala Leu Ser Ser  
 565 570 575  
 Gln Pro Met Leu Ser Ile Ser Glu Ala Ser Asp Asn Gln Leu Gln Ser  
 45 580 585 590  
 Glu Asn Ile Asp Phe Ser Gly Leu Asn Val Pro His Tyr Gly Trp Gln  
 595 600 605  
 50 Gly Leu Trp Thr Trp Gly Trp Ala Lys Thr Gln Asp Pro Glu Pro Ala  
 610 615 620  
 Ser Ser Ala Thr Ile Thr Asp Pro Gln Lys Ala Asn Arg Phe His Arg  
 625 630 635 640  
 55 Thr Leu Leu Leu Thr Trp Leu Pro Ala Gly Tyr Val Pro Ser Pro Lys  
 645 650 655  
 His Arg Ser Pro Leu Ile Ala Asn Thr Leu Trp Gly Asn Met Leu Leu  
 60 660 665 670  
 Ala Thr Glu Ser Leu Lys Asn Ser Ala Glu Leu Thr Pro Ser Gly His  
 675 680 685

65

ES 2 284 840 T3

Pro Phe Trp Gly Ile Thr Gly Gly Gly Leu Gly Met Met Val Tyr Gln  
 690 695 700  
 5 Asp Pro Arg Glu Asn His Pro Gly Phe His Met Arg Ser Ser Gly Tyr  
 705 710 715 720  
 Ser Ala Gly Met Ile Ala Gly Gln Thr His Thr Phe Ser Leu Lys Phe  
 725 730 735  
 10 Ser Gln Thr Tyr Thr Lys Leu Asn Glu Arg Tyr Ala Lys Asn Asn Val  
 740 745 750  
 Ser Ser Lys Asn Tyr Ser Cys Gln Gly Glu Met Leu Phe Ser Leu Gln  
 755 760 765  
 15 Glu Gly Phe Leu Leu Thr Lys Leu Val Gly Leu Tyr Ser Tyr Gly Asp  
 770 775 780  
 20 His Asn Cys His His Phe Tyr Thr Gln Gly Glu Asn Leu Thr Ser Gln  
 785 790 795 800  
 Gly Thr Phe Arg Ser Gln Thr Met Gly Gly Ala Val Phe Phe Asp Leu  
 805 810 815  
 25 Pro Met Lys Pro Phe Gly Ser Thr His Ile Leu Thr Ala Pro Phe Leu  
 820 825 830  
 Gly Ala Leu Gly Ile Tyr Ser Ser Leu Ser His Phe Thr Glu Val Gly  
 835 840 845  
 30 Ala Tyr Pro Arg Ser Phe Ser Thr Lys Thr Pro Leu Ile Asn Val Leu  
 850 855 860  
 35 Val Pro Ile Gly Val Lys Gly Ser Phe Met Asn Ala Thr His Arg Pro  
 865 870 875 880  
 Gln Ala Trp Thr Val Glu Leu Ala Tyr Gln Pro Val Leu Tyr Arg Gln  
 885 890 895  
 40 Glu Pro Gly Ile Ala Ala Gln Leu Leu Ala Ser Lys Gly Ile Trp Phe  
 900 905 910  
 Gly Ser Gly Ser Pro Ser Ser Arg His Ala Met Ser Tyr Lys Ile Ser  
 915 920 925  
 45 Gln Gln Thr Gln Pro Leu Ser Trp Leu Thr Leu His Phe Gln Tyr His  
 930 935 940  
 50 Gly Phe Tyr Ser Ser Ser Thr Phe Cys Asn Tyr Leu Asn Gly Glu Ile  
 945 950 955 960  
 Ala Leu Arg Phe

55

<210> 14

<211> 2895

<212> ADN

60

<213> *Chlamydia trachomatis*

65

# ES 2 284 840 T3

<400> 14

```

atgaaaaaag cgtttttctt tttccttata ggaaactccc tatcaggact agctagagag 60
5 gttccttcta gaatctttct tatgcccaac tcagttccag atcctacgaa agagtgcgta 120
 tcaaataaaa ttagtttgac aggagacact cacaatctca ctaactgcta tctcgataac 180
 ctacgctaca tactggctat tctacaaaaa actcccaatg aaggagctgc tgtcacaata 240
 acagattacc taagcttttt tgatacacia aaagaaggta tttattttgc aaaaaatctc 300
10 acccctgaaa gtggtggtgc gattggttat gcgagtccca attctcctac cgtggagatt 360
 cgtgatacaa taggtcctgt aatctttgaa aataataactt gttgcagact atttacetgg 420
 agaaatcctt atgctgctga taaaataaga gaaggcggag ccattcatgc tcaaaatcctt 480
15 tacataaatc ataactatga tgtggtcggg tttatgaaga acttttctta tgtccaagga 540
 ggagccatta gtaccgctaa tacctttggt gtgagcgaga atcagtcttg ttttctcttt 600
 atggacaaca tctgtattca aactaataca gcaggaaaag gtggcgctat ctatgctgga 660
20 acgagcaatt cttttgagag taataactgc gatctcttct tcatcaataa cgctgttgt 720
 gcaggaggag cgatcttctc ccctatctgt tctctaacag gaaatcgtgg taacatcgtt 780
 ttctataaca atcgctgctt taaaaatgta gaaacagctt cttcagaagc ttctgatgga 840
25 ggagcaatta aagtaactac tcgcctagat gttacaggca atcgtggtag gatctttttt 900
 agtgacaata tcacaaaaaa ttatggcggg gctatttacg ctctgtagt taccctagtg 960
 gataatggcc ctacctactt tataaacaat atcgccaata ataagggggg cgctatctat 1020
 atagacggaa ccagtaactc caaaatctct gccgaccgcc atgctattat ttttaatgaa 1080
30 aatattgtga ctaatgtaac taatgcaaat ggtaccagta cgtcagctaa tcctcctaga 1140
 agaaatgcaa taacagtagc aagctcctct ggtgaaattc tattaggagc agggagtagc 1200
 caaaatctaa ttttttatga tcctattgaa gttagcaatg caggggtctc tgtgtccttc 1260
35 aataaggaag ctgatcaaac aggctctgta gtattttcag gagctactgt taattctgca 1320
 gatcttctac aacgcaattt acaaacaaaa acacctgcac cccttactct cagtaatggt 1380
 tttctatgta tcgaagatca tgctcagctt acagtgaatc gattcacaca aactgggggt 1440
40 gttgtttctc ttgggaatgg agcagttctg agttgctata aaaatggtac aggagattct 1500
 gctagcaatg cctctataac actgaagcat attggattga atctttcttc cattctgaaa 1560
 agtggtgctg agattccttt attgtgggta gagcctacaa ataacagcaa taactataca 1620
45 gcagatactg cagctacctt ttcattaagt gatgtaaaac tctcactcat tgatgactac 1680
 gggaaactctc cttatgaatc cacagatctg acccatgctc tgtcatcaca gcctatgcta 1740
 tctatctctg aagctagcga taaccagcta caatcagaaa atatagattt ttcgggacta 1800
 aatgtccctc attatggatg gcaaggactt tggacttggg gctgggcaaa aactcaagat 1860
50 ccagaaccag catcttcagc aacaatcact gatccacaaa aagccaatag atttcataga 1920
 accttactac taacatggct tctgcccggg tatgttccta gcccaaaaaca cagaagtccc 1980
 ctcatagcta acaccttatg ggggaatatg ctgcttgcaa cagaaagctt aaaaaatagt 2040
55 gcagagctga cacctagtgg tcatcctttc tggggaatta caggaggagg actaggcatg 2100
 atggtttacc aagatcctcg agaaaatcat cctggattcc atatgcgctc ttccggatac 2160
 tctgcgggga tgatagcagg gcagacacac accttctcat tgaaattcag tcagacctac 2220
 accaaaactca atgagcggtt cgcaaaaaac aacgtatctt ctaaaaatta ctcatgccaa 2280
60 ggagaaatgc tcttctcatt gcaagaagggt ttcttgctga ctaaattagt tgggctttac 2340
 agctatggag accataactg tcaccatttc tatactcaag gagaaaatct aacatctcaa 2400

```

65

ES 2 284 840 T3

5 gggacgttcc gcagtcaaac gatgggaggt gctgtctttt ttgatctccc tatgaaacc 2460  
 tttggatcaa cgcataact gacagctccc ttttaggtg ctcttggtat ttattctagc 2520  
 ctgtctcact ttactgaggt gggagcctat ccgcgaagct tttctacaaa gactcctttg 2580  
 atcaatgtcc tagtccctat tggagttaa ggtagcttta tgaatgctac ccacagacct 2640  
 caagcctgga ctgtagaatt ggcataccaa cccgttctgt atagacaaga accagggatc 2700  
 10 gcagcccagc tcctagccag taagggtatt tggttcggta gtggaagccc ctcacgcgct 2760  
 catgccatgt cctataaaat ctcacagcaa acacaacctt tgagttggtt aactctccat 2820  
 ttccagtatc atggattcta ctcctcttca accttctgta attatctcaa tggggaaatt 2880  
 gctctgcat tctag 2895

<210> 15

<211> 1531

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 15

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

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|
|    | 195 |     | 200 |     | 205 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Asp | Cys | Gln | Gly | Leu | Gln | Val | Lys | His | Cys | Thr | Thr | Ala | Val | Asn | Ala |  |  |  |
| 5  | 210 |     |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Glu | Gly | Ser | Ser | Ala | Asn | Asp | His | Leu | Gly | Phe | Gly | Gly | Gly | Ala | Phe |  |  |  |
|    | 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |  |  |  |
| 10 | Phe | Val | Thr | Gly | Ser | Leu | Ser | Gly | Glu | Lys | Ser | Leu | Tyr | Met | Pro | Ala |  |  |  |
|    |     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |  |  |  |
|    | Gly | Asp | Met | Val | Val | Ala | Asn | Cys | Asp | Gly | Ala | Ile | Ser | Phe | Glu | Gly |  |  |  |
|    |     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |  |  |  |
| 15 | Asn | Ser | Ala | Asn | Phe | Ala | Asn | Gly | Gly | Ala | Ile | Ala | Ala | Ser | Gly | Lys |  |  |  |
|    |     | 275 |     |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     |     | 285 |     |     |  |  |  |
|    | Val | Leu | Phe | Val | Ala | Asn | Asp | Lys | Lys | Thr | Ser | Phe | Ile | Glu | Asn | Arg |  |  |  |
| 20 |     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Ala | Leu | Ser | Gly | Gly | Ala | Ile | Ala | Ala | Ser | Ser | Asp | Ile | Ala | Phe | Gln |  |  |  |
|    | 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |  |  |  |
| 25 | Asn | Cys | Ala | Glu | Leu | Val | Phe | Lys | Gly | Asn | Cys | Ala | Ile | Gly | Thr | Glu |  |  |  |
|    |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     | 335 |  |  |  |
|    | Asp | Lys | Gly | Ser | Leu | Gly | Gly | Gly | Ala | Ile | Ser | Ser | Leu | Gly | Thr | Val |  |  |  |
|    |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     |     | 350 |     |  |  |  |
| 30 | Leu | Leu | Gln | Gly | Asn | His | Gly | Ile | Thr | Cys | Asp | Lys | Asn | Glu | Ser | Ala |  |  |  |
|    |     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     |     | 365 |     |     |  |  |  |
|    | Ser | Gln | Gly | Gly | Ala | Ile | Phe | Gly | Lys | Asn | Cys | Gln | Ile | Ser | Asp | Asn |  |  |  |
| 35 |     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Glu | Gly | Pro | Val | Val | Phe | Arg | Asp | Ser | Thr | Ala | Cys | Leu | Gly | Gly | Gly |  |  |  |
|    | 385 |     |     |     | 390 |     |     |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |  |  |  |
| 40 | Ala | Ile | Ala | Ala | Gln | Glu | Ile | Val | Ser | Ile | Gln | Asn | Asn | Gln | Ala | Gly |  |  |  |
|    |     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |  |  |  |
|    | Ile | Ser | Phe | Glu | Gly | Gly | Lys | Ala | Ser | Phe | Gly | Gly | Gly | Ile | Ala | Cys |  |  |  |
|    |     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |  |  |  |
| 45 | Gly | Ser | Phe | Ser | Ser | Ala | Gly | Gly | Ala | Ser | Val | Leu | Gly | Thr | Ile | Asp |  |  |  |
|    |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     |     |     | 445 |     |     |  |  |  |
|    | Ile | Ser | Lys | Asn | Leu | Gly | Ala | Ile | Ser | Phe | Ser | Arg | Thr | Leu | Cys | Thr |  |  |  |
| 50 |     | 450 |     |     |     |     | 455 |     |     |     |     |     | 460 |     |     |     |  |  |  |
|    | Thr | Ser | Asp | Leu | Gly | Gln | Met | Glu | Tyr | Gln | Gly | Gly | Gly | Ala | Leu | Phe |  |  |  |
|    | 465 |     |     |     | 470 |     |     |     |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |  |  |  |
| 55 | Gly | Glu | Asn | Ile | Ser | Leu | Ser | Glu | Asn | Ala | Gly | Val | Leu | Thr | Phe | Lys |  |  |  |
|    |     |     |     | 485 |     |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |  |  |  |
|    | Asp | Asn | Ile | Val | Lys | Thr | Phe | Ala | Ser | Asn | Gly | Lys | Ile | Leu | Gly | Gly |  |  |  |
|    |     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |  |  |  |
| 60 | Gly | Ala | Ile | Leu | Ala | Thr | Gly | Lys | Val | Glu | Ile | Thr | Asn | Asn | Ser | Glu |  |  |  |
|    |     | 515 |     |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |  |  |  |
|    | Gly | Ile | Ser | Phe | Thr | Gly | Asn | Ala | Arg | Ala | Pro | Gln | Ala | Leu | Pro | Thr |  |  |  |
| 65 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | 530 |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |
|    | Gln | Glu | Glu | Phe | Pro | Leu | Phe | Ser | Lys | Lys | Glu | Gly | Arg | Pro | Leu | Ser |
| 5  | 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |
|    | Ser | Gly | Tyr | Ser | Gly | Gly | Gly | Ala | Ile | Leu | Gly | Arg | Glu | Val | Ala | Ile |
|    |     |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     |     | 575 |
| 10 | Leu | His | Asn | Ala | Ala | Val | Val | Phe | Glu | Gln | Asn | Arg | Leu | Gln | Cys | Ser |
|    |     |     |     | 580 |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |
|    | Glu | Glu | Glu | Ala | Thr | Leu | Leu | Gly | Cys | Cys | Gly | Gly | Gly | Ala | Val | His |
|    |     |     |     | 595 |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |
| 15 | Gly | Met | Asp | Ser | Thr | Ser | Ile | Val | Gly | Asn | Ser | Ser | Val | Arg | Phe | Gly |
|    | 610 |     |     |     |     |     | 615 |     |     |     |     |     | 620 |     |     |     |
| 20 | Asn | Asn | Tyr | Ala | Met | Gly | Gln | Gly | Val | Ser | Gly | Gly | Ala | Leu | Leu | Ser |
|    | 625 |     |     |     |     | 630 |     |     |     |     | 635 |     |     |     |     | 640 |
|    | Lys | Thr | Val | Gln | Leu | Ala | Gly | Asn | Gly | Ser | Val | Asp | Phe | Ser | Arg | Asn |
|    |     |     |     |     | 645 |     |     |     |     | 650 |     |     |     |     |     | 655 |
| 25 | Ile | Ala | Ser | Leu | Gly | Gly | Gly | Ala | Leu | Gln | Ala | Ser | Glu | Gly | Asn | Cys |
|    |     |     |     | 660 |     |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |     |
|    | Glu | Leu | Val | Asp | Asn | Gly | Tyr | Val | Leu | Phe | Arg | Asp | Asn | Arg | Gly | Arg |
|    |     |     |     | 675 |     |     |     | 680 |     |     |     |     | 685 |     |     |     |
| 30 | Val | Tyr | Gly | Gly | Ala | Ile | Ser | Cys | Leu | Arg | Gly | Asp | Val | Val | Ile | Ser |
|    | 690 |     |     |     |     | 695 |     |     |     |     |     | 700 |     |     |     |     |
|    | Gly | Asn | Lys | Gly | Arg | Val | Glu | Phe | Lys | Asp | Asn | Ile | Ala | Thr | Arg | Leu |
| 35 | 705 |     |     |     |     | 710 |     |     |     |     | 715 |     |     |     |     | 720 |
|    | Tyr | Val | Glu | Glu | Thr | Val | Glu | Lys | Val | Glu | Glu | Val | Glu | Pro | Ala | Pro |
|    |     |     |     |     | 725 |     |     |     |     | 730 |     |     |     |     | 735 |     |
| 40 | Glu | Gln | Lys | Asp | Asn | Asn | Glu | Leu | Ser | Phe | Leu | Gly | Arg | Ala | Glu | Gln |
|    |     |     |     | 740 |     |     |     |     | 745 |     |     |     |     | 750 |     |     |
|    | Ser | Phe | Ile | Thr | Ala | Ala | Asn | Gln | Ala | Leu | Phe | Ala | Ser | Glu | Asp | Gly |
|    |     |     |     | 755 |     |     |     | 760 |     |     |     |     |     | 765 |     |     |
| 45 | Asp | Leu | Ser | Pro | Glu | Ser | Ser | Ile | Ser | Ser | Glu | Glu | Leu | Ala | Lys | Arg |
|    | 770 |     |     |     |     | 775 |     |     |     |     |     |     | 780 |     |     |     |
|    | Arg | Glu | Cys | Ala | Gly | Gly | Ala | Ile | Phe | Ala | Lys | Arg | Val | Arg | Ile | Val |
| 50 | 785 |     |     |     |     | 790 |     |     |     |     | 795 |     |     |     |     | 800 |
|    | Asp | Asn | Gln | Glu | Ala | Val | Val | Phe | Ser | Asn | Asn | Phe | Ser | Asp | Ile | Tyr |
|    |     |     |     |     | 805 |     |     |     |     |     | 810 |     |     |     |     | 815 |
| 55 | Gly | Gly | Ala | Ile | Phe | Thr | Gly | Ser | Leu | Arg | Glu | Glu | Asp | Lys | Leu | Asp |
|    |     |     |     | 820 |     |     |     |     |     | 825 |     |     |     | 830 |     |     |
|    | Gly | Gln | Ile | Pro | Glu | Val | Leu | Ile | Ser | Gly | Asn | Ala | Gly | Asp | Val | Val |
|    |     |     |     | 835 |     |     |     | 840 |     |     |     |     | 845 |     |     |     |
| 60 | Phe | Ser | Gly | Asn | Ser | Ser | Lys | Arg | Asp | Glu | His | Leu | Pro | His | Thr | Gly |
|    | 850 |     |     |     |     |     | 855 |     |     |     |     | 860 |     |     |     |     |
|    | Gly | Gly | Ala | Ile | Cys | Thr | Gln | Asn | Leu | Thr | Ile | Ser | Gln | Asn | Thr | Gly |
| 65 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |



ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |      |     |     |     |     |      |     |     |     |      |     |     |      |
|----|-----|-----|-----|------|-----|-----|-----|-----|------|-----|-----|-----|------|-----|-----|------|
|    |     |     |     | 1205 |     |     |     |     | 1210 |     |     |     | 1215 |     |     |      |
|    | Asn | Ala | Leu | Trp  | Glu | Glu | Gly | Ala | Val  | Leu | Ser | Ala | Leu  | Lys | Asn | Ala  |
| 5  |     |     |     | 1220 |     |     |     |     | 1225 |     |     |     | 1230 |     |     |      |
|    | Arg | Phe | Ala | His  | Asn | Leu | Thr | Ala | Gln  | Arg | Met | Glu | Phe  | Asp | Tyr | Ser  |
|    |     |     |     | 1235 |     |     |     |     | 1240 |     |     |     | 1245 |     |     |      |
| 10 | Thr | Asn | Val | Trp  | Gly | Phe | Ala | Phe | Gly  | Gly | Phe | Arg | Thr  | Leu | Ser | Ala  |
|    |     |     |     | 1250 |     |     |     |     | 1255 |     |     |     | 1260 |     |     |      |
|    | Glu | Asn | Leu | Val  | Ala | Ile | Asp | Gly | Tyr  | Lys | Gly | Ala | Tyr  | Gly | Gly | Ala  |
| 15 |     |     |     | 1265 |     |     |     |     | 1270 |     |     |     | 1275 |     |     | 1280 |
|    | Ser | Ala | Gly | Val  | Asp | Ile | Gln | Leu | Met  | Glu | Asp | Phe | Val  | Leu | Gly | Val  |
|    |     |     |     | 1285 |     |     |     |     | 1290 |     |     |     | 1295 |     |     |      |
|    | Ser | Gly | Ala | Ala  | Phe | Leu | Gly | Lys | Met  | Asp | Ser | Gln | Lys  | Phe | Asp | Ala  |
| 20 |     |     |     | 1300 |     |     |     |     | 1305 |     |     |     | 1310 |     |     |      |
|    | Glu | Val | Ser | Arg  | Lys | Gly | Val | Val | Gly  | Ser | Val | Tyr | Thr  | Gly | Phe | Leu  |
|    |     |     |     | 1315 |     |     |     |     | 1320 |     |     |     | 1325 |     |     |      |
| 25 | Ala | Gly | Ser | Trp  | Phe | Phe | Lys | Gly | Gln  | Tyr | Ser | Leu | Gly  | Glu | Thr | Gln  |
|    |     |     |     | 1330 |     |     |     |     | 1335 |     |     |     | 1340 |     |     |      |
|    | Asn | Asp | Met | Lys  | Thr | Arg | Tyr | Gly | Val  | Leu | Gly | Glu | Ser  | Ser | Ala | Ser  |
| 30 |     |     |     | 1345 |     |     |     |     | 1350 |     |     |     | 1355 |     |     | 1360 |
|    | Trp | Thr | Ser | Arg  | Gly | Val | Leu | Ala | Asp  | Ala | Leu | Val | Glu  | Tyr | Arg | Ser  |
|    |     |     |     | 1365 |     |     |     |     | 1370 |     |     |     | 1375 |     |     |      |
|    | Leu | Val | Gly | Pro  | Val | Arg | Pro | Thr | Phe  | Tyr | Ala | Leu | His  | Phe | Asn | Pro  |
| 35 |     |     |     | 1380 |     |     |     |     | 1385 |     |     |     | 1390 |     |     |      |
|    | Tyr | Val | Glu | Val  | Ser | Tyr | Ala | Ser | Met  | Lys | Phe | Pro | Gly  | Phe | Thr | Glu  |
|    |     |     |     | 1395 |     |     |     |     | 1400 |     |     |     | 1405 |     |     |      |
| 40 | Gln | Gly | Arg | Glu  | Ala | Arg | Ser | Phe | Glu  | Asp | Ala | Ser | Leu  | Thr | Asn | Ile  |
|    |     |     |     | 1410 |     |     |     |     | 1415 |     |     |     | 1420 |     |     |      |
|    | Thr | Ile | Pro | Leu  | Gly | Met | Lys | Phe | Glu  | Leu | Ala | Phe | Ile  | Lys | Gly | Gln  |
| 45 |     |     |     | 1425 |     |     |     |     | 1430 |     |     |     | 1435 |     |     | 1440 |
|    | Phe | Ser | Glu | Val  | Asn | Ser | Leu | Gly | Ile  | Ser | Tyr | Ala | Trp  | Glu | Ala | Tyr  |
|    |     |     |     | 1445 |     |     |     |     | 1450 |     |     |     | 1455 |     |     |      |
|    | Arg | Lys | Val | Glu  | Gly | Gly | Ala | Val | Gln  | Leu | Leu | Glu | Ala  | Gly | Phe | Asp  |
| 50 |     |     |     | 1460 |     |     |     |     | 1465 |     |     |     | 1470 |     |     |      |
|    | Trp | Glu | Gly | Ala  | Pro | Met | Asp | Leu | Pro  | Arg | Gln | Glu | Leu  | Arg | Val | Ala  |
|    |     |     |     | 1475 |     |     |     |     | 1480 |     |     |     | 1485 |     |     |      |
| 55 | Leu | Glu | Asn | Asn  | Thr | Glu | Trp | Ser | Ser  | Tyr | Phe | Ser | Thr  | Val | Leu | Gly  |
|    |     |     |     | 1490 |     |     |     |     | 1495 |     |     |     | 1500 |     |     |      |
|    | Leu | Thr | Ala | Phe  | Cys | Gly | Gly | Phe | Thr  | Ser | Thr | Asp | Ser  | Lys | Leu | Gly  |
| 60 |     |     |     | 1505 |     |     |     |     | 1510 |     |     |     | 1515 |     |     | 1520 |
|    | Tyr | Glu | Ala | Asn  | Thr | Gly | Leu | Arg | Leu  | Ile | Phe |     |      |     |     |      |
|    |     |     |     | 1525 |     |     |     |     | 1530 |     |     |     |      |     |     |      |

65 <210> 16  
 <211> 4596  
 <212> ADN

# ES 2 284 840 T3

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 16

5  
 atgagttccg agaaagatat aaaaagcacc tgttctaagt tttctttgtc tgtagtagca 60  
 gctatccttg cctctgtag cgggttagct agttgcgtag atcttcatgc tggaggacag 120  
 10 tctgtaaata agctggtata tgtaggccct caagcggttt tattgttaga ccaaattcga 180  
 gatctattcg ttgggtctaa agatagtcag gctgaaggac agtatagggt aattgtagga 240  
 gatccaagtt ctttccaaga gaaagatgcy gatactcttc ccgggaaggt agagcaaagt 300  
 actttgttct cagtaaccaa tcccgtgggt ttccaagggt tggaccaaca ggatcaagtc 360  
 15 tcttcccaag ggtaatttg tagttttacg agcagcaacc ttgattctcc tcgtgacgga 420  
 gaatcttttt taggtattgc ttttgttggg gatagtagta aggctggaat cacattaact 480  
 gacgtgaaag cttctttgtc tggagcggct ttatattcta cagaagatct tatctttgaa 540  
 20 aagattaagg gtggattgga atttgcatca tgttcttctc tagaacaggg gggagcttgt 600  
 gcagctcaaa gtattttgat tcatgattgt caaggattgc aggttaaaca ctgtactaca 660  
 gccgtgaatg ctgagggggtc tagtgcgat gatcatcttg gatttggagg aggcgctttc 720  
 25 tttgttacgg gttctctttc tggagagaaa agtctctata tgcctgcagg agatatggta 780  
 gttgcgaatt gtgatggggc tatactcttt gaaggaaaca gcgcgaactt tgctaatagga 840  
 ggagcgaatt ctgcctctgg gaaagtgctt tttgtcgcta atgataaaaa gacttctttt 900  
 atagagaacc gagctttgtc tggaggagcg attgcagcct cttctgatata tgcctttcaa 960  
 30 aactgcgcag aactagtttt caaaggcaat tgtgcaattg gaacagagga taaaggttct 1020  
 ttaggtggag gggctatata ttctctaggc accgttcttt tgcaagggaa tcacgggata 1080  
 acttgtgata agaatgagtc tgcttcgcaa ggaggcgcca tttttggcaa aaattgtcag 1140  
 35 atttctgaca acgagggggc agtgggtttc agagatagta cagcttgctt aggaggaggc 1200  
 gctattgcag ctcaagaaat tgtttctatt cagaacaatc aggetgggat ttctctcgag 1260  
 ggaggtaagg ctagtttcgg aggaggtatt gcgtgtggat ctttttcttc cgcaggtggt 1320  
 40 gcttctgttt tagggaccat tgatatttcg aagaatttag gcgcgatttc gttctctcgt 1380  
 actttatgta cgacctcaga tttaggacaa atggagtacc agggaggagg agctctattt 1440  
 ggtgaaaata tttctctttc tgagaatgct ggtgtgctca cctttaaaga caacattgtg 1500  
 45 aagacttttg cttcgaatgg gaaaattctg ggaggaggag cgatttttag tactggtaag 1560  
 gtggaaatta ctaataattc cgaaggaatt tcttttacag gaaatgcgag agctccacaa 1620  
 gctcttccaa ctcaagagga gtttccttta ttcagcaaaa aagaaggcg accactctct 1680  
 tcaggatatt ctgggggagg agcgatttta ggaagagaag tagctattct ccacaacgct 1740  
 50 gcagtagtat ttgagcaaaa tcgtttgtag tgcagcgaag aagaagcgac attattagggt 1800  
 tgttgtggag gaggcgtgt tcatgggatg gatagcactt cgattgttgg caactcttca 1860  
 gtaagatttg gtaataatta cgcaatggga caaggagtct caggaggagc tcttttatct 1920  
 55 aaaacagtgc agttagctgg gaatggaagc gtcgattttt ctcgaaatat tgctagtttg 1980  
 ggaggaggag ctcttcaagc ttctgaagga aattgtgagc tagttgataa cggctatgtg 2040  
 ctattcagag ataatcgagg gagggtttat gggggtgcta tttcttgctt acgtggagat 2100

60

65

ES 2 284 840 T3

5 gtagtcattt ctggaacaa gggtagagtt gaatttaaag acaacatagc aacacgtcct 2160  
 tatgtggaag aaactgtaga aaaggttgaa gaggtagagc cagctcctga gcaaaaagac 2220  
 aataatgagc tttctttcct agggagagca gaacagagtt ttattactgc agctaatcaa 2280  
 gctcttttcg catctgaaga tggggattta tcacctgagt catccatttc ttctgaagaa 2340  
 cttgcgaaaa gaagagagtg tgctggagga gctatTTTTg caaaacgggt tcgtattgta 2400  
 10 gataaccaag aggccgttgt attctcgaat aacttctctg atatttatgg cggcgccatt 2460  
 tttacagggt ctcttcgaga agaggataag ttagatgggc aatccctga agtcttgatc 2520  
 tcaggcaatg caggggatgt tgtTTTTtcc ggaaattcct cgaagcgtga tgagcatcct 2580  
 cctcatacag gtgggggagc catttgtact caaaatttga cgatttctca gaatacaggg 2640  
 15 aatgttctgt tttataacaa cgtggcctgt tcgggaggag ctgttcgtat agaggatcat 2700  
 ggtaatgttc tttttagaagc ttttgaggga gatattgttt ttaaaggaaa ttcttctttc 2760  
 agagcacaag gatccgatgc tatctatTTT gcaggtaaag aatcgcatac tacagccctg 2820  
 20 aatgctacgg aaggacatgc tattgttttc cagcagcat tagtttttga aaatctagaa 2880  
 gaaaggaaat ctgctgaagt attgttaatc aatagtcgag aaaatccagg ttacactgga 2940  
 tctattcgat tttttagaagc agaaagtaa gttcctcaat gtattcatgt acaacaagga 3000  
 25 agccttgagt tgctaaatgg agccacatta tgtagttatg gttttaaaca agatgctgga 3060  
 gctaagttgg tattggctgc tggagctaaa ctgaagattt tagattcagg aactcctgta 3120  
 caacaagggc atgctatcag taaacctgaa gcagaaatcg agtcatcttc tgaaccagag 3180  
 ggtgcacatt ctctttggat tgcgaagaat gctcaaaaa cagttcctat ggttgatatac 3240  
 30 catactatTT ctgtagatTT agcctccttc tcttctagtc aacaggaggg gacagtagaa 3300  
 gctcctcagg ttattgttcc tggaggaagt tatgttcgat ctggagagct taatttggag 3360  
 ttagttaaaca caacaggtac tggttatgaa aatcatgctt tattgaagaa tgaggctaaa 3420  
 35 gttccattga tgtctttcgt tgcttctggt gatgaagctt cagccgaaat cagtaacttg 3480  
 tcggtttctg atttacagat tcatgtagta actccagaga ttgaagaaga cacatacggc 3540  
 catatgggag attggtctga ggctaaaatt caagatggaa ctcttgatcat tagttggaat 3600  
 40 cctactggat atcgattaga tcctcaaaaa gcaggggctt tagtatttaa tgcattatgg 3660  
 gaagaagggg ctgtcttgtc tgctctgaaa aatgcacgct ttgctcataa tctcactgct 3720  
 cagcgtatgg aattcgatta ttctacaaat gtgtggggat tcgcctttgg tggtttccga 3780  
 actctatctg cagagaatct ggttgctatt gatggataca aaggagctta tggtggtgct 3840  
 45 tctgctggag tcgatattca attgatggaa gattttgttc taggagttag tggagctgct 3900  
 ttcttaggta aaatggatag tcagaagttt gatgaggagg tttctcggaa gggagttggt 3960  
 ggttctgtat atacaggatt tttagctgga tcctggttct tcaaaggaca atatagcctt 4020  
 50 ggagaaacac agaacgatat gaaaacgctt tatggagtac taggagagtc gagtgcttct 4080  
 tggacatctc gaggagtact ggcagatgct ttagttgaat accgaagttt agttggtcct 4140  
 gtgagacctc ctttttatgc tttgcatttc aatccttatg tcgaagtatc ttatgcttct 4200  
 55 atgaaattcc ctggctttac agaacaagga agagaagcgc gttcttttga agacgcttcc 4260  
 cttaccaata tcaccattcc tttagggatg aagtttgaat tggcgttcat aaaaggacag 4320  
 ttttcagagg tgaactcttt gggataaagt tatgcatggg aagcttatcg aaaagtagaa 4380  
 60 ggaggcgcgg tgcagctttt agaagctggg tttgattggg agggagctcc aatggatcct 4440  
 cctagacagg agctgctgtg cgctctggaa aataatacgg aatggagttc ttacttcagc 4500  
 acagtcttag gattaacagc tttttgtgga ggatttactt ctacagatag taaactagga 4560  
 65 tatgaggcga atactggatt gcgattgatc ttttaa 4596

ES 2 284 840 T3

<211> 340

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

5

<400> 17

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

60

65

## ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | Ser | Arg | Gln | Ala | Pro | Asp | Asp | Ser | Phe | Lys | Lys | Leu | Glu | Asp | Arg | Phe |
|    |     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
| 5  | Thr | Asn | Leu | Lys | Phe | Lys | Val | Arg | Lys | Ile | Thr | Ser | Ser | His | Arg | Gly |
|    |     |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
|    | Asn | Ile | Cys | Ile | Gly | Ala | Thr | Asn | Tyr | Val | Ala | Asp | Asn | Phe | Phe | Tyr |
|    | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |
| 10 | Asn | Val | Glu | Gly | Arg | Trp | Gly | Ser | Gln | Arg | Ala | Val | Asn | Val | Ser | Gly |
|    |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
|    | Gly | Phe | Gln | Phe |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| 15 |     |     | 340 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

<210> 18

<211> 1023

20 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 18

|    |             |            |            |            |            |            |      |
|----|-------------|------------|------------|------------|------------|------------|------|
| 25 | atgagtagca  | agctagtga  | ctatctccgt | ttgactttcc | tatctttttt | agggatcgca | 60   |
|    | tctacttcat  | tagacgctat | gcctgcgggg | aatccggcgt | ttccagtcac | cccggggatt | 120  |
|    | aatattgaac  | agaaaaatgc | ctgttctttc | gatttatgta | attcttatga | tgtactatcc | 180  |
| 30 | gcactgtccg  | gtaacctgaa | gctctgcttc | tgcggagatt | atatcttttc | agaagaagct | 240  |
|    | caggtaaaaag | atgtccctgt | cgttacctct | gtgacaacag | ctggggttgg | tccttctcct | 300  |
|    | gatattactt  | cgacaaccaa | aacgcgaaat | ttcgatctcg | tgaactgtaa | tctcaataca | 360  |
| 35 | aactgtgtag  | ctgtagcttt | ttcccttctc | gatcgttcgc | tgagcgcgat | tcctctgttt | 420  |
|    | gatgtgagtt  | tcgaagtgaa | agtaggagga | ctgaaacaat | actaccgcct | tccatgaat  | 480  |
|    | gcctatcgag  | acttcacctc | ggaacctctc | aattctgaat | cagaagttac | ggacgggatg | 540  |
| 40 | attgaagtac  | agtccaatta | cggatttggt | tgggatgtta | gcttgaaaaa | agtcatatgg | 600  |
|    | aaagatggcg  | tttcttttgt | aggcgtcggg | gcgactatc  | gccatgcttc | ttgccctatt | 660  |
|    | gactacatca  | ttgcaaacag | tcaagcta   | ccagaagtat | tcatcgctga | ctcggatggg | 720  |
|    | aaactgaact  | tcaaggagtg | gagtgctctg | gtaggtctta | ctacctatgt | gaatgactac | 780  |
| 45 | gttcttctct  | acttagcgtt | ttctataggg | agtgtttctc | gccaagctcc | ggacgacagc | 840  |
|    | ttcaaaaaat  | tagaagatcg | cttactaac  | ctcaaattta | aagttcgtaa | aattaccagc | 900  |
|    | tctcatcgtg  | gaaacatctg | catcggagcg | acaaactatg | tcgccgataa | cttcttctac | 960  |
| 50 | aacgtagaag  | gaagatgggg | aagccagcgc | gctgtgaacg | tctccggagg | attccaattc | 1020 |
|    | taa         |            |            |            |            |            | 1023 |

55 <210> 19

<211> 350

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

60

65

ES 2 284 840 T3

<400> 19

5 Met Ser Leu Phe Ser Lys Phe Lys Ala Gln Trp Met Phe Leu His Ser  
 1 5 10 15  
 Arg Glu Leu Cys Ser Ser Thr Ser Asp Ile Gly Asn Thr Cys Ser Asp  
 20 25 30  
 10 Pro Val Phe Gln Val Leu Cys Asn Pro Val Arg Ser Glu Ile Ser Tyr  
 35 40 45  
 Lys Val Gly Asp Ser Leu Gly Val Phe Pro Thr Asn Pro Ser Ile Leu  
 50 55 60  
 15 Val Asp Ser Val Leu Asp Ala Leu Gln Tyr Gly Pro Arg Ser Pro Val  
 65 70 75 80  
 Val Ser Arg His Ala Asp Ser Val Leu Pro Leu His Glu Phe Leu Thr  
 85 90 95  
 20 Ser Tyr Val Asp Leu Asp Lys Ile Pro Lys Ser Leu Arg Pro Phe Phe  
 100 105 110  
 Pro Gly Asp Leu Asp Asp Thr Trp Ser Leu Ala Glu Ala Ile Leu Val  
 115 120 125  
 25 Tyr Gln Pro Arg Ile Pro Phe Glu Glu Phe Ile Arg Ser Ala Met Pro  
 130 135 140  
 30 Leu Leu Pro Arg Phe Tyr Ser Ile Ala Ser Ser Pro Thr Cys Ser His  
 145 150 155 160  
 Gly Lys Leu Glu Leu Leu Val Arg Cys Val Ser Phe Gln Gly Lys Thr  
 165 170 175  
 35 Gln Leu Arg Tyr Gly Leu Cys Ser Ala Phe Leu Cys Lys Asp Leu Gln  
 180 185 190  
 40 Glu Gly Glu Ser Phe Arg Gly Phe Ile Gln Pro Thr Arg His Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Glu Gln Lys Asn Phe Gly Lys Pro Leu Ile Met Ile Gly Ala Gly  
 210 215 220  
 45 Thr Gly Ile Ala Pro Tyr Lys Gly Phe Leu Gln His Arg Ile Tyr His  
 225 230 235 240  
 Gln Asp Val Gly Ser Asn Ile Leu Phe Phe Gly Glu Arg Phe Glu Lys  
 245 250 255  
 50 Ser Asn Phe Tyr Tyr Arg Asp Phe Leu Gln Glu Leu Ile Val Ser Gly  
 260 265 270  
 55 Lys Leu Gln Leu Phe Thr Ala Phe Ser Arg Asp Ser Glu Ser Lys Leu  
 275 280 285  
 Tyr Val Gln Asn Val Ile Glu Gln Gln Lys Glu Leu Ile Gln Glu Val  
 290 295 300  
 60 Tyr Glu Gln Glu Ala Phe Phe Phe Val Cys Gly Lys Lys Ile Leu Gly  
 305 310 315 320

65

ES 2 284 840 T3

Thr Glu Val Lys Arg Ala Leu Glu Gln Ile Leu Gly Pro Lys Ala Val  
 325 330 335  
 5 Arg Glu Leu Ile Ala Gln Lys Arg Leu Val Ser Asp Val Tyr  
 340 345 350

<210> 20

10 <211> 1053

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

15 <400> 20

atgtctttat tttctaaatt caaagctcag tggatgtttt tacattcagc tgagctttgt 60  
 20 tcttccacat cggatattgg gaatacttgt tcggatcctg ttttccaggt tttatgtaat 120  
 ccggttcggt ctgagatttc ctataaagtt ggggattcct tgggggtatt cccaacaaat 180  
 ccttccatat tagtcgattc agttctagat gctttacagt atggccccag gtctcctgtc 240  
 25 gtatctcggc atgcagattc tgttctccct cttcacgaat ttcttactag ttacgtagac 300  
 ttagataaaa ttccaaaatc gttaagacct tttttcccag gggatttaga cgatacctgg 360  
 tcttttagctg aagctatfff ggtttaccag ccgctgattc cttttgaaga gtttattcgg 420  
 agtgcgatgc ctttattgcc tcgattttat tctatagctt cttctccaac atgttctcat 480  
 30 gggaagctag agttgctcgt gcgctgtggt agtttccaag gtaaaacgca gctgcgctat 540  
 ggattatggt cggctttttt atgtaaggac ttacaagagg gagagtcttt tcgtgggttt 600  
 atacaaccga cgcggcattt tactttggag cagaaaaatt ttgggaaacc ttttaattatg 660  
 35 atcggagcag ggacaggtat cgctccgtac aaagggttct tacaacatcg aatataccat 720  
 caggacgtag gctccaatat tctattcttt ggagagcgtt ttgagaaaag taacttctat 780  
 taccgggatt ttctccagga gctgatcgtt tcaggaaaac tccagttatt cacagccttt 840  
 tccagagatt ccgagtctaa attgtagtgg cagaatgta tagagcaaca aaaagaactt 900  
 40 atacaagaag tctacgaaca agaagctttc ttttttgggt gtgggaaaaa aatccttggg 960  
 acggaagtta aacgtgcttt agagcagata ttaggtccta aggcggtacg agagctgatt 1020  
 gcacagaaga gactagtffc agacgtatac taa 1053

45

<210> 21

<211> 1770

50 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 21

55 Met Lys Phe Met Ser Ala Thr Ala Val Phe Ala Ala Ala Leu Ser Ser  
 1 5 10 15  
 60 Val Thr Glu Ala Ser Ser Ile Gln Asp Gln Ile Lys Asn Thr Asp Cys  
 20 25 30

65

ES 2 284 840 T3

Asn Val Ser Lys Leu Gly Tyr Ser Thr Ser Gln Ala Phe Thr Asp Met  
 35 40 45  
 5 Met Leu Ala Asp Asn Thr Glu Tyr Arg Ala Ala Asp Ser Val Ser Phe  
 50 55 60  
 Tyr Asp Phe Ser Thr Ser Ser Arg Leu Pro Arg Lys His Leu Ser Ser  
 65 70 75 80  
 10 Ser Ser Glu Ala Ser Pro Thr Thr Glu Gly Val Ser Ser Ser Ser Ser  
 85 90 95  
 Gly Glu Thr Asp Glu Lys Thr Glu Glu Glu Leu Asp Asn Gly Gly Ile  
 15 100 105 110  
 Ile Tyr Ala Arg Glu Lys Leu Thr Ile Ser Glu Ser Gln Asp Ser Leu  
 115 120 125  
 20 Ser Asn Gln Ser Ile Glu Leu His Asp Asn Ser Ile Phe Phe Gly Glu  
 130 135 140  
 Gly Glu Val Ile Phe Asp His Arg Val Ala Leu Lys Asn Gly Gly Ala  
 25 145 150 155 160  
 Ile Tyr Gly Glu Lys Glu Val Val Phe Glu Asn Ile Lys Ser Leu Leu  
 165 170 175  
 Val Glu Val Asn Ile Ala Val Glu Lys Gly Gly Ser Val Tyr Ala Lys  
 30 180 185 190  
 Glu Arg Val Ser Leu Glu Asn Val Thr Glu Ala Thr Phe Ser Ser Asn  
 195 200 205  
 35 Gly Gly Glu Gln Gly Gly Gly Gly Ile Tyr Ser Glu Gln Asp Met Leu  
 210 215 220  
 Ile Ser Asp Cys Asn Asn Val His Phe Gln Gly Asn Ala Ala Gly Ala  
 40 225 230 235 240  
 Thr Ala Val Lys Gln Cys Leu Asp Glu Glu Met Ile Val Leu Leu Ala  
 245 250 255  
 Glu Cys Val Asp Ser Leu Ser Glu Asp Thr Leu Asp Ser Thr Pro Glu  
 45 260 265 270  
 Thr Glu Gln Thr Glu Ser Asn Gly Asn Gln Asp Gly Ser Ser Glu Thr  
 275 280 285  
 50 Glu Asp Thr Gln Val Ser Glu Ser Pro Glu Ser Thr Pro Ser Pro Asp  
 290 295 300  
 Asp Val Leu Gly Lys Gly Gly Gly Ile Tyr Thr Glu Lys Ser Leu Thr  
 55 305 310 315 320  
 Ile Thr Gly Ile Thr Gly Thr Ile Asp Phe Val Ser Asn Ile Ala Thr  
 325 330 335  
 Asp Ser Gly Ala Gly Val Phe Thr Lys Glu Asn Leu Ser Cys Thr Asn  
 60 340 345 350  
 Thr Asn Ser Leu Gln Phe Leu Lys Asn Ser Ala Gly Gln His Gly Gly  
 355 360 365  
 65

ES 2 284 840 T3

Gly Ala Tyr Val Thr Gln Thr Met Ser Val Thr Asn Thr Thr Ser Glu  
 370 375 380  
 5 Ser Ile Thr Thr Pro Pro Leu Ile Gly Glu Val Ile Phe Ser Glu Asn  
 385 390 395 400  
 Thr Ala Lys Gly His Gly Gly Gly Ile Cys Thr Asn Lys Leu Ser Leu  
 405 410 415  
 10 Ser Asn Leu Lys Thr Val Thr Leu Thr Lys Asn Ser Ala Lys Glu Ser  
 420 425 430  
 Gly Gly Ala Ile Phe Thr Asp Leu Ala Ser Ile Pro Ile Thr Asp Thr  
 15 435 440 445  
 Pro Glu Ser Ser Thr Pro Ser Ser Ser Ser Pro Ala Ser Thr Pro Glu  
 450 455 460  
 20 Val Val Ala Ser Ala Lys Ile Asn Arg Phe Phe Ala Ser Thr Ala Lys  
 465 470 475 480  
 Pro Ala Ala Pro Ser Leu Thr Glu Ala Glu Ser Asp Gln Thr Asp Gln  
 485 490 495  
 25 Thr Glu Thr Ser Asp Thr Asn Ser Asp Ile Asp Val Ser Ile Glu Asn  
 500 505 510  
 Ile Leu Asn Val Ala Ile Asn Gln Asn Thr Ser Ala Lys Lys Gly Gly  
 30 515 520 525  
 Ala Ile Tyr Gly Lys Lys Ala Lys Leu Ser Arg Ile Asn Asn Leu Glu  
 530 535 540  
 35 Leu Ser Gly Asn Ser Ser Gln Asp Val Gly Gly Gly Leu Cys Leu Thr  
 545 550 555 560  
 Glu Ser Val Glu Phe Asp Ala Ile Gly Ser Leu Leu Ser His Tyr Asn  
 565 570 575  
 40 Ser Ala Ala Lys Glu Gly Gly Ala Ile His Ser Lys Thr Val Thr Leu  
 580 585 590  
 Ser Asn Leu Lys Ser Thr Phe Thr Phe Ala Asp Asn Thr Val Lys Ala  
 595 600 605  
 Ile Val Glu Ser Thr Pro Glu Ala Pro Glu Glu Ile Pro Pro Val Glu  
 610 615 620  
 50 Gly Glu Glu Ser Thr Ala Thr Glu Asp Pro Asn Ser Asn Thr Glu Gly  
 625 630 635 640  
 Ser Ser Ala Asn Thr Asn Leu Glu Gly Ser Gln Gly Asp Thr Ala Asp  
 645 650 655  
 55 Thr Gly Thr Gly Asp Val Asn Asn Glu Ser Gln Asp Thr Ser Asp Thr  
 660 665 670  
 Gly Asn Ala Glu Ser Glu Glu Gln Leu Gln Asp Ser Thr Gln Ser Asn  
 60 675 680 685  
 Glu Glu Asn Thr Leu Pro Asn Ser Asn Ile Asp Gln Ser Asn Glu Asn  
 690 695 700  
 65

ES 2 284 840 T3

Thr Asp Glu Ser Ser Asp Ser His Thr Glu Glu Ile Thr Asp Glu Ser  
 705 710 715 720  
 5 Val Ser Ser Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Thr Pro Gln Asp Gly Gly  
 725 730 735  
 Ala Ala Ser Ser Gly Ala Pro Ser Gly Asp Gln Ser Ile Ser Ala Asn  
 10 740 745 750  
 Ala Cys Leu Ala Lys Ser Tyr Ala Ala Ser Thr Asp Ser Ser Pro Val  
 755 760 765  
 15 Ser Asn Ser Ser Gly Ser Glu Glu Pro Val Thr Ser Ser Ser Asp Ser  
 770 775 780  
 Asp Val Thr Ala Ser Ser Asp Asn Pro Asp Ser Ser Ser Ser Gly Asp  
 785 790 795 800  
 20 Ser Ala Gly Asp Ser Glu Glu Pro Thr Glu Pro Glu Ala Gly Ser Thr  
 805 810 815  
 Thr Glu Thr Leu Thr Leu Ile Gly Gly Gly Ala Ile Tyr Gly Glu Thr  
 25 820 825 830  
 Val Lys Ile Glu Asn Phe Ser Gly Gln Gly Ile Phe Ser Gly Asn Lys  
 835 840 845  
 30 Ala Ile Asp Asn Thr Thr Glu Gly Ser Ser Ser Lys Ser Asp Val Leu  
 850 855 860  
 Gly Gly Ala Val Tyr Ala Lys Thr Leu Phe Asn Leu Asp Ser Gly Ser  
 865 870 875 880  
 35 Ser Arg Arg Thr Val Thr Phe Ser Gly Asn Thr Val Ser Ser Gln Ser  
 885 890 895  
 Thr Thr Gly Gln Val Ala Gly Gly Ala Ile Tyr Ser Pro Thr Val Thr  
 40 900 905 910  
 Ile Ala Thr Pro Val Val Phe Ser Lys Asn Ser Ala Thr Asn Asn Ala  
 915 920 925  
 45 Asn Asn Thr Thr Asp Thr Gln Arg Lys Asp Thr Phe Gly Gly Ala Ile  
 930 935 940  
 Gly Ala Thr Ser Ala Val Ser Leu Ser Gly Gly Ala His Phe Leu Glu  
 945 950 955 960  
 50 Asn Val Ala Asp Leu Gly Ser Ala Ile Gly Leu Val Pro Gly Thr Gln  
 965 970 975  
 Asn Thr Glu Thr Val Lys Leu Glu Ser Gly Ser Tyr Tyr Phe Glu Lys  
 55 980 985 990  
 Asn Lys Ala Leu Lys Arg Ala Thr Ile Tyr Ala Pro Val Val Ser Ile  
 995 1000 1005  
 60 Lys Ala Tyr Thr Ala Thr Phe Asn Gln Asn Arg Ser Leu Glu Glu Gly  
 1010 1015 1020  
 Ser Ala Ile Tyr Phe Thr Lys Glu Ala Ser Ile Glu Ser Leu Gly Ser  
 1025 1030 1035 1040  
 65

ES 2 284 840 T3

Val Leu Phe Thr Gly Asn Leu Val Thr Leu Thr Leu Ser Thr Thr Thr  
 1045 1050 1055  
 5 Glu Gly Thr Pro Ala Thr Thr Ser Gly Asp Val Thr Lys Tyr Gly Ala  
 1060 1065 1070  
 Ala Ile Phe Gly Gln Ile Ala Ser Ser Asn Gly Ser Gln Thr Asp Asn  
 10 1075 1080 1085  
 Leu Pro Leu Lys Leu Ile Ala Ser Gly Gly Asn Ile Cys Phe Arg Asn  
 1090 1095 1100  
 15 Asn Glu Tyr Arg Pro Thr Ser Ser Asp Thr Gly Thr Ser Thr Phe Cys  
 1105 1110 1115 1120  
 Ser Ile Ala Gly Asp Val Lys Leu Thr Met Gln Ala Ala Lys Gly Lys  
 1125 1130 1135  
 20 Thr Ile Ser Phe Phe Asp Ala Ile Arg Thr Ser Thr Lys Lys Thr Gly  
 1140 1145 1150  
 Thr Gln Ala Thr Ala Tyr Asp Thr Leu Asp Ile Asn Lys Ser Glu Asp  
 1155 1160 1165  
 25 Ser Glu Thr Val Asn Ser Ala Phe Thr Gly Thr Ile Leu Phe Ser Ser  
 1170 1175 1180  
 Glu Leu His Glu Asn Lys Ser Tyr Ile Pro Gln Asn Val Val Leu His  
 1185 1190 1195 1200  
 Ser Gly Ser Leu Val Leu Lys Pro Asn Thr Glu Leu His Val Ile Ser  
 1205 1210 1215  
 35 Phe Glu Gln Lys Glu Gly Ser Ser Leu Val Met Thr Pro Gly Ser Val  
 1220 1225 1230  
 Leu Ser Asn Gln Thr Val Ala Asp Gly Ala Leu Val Ile Asn Asn Met  
 1235 1240 1245  
 40 Thr Ile Asp Leu Ser Ser Val Glu Lys Asn Gly Ile Ala Glu Gly Asn  
 1250 1255 1260  
 Ile Phe Thr Pro Pro Glu Leu Arg Ile Ile Asp Thr Thr Thr Gly Gly  
 1265 1270 1275 1280  
 Ser Gly Gly Thr Pro Ser Thr Asp Ser Glu Ser Asn Gln Asn Ser Asp  
 1285 1290 1295  
 50 Asp Thr Glu Glu Gln Asn Asn Asn Asp Ala Ser Asn Gln Gly Glu Ser  
 1300 1305 1310  
 Ala Asn Gly Ser Ser Ser Pro Ala Val Ala Ala Ala His Thr Ser Arg  
 1315 1320 1325  
 Thr Arg Asn Phe Ala Ala Ala Ala Thr Ala Thr Pro Thr Thr Thr Pro  
 1330 1335 1340  
 60 Thr Ala Thr Thr Thr Thr Ser Asn Gln Val Ile Leu Gly Gly Glu Ile  
 1345 1350 1355 1360  
 Lys Leu Ile Asp Pro Asn Gly Thr Phe Phe Gln Asn Pro Ala Leu Arg  
 1365 1370 1375  
 65

ES 2 284 840 T3

Ser Asp Gln Gln Ile Ser Leu Leu Val Leu Pro Thr Asp Ser Ser Lys  
 1380 1385 1390  
 5 Met Gln Ala Gln Lys Ile Val Leu Thr Gly Asp Ile Ala Pro Gln Lys  
 1395 1400 1405  
 Gly Tyr Thr Gly Thr Leu Thr Leu Asp Pro Asp Gln Leu Gln Asn Gly  
 1410 1415 1420  
 10 Thr Ile Ser Val Leu Trp Lys Phe Asp Ser Tyr Arg Gln Trp Ala Tyr  
 1425 1430 1435 1440  
 Val Pro Arg Asp Asn His Phe Tyr Ala Asn Ser Ile Leu Gly Ser Gln  
 1445 1450 1455  
 15 Met Leu Met Val Thr Val Lys Gln Gly Leu Leu Asn Asp Lys Met Asn  
 1460 1465 1470  
 20 Leu Ala Arg Phe Glu Glu Val Ser Tyr Asn Asn Leu Trp Ile Ser Gly  
 1475 1480 1485  
 Leu Gly Thr Met Leu Ser Gln Val Gly Thr Pro Thr Ser Glu Glu Phe  
 1490 1495 1500  
 25 Thr Tyr Tyr Ser Arg Gly Ala Ser Val Ala Leu Asp Ala Lys Pro Ala  
 1505 1510 1515 1520  
 His Asp Val Ile Val Gly Ala Ala Phe Ser Lys Met Ile Gly Lys Thr  
 1525 1530 1535  
 30 Lys Ser Leu Lys Arg Glu Asn Asn Tyr Thr His Lys Gly Ser Glu Tyr  
 1540 1545 1550  
 35 Ser Tyr Gln Ala Ser Val Tyr Gly Gly Lys Pro Phe His Phe Val Ile  
 1555 1560 1565  
 Asn Lys Lys Thr Glu Lys Ser Leu Pro Leu Leu Leu Gln Gly Val Ile  
 1570 1575 1580  
 40 Ser Tyr Gly Tyr Ile Lys His Asp Thr Val Thr His Tyr Pro Thr Ile  
 1585 1590 1595 1600  
 Arg Glu Arg Asn Lys Gly Glu Trp Glu Asp Leu Gly Trp Leu Thr Ala  
 1605 1610 1615  
 45 Leu Arg Val Ser Ser Val Leu Arg Thr Pro Ala Gln Gly Asp Thr Lys  
 1620 1625 1630  
 50 Arg Ile Thr Val Tyr Gly Glu Leu Glu Tyr Ser Ser Ile Arg Gln Lys  
 1635 1640 1645  
 Gln Phe Thr Glu Thr Glu Tyr Asp Pro Arg Tyr Phe Asp Asn Cys Thr  
 1650 1655 1660  
 55 Tyr Arg Asn Leu Ala Ile Pro Met Gly Leu Ala Phe Glu Gly Glu Leu  
 1665 1670 1675 1680  
 Ser Gly Asn Asp Ile Leu Met Tyr Asn Arg Phe Ser Val Ala Tyr Met  
 1685 1690 1695  
 60 Leu Ser Ile Tyr Arg Asn Ser Pro Thr Cys Lys Tyr Gln Val Leu Ser  
 1700 1705 1710  
 65

ES 2 284 840 T3

Ser Gly Glu Gly Gly Glu Ile Ile Cys Gly Val Pro Thr Arg Asn Ser  
 1715 1720 1725  
 5 Ala Arg Gly Glu Tyr Ser Thr Gln Leu Tyr Leu Gly Pro Leu Trp Thr  
 1730 1735 1740  
 Leu Tyr Gly Ser Tyr Thr Ile Glu Ala Asp Ala His Thr Leu Ala His  
 1745 1750 1755 1760  
 10 Met Met Asn Cys Gly Ala Arg Met Thr Phe  
 1765 1770

<210> 22  
 15 <211> 5313  
 <212> ADN  
 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 20 <400> 22

atgaaattta tgtcagctac tgcgtatatt gctgcagcac tctcctccgt tactgaggcg 60  
 25 agctcgatcc aagatcaaat aaagaatacc gactgcaatg ttagcaaatt aggatattca 120  
 acttctcaag catttactga tatgatgcta gcagacaaca cagagtatcg agctgctgat 180  
 agtgtttcat tctatgactt ttcgacatct tccagattac ctagaaaaca tcttagtagt 240  
 agtagtgaag cttctccaac gacagaagga gtgtcttcat cttcatctgg agaaactgat 300  
 30 gagaaaacag aagaagaact agacaatggc ggaatcattt atgctagaga gaaactaact 360  
 atctcagaat ctcaggactc tctctctaata caaagcatag aactccatga caatagtatt 420  
 ttcttcggag aaggtgaagt tatctttgat cacagagttg cctcaaaaa cggaggagct 480  
 35 atttatggag agaaagaggt agtctttgaa aacataaaat ctctactagt agaagtaaat 540  
 atcgcggtcg agaaaggggg tagcgtctat gcaaaagaac gagtatcttt agaaaatggt 600  
 accgaagcaa ctttctcctc caatgggtggg gaacaaggtg gtgggtggaat ctattcagaa 660  
 40 caggatatgt taatcagtga ttgcaacaat gtacatttcc aagggaatgc tgcaggagca 720  
 acagcagtaa aacaatgtct ggatgaagaa atgatcgtat tgctcgcaga atgctgtgat 780  
 agcttatccg aagatacact ggatagcact ccagaaacgg aacagactga gtcaaattgga 840  
 45 aatcaagacg gttcgtctga aacagaagat acacaagtat cagaatcacc agaatcaact 900  
 cctagccccg acgatgtttt aggtaaaggt ggtggatatct atacagaaaa atctttgacc 960  
 atcactggaa ttacagggac tatagatttt gtacagtaaca tagctaccga ttctggagca 1020  
 ggtgtattca ctaaagaaaa cttgtcttgc accaacacga atagcctaca gtttttgaaa 1080  
 50 aactcggcag gtcaacatgg aggaggagcc tacgttactc aaacctatgc tgttactaat 1140  
 acaactagtg aaagtataac tactccccct ctcataggag aagtgatttt ctctgaaaat 1200  
 acagctaaag ggcacggtgg tggatctctgc actaacaac tttctttatc taatttaaaa 1260  
 55 acggtgactc tcaactaaaa ctctgcaaag gagtctggag gagctatfff tacagatctg 1320  
 gcgtctatac caataacaga taccacagaa tcttctacc cctcttctc ctgcctgca 1380  
 agcactcctg aagtagttgc ttctgctaaa ataaatcgtat tctttgcctc tacggcaaaa 1440  
 60 ccggcagccc cttctctaac agaggctgag tctgatcaaa cggatcaaac agaaacttct 1500  
 gatactaata gcgatataga cgtgtcgtatt gagaacattt tgaatgtcgc tatcaatcaa 1560

65

## ES 2 284 840 T3

aacacttctg cgaaaaaagg aggggctatt tacgggaaaa aagctaaact ttcccgtatt 1620  
 aacaatcttg aactttcagg gaattcatcc caggatgtag gaggaggtct ctgtttaact 1680  
 5 gaaagcgtag aatttgatgc aattggatcg ctcttatccc actataactc tgctgctaaa 1740  
 gaaggtgggg ctattcattc taaaacgggt actctatcta acctcaagtc taccttcact 1800  
 tttgcagata aactgttaa agcaatagta gaaagcactc ctgaagctcc agaagagatt 1860  
 10 cctccagtag aaggagaaga gtctacagca acagaagatc caaattctaa tacagaagga 1920  
 agttcggcta aactaacct tgaaggatct caaggggata ctgctgatac agggactggt 1980  
 gatgttaaca atgagtctca agacacatca gatactggaa acgctgaatc tgaagaacaa 2040  
 ctacaagatt ctacacaatc taatgaagaa aatacccttc ccaatagtaa tattgatcaa 2100  
 15 tctaacgaaa acacagacga atcatctgat agccacactg aggaaataac tgacgagagt 2160  
 gtctcatcgt cctctgaaag tggatcatct actcctcaag atggaggagc agcttcttca 2220  
 ggggctccct caggagatca atctatctct gcaaacgctt gtttagctaa aagctatgct 2280  
 20 gcgagtactg atagctcccc cgtatcta atctcaggtt cagaagagcc tgctacttct 2340  
 tcttcagatt cagacgttac tgcatcttct gataatccag actcttctc atctggagat 2400  
 agcgtggag actctgaaga accgactgag ccagaagctg gttctacaac agaaactctt 2460  
 actttaatag gaggaggtgc tatctatgga gaaactgtta agattgagaa cttctctggc 2520  
 25 caaggaatat tttctggaaa caaagctatc gataacacca cagaaggctc ctcttccaaa 2580  
 tctgacgtcc tcggaggtgc ggtctatgct aaaacattgt ttaatctcga tagcgggagc 2640  
 tctagacgaa ctgtcacctt ctccgggaat actgtctctt ctcaatctac aacaggtcag 2700  
 30 gttgctggag gagctatcta ctctcctact gtaaccattg ctactcctgt agtattttct 2760  
 aaaaactctg caacaaacaa tgctaataac actacagata ctcagagaaa agacaccttt 2820  
 ggaggagcta tcggagctac ttctgctggt tctctatcag gaggggctca tttcttagaa 2880  
 35 aacgttgctg acctcggatc tgctattggg ttggtgccag gcacacaaaa tacagaaaca 2940  
 gtgaaattag agtctggctc ctactacttt gaaaaaata aagctttaa acgagctact 3000  
 atttacgcac ctgtcgtttc cattaaagcc tatactgcga catttaacca aaacagatct 3060  
 40 ctagaagaag gaagcgcgat ttactttaca aaagaagcat ctattgagtc tttaggctct 3120  
 gttctcttca caggaaactt agtaacccta acgctaagca caactacaga aggcacacca 3180  
 gccacaacct caggagatgt aacaaaatat ggtgctgcta tctttggaca aatagcaagc 3240  
 tcaaacggat ctacagacgga taaccttccc ctgaaactca ttgcttcagg aggaaatatt 3300  
 45 tgtttccgaa acaatgaata ccgtcctact tcttctgata ccggaacctc tactttctgt 3360  
 agtattgctg gagatgttaa attaaccatg caagctgcaa aagggaaaac gatcagtttc 3420  
 tttgatgcaa tccggacctc tactaagaaa acaggtacac aggcaactgc ctacgatact 3480  
 50 ctcgatatta ataaatctga ggattcagaa actgtaaact ctgctgttac aggaacgatt 3540  
 ctgttctcct ctgaattaca tgaaaataaa tcctatattc cacaaaacgt agttctacac 3600  
 agtggatctc ttgtattgaa gccaaatacc gagcttcatg ttatttcttt tgagcagaaa 3660  
 55 gaaggctctt ctctcgttat gacacctgga tctgttcttt cgaaccagac tgttgctgat 3720  
 ggagctttgg tcataataaa catgaccatt gatttatcca gcgtagagaa aaatggtatt 3780  
 gctgaaggaa atatctttac tcctccagaa ttgagaatca tagacactac tacaggtgga 3840  
 agcggtgga cccatctac agatagtga agtaaccaga atagtgatga taccgaggag 3900  
 60 caaataata atgacgcctc gaatcaagga gaaagcgcga atggatcgtc ttctcctgca 3960  
 gtagctgctg cacacacatc tcgtacaaga aactttgccg ctgcagctac agccacacct 4020  
 acgacaacac caacggctac aactacaaca agcaaccaag taatcctagg aggagaaatt 4080

65

ES 2 284 840 T3

aaactcatcg atcctaattgg gaccttcttc cagaaccctg cattaagatc cgaccaacaa 4140  
 atctccttgt tagtgctccc tacagactca tcaaaaatgc aagctcagaa aatagtactg 4200  
 5 acgggtgata ttgctcctca gaaaggatat acaggaacac tcaactctgga tcttgatcaa 4260  
 ctacaaaatg gaacgatctc agtgctctgg aaatttgact cttatagaca atgggcttat 4320  
 gtacctagag acaatcattt ctatgcgaac tcgattctgg gatctcaa atgtaatggtc 4380  
 10 acagtcaa acaggcttgct caacgataaa atgaatctag ctcgctttga ggaagtttagc 4440  
 tataacaacc tgtggatatt aggactagga acgatgctat cgcaagtagg aacacctact 4500  
 tctgaagaat tcaattatta cagcagagga gcttctgttg ccttagatgc taaaccagcc 4560  
 catgatgtga ttgttgagc tgcatttagt aagatgatcg ggaaaacaaa atccttgaaa 4620  
 15 agagagaata actacactca caaaggatcc gaatattctt accaagcatc ggtatacggg 4680  
 ggcaaacat tccactttgt aatcaataaa aaaacggaaa aatcgctacc gctattgtta 4740  
 caaggagtca tctcttacgg atatatcaaa catgatacag tgactcacta tccaacgatc 4800  
 20 cgtgaacgaa acaaaggaga atgggaagac ttaggatggc tgacagctct ccgtgtctcc 4860  
 tctgtcttaa gaactcctgc acaaggggat actaaacgta tcaactgttta cggagaattg 4920  
 gaatactcca gtatccgta gaaacaattc acagaaacag aatcagatcc tcgttacttc 4980  
 25 gacaactgca cctatagaaa cttagcaatt cctatgggtg tagcattcga aggagagctc 5040  
 tctggtaacg atattttgat gtacaacaga ttctctgtag catacatgct atcaatctat 5100  
 cgaaattctc caacatgcaa ataccaagtg ctctcttcag gagaaggcgg agaaattatt 5160  
 tgtggagtac cgacaagaaa ctcagctcgc ggagaatata gcacgcagct gtacctggga 5220  
 30 cctttgtgga ctctgtatgg atcctacacg atagaagcag acgcacatac actagctcat 5280  
 atgatgaact gcggtgctcg tatgacattc taa 5313

35 <210> 23  
 <211> 408  
 <212> PRT  
 40 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 <400> 23

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

65

ES 2 284 840 T3

100 105 110  
 Val Glu Ile Cys Gln Ala Ser Tyr Gln Thr Cys His His Gln Gly Pro  
 5 115 120 125  
 His Gly Lys Thr Ser Leu Pro Glu Gln Arg Ser Phe Cys Thr Lys Val  
 130 135 140  
 10 Cys Gly Lys Glu Ala Ile Trp Leu Pro Gln Asn Thr Ile Leu Phe Ser  
 145 150 155 160  
 Pro Leu Val Ala Asp Pro Arg Gln Ala Thr Asn Ser Ala Gly Ile Arg  
 165 170 175  
 15 Phe Asn Asp Glu Val Leu Gly Lys Arg Val Gly Ser Ala Thr Phe Gly  
 180 185 190  
 Gly Asp Phe Ile Phe Leu Arg Leu Phe Asp Ile Ser Arg Phe His Gly  
 20 195 200 205  
 Asp Met Asp Ile Gly Leu Gln Gly Ala Val Phe Ser Val Phe Asp Leu  
 210 215 220  
 25 Asp His Pro Glu Ala Cys Met Val Asn Ser Asp Phe Phe Val Ala Ala  
 225 230 235 240  
 Leu Cys Asn Phe Ala Val Asn Lys Trp Ser Tyr Arg Phe Arg Leu Trp  
 245 250 255  
 30 His Leu Ser Ser His Leu Gly Asp Glu Phe Ile Leu Ala Asn Gln Leu  
 260 265 270  
 Pro Pro Lys Lys Arg Tyr Asn Arg Ser Asp Glu Ala Val Asp Phe Phe  
 35 275 280 285  
 Ala Ser Phe Arg Tyr Thr Pro Gln Ile Arg Val Tyr Gly Gly Ile Gly  
 290 295 300  
 40 Tyr Ile Ile Ser Arg Asp Leu Thr Phe Pro Glu Asp Pro Leu Tyr Phe  
 305 310 315 320  
 Glu Gly Gly Ile Glu Leu Arg Pro Phe Gly Leu Arg Glu Asp Asn Leu  
 325 330 335  
 45 His Ala Gln Pro Val Phe Ala Met His Phe Arg Phe Trp Glu Glu His  
 340 345 350  
 Asp Phe Ser Ile Asp Gln Thr Tyr Ile Val Gly Met Glu Trp Ser Lys  
 50 355 360 365  
 Phe Gln Asp Val Gly Arg Lys Val Arg Ala Val Leu Glu Tyr His Gln  
 370 375 380  
 55 Gly Phe Ser His Glu Gly Gln Phe Val Arg Glu Glu Cys Asp Tyr Tyr  
 385 390 395 400  
 Gly Phe Arg Leu Ser Tyr Gly Phe  
 405

60

<210> 24

<211> 1227

65 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

## ES 2 284 840 T3

<400> 24

```

 atgatgaaac ctctacgttt cggttatttc ttttgcgcaa tctatatttac tttggttacag 60
5 gcagcgtttg ctaaagaacc gaattcttgt cccgactgcc agaataattg gaaagaagtc 120
 acccacacgg atcaactccc agaaaacatc attcatgctg atgatgcttg ttatcactct 180
 ggttatgtac aggctctcat tgatatgcat ttcttagata gctgctgcca ggtcatcgtt 240
10 gaaaaccaa ctgcttactt attttctctt cctacagatg atgttacgcg caacgccatt 300
 atcaacctaa ttaaagacct tccattcatt cactccgtag aaatctgcca agcatcctat 360
 caaacctgtc atcatcaagg ccctcatgga aagacttctc ttccagaaca acgttctttc 420
 tgtacaaagg tctgtggaaa agaagctatt tggttaccac agaataccat cctattctcg 480
15 cctcttgtag cagatcctag acaagcaact aatagtgcag gtatccggtt taacgacgaa 540
 gtcttaggaa aacgtgttgg ctctgctacc ttcggtggag atttcatctt cttacgatta 600
 tttgatatct cccgattcca tggagacatg gatattggtc tccaaggagc tgtattctct 660
20 gttttcgacc tggatcatcc agaagcttgc atgggtcaact ctgacttttt tgtcgcgct 720
 ttgtgcaact ttgcagtgaa caaatggagc taccgcttca gactatggca tctttcttct 780
 catcttggcg acgaatttat tcttgccaac cagttacctc ctaaaaaacg ttataatcga 840
25 agcgatgaag ccgctgattt ctttgccttct tttcgttaca ctccacagat ccgtgtttat 900
 ggaggtattg ggtatatcat tagtcgagat ttaacattcc ctgaagatcc tctttacttt 960
 gaaggaggta tcgaactacg tcctttcgga ttacgggaag acaaccttca tgcccaaccc 1020
 gtctttgcta tgcattttcg cttttgggaa gagcatgact tttctataga ccaaacctat 1080
30 atagtaggca tggagtggtc caaattccag gatgtagga gaaaagtgcg cgctgtattg 1140
 gaataccacc aaggtttctc ccacgaagga caatttgtcc gagaagaatg cgattattat 1200
 ggctttcgat taagttatgg cttctag 1227

```

35

<210> 25

<211> 792

40 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 25

45

```

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

```

60

65

ES 2 284 840 T3

Ser Gln Ala Asp Phe Asp Glu Asp Leu Arg Thr Leu Ser Lys Asp Phe  
 65 70 75 80  
 5 Asp Arg Val Glu Pro Ile Val Glu Phe Arg Asn Gly Gln Ala Val Ile  
 85 90 95  
 Ser Leu Ile Leu Thr Ala Lys Pro Val Ile Arg Glu Ile Asn Ile Ser  
 10 100 105 110  
 Gly Asn Glu Ala Ile Pro Thr His Lys Ile Leu Lys Thr Leu Glu Leu  
 115 120 125  
 Tyr Lys Asn Asp Leu Phe Asp Arg Glu Leu Phe Phe Lys Asn Phe Asp  
 15 130 135 140  
 Ala Leu Arg Thr Leu Tyr Leu Lys Arg Gly Tyr Tyr Asp Ser Gln Leu  
 145 150 155 160  
 20 Ser Tyr Ser His Asn His Asn Glu Lys Glu Gly Phe Ile Asp Ile Ser  
 165 170 175  
 Ile Glu Ile Lys Glu Gly Arg His Gly Arg Ile Lys Lys Leu Thr Ile  
 25 180 185 190  
 Ser Gly Ile Thr Arg Thr Glu Ala Ser Asp Leu Gly Asp Ile Val Leu  
 195 200 205  
 Thr Lys Gln Tyr Ser Thr Thr Thr Ser Trp Phe Thr Gly Ala Gly Val  
 30 210 215 220  
 Tyr His Pro Asp Met Val Glu Gln Asp Leu Phe Ala Ile Thr Asn Tyr  
 225 230 235 240  
 35 Phe Gln Asn Lys Gly Tyr Ala Asp Ala Lys Val Ser Lys Glu Val Ser  
 245 250 255  
 Thr Asp Ala Lys Gly Asn Ile Thr Leu Leu Ile Val Val Asp Lys Gly  
 40 260 265 270  
 Pro Leu Tyr Thr Leu Gly His Val His Ile Glu Gly Phe Thr Ala Leu  
 275 280 285  
 45 Ser Lys Arg Leu Leu Asp Lys Gln Leu Leu Val Gly Pro Asn Ser Leu  
 290 295 300  
 Tyr Cys Pro Asp Lys Ile Trp Thr Gly Ala Gln Lys Ile Arg Ser Ala  
 305 310 315 320  
 50 Tyr Ala Arg Tyr Gly Tyr Val Asn Thr Asn Val Asp Val Ser Phe Ser  
 325 330 335  
 Ala His Pro Thr Leu Pro Val Tyr Asp Val Thr Tyr Arg Val Ser Glu  
 55 340 345 350  
 Gly Ser Pro Tyr Lys Ile Gly Leu Ile Lys Ile Lys Gly Asn Thr His  
 355 360 365  
 60 Thr Lys His Asp Val Ile Leu His Glu Thr Ser Leu Phe Pro Gly Asp  
 370 375 380  
 Thr Phe Asp Arg Leu Lys Leu Glu Gly Thr Glu Thr Arg Leu Arg Asn  
 385 390 395 400  
 65

ES 2 284 840 T3

Thr Gly Tyr Phe Lys Ser Val Ser Val Tyr Thr Val Arg Ser Gln Leu  
 405 410 415  
 5 Asp Pro Leu Asp Ser Asn Asp Leu Tyr Arg Asp Val Phe Ile Glu Val  
 420 425 430  
 Lys Glu Thr Glu Thr Gly Asn Leu Gly Leu Phe Leu Gly Phe Ser Ser  
 10 435 440 445  
 Ile Asp His Leu Phe Gly Gly Ala Glu Ile Ala Glu Ser Asn Phe Asp  
 450 455 460  
 15 Leu Phe Gly Ala Arg Asn Phe Leu Lys Lys Gly Phe Lys Ser Leu Arg  
 465 470 475 480  
 Gly Gly Gly Glu Tyr Leu Phe Leu Lys Ala Asn Leu Gly Asp Lys Val  
 485 490 495  
 20 Thr Asp Tyr Thr Val Lys Trp Thr Lys Pro His Phe Leu Asn Thr Pro  
 500 505 510  
 Trp Ile Leu Gly Val Glu Leu Asp Lys Ser Ile Asn Lys Ala Leu Ser  
 25 515 520 525  
 Lys Asp Tyr Ser Val Asp Thr Tyr Gly Gly Asn Ile Ser Thr Thr Tyr  
 530 535 540  
 30 Ile Leu Asn Asp Lys Leu Lys Tyr Gly Met Tyr Tyr Arg Gly Ser Gln  
 545 550 555 560  
 Thr Ser Leu Ser Leu Arg Lys Lys Thr Ser Ser Ser Asn Arg Pro Gly  
 565 570 575  
 35 Pro Asp Leu Asp Ser Asn Lys Gly Phe Val Ser Ala Ala Gly Leu Asn  
 580 585 590  
 Val Leu Tyr Asp Ser Ile Asp Asn Pro Arg Lys Pro Thr Met Gly Ile  
 40 595 600 605  
 Arg Ser Ser Leu Asn Phe Glu Leu Ser Gly Leu Gly Gly Thr Tyr Gln  
 610 615 620  
 45 Phe Thr Lys Leu Thr Ala Ser Gly Ser Ile Tyr Arg Leu Leu Thr Lys  
 625 630 635 640  
 Lys Gly Val Leu Lys Val Arg Ala Glu Ala Lys Phe Ile Lys Pro Phe  
 645 650 655  
 50 Gly Thr Thr Thr Ala Gln Gly Ile Pro Val Ser Glu Arg Phe Phe Leu  
 660 665 670  
 Gly Gly Glu Thr Thr Val Arg Gly Tyr Lys Pro Phe Ile Ile Gly Pro  
 55 675 680 685  
 Lys Phe Ser Pro Thr Glu Pro Gln Gly Gly Leu Ser Ser Leu Leu Leu  
 690 695 700  
 60 Thr Glu Glu Phe Gln Tyr Pro Leu Ile Ser Gln Pro Cys Ile Asn Ala  
 705 710 715 720  
 Phe Val Phe Leu Asp Ser Gly Phe Ile Gly Ile Glu Glu Tyr Thr Ile  
 725 730 735  
 65

## ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | Arg | Leu | Lys | Asp | Leu | Cys | Ser | Ser | Ala | Gly | Phe | Gly | Leu | Arg | Phe | Asp |
|    |     |     |     | 740 |     |     |     |     | 745 |     |     |     |     | 750 |     |     |
| 5  | Met | Met | Asn | Asn | Val | Pro | Ile | Met | Leu | Gly | Trp | Gly | Trp | Pro | Phe | Arg |
|    |     |     | 755 |     |     |     |     | 760 |     |     |     |     | 765 |     |     |     |
|    | Pro | Thr | Glu | Ile | Leu | Asn | Asn | Glu | Lys | Ile | Asp | Val | Ser | Gln | Arg | Phe |
|    |     |     | 770 |     |     |     | 775 |     |     |     |     | 780 |     |     |     |     |
| 10 | Phe | Phe | Ala | Leu | Gly | Gly | Val | Phe |     |     |     |     |     |     |     |     |
|    |     |     |     |     |     |     | 785 |     |     |     |     |     |     |     |     | 790 |

15 <210> 26

<211> 2379

<212> ADN

20 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 26

|    |              |                |                 |                |                  |                |      |
|----|--------------|----------------|-----------------|----------------|------------------|----------------|------|
|    | atgcttggaa   | tacgcaaaaa     | aacgattctg      | caactcgctg     | tttactggt        | gctcaccttt     | 60   |
| 25 | tcacgaagtt   | ctttctgttc     | aacttcagaa      | ggacgtatgg     | tcgtagagtc       | tatcaccatt     | 120  |
|    | acgactcaag   | gagagaatac     | tcaaaataaa      | cgagctattc     | ctaaaataaa       | aacaaagcag     | 180  |
|    | gggacgttgt   | tctctcaagc     | agatthttgat     | gaagatctaa     | gaacactttc       | gaaagatttt     | 240  |
| 30 | gatcgagtag   | agcctatcgt     | agagthttcgt     | aatggacaag     | ctgtgatctc       | tctgattctg     | 300  |
|    | acggcaaaac   | ctgttatcag     | agagatcaat      | atttcaggaa     | atgaagctat       | ccccactcat     | 360  |
|    | aaaattctga   | aaactttaga     | gctttataaa      | aatgatcttt     | ttgatcggga       | attattcttt     | 420  |
|    | aaaaatthttg  | atgctgctaag    | aactctthttat    | ttgaaacgag     | ggtactacga       | ttctcaactc     | 480  |
| 35 | tcctattctc   | ataatcataa     | tgagaaagag      | ggctthttatcg   | atathttccat      | cgagattaaa     | 540  |
|    | gaaggacgtc   | acggtcgcac     | aaaaaaatta      | acgathttcgg    | gaattacgcg       | aacagaagca     | 600  |
|    | tcagacttag   | gtgacattgt     | thtaactaaa      | caatactcca     | caacaacgag       | ctggthttcact   | 660  |
| 40 | ggtgccggag   | tgtatcatcc     | ggacatggta      | gagcaagact     | tathttgctat      | cacaaattac     | 720  |
|    | thccaaaaata  | aaggatatgc     | tgatgctaaa      | gtaagcaaaag    | aggtctctac       | agatgctaaa     | 780  |
|    | ggaaacatta   | ctthttgcttat   | cgthttgtagac    | aaaggacctt     | tatacacatt       | aggtcacgta     | 840  |
| 45 | catatagaag   | gattcacagc     | gthtatccaaa     | agactgctcg     | ataaaacaact      | athttgthttgga  | 900  |
|    | cctaactcct   | tathttgccc     | agataaaatt      | thggactggag    | cacaaaagat       | tcgtagcgca     | 960  |
|    | tacgctagat   | atggctacgt     | gaacactaac      | gthttgatgtct   | cctthttcagc      | gcacccct       | 1020 |
|    | ctacctgthtt  | acgatgthttac   | ctatcgagtg      | agthttgaaggt   | ctccctacaa       | aathttcgthttta | 1080 |
| 50 | athttaaatca  | aagthttgaacac  | tcatactaaag     | catgatgtga     | thtttgcatga      | gactagthttctt  | 1140 |
|    | thccctggag   | acactthtttga   | tagathttaaaa    | ctgthttgaaggt  | cagagactcg       | thttacgcaac    | 1200 |
|    | accgthttact  | thtaaaagthttgt | aagthttgtctat   | acgthttctgthtt | cccaathttaga     | thctctthttgat  | 1260 |
| 55 | thtaacgacc   | thttatcgaga    | thgtthtttatt    | gaagthttcaaag  | agactgthttaac    | agthttaatctt   | 1320 |
|    | gggctathttct | taggathttcag   | ctccathttgac    | cathtttathttg  | gagthttgcaga     | aathttgcagaa   | 1380 |
|    | agcaactthttg | athtttathttg   | agcccgthttaac   | thttctcaaaa    | aagthtttcaa      | athtttthttaga  | 1440 |
| 60 | ggtgthttggag | aathttctctt    | cctaaagct       | aathtttaggag   | athttagthttcac   | cgathttact     | 1500 |
|    | gthttaaatgga | cgaathttaccaca | ctthttctthttaat | acccctthttgga  | thctthttggagthtt | agaathtttagat  | 1560 |

65

## ES 2 284 840 T3

```

aaatcaatta ataaagcttt atcaaaagac tactctgtgg atacctatgg agggaatatic 1620
agtaccacct acattcttaa cgataagtta aaatatggga tgtattaccg tggtagccaa 1680
5 acaagcttaa gtttgcgcaa aaaaacgtcc agctctaata gacctggacc agatttagat 1740
agtaataaag gatttgtttc cgcagcggga ctcaatgttc tctatgattc tattgataat 1800
cctagaaaac ctactatggg aatccgcagc tccttaaact ttgaattatc tggtttaggc 1860
10 ggaacttacc aatttactaa actaacagct agtggttcta tctatcgctt attaactaaa 1920
aaaggtgttt tgaaagtccg tgcagaagct aagtttatca aacctttcgg aacaacaact 1980
gcacaaggca ttctgtcag cgaacggttc ttcttaggag gtgaaaccac tgttcgcggg 2040
taciaaacctt ttattattgg accgaaattt tctcctactg aaccacaagg aggcttgtct 2100
15 tccctactat taacagaaga atttcaatat cctttgattt ctcaaccttg cattaatgcc 2160
tttgtatttc tagattccgg attcattggg atagaagagt aactattcg cctgaaagac 2220
ctttgcagta gcgccggatt tggctctacgc tttgatatga tgaataatgt gccattatg 2280
20 ctaggctggg gttggccgtt ccgcccaaca gaaatcctca ataataaaaa aattgatgta 2340
tctcaaagat tcttttttgc cttgggagga gtattctag 2379

```

25 <210> 27

<211> 254

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

30

<400> 27

```

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

```

65

ES 2 284 840 T3

Tyr Phe Ser Arg Ser Ala Ile Pro His Asn Phe Lys His Pro Thr Pro  
 165 170 175  
 5 Ile Tyr Leu His Ile Gly Val Tyr Ala Phe Arg Lys Ala Phe Leu Ser  
 180 185 190  
 Glu Tyr Val Lys Ile Pro Pro Ser Ser Leu Ser Leu Ala Glu Asp Leu  
 195 200 205  
 10 Glu Gln Leu Arg Val Leu Glu Ile Gly Arg Ser Ile Tyr Val His Val  
 210 215 220  
 Val Gln Asn Ala Thr Gly Pro Ser Val Asp Tyr Pro Glu Asp Ile Thr  
 15 225 230 235 240  
 Lys Val Glu Gln Tyr Leu Leu Cys Leu Ser Lys Ala Ser Phe  
 245 250

20  
 <210> 28  
 <211> 765  
 25 <212> ADN  
 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 <400> 28

30  
 gtgtttgcgt ttttaaccag caaaaaagtc ggcattctcc cctctagatg ggggaagctcc 60  
 cgcttccccg gaaaacctct agcaaaaatt ctagggaaaa cccttgttca aagatcctat 120  
 35 gaaaatgcct taagcagtca atctctagat tgcgttggtg tggcaacaga tgatcaacga 180  
 atttttgacc atgtcgttga atttgggggg ctctgtgtca tgactagcac atcttgcgct 240  
 aacggaactg agcgagtaga agaggttgtg tctcgacatt ttcctcaagc agagattggt 300  
 40 gtgaacatcc aaggagacga gccctgttta tctcctaccg tcatagatgg gcttgtgagc 360  
 acgctagaga acaatcctgc tgacagatag gtcacatctg ttacagaaac aacagacccc 420  
 gaagcgatat tgacagatca caaagtgaag tgtgttttcg ataagaatgg caaagctctt 480  
 tactttagca gaagcgctat tcctcacaac tttaaaccacc caacgcctat ttatctgcat 540  
 45 attggtgttt atgcttttag aaaagctttt ctaagtgaat atgttaaaat tcctccttcc 600  
 tcgttaagcc tagccgaaga tcttgaacaa ttacgagat tagaaatagg tcgttctatc 660  
 tacgttcatg tcgttcagaa tgcaacgggc ctttctgttg attatcccga agatataacc 720  
 50 aaagtggagc agtatttatt atgtctttca aaagcatctt tttga 765

<210> 29  
 <211> 692  
 55 <212> PRT  
 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 <400> 29

60 Met Ile Arg Gln Trp Tyr Gly Phe Phe Leu Cys Leu Leu Phe Ser Tyr

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | 1   |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     | 15  |     |     |     |
|    | Thr | Ser | Cys | Phe | Gly | Val | Glu | Glu | Asn | Ser | Gly | Arg | Ala | Thr | Pro | Thr |
|    |     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     | 30  |     |     |     |
| 5  | Val | Glu | Leu | Val | Ser | Glu | Ser | Glu | Gln | Ala | Val | Glu | Gly | Glu | Val | Leu |
|    |     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
|    | Arg | Ile | Gly | Val | Leu | Ile | Ala | Ile | Pro | Glu | Gly | Glu | His | Ile | Tyr | Trp |
| 10 |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
|    | Lys | Asn | Pro | Gly | Lys | Leu | Gly | Met | Pro | Leu | Arg | Ile | Ser | Trp | Asp | Leu |
|    | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| 15 | Pro | Ser | Gly | Cys | Arg | Leu | Leu | Glu | Glu | His | Trp | Pro | Thr | Pro | Glu | Ile |
|    |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     |     | 95  |     |
|    | Phe | Glu | Glu | Asp | Gly | Val | Val | Tyr | Phe | Gly | Tyr | Lys | His | Ser | Thr | Met |
| 20 |     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |
|    | Val | Val | Ala | Asp | Ile | Arg | Val | Ser | Lys | Glu | Ile | Glu | Thr | Arg | Pro | Leu |
|    |     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |
| 25 | Glu | Ile | Lys | Ala | Gln | Val | Glu | Trp | Leu | Ser | Cys | Gly | Ala | Ser | Cys | Leu |
|    | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |
|    | Pro | Gly | Ser | Ser | Ser | Arg | Val | Leu | Val | Ile | Pro | Ile | Asp | Gln | Gly | Pro |
|    | 145 |     |     |     | 150 |     |     |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |     |
| 30 | Leu | Ile | Pro | Asn | Ser | Lys | Glu | Thr | Phe | Thr | Phe | Ser | Arg | Ala | Leu | Ala |
|    |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |
|    | Ala | Gln | Pro | Arg | Pro | Leu | Asp | Ala | Ala | Ile | Lys | Ile | Ser | Tyr | Gln | Pro |
| 35 |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |
|    | Asp | Gly | Leu | Asp | Val | Phe | Val | Pro | Ala | Gly | Lys | Ala | Asp | Arg | Ala | Thr |
|    |     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |
| 40 | Gln | Ala | Trp | Phe | Ile | Ala | Glu | Asn | Thr | Arg | Asp | Phe | Ala | Tyr | Ala | Gln |
|    | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |
|    | Glu | Val | Pro | Leu | Glu | Gln | Ala | Thr | Thr | Tyr | Ile | Trp | Lys | Leu | Lys | His |
|    | 225 |     |     |     | 230 |     |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |     |
| 45 | Pro | Glu | Gly | Asn | Met | Pro | Lys | Gly | Ile | Gly | Leu | Ser | Gly | Ile | Leu | Ile |
|    |     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |
|    | Phe | Lys | Asp | Asp | Ala | Gly | Lys | Val | Val | Ala | Ser | Tyr | Gln | Val | Glu | Glu |
| 50 |     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     |     | 270 |     |
|    | Asn | Gln | Val | Glu | Gln | Leu | Ser | Ala | Leu | Ser | Trp | Arg | Phe | Leu | Ser | Ile |
|    |     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
| 55 | Leu | Leu | Met | Ala | Phe | Ile | Gly | Gly | Ile | Leu | Leu | Asn | Ile | Met | Pro | Cys |
|    | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
|    | Val | Leu | Pro | Leu | Ile | Thr | Leu | Lys | Val | Phe | Ser | Leu | Ile | Lys | Ser | Ala |
|    | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |
| 60 | Ala | Asp | His | His | Ser | Ser | Ser | Val | Ile | Gly | Gly | Ile | Gly | Phe | Thr | Leu |
|    |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
|    | Gly | Ala | Ile | Val | Ser | Phe | Trp | Gly | Leu | Ala | Phe | Cys | Ala | Phe | Leu | Leu |

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|
|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|    |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |     |  |  |  |
|    | Lys | Val | Leu | Gly | Gln | Asn | Ile | Gly | Trp | Gly | Phe | Gln | Leu | Gln | Glu | Pro |  |  |  |
|    |     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |  |  |  |
| 5  | Met | Phe | Val | Ala | Val | Leu | Ile | Ile | Val | Phe | Phe | Leu | Phe | Ala | Leu | Ser |  |  |  |
|    |     |     | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Ser | Leu | Gly | Val | Phe | Glu | Met | Gly | Ile | Ile | Cys | Leu | Ser | Leu | Gly | Lys |  |  |  |
| 10 |     |     | 385 |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |  |  |  |
|    | Lys | Leu | Gln | Glu | Glu | Gly | Gly | Ala | Ser | Val | Arg | Lys | Asn | Gln | Ile | Trp |  |  |  |
|    |     |     |     | 405 |     |     |     | 410 |     |     |     | 415 |     |     |     |     |  |  |  |
| 15 | Gly | Ala | Phe | Phe | Asn | Gly | Met | Leu | Thr | Thr | Leu | Val | Thr | Thr | Pro | Cys |  |  |  |
|    |     |     |     | 420 |     |     |     | 425 |     |     |     | 430 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Thr | Gly | Pro | Phe | Leu | Gly | Ser | Val | Phe | Gly | Leu | Val | Met | Ala | Val | Ser |  |  |  |
| 20 |     |     | 435 |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Phe | Val | Lys | Gln | Leu | Ala | Ile | Phe | Thr | Ala | Ile | Gly | Leu | Gly | Met | Ala |  |  |  |
|    |     |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Ser | Pro | Tyr | Leu | Leu | Phe | Ala | Ser | Phe | Pro | Lys | Met | Leu | Ala | Ile | Leu |  |  |  |
| 25 |     |     | 465 |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |     |  |  |  |
|    | Pro | Lys | Pro | Gly | Pro | Trp | Met | Ser | Thr | Phe | Lys | Gln | Leu | Thr | Gly | Phe |  |  |  |
|    |     |     |     | 485 |     |     |     | 490 |     |     |     | 495 |     |     |     |     |  |  |  |
| 30 | Met | Leu | Leu | Ala | Thr | Ala | Thr | Trp | Leu | Ile | Trp | Ile | Phe | Gly | Val | Glu |  |  |  |
|    |     |     |     | 500 |     |     |     | 505 |     |     |     | 510 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Thr | Ser | Ala | Thr | Ala | Val | Thr | Ile | Leu | Leu | Val | Gly | Leu | Trp | Leu | Ala |  |  |  |
| 35 |     |     | 515 |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Ala | Val | Gly | Ala | Trp | Ile | Leu | Gly | Arg | Trp | Gly | Thr | Leu | Val | Ser | Pro |  |  |  |
|    |     |     | 530 |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Arg | Asn | Gln | Arg | Leu | Leu | Ala | Ser | Val | Val | Phe | Ile | Phe | Cys | Ile | Leu |  |  |  |
| 40 |     |     | 545 |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     | 560 |     |  |  |  |
|    | Ser | Ser | Leu | Val | Ile | Thr | Ser | Ile | Gly | Val | Arg | Tyr | Phe | Asp | Glu | Asn |  |  |  |
|    |     |     |     | 565 |     |     |     | 570 |     |     |     | 575 |     |     |     |     |  |  |  |
| 45 | Val | Pro | Pro | Ala | His | Ser | Ser | Asp | Trp | Gln | Ser | Phe | Ser | Pro | Glu | Lys |  |  |  |
|    |     |     |     | 580 |     |     |     | 585 |     |     |     | 590 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Leu | Ala | Asp | Leu | Arg | Glu | Lys | Gly | Ile | Pro | Val | Phe | Val | Asn | Phe | Thr |  |  |  |
| 50 |     |     | 595 |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Ala | Lys | Trp | Cys | Leu | Thr | Cys | Gln | Leu | Asn | Lys | Pro | Leu | Leu | His | Ala |  |  |  |
|    |     |     | 610 |     |     |     | 615 |     |     |     |     | 620 |     |     |     |     |  |  |  |
| 55 | Asn | Met | Gln | Ala | Phe | Ala | Ala | Lys | Gly | Val | Val | Thr | Leu | Glu | Ala | Asp |  |  |  |
|    |     |     | 625 |     |     | 630 |     |     |     |     | 635 |     |     |     | 640 |     |  |  |  |
|    | Trp | Thr | Lys | Lys | Asp | Pro | Lys | Ile | Thr | Glu | Glu | Leu | Ala | Arg | Leu | Gly |  |  |  |
|    |     |     |     | 645 |     |     |     | 650 |     |     |     | 655 |     |     |     |     |  |  |  |
| 60 | Arg | Ala | Ser | Val | Pro | Ser | Tyr | Val | Tyr | Tyr | Pro | Ala | Gly | Asn | Lys | Ala |  |  |  |
|    |     |     |     | 660 |     |     |     | 665 |     |     |     | 670 |     |     |     |     |  |  |  |
|    | Pro | Leu | Ile | Leu | Pro | Glu | Arg | Leu | Ser | Gln | Ser | Ala | Leu | Glu | Glu | Met |  |  |  |

65

ES 2 284 840 T3

|    | 675                                                                    | 680 | 685 |  |
|----|------------------------------------------------------------------------|-----|-----|--|
|    | Val Phe Ser Gln                                                        |     |     |  |
|    | 690                                                                    |     |     |  |
| 5  |                                                                        |     |     |  |
|    | <210> 30                                                               |     |     |  |
|    | <211> 2079                                                             |     |     |  |
| 10 | <212> ADN                                                              |     |     |  |
|    | <213> <i>Chlamydia trachomatis</i>                                     |     |     |  |
|    | <400> 30                                                               |     |     |  |
| 15 |                                                                        |     |     |  |
|    | atgattcggc aatggtatgg attttttctt tgcttgctgt tcagctatac gtcttgtttt 60   |     |     |  |
|    | ggtgtagaag aaaatagtgg aagagctacg cctacagtag aacttgttag tgaagcgaa 120   |     |     |  |
| 20 | caagctgttg aaggagaagt gcttcgtatc ggagattga ttgctattcc agaaggagag 180   |     |     |  |
|    | catactact ggaaaaatcc agggaaagctt ggaatgcctt tgcgcatttc ttgggatttg 240  |     |     |  |
|    | ccatcaggat gtaggttgct ggaggaacat tggccgactc cagagatttt cgaagaggat 300  |     |     |  |
|    | ggggttgttt attttggtta taaacattct acaatggtgg ttgcggatat tcgctgttct 360  |     |     |  |
| 25 | aaagagatag aaacgcgtcc attggagata aaagcgcaag ttgaatggtt gtcttgcggt 420  |     |     |  |
|    | gcatcttgtc tcccaggttc ttcgtcaagg gttcttgtga ttcctataga tcaggggccg 480  |     |     |  |
|    | ttaattccta atagtaaaga gacattcact ttttcccgtg cgttagcggc tcaacctcga 540  |     |     |  |
| 30 | cctttggatg ctgccataaa gatttcttat cagcctgatg gcttagatgt ttttgtgcca 600  |     |     |  |
|    | gcagggaaag cggatcgggc aaccaggca tggttcattg ctgaaaacac gcgagatttt 660   |     |     |  |
|    | gcttatgctc aagaggttcc tcttgagcaa gcgactacgt acatatggaa gttgaaacat 720  |     |     |  |
| 35 | cctgaaggaa atatgcctaa gggatttggg ttgtcgggga ttcttatatt caaggatgat 780  |     |     |  |
|    | gcagggaaag tagtcgcttc gtatcaagta gaagagaatc aagtcgaaca gctttcggca 840  |     |     |  |
|    | ttgagctgga ggtttctctc tattcttctt atggctttca ttggtggaat cttattaaac 900  |     |     |  |
| 40 | atcatgccct gtgtattgcc tctgattact ttgaaagtat ttagtttaat taaatcggcg 960  |     |     |  |
|    | gcagatcacc attcttctc tgtgattgga gggattgggt ttactttagg ggctattgta 1020  |     |     |  |
|    | agcttttggg gactcgcttt ttgtgcgttt ttgttaaagg ttttagggca aaatattgga 1080 |     |     |  |
|    | tggggattcc agcttcaaga acccatgttt gttgccgttt taattattgt cttcttctta 1140 |     |     |  |
| 45 | tttgtctgta gttcgtagg cgtttttgag atgggaataa tttgtctgag ctagggaaa 1200   |     |     |  |
|    | aaattgcaag aagagggagg ggcacggta aggaagaatc agatctgggg agcttttttc 1260  |     |     |  |
|    | aatgggatgt tgactaccct ggttacaact ccttgcactg ggccttttct tggctctgta 1320 |     |     |  |
| 50 | tttggattag ttatggcagt gtcttttggt aagcagctgg caatttttac tgctatagga 1380 |     |     |  |
|    | ttaggaatgg caagtccta tctattattt gcttctttc cgaagatgct agccatttta 1440   |     |     |  |
|    | cctaaacctg gtccttgat gagtacgttt aaacagttga ctgggtttat gttgcttgct 1500  |     |     |  |
| 55 | actgcaactt ggcttatctg gatthttggg gtagagacga gtgcaaccgc tgtaactatt 1560 |     |     |  |
|    | cttcttgtag gattgtgggt ggctgctgta ggtgcatgga ttctagggag atggggaacc 1620 |     |     |  |
|    | cttgtatctc cgcgtaatca gcggttctt gcttccgttg tattcatttt ctgtatttta 1680  |     |     |  |
|    | agttccttag tgattacctc tataggtgtc cgttattttg atgagaacgt ccctcctgca 1740 |     |     |  |
| 60 | catagctctg attggcaatc tttttctccc gaaaagctag ctgatttacg cgaaaaggg 1800  |     |     |  |
|    | attccagttt ttgtaaattt cactgcaaag tgggtgttaa cgtgtcaact caataagcct 1860 |     |     |  |
| 65 |                                                                        |     |     |  |

ES 2 284 840 T3

cttcttcatg ccaatatgca agcttttgct gctaagggcg tagttacttt agaagcagat 1920  
 tggacgaaaa aagatccaaa aattacagaa gaactcgctc gtttaggccg agccagtgta 1980  
 5 ccttcttatg tgtattaccc tgcggggaac aaagctccgc ttattcttcc agaaagatta 2040  
 tcgcaatctg ctttggaaga gatggTTTT tctcagtag 2079

<210> 31

10 <211> 326

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

15 <400> 31

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

65

ES 2 284 840 T3

Tyr Phe Leu Ile Leu Leu Leu Phe Ile Leu Ser Cys Gly Leu Leu Trp  
 245 250 255  
 5 Val Ile Trp Lys Thr His Thr Leu Ile Ser Ala Leu Gly Gly Thr Lys  
 260 265 270  
 Gly Phe Phe Asp Pro Ala Pro Tyr Ser Gln Leu Ser Phe Thr Gln Asn  
 275 280 285  
 10 Lys Pro Ala Pro Lys Glu Thr Pro Gly Ala Ala Glu Gly Ala Glu Ala  
 290 295 300  
 Gln Thr Ala Ser Glu Gln Pro Ser Lys Glu Asn Ala Glu Lys Gln Glu  
 15 305 310 315 320  
 Glu Asn Asn Glu Asp Ala  
 325

20 <210> 32  
 <211> 981  
 <212> ADN  
 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 25  
 <400> 32

atgtttcggtt atactctttc tcgatacctta tttttcattt tggctctttt cttctgctcg 60  
 30 gcttgtgata gtcggttccat gattacacac ggcttgtcag gacgtgatgc taatgaaatc 120  
 gtagtgcttc tagtcagtaa aggggtcgct gcacagaaag ttccccaagc agcgtcctca 180  
 acaggaggat ctggagaaca actctgggat atttcggttc ctgcagcaca aattacagag 240  
 35 gctctagcta ttctgaacca agctgggctt ccaagaatga aaggaaccag ccttcttgat 300  
 ctattcgcta aacaagggtc ggtcccttct gaaatgcaag aaaaaatccg ctaccaagaa 360  
 ggtctttcag aacaaatggc tacgaccatt agaaagatgg acggtatcgt cgatgcgagc 420  
 gtacagattt ccttttctcc tgaagaagaa gatcaacggc cgctaacagc ctctgtatat 480  
 40 atcaaacaca gaggggtatt agacaaccct aacagtatta tgggtgtctaa gattaaacgt 540  
 ttagttgcga gtgctgtccc aggactatgt cccgagaacg tttccgtagt cagtgaccga 600  
 gcttcttata gtgacattac tattaatggc ccttggggac tctccgatga aatgaattat 660  
 45 gtttctgtat gggggatcat tctagctaag cattccctta ctaaattccg ccttgttttc 720  
 tatttcttaa ttctccttct cttcattctt tctgtgggc tactctgggt catttgghaaa 780  
 acacacacac tgatttctgc tctgggtgga acaaaaggat tctttgatcc tgctccttac 840  
 50 tcacagctct ctttcaactca gaataagcca gctccaaaag aaactcctgg agcagcagaa 900  
 ggtgcagaag cgcaaaccgc ttcggaacaa ccctctaag aaaacgcaga aaaacaagaa 960  
 gagaataacg aggacgetta a 981

55 <210> 33  
 <211> 200  
 <212> PRT  
 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 60

65

ES 2 284 840 T3

<400> 33

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

45 <210> 34

<211> 603

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

50

<400> 34

55 atggagaaga gaggcgttat tgtgcatata ctagtttggt tgttgacaat cttcggaacg 60  
 ttcagtttac ccgctttcgg cgcgcatttt ctgcggaag aagagcagtt ttatatggat 120  
 cggtttgttt tctctgggca gtatccagat atggaaacta tggaaatcca tgcagaaaga 180  
 aaaaaacgtg tacaatttga tgtgacggga agcttccta agttggagag cgtggtttat 240

60

65

ES 2 284 840 T3

aagggatctt ttggattgct gcgttcgaaa ataaaggag agtgtccaga actgtcttct 300  
 gtaaactctt cttgtacctc ctgcagaatg gatttagatt ttcgagggga gtggaaaaag 360  
 5 aatgcgtcta tttatattcg taatgagcaa gagccaatta caattatggt gcctaaagac 420  
 attggtgtag ttgtctatac gcaggttgat atgaatagta aagtagttgc agagggatca 480  
 ctaatcaaga gaggaagagg tttttggaag aaaacttttc ggaattcttt ggtaggagaa 540  
 10 tcccctgtga cgctaacttt tcatgtagag actcgtaatg gaggagttat ttttctccgt 600  
 tag 603

<210> 35

15 <211> 305

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

20 <400> 35

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

65



ES 2 284 840 T3

<400> 37

5 Met Arg Arg Ser Val Cys Tyr Val Thr Pro Ser Val Ala Arg Ala Gly  
 1 5 10 15  
 Gln Ile Ser Thr Trp Arg Phe Glu Tyr Ser Ser Ala Asn Phe Leu Pro  
 20 25 30  
 10 Glu Gly Thr Leu Leu Lys Phe Asp Leu Gly Ile Asp Gly Arg Pro Ile  
 35 40 45  
 Asp Trp Glu Ile Pro Ser Thr Asp Leu Ser Gln Pro Cys Asn Thr Ile  
 50 55 60  
 15 Tyr Leu Glu Thr Pro Ser Glu Asp Ile Val Ala Ala Lys Ala Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Ala Pro Gly Gly Tyr Ile Pro Thr Phe Glu Phe Thr Leu Pro Cys Asp  
 85 90 95  
 20 Val Glu Ala Gly Asp Thr Phe Ser Ile Ile Leu Gly Ser Ser Pro Asn  
 100 105 110  
 Phe Pro Gln Glu Asp Ser Ser Gly Asn Gly Ala Gln Leu Phe Thr Gln  
 115 120 125  
 Arg Arg Lys Pro Phe Ser Leu Tyr Val Asp Pro Ser Gly Lys Gly Ser  
 130 135 140  
 30 Phe Glu Asp Pro Asp Ile Phe Thr Met Asp Ile Arg Gly Asn Val Leu  
 145 150 155 160  
 Lys Asn Ile Arg Ile Phe Ala Pro Ser Tyr Val Ile Lys Asn Lys Arg  
 165 170 175  
 35 Phe Asp Ile Thr Val Arg Phe Glu Asp Glu Phe Gly Asn Leu Thr Asn  
 180 185 190  
 Phe Ser Pro Glu Glu Thr His Ile Glu Leu Ser Tyr Glu His Leu Arg  
 195 200 205  
 Glu Asn Leu Asn Trp Gln Leu Phe Ile Pro Glu Thr Gly Phe Val Ile  
 210 215 220  
 45 Leu Pro Asn Leu Tyr Phe Asn Glu Pro Gly Ile Tyr Arg Ile Gln Leu  
 225 230 235 240  
 Arg Asn Gln Ala Thr Lys Glu Val Phe Thr Ser Ala Pro Ile Lys Cys  
 245 250 255  
 50 Phe Ala Glu Thr Ser Ser His Leu Leu Trp Gly Leu Leu His Gly Glu  
 260 265 270  
 Ser Glu Arg Val Asp Ser Glu Gly Asn Ile Glu Ser Cys Leu Arg Tyr  
 275 280 285  
 Phe Arg Asp Asp Cys Ala Leu Asn Phe Phe Ala Thr Ser Ser Phe Glu  
 290 295 300  
 60 Ile Gln Asp Gly Leu Thr Pro Glu Thr Ile Lys Thr Ile Asn Gln Thr

65



## ES 2 284 840 T3

<400> 38

```

 atgcgcagat ctgtttgtta cgttactcct tcagttgcta gggctggca aatttctacc 60
 tggcgtttcg aatattcttc agctaatttc cttcccgaag gcacattgct aaaatttgac 120
5 ctgggaatag acggacgccc tatagactgg gagattcctt ctacagatct ttctcaacca 180
 tgaatacaa tttatttaga aacgccttcc gaggatattg tggctgcaa agctgtgtat 240
 gctcccggag gctatatccc tactttcgaa tttactctcc cttgtgatgt ggaagctggg 300
10 gacactttct ctattattct tggctcctct cccaacttcc ctcaagagga ctcttcaggt 360
 aatggtgctc aattatttac tcaacgccgt aaacctttct ctctttatgt tgacccatca 420
 gggaaaggat cttttgaaga tcccgatatc ttcacaatgg atatcagagg aaatgtatta 480
15 aaaaatatcc ggatttttgc tccttcttat gtgatcaaaa acaaacgctt tgatattaca 540
 gtgcgcttcg aagatgaatt tgggaactta accaatttct cccagaaga gacccatc 600
 gagctttcgt acgaacatct tcgcgaaaac ctcaattggc aattgttcat ccctgaaaca 660
20 ggctttgtga tccttccaaa cctgtatttc aatgaaccag gtatttatcg tattcaacta 720
 cgcaatcaag caacaaaaga ggtctttaca tcagcgccta tcaaatgtt tgcagaaacc 780
 tcctctcatc ttttgtggg gcttctacat ggagaatctg aacgtgtcga ctctgaaggt 840
 aatatcgagt cttgcttgcg ttattttcgt gatgactgcg cgtaaactt ttttgcaaca 900
25 tcctctttcg aaattcaaga tggcctgacc ccagaaacca ttaaaacat taaccaaac 960
 gttgctgatt ttaatgaaga agatcgttc attgccttat ccggagcaca gtacctttct 1020
 gaagagcctg gcgaggggat tcgtgaagta ttgctgatga aggaaccaa atccccaggg 1080
30 aacataaag aatgcaaact atttccttta tctaagctat ataagcaatc aactagtcat 1140
 gagttaatct caatccccag cttcactgct tcaagaaat ttggatacaa ttttaataat 1200
 ttccatcctg aatttgaaag agttgttgaa atttataatg cctggggatg ctctgaaaga 1260
35 actgaagctg aaggaaaccc tttccctatt aaaggttcta tcgactcaga aaatccagag 1320
 ggaactgttc tatctgcttt aaagagaaac ctgcgttttg gattcgtagc cggtggtctt 1380
 gatgatagaa atctatacaa tcactttttt gattccgatc aacagcaata ctcccctgga 1440
40 ttaacagctg tgatctgcaa taaatattct cgggattcct tactcgaggc attataccaa 1500
 cgacaatgct atgctacaac cggccaaaga attatcgtga atttcagat tacatctgct 1560
 cctatgggct ccgaactctc cacagccatt aaaccagggc tcgtgatcaa tagacatatt 1620
45 tcgggatatg tagcaggaac tgccaagatt gcgtcgatcg aatcatccg caatgaggat 1680
 attctccata cttccacc cagatggaat aactttgagt atgagtacga cgatctctct 1740
 ccttttgcac aagtactct aaaagatcct caaatggag ctctttttgc tttttactac 1800
 ttacgagtca ctcaagagaa tggagctatg gcttggagct ctctatttg gatagatctt 1860
50 aactaa

```

<210> 39

<211> 697

55 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

60

65

ES 2 284 840 T3

<400> 39

5 Met Lys Arg Phe Phe Pro Leu Phe Ile Gly Val Leu Leu Ala His Thr  
 1 5 10 15  
 Leu Pro Ser Glu Gly Leu Ser His Gln Gln Ala Val Gln Lys Lys Ile  
 20 25 30  
 10 Ser Tyr Leu Ser His Phe Lys Gly Ile Thr Gly Ile Met Asp Val Glu  
 35 40 45  
 Asp Gly Val Leu His Ile His Asp Asp Leu Arg Leu Gln Ala Asn Lys  
 50 55 60  
 15 Ala Tyr Val Glu Asn Arg Thr Asp Cys Gly Ile Lys Ile Val Ala His  
 65 70 75 80  
 Gly Asn Val Met Val Asn Tyr Arg Gly Lys Ile Leu Ile Cys Asp Tyr  
 85 90 95  
 20 Leu Glu Tyr Tyr Glu Asp Thr Asp Ser Cys Leu Leu Thr Asn Gly Arg  
 100 105 110  
 Cys Ser Leu Tyr Pro Trp Phe Ile Gly Gly Ser Thr Ile Thr Ile Ser  
 115 120 125  
 25 Pro Ser Ser Ile Ile Ile His Lys Gly Tyr Ile Ser Thr Ser Glu Gly  
 130 135 140  
 30 Pro Gln Lys His Ile Cys Leu Ser Gly Asp Tyr Leu Lys Tyr Ser Ser  
 145 150 155 160  
 Asp Ser Val Leu Ser Met Gly Pro Ser Arg Leu Ser Ile Cys Asn Thr  
 165 170 175  
 35 Pro Val Leu Leu Leu Pro Gln Ile Ser Ile Met Pro Met Glu Ile Pro  
 180 185 190  
 40 Lys Pro Pro Ile Thr Phe Arg Gly Gly Ser Gly Gly Phe Leu Gly Ser  
 195 200 205  
 Tyr Leu Gly Val Ser Tyr Ser Pro Ile Ser Lys Lys His Cys Ser Thr  
 210 215 220  
 45 Thr Leu Phe Leu Asp Gly Phe Phe Lys His Gly Ile Gly Leu Gly Tyr  
 225 230 235 240  
 Asn Met Arg Phe Ser Ser Gln Glu Asn Pro Ser Asn Ala Ile Asn Ile  
 245 250 255  
 50 Lys Ser Tyr Tyr Ala His Arg Leu Ala Ile Asp Ser Ser Gly Ala Lys  
 260 265 270  
 55 Asp Arg Tyr Arg Leu His Gly Asp Phe Thr Phe Ser Lys Glu Arg Ala  
 275 280 285  
 His Leu Ala Gly Glu Phe His Leu Ser Asp Ser Trp Glu Thr Val Val  
 290 295 300  
 60 Asp Ile Phe Pro Asn Asn Phe Ser Leu Lys Asn Thr Gly Pro Thr Glu  
 305 310 315 320

65

ES 2 284 840 T3

Val Ser Leu Ser Trp Arg Asp Asn Asn Leu Phe Gly Lys Met Thr Ser  
 325 330 335  
 5 Ser Val Lys Val Asn Ser Phe Gln Asn Val Lys Gln Glu Leu Pro Gln  
 340 345 350  
 Ala Ile Leu His His Arg Pro Val Arg Ile Arg Arg Ser Arg Ile Phe  
 10 355 360 365  
 Leu Glu Asn Arg Leu Glu Ala Gly Phe Leu Asp Phe His Phe Ser Ser  
 370 375 380  
 15 Asn Ile Pro Gly Ser Asn Phe Ser Ser Trp Arg Phe Ser Ser Ala His  
 385 390 395 400  
 Lys Val Tyr Arg Gly Leu Val Leu Pro Ile Gly Thr Leu Thr Pro Ser  
 405 410 415  
 20 Leu Ser Gly Thr Ala Ile Tyr Tyr Thr Arg Met Leu Ser Pro Asn Ala  
 420 425 430  
 Ala His Cys Gln Leu Ser Gly Ser Leu Ser Phe Asp Tyr Arg Val Ala  
 25 435 440 445  
 Leu Gln Lys Glu Tyr Arg His Ala Arg His Ile Val Glu Pro Phe Cys  
 450 455 460  
 30 Ser Phe Leu Lys Thr Thr Arg Pro Val Leu Ser Ser Asp Glu Pro His  
 465 470 475 480  
 Ile Phe Ser Ile Lys Asp Ala Phe His Ser Ile Asn Leu Leu His Val  
 485 490 495  
 35 Gly Leu Glu Ser Lys Val Leu Asn Lys His Ser Thr Pro Ser His Leu  
 500 505 510  
 Lys Leu Trp Thr Thr Tyr Ile Phe Asp Glu Pro His Ala Lys Asp Thr  
 40 515 520 525  
 Phe Pro Lys Thr Ala Cys Trp Phe Ser Leu Pro Leu Thr Leu Gln Asn  
 530 535 540  
 45 Thr Leu Ser Leu Asp Ala Glu Trp Ile Trp Lys Lys Ser Arg Trp Asp  
 545 550 555 560  
 His Leu Asn Val Ile Trp Glu Trp Ile Leu Asn Asp Asn Leu Gly Leu  
 565 570 575  
 50 Thr Leu Glu Phe Leu His Arg Ser Lys Tyr Gly Phe Ile Lys Cys Ala  
 580 585 590  
 Lys Asp Asn Tyr Thr Leu Asp Val Ser Arg Ser Leu Asp Thr Leu Leu  
 55 595 600 605  
 Ala Ser Pro Leu Ser Asp Arg Arg Asn Leu Ile Thr Gly Lys Leu Phe  
 610 615 620  
 60 Val Arg Pro His Pro His Trp Asn Tyr Asn Leu Asn Leu Arg Tyr Gly  
 625 630 635 640  
 Trp His Arg Pro Asp Ser Pro Ser Tyr Leu Glu Tyr Gln Met Ile Leu  
 645 650 655  
 65

# ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | Gly | His | Lys | Ile | Phe | Glu | His | Trp | Gln | Leu | Phe | Ser | Val | Tyr | Glu | Lys |
|    |     |     |     |     | 660 |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |     |
| 5  | Arg | Glu | Ala | Asp | Lys | Arg | Cys | Phe | Phe | Tyr | Leu | Lys | Leu | Asp | Lys | Arg |
|    |     |     | 675 |     |     |     | 680 |     |     |     |     |     | 685 |     |     |     |
|    | Lys | Gln | Lys | His | Arg | His | Pro | Phe | Gly |     |     |     |     |     |     |     |
| 10 |     | 690 |     |     |     |     | 695 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

<210> 40  
 <211> 2094  
 <212> ADN  
 15 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 40

|    |            |             |            |             |            |            |      |
|----|------------|-------------|------------|-------------|------------|------------|------|
| 20 | gtgaaacgat | ttttccact   | ttttattgga | gtgctgctcg  | cgcacacttt | gccgtcagaa | 60   |
|    | ggtctttctc | atcaacaagc  | tgtccaaaaa | aaaatttctt  | atctgagcca | ttttaaggc  | 120  |
|    | attacaggaa | ttatggatgt  | tgaggatggg | gtattacata  | tccatgatga | tctacgtctt | 180  |
| 25 | caagccaata | aagcctatgt  | tgaaaatcgc | acggattgtg  | ggatcaaaat | cgttgctcat | 240  |
|    | ggcaacgtta | tggatcaatta | tcgcgggaaa | attttaatct  | gtgattatct | tgagtactat | 300  |
|    | gaagatacag | attcttgttt  | actcaccaat | ggccgctggt  | cgttataccc | atggttcatt | 360  |
|    | ggaggatcca | ctataacgat  | ctcaccatct | tctattatca  | ttcataaagg | gtatatctcg | 420  |
| 30 | acttctgaag | gtcctcagaa  | acatatttgt | ttatccggag  | attatttaaa | atactcttca | 480  |
|    | gacagcgtat | tatctatggg  | accctcacgt | ctttctatct  | gtaatacgcc | tgtgttattg | 540  |
|    | cttctcaaaa | tctccattat  | gcctatggag | attcctaagc  | ctccgattac | ttttcgaggt | 600  |
| 35 | gggagtggag | gatttctggg  | atcctactta | ggtgttagtt  | attcccctat | atctaaaaag | 660  |
|    | cattgttcta | cgactttggt  | cttggatggg | ttttttaaac  | atggaatagg | tctcggctat | 720  |
|    | aacatgcgct | tttctctca   | ggaaaatcca | agcaatgcca  | taaatattaa | aagctattac | 780  |
| 40 | gcacatcgat | tagctattga  | ttcatcagga | gcaaaagatc  | gctatcgatt | acatggagac | 840  |
|    | ttcacttttt | ccaaagaacg  | agcccatctt | gctggatgaat | tccatttaag | tgatagctgg | 900  |
|    | gaaacagtgt | tggatatctt  | cccaaataac | ttctctttaa  | aaaatacagg | ccctacagaa | 960  |
| 45 | gtagcctat  | catggcgcga  | taacaattta | tttgggaaaa  | tgacttcctc | tgtcaaagtc | 1020 |
|    | aactcctttc | aaaatgttaa  | acaagaattg | cctcaagcaa  | ttcttcatca | ccgaccagta | 1080 |
|    | cgtatcaggc | gctctcgcgt  | tttctagag  | aatcgcttag  | aagctggttt | tttagatttt | 1140 |
|    | catttcagta | gtaaatattc  | aggctctaac | ttctcatcat  | ggaggttctc | atccgctcac | 1200 |
| 50 | aaagtctacc | gtgggcttgt  | tcttctata  | ggaacgttaa  | ccccttcgct | atctggaact | 1260 |
|    | gctatctact | ataccgcgat  | gctctcccca | aatgcagccc  | attgtcaatt | atctggatcg | 1320 |
|    | ctatcttttg | attatcgcgt  | tgctttacaa | aaagaatatac | ggcatgcaag | acatattgta | 1380 |
| 55 | gagccttttt | gctccttttt  | aaaaaccact | cgctctgtat  | tatcctctga | tgagcctcat | 1440 |
|    | atcttctcga | ttaaagatgc  | ttttcactct | atcaaccttc  | tacatgtagg | attggagtca | 1500 |
|    | aaagtcttaa | acaaacattc  | cactccttcg | catctgaaac  | tatggacgac | ctatatcttt | 1560 |
| 60 | gatgaacctc | acgctaagga  | cactttccct | aaaactgctt  | gctggttctc | tcttctcttt | 1620 |
|    | acactccaaa | atactttatc  | cttagatgcg | gaatggattt  | ggaaaaaaag | ccgatgggat | 1680 |

## ES 2 284 840 T3

```

catctcaatg taatctggga atggattttg aatgataatc tCGgtcttac tttagaattt 1740
ttacatagaa gtaagtatgg ctttattaag tgcgctaaag ataactacac actc gatgta 1800
agccgatctt tagacacatt actagcctct cctctttccg atcgaagaaa tttgattact 1860
5 ggcaaacctt ttgttcgtcc acatcctcat tggaattata atcttaatct tcgttatgga 1920
tggcatcgtc cagactctcc atcctattta gaataccaga tgattctggg tcataaaatc 1980
tttgagcact ggcagctatt ctctgtctac gaaaaacgtg aagctgataa gcgctgcttc 2040
10 ttttatctaa aattagataa acgaaaacag aaacaccgcc atccttttgg ataa 2094

```

<210> 41

<211> 1016

15 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 41

```

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

```

65





ES 2 284 840 T3

|    |     |     |      |     |     |     |     |      |     |     |     |     |      |     |     |     |  |  |  |
|----|-----|-----|------|-----|-----|-----|-----|------|-----|-----|-----|-----|------|-----|-----|-----|--|--|--|
|    |     |     |      | 885 |     |     |     |      |     | 890 |     |     |      |     | 895 |     |  |  |  |
|    | Glu | Thr | Gly  | Ser | Leu | Thr | Arg | Tyr  | Phe | Ala | Arg | Gly | Ser  | Gly | His | Asn |  |  |  |
| 5  |     |     |      | 900 |     |     |     |      | 905 |     |     |     |      | 910 |     |     |  |  |  |
|    | Met | Ser | Leu  | Pro | Ile | Gly | Ile | Val  | Ala | His | Ala | Val | Ser  | His | Val | Arg |  |  |  |
|    |     |     | 915  |     |     |     |     | 920  |     |     |     |     | 925  |     |     |     |  |  |  |
| 10 | Arg | Ser | Pro  | Pro | Ser | Lys | Leu | Thr  | Leu | Asn | Met | Gly | Tyr  | Arg | Pro | Asp |  |  |  |
|    |     |     | 930  |     |     |     | 935 |      |     |     |     |     | 940  |     |     |     |  |  |  |
|    | Ile | Trp | Arg  | Val | Thr | Pro | His | Cys  | Asn | Met | Glu | Ile | Ile  | Ala | Asn | Gly |  |  |  |
|    | 945 |     |      |     |     | 950 |     |      |     | 955 |     |     |      |     |     | 960 |  |  |  |
| 15 | Val | Lys | Thr  | Pro | Ile | Gln | Gly | Ser  | Pro | Leu | Ala | Arg | His  | Ala | Phe | Phe |  |  |  |
|    |     |     |      |     | 965 |     |     |      |     | 970 |     |     |      |     | 975 |     |  |  |  |
|    | Leu | Glu | Val  | His | Asp | Thr | Leu | Tyr  | Ile | His | His | Phe | Gly  | Arg | Ala | Tyr |  |  |  |
| 20 |     |     |      | 980 |     |     |     |      | 985 |     |     |     |      | 990 |     |     |  |  |  |
|    | Met | Asn | Tyr  | Ser | Leu | Asp | Ala | Arg  | Arg | Arg | Gln | Thr | Ala  | His | Phe | Val |  |  |  |
|    |     |     | 995  |     |     |     |     | 1000 |     |     |     |     | 1005 |     |     |     |  |  |  |
| 25 | Ser | Met | Gly  | Leu | Asn | Arg | Ile | Phe  |     |     |     |     |      |     |     |     |  |  |  |
|    |     |     | 1010 |     |     |     |     | 1015 |     |     |     |     |      |     |     |     |  |  |  |

<210> 42

<211> 3051

30 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

35 <400> 42

```

atgccttttt ctttgagatc tacatcattt tgttttttag cttgtttggtg ttcctattcg 60
tatggattcg cgagctctcc tcaagtgtta acacctaata taaccactcc ttttaagggg 120
gacgatgttt acttgaatgg agactgcgct tttgtcaatg tctatgcagg ggcagagAAC 180
ggctcaatta tctcagctaa tggcgacaat ttaacgatta ccggacaaaa ccatacatta 240
tcatttacag attctcaagg gccagttctt caaaattatg ccttcatttc agcaggagag 300
acacttactc tgaaagattt ttcgagtttg atgttctcga aaaatgtttc ttgCGGAGAA 360
aagggAATGA tctcagggaa aaccgtgagt atttccggag caggcgaagt gattttttgg 420
gataactctg tggggatttc tcctttgtct attgtgccag catcgactcc aactcctcca 480
gcaccagcac cagctcctgc tgcttcaagc tctttatctc caacagttag tgatgctcgg 540
aaagggTCTA ttttttctgt agagactagt ttggagatct caggcgtcaa aaaaggggtc 600
atgttcgata ataatgccgg gaattttgga acagtttttc gaggtaatag taataataat 660
gctggtagtg ggggtagtgg gtctgctaca acaccaagtt ttacagttaa aaactgtaaa 720
gggaaagttt ctttcacaga taacgtagcc tcctgtggag gCGGAGTAGT ctacaaagga 780
actgtgcttt tcaaagacaa tgaaggaggc atattcttcc gagggAACAC agcatacgat 840
gatttaggga ttcttgctgc tactagtcgg gatcagaata cggagacagg aggcgggtgga 900
ggagttattt gctctccaga tgattctgta aagtttgaag gcaataaagg ttctattggt 960
60 tttgattaca actttgcaaa aggcagaggc ggaagcatcc taacgaaaga attctctctt 1020

```

65

## ES 2 284 840 T3

```

gtagcagatg attcggttgt ctttagtaac aatacagcag aaaaaggcgg tggagctatt 1080
tatgctccta ctatcgatat aagcacgaat ggaggatcga ttctatttga aagaaaccga 1140
5 gctgcagaag gaggcgcat ctgctgagt gaagcaagct ctggttcaac tggaaatctt 1200
actttaagcg cttctgatgg ggatattggt ttttctggga atatgacgag tgatcgtcct 1260
ggagagcgca gcgcagcaag aatcttaagt gatggaacga ctgtttcttt aaatgcttcc 1320
10 ggactatcga agctgatcct ttatgatcct gtagtaciaa ataattcagc agcgggtgca 1380
tcgacaccat caccatcttc ttcttctatg cctgggtgctg tcacgattaa tcagtccggt 1440
aatggatctg tgatttttac cgccgagtca ttgactcctt cagaaaaact tcaagttctt 1500
aactctaact ctaacttccc aggagctctg actgtgtcag ggggggagtt ggttgtgacg 1560
15 gaaggagcta ccttaactac tgggaccatt acagccacct ctggacgagt gacttttagga 1620
tccggagcct cgttgtctgc cgttgcagggt gctgcaaata ataattatac ttgtacagta 1680
tctaagttgg ggattgattt agaatccttt ttaactccta actataagac ggccatactg 1740
20 ggtgctgatg gaacagttac tgtaacagc ggctctactt tagacctagt gatggagagt 1800
gaggcagagg tatatgataa tccgcttttt gtgggatcgc tgacaattcc ttttgttact 1860
ctatcttcta gtagtgctag taacggagtt acaaaaaatt ctgtcactat taatgatgca 1920
25 gacgctgcgc actatgggta tcaaggctct tggctctcag attggacgaa accgcctctg 1980
gctcctgatg ctaaggggat ggtacctcct aataccaata aactctgta tctgacatgg 2040
agacctgctt cgaattacgg tgaatatcga ctggatcctc agagaaaggg agaactagta 2100
cccaactctc tttgggtagc gggatctgca ttaagaacct ttactaatgg tttgaaagaa 2160
30 cactatgttt ctagagatgt tggatttgta gcatctctgc atgctctcgg ggattatatt 2220
ttgaattata cgcaagatga tccggatggc tttttagcta gatatggggg attccaggcg 2280
accgcagcct cccattatga aatgggtca atatttggag tggcttttgg acaactctat 2340
35 ggtcagacaa agagcagaat gtattactct aaagatgctg ggaacatgac gatgttgtcc 2400
tgtttcggaa gaagttacgt agatattaaa ggaacagaaa ctgttatgta ttgggagacg 2460
gcttatggct attctgtgca cagaatgcat acgcagtatt ttaatgacaa aacgcagaag 2520
40 ttcgatcatt cgaaatgtca ttggcacaac aataactatt atgcgtttgt gggtgccgag 2580
cataatttct tagagtactg cattcctact cgctcagttcg ctagagatta tgagcttaca 2640
gggtttatgc gttttgaaat ggccggagga tggccagtt ctacacgaga aactggctcc 2700
ctaactagat atttcgctcg cgggtcaggg cataatatgt cgcttccaat aggaattgta 2760
45 gctcatgcag tttctcatgt gcgaagatct cctccttcta aactgacact aaatatggga 2820
tatagaccag acatttggcg tgtcactcca cattgcaata tggaaattat tgctaacgga 2880
gtgaagacac ctatacaagg atctccgctg gcacggcatg ccttcttctt agaagtgcac 2940
50 gatactttgt atattcatca ttttggaaga gcctatatga actattcgct ggatgctcgt 3000
cgtcgacaaa cggcacattt tgtatccatg ggcttgaata gaatctttta a 3051

```

55 <210> 43

<211> 553

<212> PRT

60 <213> *Chlamydia trachomatis*

65

ES 2 284 840 T3

<400> 43

5 Met Arg Ile Gly Asp Pro Met Asn Lys Leu Ile Arg Arg Ala Val Thr  
 1 5 10 15  
 Ile Phe Ala Val Thr Ser Val Ala Ser Leu Phe Ala Ser Gly Val Leu  
 20 25 30  
 10 Glu Thr Ser Met Ala Glu Ser Leu Ser Thr Asn Val Ile Ser Leu Ala  
 35 40 45  
 Asp Thr Lys Ala Lys Asp Asn Thr Ser His Lys Ser Lys Lys Ala Arg  
 50 55 60  
 15 Lys Asn His Ser Lys Glu Thr Pro Val Asp Arg Lys Glu Val Ala Pro  
 65 70 75 80  
 Val His Glu Ser Lys Ala Thr Gly Pro Lys Gln Asp Ser Cys Phe Gly  
 85 90 95  
 20 Arg Met Tyr Thr Val Lys Val Asn Asp Asp Arg Asn Val Glu Ile Thr  
 100 105 110  
 Gln Ala Val Pro Glu Tyr Ala Thr Val Gly Ser Pro Tyr Pro Ile Glu  
 115 120 125  
 25 Ile Thr Ala Thr Gly Lys Arg Asp Cys Val Asp Val Ile Ile Thr Gln  
 130 135 140  
 30 Gln Leu Pro Cys Glu Ala Glu Phe Val Arg Ser Asp Pro Ala Thr Thr  
 145 150 155 160  
 Pro Thr Ala Asp Gly Lys Leu Val Trp Lys Ile Asp Arg Leu Gly Gln  
 165 170 175  
 35 Gly Glu Lys Ser Lys Ile Thr Val Trp Val Lys Pro Leu Lys Glu Gly  
 180 185 190  
 40 Cys Cys Phe Thr Ala Ala Thr Val Cys Ala Cys Pro Glu Ile Arg Ser  
 195 200 205  
 Val Thr Lys Cys Gly Gln Pro Ala Ile Cys Val Lys Gln Glu Gly Pro  
 210 215 220  
 45 Glu Asn Ala Cys Leu Arg Cys Pro Val Val Tyr Lys Ile Asn Ile Val  
 225 230 235 240  
 Asn Gln Gly Thr Ala Thr Ala Arg Asn Val Val Val Glu Asn Pro Val  
 245 250 255  
 50 Pro Asp Gly Tyr Ala His Ser Ser Gly Gln Arg Val Leu Thr Phe Thr  
 260 265 270  
 55 Leu Gly Asp Met Gln Pro Gly Glu His Arg Thr Ile Thr Val Glu Phe  
 275 280 285  
 Cys Pro Leu Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asn Ile Ala Thr Val Ser Tyr  
 290 295 300  
 60 Cys Gly Gly His Lys Asn Thr Ala Ser Val Thr Thr Val Ile Asn Glu  
 305 310 315 320  
 Pro Cys Val Gln Val Ser Ile Ala Gly Ala Asp Trp Ser Tyr Val Cys  
 325 330 335  
 65

ES 2 284 840 T3

Lys Pro Val Glu Tyr Val Ile Ser Val Ser Asn Pro Gly Asp Leu Val  
 340 345 350  
 5 Leu Arg Asp Val Val Val Glu Asp Thr Leu Ser Pro Gly Val Thr Val  
 355 360 365  
 Leu Glu Ala Ala Gly Ala Gln Ile Ser Cys Asn Lys Val Val Trp Thr  
 370 375 380  
 10 Val Lys Glu Leu Asn Pro Gly Glu Ser Leu Gln Tyr Lys Val Leu Val  
 385 390 395 400  
 Arg Ala Gln Thr Pro Gly Gln Phe Thr Asn Asn Val Val Val Lys Ser  
 15 405 410 415  
 Cys Ser Asp Cys Gly Thr Cys Thr Ser Cys Ala Glu Ala Thr Thr Tyr  
 420 425 430  
 20 Trp Lys Gly Val Ala Ala Thr His Met Cys Val Val Asp Thr Cys Asp  
 435 440 445  
 Pro Val Cys Val Gly Glu Asn Thr Val Tyr Arg Ile Cys Val Thr Asn  
 25 450 455 460  
 Arg Gly Ser Ala Glu Asp Thr Asn Val Ser Leu Met Leu Lys Phe Ser  
 465 470 475 480  
 Lys Glu Leu Gln Pro Val Ser Phe Ser Gly Pro Thr Lys Gly Thr Ile  
 30 485 490 495  
 Thr Gly Asn Thr Val Val Phe Asp Ser Leu Pro Arg Leu Gly Ser Lys  
 500 505 510  
 35 Glu Thr Val Glu Phe Ser Val Thr Leu Lys Ala Val Ser Ala Gly Asp  
 515 520 525  
 Ala Arg Gly Glu Ala Ile Leu Ser Ser Asp Thr Leu Thr Val Pro Val  
 40 530 535 540  
 Ser Asp Thr Glu Asn Thr His Ile Tyr  
 545 550

45 <210> 44  
 <211> 1662  
 <212> ADN  
 50 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 <400> 44

55 atgcgaatag gagatcctat gaacaaactc atcagacgag cagtgcacgat cttcgcggtg 60  
 actagtgtgg cgagtttatt tgctagcggg gtgtagaga cctctatggc agagtctctc 120  
 tctacaaacg ttattagctt agctgacacc aaagcgaaag acaacacttc tcataaaagc 180  
 60 aaaaaagcaa gaaaaacca cagcaaagag actcccgtag accgtaaaga ggttgctccg 240  
 gttcatgagt ctaaagctac aggacctaaa caggattctt gctttggcag aatgtataca 300  
 gtcaaagtta atgatgatcg caatggtgaa atcacacaag ctgttcctga atatgctacg 360

65

## ES 2 284 840 T3

```

gtaggatctc cctatcctat tgaaattact gctacaggta aaagggattg tgttgatggt 420
atcattactc agcaattacc atgtgaagca gagttcgtac gcagtgatcc agcgacaact 480
5 cctactgctg atggtaagct agtttggaaa attgaccgct taggacaagg cgaaaagagt 540
aaaattactg tatgggtaaa acctcttaaa gaaggttgc gctttacagc tgcaacagta 600
tgcgcttgctc cagagatccg ttcggttaca aaatgtggac aacctgctat ctgtgttaaa 660
10 caagaaggcc cagagaatgc ttgtttgcgt tgcccagtag tttacaaaat taatatagt 720
aaccaaggaa cagcaacagc tcgtaacggt gttgttgaaa atcctgttcc agatggttac 780
gctcattctt ctggacagcg tgtactgacg tttactcttg gagatatgca acctggagag 840
15 cacagaacaa ttactgtaga gttttgtccg cttaaactgt gtcgtgctac caatatagca 900
acggtttctt actgtggagg acataaaaaat acagcaagcg taacaactgt gatcaacgag 960
ccttgcgtag aagtaagtat tgcaggagca gattggtcct atgtttgtaa gcctgtagaa 1020
20 tatgtgatct ccgtttccaa tcctggagat cttgtgttgc gagatgtcgt cgttgaagac 1080
actctttctc ccggagtcac agttcttgaa gctgcaggag ctcaaatttc ttgtaataaa 1140
gtagtttgga ctgtgaaaga actgaatcct ggagagtctc tacagtataa agttctagta 1200
agagcacaaa ctctggaca attcacaat aatgttggtg tgaagagctg ctctgactgt 1260
25 ggtacttgta cttcttgccg agaagcgaca acttactgga aaggagttgc tgctactcat 1320
atgtgtagtag tagatacttg tgaccctggt tgtgtaggag aaaatactgt ttaccgtatt 1380
tgtgtcacca acagaggttc tgcagaagat acaaagtgtt ctttaatgct taaattctct 1440
30 aaagaactgc aacctgtatc cttctctgga ccaactaaag gaacgattac aggcaataca 1500
gtagtattcg attcgttacc tagattaggt tctaaagaaa ctgtagagtt ttctgtaaca 1560
ttgaaagcag tatcagctgg agatgctcgt ggggaagcga ttctttcttc cgatacattg 1620
actgttccag tttctgatac agagaataca cacatctatt aa 1662

```

35

<210> 45

<211> 1751

40 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 45

```

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

```

65

ES 2 284 840 T3

Thr Thr Thr Pro Asp Pro Lys Gly Gly Gly Ala Phe Tyr Asn Ala His  
 100 105 110  
 5 Ser Gly Val Leu Ser Phe Met Thr Arg Ser Gly Thr Glu Gly Ser Leu  
 115 120 125  
 Thr Leu Ser Glu Ile Lys Ile Thr Gly Glu Gly Gly Ala Ile Phe Ser  
 10 130 135 140  
 Gln Gly Glu Leu Leu Phe Thr Asp Leu Thr Gly Leu Thr Ile Gln Asn  
 145 150 155 160  
 15 Asn Leu Ser Gln Leu Ser Gly Gly Ala Ile Phe Gly Glu Ser Thr Ile  
 165 170 175  
 Ser Leu Ser Gly Ile Thr Lys Ala Thr Phe Ser Ser Asn Ser Ala Glu  
 180 185 190  
 20 Val Pro Ala Pro Val Lys Lys Pro Thr Glu Pro Lys Ala Gln Thr Ala  
 195 200 205  
 Ser Glu Thr Ser Gly Ser Ser Ser Ser Ser Gly Asn Asp Ser Val Ser  
 25 210 215 220  
 Ser Pro Ser Ser Ser Arg Ala Glu Pro Ala Ala Ala Asn Leu Gln Ser  
 225 230 235 240  
 30 His Phe Ile Cys Ala Thr Ala Thr Pro Ala Ala Gln Thr Asp Thr Glu  
 245 250 255  
 Thr Ser Thr Pro Ser His Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ala Ile Tyr Ala  
 260 265 270  
 35 Lys Gly Asp Leu Thr Ile Ala Asp Ser Gln Glu Val Leu Phe Ser Ile  
 275 280 285  
 Asn Lys Ala Thr Lys Asp Gly Gly Ala Ile Phe Ala Glu Lys Asp Val  
 40 290 295 300  
 Ser Phe Glu Asn Ile Thr Ser Leu Lys Val Gln Thr Asn Gly Ala Glu  
 305 310 315 320  
 45 Glu Lys Gly Gly Ala Ile Tyr Ala Lys Gly Asp Leu Ser Ile Gln Ser  
 325 330 335  
 Ser Lys Gln Ser Leu Phe Asn Ser Asn Tyr Ser Lys Gln Gly Gly Gly  
 340 345 350  
 50 Ala Leu Tyr Val Glu Gly Asp Ile Asn Phe Gln Asp Leu Glu Glu Ile  
 355 360 365  
 Arg Ile Lys Tyr Asn Lys Ala Gly Thr Phe Glu Thr Lys Lys Ile Thr  
 55 370 375 380  
 Leu Pro Lys Ala Gln Ala Ser Ala Gly Asn Ala Asp Ala Trp Ala Ser  
 385 390 395 400  
 60 Ser Ser Pro Gln Ser Gly Ser Gly Ala Thr Thr Val Ser Asn Ser Gly  
 405 410 415  
 Asp Ser Ser Ser Gly Ser Asp Ser Asp Thr Ser Glu Thr Val Pro Ala  
 420 425 430  
 65

ES 2 284 840 T3

Thr Ala Lys Gly Gly Gly Leu Tyr Thr Asp Lys Asn Leu Ser Ile Thr  
 435 440 445  
 5 Asn Ile Thr Gly Ile Ile Glu Ile Ala Asn Asn Lys Ala Thr Asp Val  
 450 455 460  
 Gly Gly Gly Ala Tyr Val Lys Gly Thr Leu Thr Cys Glu Asn Ser His  
 10 465 470 475 480  
 Arg Leu Gln Phe Leu Lys Asn Ser Ser Asp Lys Gln Gly Gly Gly Ile  
 485 490 495  
 15 Tyr Gly Glu Asp Asn Ile Thr Leu Ser Asn Leu Thr Gly Lys Thr Leu  
 500 505 510  
 Phe Gln Glu Asn Thr Ala Lys Glu Glu Gly Gly Gly Leu Phe Ile Lys  
 515 520 525  
 20 Gly Thr Asp Lys Ala Leu Thr Met Thr Gly Leu Asp Ser Phe Cys Leu  
 530 535 540  
 Ile Asn Asn Thr Ser Glu Lys His Gly Gly Gly Ala Phe Val Thr Lys  
 25 545 550 555 560  
 Glu Ile Ser Gln Thr Tyr Thr Ser Asp Val Glu Thr Ile Pro Gly Ile  
 565 570 575  
 30 Thr Pro Val His Gly Glu Thr Val Ile Thr Gly Asn Lys Ser Thr Gly  
 580 585 590  
 Gly Asn Gly Gly Gly Val Cys Thr Lys Arg Leu Ala Leu Ser Asn Leu  
 595 600 605  
 35 Gln Ser Ile Ser Ile Ser Gly Asn Ser Ala Ala Glu Asn Gly Gly Gly  
 610 615 620  
 Ala His Thr Cys Pro Asp Ser Phe Pro Thr Ala Asp Thr Ala Glu Gln  
 40 625 630 635 640  
 Pro Ala Ala Ala Ser Ala Ala Thr Ser Thr Pro Glu Ser Ala Pro Val  
 645 650 655  
 45 Val Ser Thr Ala Leu Ser Thr Pro Ser Ser Ser Thr Val Ser Ser Leu  
 660 665 670  
 Thr Leu Leu Ala Ala Ser Ser Gln Ala Ser Pro Ala Thr Ser Asn Lys  
 675 680 685  
 50 Glu Thr Gln Asp Pro Asn Ala Asp Thr Asp Leu Leu Ile Asp Tyr Val  
 690 695 700  
 Val Asp Thr Thr Ile Ser Lys Asn Thr Ala Lys Lys Gly Gly Gly Ile  
 55 705 710 715 720  
 Tyr Ala Lys Lys Ala Lys Met Ser Arg Ile Asp Gln Leu Asn Ile Ser  
 725 730 735  
 60 Glu Asn Ser Ala Thr Glu Ile Gly Gly Gly Ile Cys Cys Lys Glu Ser  
 740 745 750  
 Leu Glu Leu Asp Ala Leu Val Ser Leu Ser Val Thr Glu Asn Leu Val  
 755 760 765  
 65

ES 2 284 840 T3

Gly Lys Glu Gly Gly Gly Leu His Ala Lys Thr Val Asn Ile Ser Asn  
 770 775 780  
 5 Leu Lys Ser Gly Phe Ser Phe Ser Asn Asn Lys Ala Asn Ser Ser Ser  
 785 790 795 800  
 Thr Gly Val Ala Thr Thr Ala Ser Ala Pro Ala Ala Ala Ala Ala Ser  
 805 810 815  
 10 Leu Gln Ala Ala Ala Ala Ala Val Pro Ser Ser Pro Ala Thr Pro Thr  
 820 825 830  
 Tyr Ser Gly Val Val Gly Gly Ala Ile Tyr Gly Glu Lys Val Thr Phe  
 15 835 840 845  
 Ser Gln Cys Ser Gly Thr Cys Gln Phe Ser Gly Asn Gln Ala Ile Asp  
 850 855 860  
 20 Asn Asn Pro Ser Gln Ser Ser Leu Asn Val Gln Gly Gly Ala Ile Tyr  
 865 870 875 880  
 Ala Lys Thr Ser Leu Ser Ile Gly Ser Ser Asp Ala Gly Thr Ser Tyr  
 25 885 890 895  
 Ile Phe Ser Gly Asn Ser Val Ser Thr Gly Lys Ser Gln Thr Thr Gly  
 900 905 910  
 Gln Ile Ala Gly Gly Ala Ile Tyr Ser Pro Thr Val Thr Leu Asn Cys  
 30 915 920 925  
 Pro Ala Thr Phe Ser Asn Asn Thr Ala Ser Met Ala Thr Pro Lys Thr  
 930 935 940  
 35 Ser Ser Glu Asp Gly Ser Ser Gly Asn Ser Ile Lys Asp Thr Ile Gly  
 945 950 955 960  
 Gly Ala Ile Ala Gly Thr Ala Ile Thr Leu Ser Gly Val Ser Arg Phe  
 40 965 970 975  
 Ser Gly Asn Thr Ala Asp Leu Gly Ala Ala Ile Gly Thr Leu Ala Asn  
 980 985 990  
 45 Ala Asn Thr Pro Ser Ala Thr Ser Gly Ser Gln Asn Ser Ile Thr Glu  
 995 1000 1005  
 Lys Ile Thr Leu Glu Asn Gly Ser Phe Ile Phe Glu Arg Asn Gln Ala  
 1010 1015 1020  
 50 Asn Lys Arg Gly Ala Ile Tyr Ser Pro Ser Val Ser Ile Lys Gly Asn  
 1025 1030 1035 1040  
 Asn Ile Thr Phe Asn Gln Asn Thr Ser Thr His Asp Gly Ser Ala Ile  
 55 1045 1050 1055  
 Tyr Phe Thr Lys Asp Ala Thr Ile Glu Ser Leu Gly Ser Val Leu Phe  
 1060 1065 1070  
 60 Thr Gly Asn Asn Val Thr Ala Thr Gln Ala Ser Ser Ala Thr Ser Gly  
 1075 1080 1085  
 Gln Asn Thr Asn Thr Ala Asn Tyr Gly Ala Ala Ile Phe Gly Asp Pro  
 1090 1095 1100  
 65

ES 2 284 840 T3

Gly Thr Thr Gln Ser Ser Gln Thr Asp Ala Ile Leu Thr Leu Leu Ala  
 1105 1110 1115 1120  
 5 Ser Ser Gly Asn Ile Thr Phe Ser Asn Asn Ser Leu Gln Asn Asn Gln  
 1125 1130 1135  
 Gly Asp Thr Pro Ala Ser Lys Phe Cys Ser Ile Ala Gly Tyr Val Lys  
 1140 1145 1150  
 10 Leu Ser Leu Gln Ala Ala Lys Gly Lys Thr Ile Ser Phe Phe Asp Cys  
 1155 1160 1165  
 Val His Thr Ser Thr Lys Lys Ile Gly Ser Thr Gln Asn Val Tyr Glu  
 1170 1175 1180  
 15 Thr Leu Asp Ile Asn Lys Glu Glu Asn Ser Asn Pro Tyr Thr Gly Thr  
 1185 1190 1195 1200  
 20 Ile Val Phe Ser Ser Glu Leu His Glu Asn Lys Ser Tyr Ile Pro Gln  
 1205 1210 1215  
 Asn Ala Ile Leu His Asn Gly Thr Leu Val Leu Lys Glu Lys Thr Glu  
 1220 1225 1230  
 25 Leu His Val Val Ser Phe Glu Gln Lys Glu Gly Ser Lys Leu Ile Met  
 1235 1240 1245  
 Lys Pro Gly Ala Val Leu Ser Asn Gln Asn Ile Ala Asn Gly Ala Leu  
 1250 1255 1260  
 30 Val Ile Asn Gly Leu Thr Ile Asp Leu Ser Ser Met Gly Thr Pro Gln  
 1265 1270 1275 1280  
 35 Ala Gly Glu Ile Phe Ser Pro Pro Glu Leu Arg Ile Val Ala Thr Thr  
 1285 1290 1295  
 Ser Ser Ala Ser Gly Gly Ser Gly Val Ser Ser Ser Ile Pro Thr Asn  
 1300 1305 1310  
 40 Pro Lys Arg Ile Ser Ala Ala Ala Pro Ser Gly Ser Ala Ala Thr Thr  
 1315 1320 1325  
 Pro Thr Met Ser Glu Asn Lys Val Phe Leu Thr Gly Asp Leu Thr Leu  
 1330 1335 1340  
 45 Ile Asp Pro Asn Gly Asn Phe Tyr Gln Asn Pro Met Leu Gly Ser Asp  
 1345 1350 1355 1360  
 50 Leu Asp Val Pro Leu Ile Lys Leu Pro Thr Asn Thr Ser Asp Val Gln  
 1365 1370 1375  
 Val Tyr Asp Leu Thr Leu Ser Gly Asp Leu Phe Pro Gln Lys Gly Tyr  
 1380 1385 1390  
 55 Met Gly Thr Trp Thr Leu Asp Ser Asn Pro Gln Thr Gly Lys Leu Gln  
 1395 1400 1405  
 Ala Arg Trp Thr Phe Asp Thr Tyr Arg Arg Trp Val Tyr Ile Pro Arg  
 1410 1415 1420  
 60 Asp Asn His Phe Tyr Ala Asn Ser Ile Leu Gly Ser Gln Asn Ser Met  
 1425 1430 1435 1440  
 65

ES 2 284 840 T3

Ile Val Val Lys Gln Gly Leu Ile Asn Asn Met Leu Asn Asn Ala Arg  
 1445 1450 1455  
 5 Phe Asp Asp Ile Ala Tyr Asn Asn Phe Trp Val Ser Gly Val Gly Thr  
 1460 1465 1470  
 Phe Leu Ala Gln Gln Gly Thr Pro Leu Ser Glu Glu Phe Ser Tyr Tyr  
 1475 1480 1485  
 10 Ser Arg Gly Thr Ser Val Ala Ile Asp Ala Lys Pro Arg Gln Asp Phe  
 1490 1495 1500  
 Ile Leu Gly Ala Ala Phe Ser Lys Met Val Gly Lys Thr Lys Ala Ile  
 1505 1510 1515 1520  
 15 Lys Lys Met His Asn Tyr Phe His Lys Gly Ser Glu Tyr Ser Tyr Gln  
 1525 1530 1535  
 20 Ala Ser Val Tyr Gly Gly Lys Phe Leu Tyr Phe Leu Leu Asn Lys Gln  
 1540 1545 1550  
 His Gly Trp Ala Leu Pro Phe Leu Ile Gln Gly Val Val Ser Tyr Gly  
 1555 1560 1565  
 25 His Ile Lys His Asp Thr Thr Thr Leu Tyr Pro Ser Ile His Glu Arg  
 1570 1575 1580  
 Asn Lys Gly Asp Trp Glu Asp Leu Gly Trp Leu Ala Asp Leu Arg Ile  
 1585 1590 1595 1600  
 30 Ser Met Asp Leu Lys Glu Pro Ser Lys Asp Ser Ser Lys Arg Ile Thr  
 1605 1610 1615  
 35 Val Tyr Gly Glu Leu Glu Tyr Ser Ser Ile Arg Gln Lys Gln Phe Thr  
 1620 1625 1630  
 Glu Ile Asp Tyr Asp Pro Arg His Phe Asp Asp Cys Ala Tyr Arg Asn  
 1635 1640 1645  
 40 Leu Ser Leu Pro Val Gly Cys Ala Val Glu Gly Ala Ile Met Asn Cys  
 1650 1655 1660  
 Asn Ile Leu Met Tyr Asn Lys Leu Ala Leu Ala Tyr Met Pro Ser Ile  
 1665 1670 1675 1680  
 Tyr Arg Asn Asn Pro Val Cys Lys Tyr Arg Val Leu Ser Ser Asn Glu  
 1685 1690 1695  
 50 Ala Gly Gln Val Ile Cys Gly Val Pro Thr Arg Thr Ser Ala Arg Ala  
 1700 1705 1710  
 Glu Tyr Ser Thr Gln Leu Tyr Leu Gly Pro Phe Trp Thr Leu Tyr Gly  
 1715 1720 1725  
 55 Asn Tyr Thr Ile Asp Val Gly Met Tyr Thr Leu Ser Gln Met Thr Ser  
 1730 1735 1740  
 60 Cys Gly Ala Arg Met Ile Phe  
 1745 1750

<210> 46

<211> 5256

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

# ES 2 284 840 T3

<400> 46

```

 atgaaatggc tgtcagctac tgcggtgttt gctgctgttc tcccctcagt ttcagggttt 60
5 tgcttcccag aacctaaaga attaaatttc tctcgcgtag gaacttcttc ctctaccact 120
 tttactgaaa cagttggaga agctggggca gaatataatcg tctctggtaa cgcactcttc 180
 acaaaattta ccaacattcc tactaccgat acaacaactc ccacgaactc aaactcctct 240
 agctctaacg gagagactgc ttccgtttct gaggatagtg actctacaac aacgactcct 300
10 gatcctaag gtggcggcgc cttttataac gcgcactccg gagttttatc ctttatgaca 360
 cgatcaggaa cagaaggttc cttaactctg tctgagataa aaataactgg tgaaggcggg 420
 gctatcttct ctcaaggaga gctgctattt acagatctga cagggtctaac catccaaaat 480
15 aacttatccc agctatccgg aggagcgatt tttggagaat ctacaatctc cctatcaggg 540
 attactaaag cgactttctc ctccaactct gcagaagttc ctgctcctgt taagaaacct 600
 acagaaccta aagctcaaac agcaagcgaa acgctcgggtt ctagtagttc tagcggaaat 660
20 gattcgggtg cttccccag ttccagtaga gctgaaccgg cagcagctaa tcttcaaagt 720
 cactttattt gtgctacagc tactcctgct gctcaaaccg atacagaaac atcaactccc 780
 tctcataagc caggatctgg gggagctatc tatgctaaag gcgaccttac tatcgcagac 840
 tctcaagagg tactattctc aataaataaa gctactaaag atggaggagc gatctttgct 900
25 gagaaagatg tttctttcga gaatattaca tcattaaaag tacaaaactaa cggtgctgaa 960
 gaaaagggag gagctatcta tgctaaagg gacctctcaa ttcaatcttc taaacagagt 1020
 ctttttaatt ctaactacag taacaagggt ggtggggctc tatatgttga aggagatata 1080
30 aacttccaag atcttgaaga aattcgcatt aagtacaata aagctggaac gttcgaaca 1140
 aaaaaaatca ctttaccaaa agctcaagca tctgcaggaa atgcagatgc ttgggectct 1200
 tcctctcctc aatctggttc tggagcaact acagtctcca actcaggaga ctctagctct 1260
35 ggctcagact cggatacctc agaaacagtt ccagccacag ctaaaggcgg tgggctttat 1320
 actgataaga atctttcgat tactaacatc acaggaatta tcgaaattgc aaataacaaa 1380
 gcgacagatg ttggagggtg tgcttacgta aaaggaacc ttacttgtga aaactctcac 1440
40 cgtctacaat ttttgaaaaa ctcttccgat aaacaagggtg gaggaatcta cggagaagac 1500
 aacatcacc tatctaattt gacagggag actctattcc aagagaatac tgccaaagaa 1560
 gagggcggtg gactcttcat aaaaggta gataaagctc ttacaatgac aggactggat 1620
 agtttctgtt taattaataa cacatcagaa aaacatggtg gtggagcctt tgttaccaa 1680
45 gaaatctctc agacttacac ctctgatgtg gaaacaattc caggaatcac gcctgtacat 1740
 ggtgaaacag tcattactgg caataaatct acaggaggta atggtggagg cgtgtgtaca 1800
 aaacgtcttg ccttatctaa ccttcaaagc atttctatat ccgggaattc tgcagctgaa 1860
50 aatggtggtg gagcccacac atgcccagat agcttcccaa cggcggatac tgcagaacag 1920
 cccgcagcag cttctgccgc gacgtctact cccgagtctg cccagtggt ctcaactgct 1980
 ctaagcacac cttcatcttc taccgtctct tcattaacct tactagcagc ctcttcacaa 2040
55 gcctctcctg caacctctaa taaggaaact caagatccta atgctgatac agacttattg 2100
 atcgattatg tagttgatac gactatcagc aaaaactg ctaagaaagg cggtggaatc 2160

```

60

65

ES 2 284 840 T3

tatgctaaaa aagccaagat gtcccgcata gaccaactga atatctctga gaactccgct 2220  
 acagagatag gtggaggat ctgctgtaaa gaatctttag aactagatgc cctagtctcc 2280  
 5 ttatctgtaa cagagaacct tgttgggaaa gaaggtggag gcttacatgc taaaactgta 2340  
 aatatttcta atctgaaatc aggcttctct ttctcgaaca acaaagcaaa ctctcatcc 2400  
 acaggagtcg caacaacagc ttcagcacct gctgcagctg ctgcttccct akaagcagcc 2460  
 10 gcagcagccg taccatcatc tccagcaaca ccaacttatt caggtgtagt aggaggagct 2520  
 atctatggag aaaaggttac attctctcaa tgtagcggga cttgtcagtt ctctgggaac 2580  
 caagctatcg ataacaatcc ctcccaatca tcgttgaacg tacaaggagg agccatctat 2640  
 gccaaaacct ctttgtctat tggatcttcc gatgctggaa cctcctatat tttctcgggg 2700  
 15 aacagtgtct cactcggaa atctcaaaca acagggcaaa tagcgggagg agcgatctac 2760  
 tcccctactg ttacattgaa ttgtcctgcg acattctcta acaatacagc ctctatggct 2820  
 acaccaaaga cttcttctga agatggatcc tcaggaaatt ctattaaaga taccattgga 2880  
 20 ggagccattg cagggacagc cattacccta tctggagtct ctcgattttc agggaaatag 2940  
 gctgatttag gagctgcaat aggaactcta gctaatgcaa atacaccagc tgcaactagc 3000  
 ggatctcaaa atagcattac agaaaaaatt actttagaaa acggttcttt tatttttgaa 3060  
 25 agaaaccaag ctaataaacg tggagcgatt tactctccta gcgtttccat taaagggat 3120  
 aatattacct tcaatcaaaa tacatccact catgatggaa gtgctatcta ctttcaaaa 3180  
 gatgctacga ttgagtcttt aggatctggt ctttttacag gaaataacgt tacagctaca 3240  
 caagctagtt ctgcaacatc tggacaaaat acaatactg ccaactatgg ggcagccatc 3300  
 30 tttggagatc caggaaccac tcaatcgtct caaacagatg ccattttaac ccttcttgct 3360  
 tcttctggaa acattacttt tagcaacaac agtttacaga ataaccaagg tgatactccc 3420  
 gctagcaagt tttgtagtat tgcaggatac gtcaaactct ctctacaagc cgctaaaggg 3480  
 35 aagactatta gctttttcga ttgtgtgcac acctctacca aaaaaatagg ttcaacacaa 3540  
 aacgtttatg aaactttaga tattaataaa gaagagaaca gtaatccata tacaggaact 3600  
 attgtgttct cttctgaatt acatgaaaac aaatcttaca tcccacagaa tgcaatcctt 3660  
 40 cacaacggaa ctttagttct taaagagaaa acagaactcc acgtagtctc ttttgagcag 3720  
 aaagaagggt ctaaattaat tatgaaacct ggagctgtgt tatctaacca aaacatagct 3780  
 aacggagctc tagttatcaa tgggttaacg attgatcttt ccagtatggg gactcctcaa 3840  
 gcaggggaaa tcttctctcc tccagaatta cgtatcgttg ccacgacctc tagtgcatec 3900  
 45 ggaggaagcg gggtcagcag tagtatacca acaaatccta aaaggatttc tgcagcagcg 3960  
 cttcagggtt ctgccgcaac tactccaact atgagcgaga acaaagtfff cctaacagga 4020  
 gacctactt taatagatcc taatggaac ttttaccaaa accctatggt aggaagcgat 4080  
 50 ctataggtac cactaattaa gcttccgact aacacaagtg acgtccaagt ctatgattta 4140  
 actttatctg gggatcttt ccctcagaaa gggtacatgg gaacctggac attagattct 4200  
 aatccacaaa cagggaaact tcaagccaga tggacattcg atacctatcg tcgctgggta 4260  
 55 tacataccta gggataatca tttttatgcg aactctatct taggctccca aaactcaatg 4320  
 attgttgatg agcaagggtt tatcaacaac atgttgaata atgcccgtt cgatgatatc 4380  
 gcttacaata acttctgggt ttcaggagta ggaactttct tagctcaaca aggaactcct 4440  
 ctttccgaag aattcagtta ctacagccgc ggaacttcag ttgccatcga tgccaaacct 4500  
 60 agacaagatt ttatcctagg agctgcattt agtaagatgg tggggaaaac caaagccatc 4560  
 aaaaaaatgc ataattactt ccataagggc tctgagtact cttaccaagc ttctgtctat 4620  
 ggaggtaaat tcctgtatft cttgctcaat aagcaacatg gttgggcact tcctttccta 4680  
 65

ES 2 284 840 T3

atacaaggag tcgtgtccta tggacatatt aaacatgata caacaacact ttacccttct 4740  
 atccatgaaa gaaataaagg agattgggaa gatttaggat ggtagcgga tcttcgtatc 4800  
 5 tctatggatc ttaaagaacc ttctaaagat tcttctaaac ggatcactgt ctatggggaa 4860  
 cttgagtatt ccagcattcg ccagaaacag ttcacagaaa tcgattacga tccaagacac 4920  
 ttcgatgatt gtgcttacag aaatctgtcg cttcctgtgg gatgcgctgt cgaaggagct 4980  
 10 atcatgaact gtaatattct tatgtataat aagcttgcac tagcctacat gccttctatc 5040  
 tacagaaata atcctgtctg taaatatcgg gtattgtctt cgaatgaagc tggcaagtt 5100  
 atctgcggag tgccaactag aacctctgct agagcagaat acagtactca actatatctt 5160  
 15 ggtcccttct ggactctcta cggaaactat actatcgaat taggcatgta tacgctatcg 5220  
 caaatgacta gctgcgggtgc tcgcatgatc ttctaa 5256

<210> 47  
 20 <211> 975  
 <212> PRT  
 <213> *Chlamydia trachomatis*  
 25 <400> 47

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

ES 2 284 840 T3

Gln Gly Asp Met Lys Gly Ser Val Ser Phe Val Asp Gln Arg Gly Ala  
 195 200 205  
 5 Ile Ile Phe Thr Asn Asn Gln Ala Val Thr Ser Ser Ser Met Lys His  
 210 215 220  
 Ser Gly Arg Gly Gly Ala Ile Ser Gly Asp Phe Ala Gly Ser Arg Ile  
 10 225 230 235 240  
 Leu Phe Leu Asn Asn Gln Gln Ile Thr Phe Glu Gly Asn Ser Ala Val  
 245 250 255  
 15 His Gly Gly Ala Ile Tyr Asn Lys Asn Gly Leu Val Glu Phe Leu Gly  
 260 265 270  
 Asn Ala Gly Pro Leu Ala Phe Lys Glu Asn Thr Thr Ile Ala Asn Gly  
 275 280 285  
 20 Gly Ala Ile Tyr Thr Ser Asn Phe Lys Ala Asn Gln Gln Thr Ser Pro  
 290 295 300  
 Ile Leu Phe Ser Gln Asn His Ala Asn Lys Lys Gly Gly Ala Ile Tyr  
 25 305 310 315 320  
 Ala Gln Tyr Val Asn Leu Glu Gln Asn Gln Asp Thr Ile Arg Phe Glu  
 325 330 335  
 30 Lys Asn Thr Ala Lys Glu Gly Gly Gly Ala Ile Thr Ser Ser Gln Cys  
 340 345 350  
 Ser Ile Thr Ala His Asn Thr Ile Ile Phe Ser Asp Asn Ala Ala Gly  
 35 355 360 365  
 Asp Leu Gly Gly Gly Ala Ile Leu Leu Glu Gly Lys Lys Pro Ser Leu  
 370 375 380  
 40 Thr Leu Ile Ala His Ser Gly Asn Ile Ala Phe Ser Gly Asn Thr Met  
 385 390 395 400  
 Leu His Ile Thr Lys Lys Ala Ser Leu Asp Arg His Asn Ser Ile Leu  
 405 410 415  
 45 Ile Lys Glu Ala Pro Tyr Lys Ile Gln Leu Ala Ala Asn Lys Asn His  
 420 425 430  
 Ser Ile His Phe Phe Asp Pro Val Met Ala Leu Ser Ala Ser Ser Ser  
 435 440 445  
 50 Pro Ile Gln Ile Asn Ala Pro Glu Tyr Glu Thr Pro Phe Phe Ser Pro  
 450 455 460  
 Lys Gly Met Ile Val Phe Ser Gly Ala Asn Leu Leu Asp Asp Ala Arg  
 55 465 470 475 480  
 Glu Asp Val Ala Asn Arg Thr Ser Ile Phe Asn Gln Pro Val His Leu  
 485 490 495  
 60 Tyr Asn Gly Thr Leu Ser Ile Glu Asn Gly Ala His Leu Ile Val Gln  
 500 505 510  
 Ser Phe Lys Gln Thr Gly Gly Arg Ile Ser Leu Ser Pro Gly Ser Ser  
 515 520 525  
 65

ES 2 284 840 T3

Leu Ala Leu Tyr Thr Met Asn Ser Phe Phe His Gly Asn Ile Ser Ser  
 530 535 540  
 5 Lys Glu Pro Leu Glu Ile Asn Gly Leu Ser Phe Gly Val Asp Ile Ser  
 545 550 555 560  
 Pro Ser Asn Leu Gln Ala Glu Ile Arg Ala Gly Asn Ala Pro Leu Arg  
 565 570 575  
 10 Leu Ser Gly Ser Pro Ser Ile His Asp Pro Glu Gly Leu Phe Tyr Glu  
 580 585 590  
 Asn Arg Asp Thr Ala Ala Ser Pro Tyr Gln Met Glu Ile Leu Leu Thr  
 595 600 605  
 15 Ser Asp Lys Ile Val Asp Ile Ser Lys Phe Thr Thr Asp Ser Leu Val  
 610 615 620  
 20 Thr Asn Lys Gln Ser Gly Phe Gln Gly Ala Trp His Phe Ser Trp Gln  
 625 630 635 640  
 Pro Asn Thr Ile Asn Asn Thr Lys Gln Lys Ile Leu Arg Ala Ser Trp  
 645 650 655  
 25 Leu Pro Thr Gly Glu Tyr Val Leu Glu Ser Asn Arg Val Gly Arg Ala  
 660 665 670  
 Val Pro Asn Ser Leu Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Gln Thr Ala Ser  
 675 680 685  
 30 His Asn Leu Gly Asp His Leu Cys Asn Asn Arg Ser Leu Ile Pro Thr  
 690 695 700  
 35 Ser Tyr Phe Gly Val Leu Ile Gly Gly Thr Gly Ala Glu Met Ser Thr  
 705 710 715 720  
 His Ser Ser Glu Glu Glu Ser Phe Ile Ser Arg Leu Gly Ala Thr Gly  
 725 730 735  
 40 Thr Ser Ile Ile Arg Leu Thr Pro Ser Leu Thr Leu Ser Gly Gly Gly  
 740 745 750  
 Ser His Met Phe Gly Asp Ser Phe Val Ala Asp Leu Pro Glu His Ile  
 755 760 765  
 45 Thr Ser Glu Gly Ile Val Gln Asn Val Gly Leu Thr His Val Trp Gly  
 770 775 780  
 50 Pro Leu Thr Val Asn Ser Thr Leu Cys Ala Ala Leu Asp His Asn Ala  
 785 790 795 800  
 Met Val Arg Ile Cys Ser Lys Lys Asp His Thr Tyr Gly Lys Trp Asp  
 805 810 815  
 55 Thr Phe Gly Met Arg Gly Thr Leu Gly Ala Ser Tyr Thr Phe Leu Glu  
 820 825 830  
 Tyr Asp Gln Thr Met Arg Val Phe Ser Phe Ala Asn Ile Glu Ala Thr  
 835 840 845  
 60 Asn Ile Leu Gln Arg Ala Phe Thr Glu Thr Gly Tyr Asn Pro Arg Ser  
 850 855 860  
 65

ES 2 284 840 T3

Phe Ser Lys Thr Lys Leu Leu Asn Ile Ala Ile Pro Ile Gly Ile Gly  
 865 870 875 880  
 5 Tyr Glu Phe Cys Leu Gly Asn Ser Ser Phe Ala Leu Leu Gly Lys Gly  
 885 890 895  
 Ser Ile Gly Tyr Ser Arg Asp Ile Lys Arg Glu Asn Pro Ser Thr Leu  
 10 900 905 910  
 Ala His Leu Ala Met Asn Asp Phe Ala Trp Thr Thr Asn Gly Cys Ser  
 915 920 925  
 15 Val Pro Thr Ser Ala His Thr Leu Ala Asn Gln Leu Ile Leu Arg Tyr  
 930 935 940  
 Lys Ala Cys Ser Leu Tyr Ile Thr Ala Tyr Thr Ile Asn Arg Glu Gly  
 945 950 955 960  
 20 Lys Asn Leu Ser Asn Ser Leu Ser Cys Gly Gly Tyr Val Gly Phe  
 965 970 975

<210> 48

25 <211> 2928

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

30 <400> 48

atgaatcgag ttatagaaat ccatgctcac tacgatcaaa gacaactttc tcaatctcca 60  
 aatacaaaact tcttagtaca tcatecttat ctactctta ttccaagtt tctactagga 120  
 35 gctctaatacg tctatgctcc ttattcgttt gcagaaatgg aattagctat ttctggacat 180  
 aaacaaggta aagatcgaga tacctttacc atgatctctt cctgtctga aggactaat 240  
 tacatcatca atcgcaaact catactcagt gatttctcgt tactaaataa agtttcatca 300  
 40 gggggagcct ttcggaatct agcagggaaa atttccttct taggaaaaaa ttcttctgcg 360  
 tccattcatt ttaaacacat taatatcaat ggttttggag cgggagtctt ttctgaatcc 420  
 tctattgaat ttactgattt acgaaaactt gttgcttttg gatctgaaag cacaggagga 480  
 attttactg cgaaagagga catctctttt aaaaacaacc accacattgc cttccgcaat 540  
 45 aatatcacca aagggaaatgg tggcgttatc cagctccaag gagatatgaa aggaagcgta 600  
 tcctttgtag atcaacgtgg agctatcatc ttaccaata accaagctgt aacttcttca 660  
 tcaatgaaac atagtggtcg tggaggagca attagcgggtg acttcgcagg atccagaatt 720  
 50 ctttttctta ataaccaaca aattactttc gaaggcaata gcgctgtgca tggagggtgct 780  
 atctacaata agaatggcct tgtcgagttc ttaggaaatg caggacctct tgocctttaa 840  
 gagaacacaa caatagctaa cgggggagct atatacacia gtaatttcaa agcgaatcaa 900  
 55 caaacatccc ccattctatt ctctcaaaat catgcgaata agaaaggcgg agcgatttac 960  
 gcgcaatatg tgaacttaga acagaatcaa gatactattc gctttgaaaa aaataccgct 1020  
 aaagaaggcg gtggagccat cacctcttct caatgctcaa ttactgctca taataccatc 1080  
 60 attttttccg ataatgctgc cggagatctt ggaggaggag caattcttct agaagggaaa 1140  
 aaaccttctc taaccttgat tgctcatagt ggtaaatattg catttagcgg caataccatg 1200

65

## ES 2 284 840 T3

```

cttcatatca ccaaaaaagc ttccctagat cgacacaatt ctatcttaat caaagaagct 1260
ccctataaaa tccaacttgc agcgaacaaa aaccattcta ttcatttctt tgatcctgtc 1320
5 atggcattgt cagcatcatc ttcccctata caaatcaatg ctcttgagta tgaaactccc 1380
ttcttctcac ctaagggtat gatcgttttc tccgggtgca atcttttaga tgatgctagg 1440
gaagatggtg caaatagaac atcgattttt aaccaaccg ttcatctata taatggcacc 1500
10 ctatctatcg aaaatggagc ccatctgatt gtccaaagct tcaaacagac cggaggacgt 1560
atcagtttat ctccaggatc ctccctggct ctatacacga tgaactcgtt cttccatggc 1620
aacatatcca gcaaagaacc cctagaaatt aatggtttaa gctttggagt agatatctct 1680
ccttctaate ttcaagcaga gatccgtgcc ggcaacgctc ctttacgatt atccggatcc 1740
15 ccatctatcc atgatcctga aggattattc tacgaaaatc gcgatactgc agcatcacca 1800
taccaaatgg aaatcttgct cacctctgat aaaattgtag atatctcaa atttactact 1860
gattctctag ttacgaacaa acaatcagga ttccaaggag cctggcattt tagctggcag 1920
20 ccaataacta taaacaatac taaacaaaaa atattaagag cttcttggct cccaacagga 1980
gaatatgtcc ttgaatccaa tcgagtgggg cgtgccgttc ctaattcctt atggagcaca 2040
tttttacttt tacagacagc ctctcataac ttaggcgatc atctatgtaa taatcgate 2100
25 cttattccta cttcatactt cggagtttta attggaggaa ctggagcaga aatgtctacc 2160
cactcctcag aagaagaaag ctttataatc cgtttaggag ctacaggaac ctctatcata 2220
cgcttaactc cctccctgac actctctgga ggaggctcac atatgttcgg agattcgttc 2280
gttgcagact taccagaaca catcacttca gaaggaattg ttcagaatgt cggtttaacc 2340
30 catgtctggg gacccttac tgtcaattct acattatgtg cagccttaga tcacaacgag 2400
atgggtccgca tatgctccaa aaaagatcac acctatggga aatgggatac attcgggatg 2460
cgaggaacat taggagctc ttatacattc ctagaatag atcaaactat gcgcgtattc 2520
35 tcattcgcca acatcgaagc cacaaatate ttgcaaagag cttttactga aacaggctat 2580
aaccaagaa gtttttcaa gacaaaactt ctaaaccatc ccatcccatc agggattggg 2640
tatgaattct gcttagggaa tagctctttt gctctactag gtaagggatc catcggttac 2700
40 tctcgagata ttaaaccgaga aaacctatcc actcttgctc acctggctat gaatgatttt 2760
gcttggacta ccaatggctg ttcagttcca acctctgcac acacattggc aaatcaattg 2820
attcttcgct ataaagcatg ttccttatac atcacggcat atactatcaa ccgtgaaggg 2880
45 aagaacctct ccaatagctt atcctgcgga ggctatggtg gcttctaa 2928

```

<210> 49

<211> 210

50 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 49

```

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

```

65

ES 2 284 840 T3

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

<210> 50

<211> 633

40 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 50

|    |            |            |            |            |            |            |     |
|----|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| 45 | gtgtacaaat | atattattgt | agacacttcc | ggttctcagc | cgtttttggc | ctatgtcgat | 60  |
|    | tgtcgagatg | ttttagaagt | atggtctttg | cctacagggc | cagatcaagg | agttgtgtta | 120 |
|    | aatttcattt | tcaacagcct | ggatttgcct | ttccaaggta | ttggagtctc | tgttggctct | 180 |
| 50 | gggggatttt | ctgcaactag | agtgggagtt | gcttttgctc | aagggctctc | tctggctaaa | 240 |
|    | aatgtccctt | tagttggcta | tagctcttta | gaaggatata | tttctttggg | tcaagaagag | 300 |
|    | gaggctttgc | ttttgcctct | agggaaaaag | ggtgggattg | tagctttaaa | ctcagagctt | 360 |
| 55 | tctcttgatg | gttttctgct | tacagatact | acttctactc | cggaattttt | attgtcttat | 420 |
|    | tctgaagctc | tagagtattg | tttagataag | ggatggtgtc | atgtgatctc | tccggatcca | 480 |
|    | acgtatttcg | tagaactatt | ttcttcgcgt | atctcggtaa | ggaaggtggg | tccttgatc  | 540 |
| 60 | gatcgaatcc | gtaagtacgt | tgtttcgcag | tttgttctgt | ctcaaaatct | tccgttgtgt | 600 |
|    | ttagattacc | ggagcatctc | ttcctttttt | tag        |            |            | 633 |

<210> 51

65 <211> 141

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

ES 2 284 840 T3

<400> 51

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

<210> 52

<211> 426

35 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 52

40 atgatagatg tatcagtagt ggggcctgta ttggctatgg ctttggcaat gattggtagc 60  
 gctgttggat gtggaatggc tggagtcgct tctcacgcag tgatgtctcg aatcgatgaa 120  
 45 ggacacggga agattattgg tctgtctgct atgccctcat cacaatccat ttacggggttg 180  
 attttcatgt tactgctgaa tgatgcaatt aaggatggaa aagtctctgc agtcagtggg 240  
 atcgtaatgg gtatagctgt aggatctgcg ttattgcttt ctgcttttat gcaaggggaag 300  
 50 tgctgtgtga gtgctattca agcctatgcg cgttcctctg caatatatgg taaatcattt 360  
 gcttcgattg ggattgttga gtcttttgcg ttatttgctt tcgtttttgc gctattgtta 420  
 ttctaa 426

55 <210> 53

<211> 101

<212> PRT

60 <213> *Chlamydia trachomatis*

65

ES 2 284 840 T3

<400> 53

5 Met Ala Lys Lys Ser Ala Val Ala Arg Glu Val Lys Arg Arg Lys Leu  
 1 5 10 15  
 Val Glu Ala Asn Phe Gln Lys Arg Ala Glu Leu Arg Lys Leu Ala Lys  
 20 25 30  
 10 Ser Leu Ser Val Ser Glu Glu Glu Arg Glu Arg Ala Arg Glu Ala Leu  
 35 40 45  
 Asn Lys Met Arg Arg Asp Thr Ser Pro Ser Arg Leu His Asn Arg Cys  
 50 55 60  
 15 Leu Leu Thr Gly Arg Pro Arg Gly Tyr Leu Arg Lys Phe Ala Ile Ser  
 65 70 75 80  
 Arg Ile Cys Phe Arg Gln Met Ala Ser Met Gly Asp Ile Pro Gly Val  
 20 85 90 95  
 Val Lys Ala Ser Trp  
 100

25

<210> 54

<211> 306

<212> ADN

30

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 54

35

atggcgaaga agtcagcagt agctagagaa gttaaacgtc gaaagttagt agaagctaat 60  
 tttcagaaga gagcagagct tcgaaaactt gcgaagagtt tatctgtag cgaggaagaa 120  
 40 agagaaagag ctcggaagc tctcaataaa atgagaagag atacttctcc ttctcgttta 180  
 cataatagat gcctattaac aggccgtcct cgtggatacc ttagaaagtt tgctatctca 240  
 agaatttggt ttagacaaat ggcttctatg ggagatatcc caggcgttgt gaaagcaagt 300  
 tggtag 306

45

<210> 55

<211> 393

<212> PRT

50

<213> *Chlamydia trachomatis*

55

60

65

ES 2 284 840 T3

<400> 55

Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Val Leu Val Phe Ala Ala Leu Ser Ser  
 1 5 10 15  
 Ala Ser Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ala Glu Pro Ser  
 20 25 30  
 Leu Met Ile Asp Gly Ile Leu Trp Glu Gly Phe Gly Gly Asp Pro Cys  
 35 40 45  
 Asp Pro Cys Ala Thr Trp Cys Asp Ala Ile Ser Met Arg Val Gly Tyr  
 50 55 60  
 Tyr Gly Asp Phe Val Phe Asp Arg Val Leu Lys Thr Asp Val Asn Lys  
 65 70 75 80  
 Glu Phe Gln Met Gly Ala Lys Pro Thr Thr Asp Thr Gly Asn Ser Ala  
 85 90 95  
 Ala Pro Ser Thr Leu Thr Ala Arg Glu Asn Pro Ala Tyr Gly Arg His  
 100 105 110  
 Met Gln Asp Ala Glu Met Phe Thr Asn Ala Ala Cys Met Ala Leu Asn  
 115 120 125  
 Ile Trp Asp Arg Phe Asp Val Phe Cys Thr Leu Gly Ala Thr Ser Gly  
 130 135 140  
 Tyr Leu Lys Gly Asn Ser Ala Ser Phe Asn Leu Val Gly Leu Phe Gly  
 145 150 155 160  
 Asp Asn Glu Asn Gln Lys Thr Val Lys Ala Glu Ser Val Pro Asn Met  
 165 170 175  
 Ser Phe Asp Gln Ser Val Val Glu Leu Tyr Thr Asp Thr Thr Phe Ala  
 180 185 190  
 Trp Ser Val Gly Ala Arg Ala Ala Leu Trp Glu Cys Gly Cys Ala Thr  
 195 200 205  
 Leu Gly Ala Ser Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Lys Pro Lys Val Glu Glu  
 210 215 220  
 Leu Asn Val Leu Cys Asn Ala Ala Glu Phe Thr Ile Asn Lys Pro Lys  
 225 230 235 240  
 Gly Tyr Val Gly Lys Glu Phe Pro Leu Asp Leu Thr Ala Gly Thr Asp  
 245 250 255  
 Ala Ala Thr Gly Thr Lys Asp Ala Ser Ile Asp Tyr His Glu Trp Gln  
 260 265 270  
 Ala Ser Leu Ala Leu Ser Tyr Arg Leu Asn Met Phe Thr Pro Tyr Ile  
 275 280 285  
 Gly Val Lys Trp Ser Arg Ala Ser Phe Asp Ala Asp Thr Ile Arg Ile  
 290 295 300  
 Ala Gln Pro Lys Ser Ala Thr Ala Ile Phe Asp Thr Thr Thr Leu Asn  
 305 310 315 320

65

ES 2 284 840 T3

Pro Thr Ile Ala Gly Ala Gly Asp Val Lys Thr Gly Ala Glu Gly Gln  
 325 330 335  
 5 Leu Gly Asp Thr Met Gln Ile Val Ser Leu Gln Leu Asn Lys Met Lys  
 340 345 350  
 Ser Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ala Val Gly Thr Thr Ile Val Asp Ala  
 10 355 360 365  
 Asp Lys Tyr Ala Val Thr Val Glu Thr Arg Leu Ile Asp Glu Arg Ala  
 370 375 380  
 15 Ala His Val Asn Ala Gln Phe Arg Phe  
 385 390

<210> 56

20 <211> 1182

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

25 <400> 56

atgaaaaaac tcttgaaatc ggtattagta tttgccgctt tgagttctgc ttctccttg 60  
 caagctctgc ctgtggggaa tcttgctgaa ccaagcctta tgatcgacgg aattctgtgg 120  
 30 gaaggtttcg gcggagatcc ttgcgatcct tgcgccactt ggtgtgacgc tatcagcatg 180  
 cgtgttggtt actacggaga ctttgttttc gaccgtgttt tgaaaactga tgtgaataaa 240  
 gaatttcaga tgggtgccaa gcctacaact gatacaggca atagtgcagc tccatccact 300  
 35 cttacagcaa gagagaatcc tgcttacggc cgacatatgc aggatgctga gatgtttaca 360  
 aatgccgctt gcatggcatt gaatatttgg gatcgttttg atgtattctg tacattagga 420  
 gccaccagtg gatatcttaa aggaaactct gcttctttca atttagttgg attgtttggg 480  
 40 gataatgaaa atcaaaaaac ggtcaaagcg gagtctgtac caaatatgag ctttgatcaa 540  
 tctgttgttg agttgtatac agatactact tttgctgga gcgtcggcgc tcgcgcagct 600  
 ttgtgggaat gtggatgtgc aactttagga gcttcattcc aatagctca atctaaacct 660  
 aaagtagaag aattaaactg tctctgcaat gcagcagagt ttactattaa taaacctaaa 720  
 45 gggtagtag gtaaggagt tctcttgat cttacagcag gaacagatgc tgcgacagga 780  
 actaaggatg cctctattga ttacatgaa tggcaagcaa gtttagctct ctcttacaga 840  
 ctgaatatgt tcaactcccta cattggagt aaatggtctc gagcaagctt tgatgccgat 900  
 50 acgattcgta tagcccagcc aaaatcagct acagctattt ttgatactac cagcctaac 960  
 ccaactattg ctggagctgg cgatgtgaaa actggcgcag agggtcagct cggagacaca 1020  
 atgcaaatcg tttccttgca attgaacaag atgaaatcta gaaaatcttg cggattgca 1080  
 55 gtaggaacaa ctattgtgga tgcagacaaa tacgcagtta cagttgagac tcgcttgatc 1140  
 gatgagagag cagctcacgt aaatgcacaa ttccgcttct aa 1182

60 <210> 57

<211> 194

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

65

ES 2 284 840 T3

<400> 57

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

<210> 58

<211> 585

<212> ADN

45 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 58

50 atgctgaaaa tgttttggtt gaatagcctc gttttcttct cgttactact atcagcctgc 60  
 ggctatacag tgctctcccc ccactatgta gaaaagaaat tctcgctttc cgaaggcatc 120  
 tatgtctgcc ctatcgaagg agattcatta ggagatctcg tatcctctct ttcttacgaa 180  
 55 ttagaaaaagc gaggactcca cacacgatct caaggaacct cttctgggta tgtactcaaa 240  
 gtctctcttt tcaatgagac tgatgaaaat attggattcg catacactcc ccaaaaacct 300  
 60 gatgaaaaac ctgtaaaaaca cttcattgtc tctaatagaag ggcgcttagc gttatcagca 360  
 aaagtccaac taatcaaaaa ccgcacacaa gaaatattag tggagaaatg cctgagaaaa 420  
 tcggttactt ttgattttca acctgacctc ggaaccgcga atgctcatca gctagctctc 480  
 ggacaatttg aaatgcataa tgaagcaata aaaagcgctt ctcgtatatt gtagctcgcaa 540  
 65 ttagcagaga ctattgtaca acaggtatac tatgaccttt tctga 585

<210> 59

ES 2 284 840 T3

<211> 542

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

5

<400> 59

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

50

55

60

65

ES 2 284 840 T3

210 215 220  
 Val Gln Pro Gly Tyr Ser Pro His Met His Ala Gly Arg Thr Ala Ser  
 225 230 235 240  
 5 Ala Ile Trp Arg Gly Leu Val Ser Leu Cys Gln Thr Ile Gln Thr Pro  
 245 250 255  
 10 Val Asp Val Ile Val Phe Pro Glu Val Ser Val Pro Phe Gly Leu His  
 260 265 270  
 Arg Gln Ala Tyr Thr Leu His Glu Asn Gln Pro Val Leu Glu Ser Leu  
 275 280 285  
 15 Leu Pro Asn Lys Ser Trp Gly Glu Phe Phe Thr Asn Leu Asp Trp Ile  
 290 295 300  
 20 Gln Ala Ile Ala Glu Arg Tyr Gln Cys Thr Val Ile Met Gly Met Glu  
 305 310 315 320  
 Arg Trp Glu Asn Lys Gly Gly Ile Leu His Leu Tyr Asn Ala Ala Glu  
 325 330 335  
 25 Cys Val Ser Arg Glu Gly Glu Ile Thr Ser Tyr Asp Lys Arg Ile Leu  
 340 345 350  
 Val Pro Gly Gly Glu Tyr Ile Pro Gly Gly Lys Ile Gly Phe Ser Leu  
 355 360 365  
 30 Cys Gln Thr Phe Phe Pro Glu Phe Ala Leu Pro Phe Gln Arg Leu Pro  
 370 375 380  
 Gly Glu Phe Ser Gly Val Val Asn Ile Thr Glu Arg Ile Lys Ala Gly  
 385 390 395 400  
 35 Ile Ser Ile Cys Tyr Glu Glu Thr Phe Gly Tyr Ala Ile Arg Pro Tyr  
 405 410 415  
 40 Lys Arg Gln Gln Ala Asp Ile Leu Val Asn Leu Thr Asn Asp Gly Trp  
 420 425 430  
 Tyr Pro Arg Ser Arg Leu Pro Leu Val His Phe Tyr His Gly Met Leu  
 435 440 445  
 45 Arg Asn Gln Glu Leu Gly Ile Pro Cys Ile Arg Ala Cys Arg Thr Gly  
 450 455 460  
 50 Val Ser Ala Ala Val Asp Ser Leu Gly Arg Ile Val Gly Ile Leu Pro  
 465 470 475 480  
 Trp Glu Ser Arg Thr Cys Pro Val Ser Thr Gly Val Leu Gln Val Ser  
 485 490 495  
 55 Val Pro Leu Tyr Ser Tyr His Thr Val Tyr Ala Arg Leu Gly Asp Ala  
 500 505 510  
 Pro Leu Leu Leu Ile Ala Val Cys Ser Val Ile Gly Ala Ile Ala Tyr  
 515 520 525  
 60 Phe Tyr Arg Lys Lys Lys Glu Thr Pro Pro Gln Thr Phe Phe  
 530 535 540

65 <210> 60  
 <211> 1629  
 <212> ADN

## ES 2 284 840 T3

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 60

```

5 gtgtttaaac ttgtgcata catcatcctt tcttgggtgc tggctctgtt ggctcagccg 60
 gatgtaagtg ttgtagcttc tgttgtagt tgtatttgcg gttacagctt accttgggct 120
10 gggctttttg ctttagtaga gcaattatct tggagaag tttgggtgat cgcttttatt 180
 tggacttgga ctgtcgaagg cgctcatttc tcttggatgc ttgaagatct ttatgtaggg 240
 acaagcatct attttgttg gggataactg ctttcttacc tcgccaccct atttgctagt 300
15 ttttcttggt tggttgtgtg gtgttgtcgc aagcaatata ggggagctct tgtttggctt 360
 ccagggggtt ggggtgggat agaagcaata cgctattatg ggttgctttc aggagtttct 420
 tttgatttta ttggctggcc tcttacagcg acagcctatg gccggcaatt cggcagcttt 480
 tttggatggg ctggacaaag ctttctagt attgctgcca atatatgctg ttttgagta 540
20 tgtttattaa aacactcttt ttccaaagg tttgtggtga cgttgtgcgc gttcccttat 600
 ctgttaggcg gagcgcatta cgaataccta aagaagcatt tttccgactc tgaagtgctt 660
 cgagttgcca tcgtgcagcc tggatatagt cctcatatgc atgcaggag gagggctagt 720
25 gctatttggg gaggtttggt ttctttgtgc cagactattc aaactcctgt agatgtgatc 780
 gttttcccag aagtaagtgt tccttttggc ttacatagac aagcctatac tcttcatgaa 840
 aatcagcctg tattagaaag tttgcttcct aacaaatctt ggggcgagtt tttcaciaat 900
30 ttggattgga tccaagcgat agctgaacgt tatcaatgca ccggtatcat gggaatggaa 960
 cgatgggaaa ataaaggggg aatactgcat ttgtataatg ctgctgaatg cgtatcgca 1020
 gaaggggaaa taactagcta tgataagcgg attcctgttc ctggagggtga gtacatccct 1080
 ggaggggaaa taggtttttc cttgtgtcaa acctttttcc cagaatttgc tcttcccttt 1140
35 caacgtttgc caggagagtt ttctggagtt gtgaatataa cagagcgaat aaaagctggg 1200
 atctctatth gttatgagga gacatttggg tatgcaattc gcccttacia aaggcaacia 1260
 gccgatatth tagtaaatct tactaatgac ggttggatc cgcgttcaag gctgcctcta 1320
40 gtacatthtt atcatggcat gttacgtaat caagagttgg gtataccttg tattcgcgcc 1380
 tgtcgcacag gagtttctgc tgcagtgat tctttgggta gaattgtcgg catacttccc 1440
 tgggaatcga gaacttgcct agtttctaca ggagtactcc aagtttccgt ccctctttac 1500
45 agttatcata ctgtatatgc aaggctgggt gatgctcctc tgttactgat tgcagtttgt 1560
 tcggttatcg gagcgattgc ctatthttat aggaaaaaga aagagacccc accaciaaca 1620
 tttttttga 1629

```

50

<210> 61

<211> 553

<212> PRT

55

<213> *Chlamydia trachomatis*

60

65

ES 2 284 840 T3

<400> 61

5 Met Ser Ser Asn Lys His Ala Ser Leu Cys Gln Lys Thr Pro Ser Leu  
 1 5 10 15  
 Cys Arg Glu Leu Gln Lys Ala Pro Ala Leu Leu Leu Thr Glu Asp Ile  
 20 25 30  
 10 Arg Phe Lys Ala Leu Leu Asn Glu Arg Ile Asp Ser Val Ala Glu Leu  
 35 40 45  
 Phe Pro Cys Thr Tyr Asn Ser Pro Tyr Tyr Lys Phe Ile Ser Lys Ser  
 50 55 60  
 15 Asp Leu Ser Ala Glu Thr Ser Pro Leu Lys Val Gly Val Met Leu Ser  
 65 70 75 80  
 Gly Gly Pro Ala Pro Gly Gly His Asn Val Ile Leu Gly Leu Leu His  
 85 90 95  
 20 Ser Ile Lys Lys Leu His Pro Asn Ser Gln Leu Leu Gly Phe Ile Arg  
 100 105 110  
 Asn Gly Glu Gly Leu Leu Asn Asn Asn Thr Val Glu Ile Thr Asp Glu  
 115 120 125  
 25 Phe Ile Glu Glu Phe Arg Asn Ser Gly Gly Phe Asn Cys Ile Gly Thr  
 130 135 140  
 30 Gly Arg Thr Asn Ile Ile Thr Glu Glu Asn Lys Ala Arg Cys Leu Gln  
 145 150 155 160  
 Thr Ala Asn Glu Leu Asp Leu Asp Gly Leu Val Ile Ile Gly Gly Asp  
 165 170 175  
 35 Gly Ser Asn Thr Ala Thr Ala Ile Leu Ala Glu Tyr Phe Ala Lys His  
 180 185 190  
 40 Gln Ala Lys Thr Val Leu Val Gly Val Pro Lys Thr Ile Asp Gly Asp  
 195 200 205  
 Leu Gln His Leu Phe Leu Asp Leu Thr Phe Gly Phe Asp Thr Ala Thr  
 210 215 220  
 45 Lys Phe Tyr Ser Ser Ile Ile Ser Asn Ile Ser Arg Asp Ala Leu Ser  
 225 230 235 240  
 Cys Lys Gly His Tyr His Phe Ile Lys Leu Met Gly Arg Ser Ser Ser  
 245 250 255  
 50 His Ile Thr Leu Glu Cys Ala Leu Gln Thr His Pro Asn Ile Ala Leu  
 260 265 270  
 55 Ile Gly Glu Glu Ile Ala Glu Lys Ser Ile Ser Leu Glu Thr Leu Ile  
 275 280 285  
 His Asp Ile Cys Glu Thr Ile Ala Asp Arg Ala Ala Met Gly Lys Tyr  
 290 295 300  
 60 His Gly Val Ile Leu Ile Pro Glu Gly Val Ile Glu Phe Ile Pro Glu  
 305 310 315 320  
 Ile Gln Ser Leu Val Lys Glu Ile Glu Ser Ile Pro Glu Gln Glu Asn

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
|    |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |     |  |
|    | Leu | Tyr | Gln | Ala | Leu | Ser | Leu | Ser | Ser | Gln | Gln | Leu | Leu | Cys | Gln | Phe |  |
| 5  |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |  |
|    | Pro | Glu | Asp | Ile | Cys | His | Gln | Leu | Leu | Tyr | Asn | Arg | Asp | Ala | His | Gly |  |
|    |     |     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |  |
| 10 | Asn | Val | Tyr | Val | Ser | Lys | Ile | Ser | Val | Asp | Lys | Leu | Leu | Ile | His | Leu |  |
|    |     |     |     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |  |
|    | Val | Arg | Gln | His | Leu | Glu | Thr | His | Phe | Arg | Gln | Val | Pro | Phe | Asn | Ala |  |
|    | 385 |     |     |     |     |     |     | 390 |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |  |
| 15 | Ile | Ser | His | Phe | Leu | Gly | Tyr | Glu | Gly | Arg | Ser | Gly | Thr | Pro | Thr | His |  |
|    |     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |  |
|    | Phe | Asp | Asn | Val | Tyr | Ser | Tyr | Asn | Leu | Gly | Tyr | Gly | Ala | Gly | Val | Leu |  |
| 20 |     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |  |
|    | Val | Phe | Asn | Arg | Cys | Asn | Gly | Tyr | Leu | Ser | Thr | Ile | Glu | Gly | Leu | Thr |  |
|    |     |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |  |
| 25 | Ser | Pro | Ile | Glu | Lys | Trp | Arg | Leu | Arg | Ala | Leu | Pro | Ile | Val | Arg | Met |  |
|    |     |     |     | 450 |     |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |  |
|    | Leu | Thr | Thr | Lys | Gln | Gly | Lys | Asp | Ser | Lys | His | Tyr | Pro | Leu | Ile | Lys |  |
|    | 465 |     |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |  |
| 30 | Lys | Arg | Leu | Val | Asp | Ile | Ala | Ser | Pro | Val | Phe | Asn | Lys | Phe | Ser | Leu |  |
|    |     |     |     | 485 |     |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     |     | 495 |  |
|    | Tyr | Arg | Lys | Ile | Trp | Ala | Leu | Glu | Asp | Ser | Tyr | Arg | Phe | Val | Gly | Pro |  |
| 35 |     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |  |
|    | Leu | Gln | Ile | His | Ser | Pro | Glu | Asp | Ala | His | Ser | Asp | Asp | Phe | Pro | Pro |  |
|    |     |     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |  |
| 40 | Leu | Ile | Leu | Phe | Leu | Asn | His | Asn | Glu | Trp | Gln | Lys | Arg | Cys | Ser | Ile |  |
|    | 530 |     |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     |     | 540 |     |     |     |  |
|    | Cys | Leu | Glu | Ile | Pro | Asp | Gln | Asp | Tyr |     |     |     |     |     |     |     |  |
| 45 | 545 |     |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |

<210> 62

<211> 1662

50 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 62

55

```

atgtcgtcga ataaacatgc ttctctttgt caaaagacgc cttctttgtg tcgggagctt 60
caaaaagctc ctgctcttct attaacagaa gacataaggt ttaaagctct tcttaatgaa 120
cgcattgact ctgttgacaga actattttcca tgcacttata actctcccta ctacaaattt 180
atttcgaagt ccgatctttc cgctgagacc tctcccctta aagtgggcgt tatgctttct 240
ggaggcccag ctctggtggg gcacaatgtc atcttaggat tgctacacag tattaanaag 300

```

65

ES 2 284 840 T3

ctccatccga atagtcagct tttaggattt attcgcaatg gagaaggact tctcaataat 360  
 aatactgtag aatcacaga tgaattcatt gaagagtttc gtaactctgg aggctttaat 420  
 5 tgcataaggaa caggctgcac taatatcata accgaagaaa ataaagcgcg ctggtttacaa 480  
 acagcaaatg aactcgattt agatggatta gtgattattg gaggcgatgg ttcgaataca 540  
 gccacggcga ttcttgctga atattttgct aagcatcaag caaaaacggg attagttggg 600  
 10 gttcccaaaa ctattgatgg agatttgcag cacctatatt tagacctcac atttggggtt 660  
 gatactgcta ctaaatttta ttcattccatc atcagcaaca tttctagaga cgcattatcg 720  
 tgtaaaggcc actatcattt tattaaacta atgggcccggg cttcttctca tatcacgcta 780  
 15 gaatgcgcac tacagactca cccaaatatt gctcttatag gcgaagagat tgcagaaaaa 840  
 agcatctcct tagaaacatt aatccatgat atttgtgaaa caatagcaga tgcagctgct 900  
 atggggaaat accatggcgt tattctcatc cctgaaggag tcattgagtt tattcctgaa 960  
 atacagtctc tggtaaaga aattgaatcc attccagagc aggagaatct ttaccaagct 1020  
 20 ttatccttat cttctcagca acttttatgc caatttccgg aagatatttg ccatcagctc 1080  
 ttgtataata gagatgctca tggcaacgct tatgtatcaa aaattagtgt tgataaactt 1140  
 ctgattcatc tagttcgtca acatttagaa acacatttta gacaagtcc cttcaatgca 1200  
 25 atctcccatt ttttaggta tgaagggcgt tcaggaactc ctacacattt tgataatgtg 1260  
 tatagctata acttaggata tgggtgctggg gttctcgttt ttaaccgctg taatgggtat 1320  
 ttatccacga tcgaaggctt aactagccct attgaaaaat ggcgattgcg cgctttacc 1380  
 attgttcgaa tgttgacgac caagcagggg aaagacagta aacattatcc tctgataaaa 1440  
 30 aaaagattgg tagatattgc tagtcctggt ttaataaagt tctcactgta tcggaaaatc 1500  
 tgggctttag aagactccta tcgctttgta gggccattac aaatacattc tccggaggat 1560  
 gctcattctg atgattttcc tcctttaatt ttgttttga atcataatga atggcaaaaa 1620  
 35 cgctgttcta tttgtttaga aatccccgat caggattatt aa 1662

<210> 63

40 <211> 167

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

45 <400> 63

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | Met | Ile | Cys | Cys | Asp | Lys | Val | Leu | Ser | Ser | Val | Gln | Ser | Met | Pro | Val |
|    | 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |
| 50 | Ile | Asp | Lys | Cys | Ser | Val | Thr | Lys | Cys | Leu | Gln | Thr | Ala | Lys | Gln | Ala |
|    |     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |
|    | Ala | Val | Leu | Ala | Leu | Ser | Leu | Phe | Ala | Val | Phe | Ala | Ser | Gly | Ser | Leu |
| 55 |     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     | 45  |     |     |     |     |     |
|    | Ser | Ile | Leu | Ser | Ala | Ala | Val | Leu | Phe | Ser | Gly | Thr | Ala | Ala | Val | Leu |
|    | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
| 60 | Pro | Tyr | Leu | Leu | Ile | Leu | Thr | Thr | Ala | Leu | Leu | Gly | Phe | Val | Cys | Ala |
|    | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
|    | Val | Ile | Val | Leu | Leu | Arg | Asn | Leu | Ser | Ala | Val | Val | Gln | Ser | Cys | Lys |

65



ES 2 284 840 T3

<210> 66

<211> 270

<212> ADN

5 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 66

10 atgtcgaaaa aatgtgcgct tacaggaaga aagcctcgtc gcggttatag ctatgctatc 60  
 cgagggattt ctaaaaagaa aaaagggatc ggtttgaaag ttacaggaag aacaaaacgt 120  
 cgattcttcc ctaatatgat gactaagaga ctatggctta ctgaggaaaa tcgcttctc 180  
 aaactcaaaa tttctgcagc agctttacgc cttgttgata aactagggtt agatcaggtt 240  
 15 gttgctagag ctaaaagcaa gggtttttag 270

<210> 67

<211> 157

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 67

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

<210> 68

60 <211> 474

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

65

# ES 2 284 840 T3

<400> 68

```

5 atgttgttcg gatatttggg aggatttcta gctgccgatc ctgaagaaag aatgacatcc 60
 ggaggtaaac gggttgttgt tttacgtttg ggtgtaaaat ctcgtgtagg atctaaagat 120
 gaaacagtgt ggtgcagatg caatatctgg aacaaccggt atgataagat gcttccttat 180
10 ttgaagaaag gttcttcagt cattgttgct ggagagcttt ctttagaaaag ctatgtaggt 240
 agagacgggt ctccacaagc ttctatttct gtaagcgtag atacattaaa atttaattcc 300
 ggatcttctc gtctctgatgc tagaggttca gatgaaggtc gtcagagagc taatgataat 360
 gtctctattg gatttgatgg agaaagtta gatacagact ctgcgcttga taaggaagtc 420
15 tatgcagggt ttggagaaga ccaacagtat gctagtgagg atgttccttt ttag 474

```

<210> 69

<211> 247

20 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

25 <400> 69

```

 Met Lys Lys Gln Glu Lys Met His Pro Gln Asn Leu Leu Lys Val Phe
 1 5 10 15
30 Ile Phe Phe Leu Ala Phe Phe Ile Ser Tyr Pro Ser Ala Glu Ala His
 20 25 30
 Ser Pro Leu Gln Ser Ser Ile Gln Glu Lys Ile Leu Thr Ala Arg Pro
35 35 40 45
 Gly Asp Tyr Ala Val Leu Ser Arg Gly Ser Gln Lys Phe Phe Phe Leu
 50 55 60
40 Ile Arg Gln Ser Ser Ser Glu Ala Thr Trp Val Glu Met Ser Glu Phe
 65 70 75 80
 Ala Ser Leu Thr Gln Gln Glu Lys Lys Leu Val Glu Gln Ser Ser Trp
 85 90 95
45 Lys Asn Ala Phe His Gln Leu Gln Ser Ser Lys Lys Val Tyr Leu Leu
 100 105 110

```

50

55

60

65

ES 2 284 840 T3

Arg Ile Ser Lys Asn Pro Leu Met Ile Phe Val Leu Lys Asn Ala Gln  
 115 120 125  
 5 Trp Met Pro Leu Ser Glu Lys Asp Pro Leu Pro Phe Phe Val Lys Ile  
 130 135 140  
 Leu Arg Leu Pro Leu Ser Pro Ala Pro Ser His Leu Ile Lys Tyr Lys  
 145 150 155 160  
 10 Gly Lys Glu Arg Thr Pro Trp Ser Pro Arg Thr Ser Leu Asn Gly Glu  
 165 170 175  
 Leu Ile Thr Leu Pro Ser Ser Ala Trp Ile Ser Val Trp Pro Lys Asp  
 15 180 185 190  
 Ser Ser Pro Leu Ser Glu Lys Asn Ile Leu Ile Tyr Phe Ser Asn Asn  
 195 200 205  
 20 Glu Arg Leu Ala Phe Pro Leu Trp Thr Ser Ile Asp Thr Pro Thr Gly  
 210 215 220  
 Thr Val Ile Ile Lys Thr Ile Glu Met Gly His Gln Ala Ala Ser Ser  
 25 225 230 235 240  
 Tyr Pro Ala Leu Pro Asn Phe  
 245

30 <210> 70

<211> 744

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

35

<400> 70

atgaaaaagc aagaaaaaat gcaccctcaa aaccttctta aagtttttat ttttttcttg 60  
 40 gcatttttca taccctatcc ctcggtgaa gccattctc ctctccaatc atcaatccaa 120  
 gaaaaaatc taactgcccg ccccgagac tatgccgtct taagccgagg atctcaaaaa 180  
 tttttctttt taattcgcca aagttcttcg gaagcgactt gggtcgaaat gtctgaattt 240  
 45 gcctccctaa cacagcaaga aaaaaatta gtagaacagt cttcctggaa gaatgccttc 300  
 catcaactcc aatcttcaaa aaaagtgtac ttgttacgaa tttccaaaaa tcctcttatg 360  
 atttttgttc tcaaaaatgc gcaatggatg cctctctcag aaaaagatcc tttgcctttc 420  
 50 tttgtaaaaa tccttcgact ccctttatct ccagccccct ctacttaat taaatacaaa 480  
 gggaaagaac gcacccccctg gtctccgca acatctttga atggagaact cataaccctt 540  
 ccttccagtg cttggatttc tgtttggcca aaagattctt ctctctatc agaaaaaat 600  
 attctcatat atttttctaa caatgaacgt ttagcgtttc ctctatggac tagtattgat 660  
 55 actcctacag ggacagtgat tattaagact attgaaatgg ggcaccaagc cgcctcctcc 720  
 tatccagctc ttcccaattt ctag 744

60 <210> 71

<211> 456

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

65

ES 2 284 840 T3

<400> 71

5 aatatgagca ctgtaccggt tgttcaagga gctggatctt ccaattcggc acaggatatt 60  
 tccactagac cattaacact gaaagagcgt atatcgaatc ttctatcttc cactgcattt 120  
 aaggtgggat tagtggatgat aggactactt ttagtgattg ctactttgat attcctagtt 180  
 tcggcagctt cgtttgtaaa tgccatctat ctagtagcta ttcctgctat tttgggatgc 240  
 10 gtgaatatct gcgtaggaat tttatccatg gaaggacact gttctccgga gagatggatc 300  
 ttatgtaaga aggtattaaa gacttcagaa gatatcatcg atgatgggca gataaacaac 360  
 tctaataaag tgtttactga tgagaggttg aatgccatag gtggggtagt ggaatctcta 420  
 15 tctagaagaa atagtctggt ggatcagacc caatga 456

<210> 72

<211> 151

20 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 72

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

<210> 73

<211> 354

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

65

ES 2 284 840 T3

<400> 73

5 gggctagttt cttttattgt taaaagaatt gcttttatcg ataaaagaaa cttcaagagc 60  
 ccttttctag aaaggagtct ggaagttatg aaaaaaactg ctttactcgc tgctttatgt 120  
 agtggttgttt ctttaagtag ttgttgctgt atcgttgact gttgcttcga agatccatgc 180  
 gcacctatcc aatgttcacc ttgtgaatct aagaagaaag acgtagacgg tggttgcaac 240  
 10 tcttgtaacg ggtatgtccc agcttgcaaa ccttgcgagg gggatacgca ccaagatgct 300  
 aaacatggcc ctcaagctag aggaattcca gttgacggca aatgcagaca atag 354

15 <210> 74

<211> 117

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

20

<400> 74

25 Gly Leu Val Ser Phe Ile Val Lys Arg Ile Ala Phe Ile Asp Lys Arg  
 1 5 10 15  
 Asn Phe Lys Ser Pro Phe Leu Glu Arg Ser Leu Glu Val Met Lys Lys  
 20 25 30  
 30 Thr Ala Leu Leu Ala Ala Leu Cys Ser Val Val Ser Leu Ser Ser Cys  
 35 35 40 45  
 Cys Arg Ile Val Asp Cys Cys Phe Glu Asp Pro Cys Ala Pro Ile Gln  
 50 55 60  
 35 Cys Ser Pro Cys Glu Ser Lys Lys Lys Asp Val Asp Gly Gly Cys Asn  
 65 70 75 80  
 40 Ser Cys Asn Gly Tyr Val Pro Ala Cys Lys Pro Cys Gly Gly Asp Thr  
 85 90 95  
 His Gln Asp Ala Lys His Gly Pro Gln Ala Arg Gly Ile Pro Val Asp  
 100 105 110  
 45 Gly Lys Cys Arg Gln  
 115

50 <210> 75

<211> 1650

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

55

60

65

ES 2 284 840 T3

<400> 75

5 gctagtaagg gagccccttt agtgtttaaa cttgtgtcat acatcatcct ttcttgggtg 60  
 ctggtctggt tggctcagcc ggatgtaagt gttgtagctt ctggtttagg ttgtatttgc 120  
 ggttacagct tactttgggc tgggcttttt gctttagtag agcaattatc ttggaagaaa 180  
 gtttggtgca tcgcttttat ttggacttgg actgtcgaag gcgctcattt ctcttggatg 240  
 10 cttgaagatc tttatgtagg gacaagcatc tattttgttt ggggtatact gctttcttat 300  
 ctcgccaccc tatttgcctag tttttcttgt ttggttgtgt ggtgttgtcg caagcaatat 360  
 aggggagctc ttgtttggct tccaggggtt tgggtggcga tagaagcaat acgctattat 420  
 15 gggttgcttt caggagtttc ttttgatttt attggctggc ctcttacagc gacagcctat 480  
 gggccggcaat tcggcagctt ttttggatgg gctggacaaa gctttctagt tattgctgcc 540  
 aatataatgct gttttgcagt atgtttatta aaacactcct tttccaaagg tttgtggttg 600  
 acgttgtgcg cgttccctta tctgttaggc ggagcgcatt acgaatacct aaagaagcat 660  
 20 ttttccgact ctgaagtgc tgcagtggc atcgtgcagc ctggatatag tcctcatatg 720  
 catgcagggg ggacggctag tgctatttgg agaggtttgg tttctttgtg ccagactatt 780  
 caaactcctg tagatgtgat cgttttccca gaagtaagtg ttccttttgg cttacataga 840  
 25 caagcctata ctcttcatga aaatcagcct gtattagaaa gtttgcttcc taacaaatct 900  
 tggggcgagt ttttcacaaa tttggattgg atccaagcga tagctgaacg ttatcaatgc 960  
 accgttatca tgggaatgga acgatgggaa aataaagggg gaatactgca tttgtataat 1020  
 30 gctgctgaat gcgtatcgcg agaaggggaa ataactagct atgataagcg gattcttgtt 1080  
 cctggagggtg agtacatccc tggagggaaa ataggttttt cttgtgtca aacctttttc 1140  
 ccagaatttg ctcttccctt tcaacgtttg ccaggagagt tttctggagt tgtgaatata 1200  
 acagagcga taaaagctgg gatctctatt tgttatgagg agacatttgg gtatgcaatt 1260  
 35 cgcccttaca aaaggcaaca agccgatatt ttagtaaadc ttactaatga cggttggtat 1320  
 ccgcttcaa ggctgcctct agtacatttt tatcatggca tgttacgtaa tcaagagttg 1380  
 ggtatacctt gtattcgcgc ctgtcgcaca ggagtttctg ctgcagtgga ttctttgggt 1440  
 40 agaattgtcg gcatacttcc ctgggaatcg agaacttgc cagtttctac aggagtactc 1500  
 caagtttccg tcctcttcta cagttatcat actgtatatg caaggctggg tgatgctcct 1560  
 ctgttactga ttgcagtttg ttcggttatc ggagcgattg cctattttta taggaaaaag 1620  
 45 aaagagaccc caccacaaac atttttttga 1650

<210> 76

50 <211> 549

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

55 <400> 76

Ala Ser Lys Gly Ala Pro Leu Val Phe Lys Leu Val Ser Tyr Ile Ile

60

65





ES 2 284 840 T3

ctatatatag agggccatac agatgaacgt ggagctgcag cttataacct agcttttagga 480  
 gctcgtcgtg cgaatgctgt aaaacaatac ctcatcaaac agggaatcgc tgcagaccgc 540  
 5 ttattcacta tttcttacgg aaaagaacat cctgttcatc caggccataa tgaattagct 600  
 tggcaacaaa atcgtcgtac tgaatttaag atccatgctc gctaa 645

<210> 78

10 <211> 214

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

15 <400> 78

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

60 <210> 79

<211> 943

<212> PRT

65 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

ES 2 284 840 T3

<400> 79

5 Met Asn Lys Lys His Gly Phe Pro Leu Thr Leu Thr Ala Leu Ala Ile  
 1 5 10 15  
 Ala Thr Ala Phe Pro Ala Tyr Ala Ala Gln Ala Gly Ala Ala Ala Leu  
 20 25 30  
 10 Asp Ala Ala Gln Ser Gln Ser Leu Lys Glu Val Thr Val Arg Ala Ala  
 35 40 45  
 Lys Val Gly Arg Arg Ser Lys Glu Ala Thr Gly Leu Gly Lys Ile Val  
 50 55 60  
 15 Lys Thr Ser Glu Thr Leu Asn Lys Glu Gln Val Leu Gly Ile Arg Asp  
 65 70 75 80  
 Leu Thr Arg Tyr Asp Pro Gly Val Ala Val Val Glu Gln Gly Asn Gly  
 85 90 95  
 20 Ala Ser Gly Gly Tyr Ser Ile Arg Gly Val Asp Lys Asn Arg Val Ala  
 100 105 110  
 Val Ser Val Asp Gly Val Ala Gln Ile Gln Ala Phe Thr Val Gln Gly  
 115 120 125  
 25 Ser Leu Ser Gly Tyr Gly Gly Arg Gly Gly Ser Gly Ala Ile Asn Glu  
 130 135 140  
 Ile Glu Tyr Glu Asn Ile Ser Thr Val Glu Ile Asp Lys Gly Ala Gly  
 145 150 155 160  
 Ser Ser Asp His Gly Ser Gly Ala Leu Gly Gly Ala Val Ala Phe Arg  
 165 170 175  
 35 Thr Lys Glu Ala Ala Asp Leu Ile Ser Asp Gly Lys Ser Trp Gly Ile  
 180 185 190  
 Gln Ala Lys Thr Ala Tyr Gly Ser Lys Asn Arg Gln Phe Met Lys Ser  
 195 200 205  
 Leu Gly Ala Gly Phe Ser Lys Asp Gly Trp Glu Gly Leu Leu Ile Arg  
 210 215 220  
 45 Thr Glu Arg Gln Gly Arg Glu Thr Arg Pro His Gly Asp Ile Ala Asp  
 225 230 235 240  
 Gly Val Glu Tyr Gly Ile Asp Arg Leu Asp Ala Phe Arg Gln Thr Tyr  
 245 250 255  
 50 Asp Ile Lys Arg Lys Thr Thr Glu Pro Phe Phe Leu Val Glu Gly Glu  
 260 265 270  
 Asn Thr Leu Lys Pro Val Ala Lys Leu Ala Gly Tyr Gly Ile Tyr Leu  
 275 280 285

60

65

ES 2 284 840 T3

Asn Arg Gln Leu Asn Arg Trp Val Lys Glu Arg Ile Glu Gln Asn Gln  
 290 295 300  
 5 Pro Leu Ser Ala Glu Glu Glu Ala Gln Val Arg Glu Ala Gln Ala Arg  
 305 310 315 320  
 His Glu Asn Leu Ser Ala Gln Ala Tyr Thr Gly Gly Gly Arg Ile Leu  
 325 330 335  
 10 Pro Asp Pro Met Asp Tyr Arg Ser Gly Ser Trp Leu Ala Lys Leu Gly  
 340 345 350  
 Tyr Arg Phe Gly Gly Arg His Tyr Val Gly Gly Val Phe Glu Asp Thr  
 355 360 365  
 15 Lys Gln Arg Tyr Asp Ile Arg Asp Met Thr Glu Lys Gln Tyr Tyr Gly  
 370 375 380  
 20 Thr Asp Glu Ala Glu Lys Phe Arg Asp Lys Ser Gly Val Tyr Asp Gly  
 385 390 395 400  
 Asp Asp Phe Arg Asp Gly Leu Tyr Phe Val Pro Asn Ile Glu Glu Trp  
 405 410 415  
 25 Lys Gly Asp Lys Asn Leu Val Lys Gly Ile Gly Leu Lys Tyr Ser Arg  
 420 425 430  
 Thr Lys Phe Ile Asp Glu His His Arg Arg Arg Arg Met Gly Leu Leu  
 435 440 445  
 30 Tyr Arg Tyr Glu Asn Glu Lys Tyr Ser Asp Asn Trp Ala Asp Lys Ala  
 450 455 460  
 35 Val Leu Ser Phe Asp Lys Gln Gly Val Ala Thr Asp Asn Asn Thr Leu  
 465 470 475 480  
 Lys Leu Asn Cys Ala Val Tyr Pro Ala Val Asp Lys Ser Cys Arg Ala  
 485 490 495  
 40 Ser Ala Asp Lys Pro Tyr Ser Tyr Asp Ser Ser Asp Arg Phe His Tyr  
 500 505 510  
 45 Arg Glu Gln His Asn Val Leu Asn Ala Ser Phe Glu Lys Ser Leu Lys  
 515 520 525  
 Asn Lys Trp Thr Lys His His Leu Thr Leu Gly Phe Gly Tyr Asp Ala  
 530 535 540  
 50 Ser Lys Ala Val Ser Arg Pro Glu Gln Leu Ser His Asn Ala Ala Arg  
 545 550 555 560  
 Ile Ser Glu Ser Thr Gly Phe Asp Glu Lys Asn Gln Asp Lys Tyr Arg  
 565 570 575  
 55 Leu Gly Lys Pro Glu Val Val Glu Gly Ser Val Cys Gly Tyr Ile Glu  
 580 585 590  
 60 Thr Leu Arg Ser Arg Lys Cys Val Pro Arg Lys Ile Asn Gly Ser Asn  
 595 600 605  
 Ile His Ile Ser Leu Asn Asp Arg Phe Ser Ile Gly Lys Tyr Phe Asp  
 610 615 620  
 65

ES 2 284 840 T3

5 Phe Ser Leu Gly Gly Arg Tyr Asp Arg Lys Asn Phe Thr Thr Ser Glu  
 625 630 635 640  
 Glu Leu Val Arg Ser Gly Arg Tyr Ala Asp Arg Ser Trp Asn Ser Gly  
 645 650 655  
 10 Ile Val Phe Lys Pro Asn Arg His Phe Ser Val Ser Tyr Arg Ala Ser  
 660 665 670  
 Ser Gly Phe Arg Thr Pro Ser Phe Gln Glu Leu Phe Gly Ile Asp Ile  
 675 680 685  
 15 Tyr His Asp Tyr Pro Lys Gly Trp Gln Arg Pro Ala Leu Lys Ser Glu  
 690 695 700  
 Lys Ala Ala Asn Arg Glu Ile Gly Leu Gln Trp Lys Gly Asp Phe Gly  
 705 710 715 720  
 20 Phe Leu Glu Ile Ser Ser Phe Arg Asn Arg Tyr Thr Asp Met Ile Ala  
 725 730 735  
 Val Ala Asp Gln Lys Thr Lys Leu Pro Asp Ser Ala Gly Arg Leu Thr  
 25 740 745 750  
 Glu Ile Asp Ile Arg Asp Tyr Tyr Asn Ala Gln Asn Met Ser Leu Gln  
 755 760 765  
 30 Gly Ile Asn Ile Leu Gly Lys Ile Asp Trp Asn Gly Val Tyr Gly Lys  
 770 775 780  
 Leu Pro Glu Gly Leu Tyr Thr Thr Leu Ala Tyr Asn Arg Ile Lys Pro  
 785 790 795 800  
 35 Lys Ser Val Ser Asn Arg Pro Asp Leu Ser Leu Arg Ser Tyr Ala Leu  
 805 810 815  
 Asp Ala Val Gln Pro Ser Arg Tyr Val Leu Gly Phe Gly Tyr Asp Gln  
 40 820 825 830  
 Pro Glu Gly Lys Trp Gly Ala Asn Ile Met Leu Thr Tyr Ser Lys Gly  
 835 840 845  
 45 Lys Asn Pro Asp Glu Leu Ala Tyr Leu Ala Gly Asp Gln Lys Arg Tyr  
 850 855 860  
 Ser Ala Gly Arg Val Thr Ser Ser Trp Lys Thr Ala Asp Val Ser Ala  
 865 870 875 880  
 50 Tyr Leu Asn Leu Lys Lys Arg Leu Thr Leu Arg Ala Ala Ile Tyr Asn  
 885 890 895  
 Ile Gly Asn Tyr Arg Tyr Val Thr Trp Glu Ser Leu Arg Gln Thr Ala  
 55 900 905 910  
 Glu Ser Thr Ala Asn Arg His Gly Gly Asp Ser Asn Tyr Gly Arg Tyr  
 915 920 925  
 60 Ala Ala Pro Gly Arg Asn Phe Ser Leu Ala Leu Glu Met Lys Phe  
 930 935 940

<210> 80

65 <211> 3300

<212> ADN

# ES 2 284 840 T3

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 80

```

5 ctctgggataa cggcatcaat ctttcgggaa atggttcgac taatcctcaa agtttcaaag 60
 ccgacaatct tcttgtaacg ggcggtcttt acggcccgca ggcgggcgaa ttgggocgca 120
 ctattttcaa taaggatggg aaatctcttg gtataactga agatattgaa aatgaagttg 180
10 aaaatgaagc tgatgttggc gaacagttag aacctgaagt taaaccccaa ttcggcgtgg 240
 tattcgggtgc gaagaaagat aataaagagg tggaaaaatg aataagaaac acggttttcc 300
 gctgactttg acggcgttgg ccattgcaac cgcttttccg gcttatgctg cccaagcggg 360
15 ggcgggcgca cttgatgcgg cgcaaagtca atcattgaaa gaggttaccg tccgtgccgc 420
 caaagtggga cggcgcgcga aagaggcgac aggtttgggc aaaatcgta aaacgctcga 480
 aacggtgaac aaagaacagg tactcgggat ccgcgcactg acgcgctacg atccgggcgt 540
 ggcggttgtc gaacagggca acggcgcgag cggcggctac tcgatacgcg gcgtagataa 600
20 aaaccgtgtg gcggtttcgg ttgacggcgt tgcccaata caggcgttta ccgtgcaggg 660
 atcgttgagc ggatacggcg gacgcggcgg cagcggcgca atcaacgaaa tcgaatatga 720
 aaacatcagc acggtggaaa tcgacaaagg cgccggttcg tccgatcacg gcagcggcgc 780
25 actcggcggc gcggtcgcct tccgcacca agaggcggca gacctgattt cagacggcaa 840
 aagctggggg atacaggcaa aaaccgctta cggcagtaaa aaccgccaat ttatgaagtc 900
 gctcggcgcg gggttcagca aagacggtt ggaagggctg ctaatccgaa ccgaacgcca 960
30 agggcgggaa acgcgccgc acggcgatat tgcggacggg gtggaatacg gcatagaccg 1020
 tttggacgcg ttccgccaga catacgatat taaacgcaag acaacagagc ctttttctt 1080
 agtagagggc gagaatacac tcaagcccgt ggcaaaattg gcgggctacg ggatatat 1140
35 gaaccgccag ctcaaccgct gggtaaaaga acgtattgaa caaatcagc ctttaagtgc 1200
 tgaagaagag gcgcaggtgc gggaggcgca ggcgcgccac gaaaacctgt ccgcccaagc 1260
 ctacacgggc ggcggcagga tattgcccgga tccgatggat taccgcagcg gctcttggt 1320
 tgccaagctg ggctaccgct tcggcggcag gcattatgtc ggcggcgtgt ttgaggatac 1380
40 caaacagcgt tacgacatcc gcgatatgac ggaaaaacag tattacggta cggacgaggc 1440
 ggaaaagttt agagacaaga gcggggtgta cgacggcgac gatttccgcg acggcttcta 1500
 ttttgtgccg aatatagaag agtggaaggg cgataaaaat ttggtcaagg gcataggttt 1560
45 gaaatattcc cgcaccaaat ttattgacga acatcaccgc cgccgcgta tgggtttgct 1620
 gtaccgttat gaaaatgaga aatactcgga caactggcg gataaggcgg tgttgctcgtt 1680
 tgacaaacag ggcgtggcaa ccgacaaca cacgctgaag ctgaattgcg ccgtgtatcc 1740
50 tgccgtggac aaatcctgcc gcgcgtcggc ggacaaaccg tattcctacg acagcagcga 1800
 ccgtttccac taccgcgaac agcacaatgt tttgaatgcc tcgtttgaga agtcgctgaa 1860
 aaacaaatgg acgaaacacc atctgacttt gggcttcggt tacgatgctt ccaaagcagt 1920
 atcccgccca gaacagcttt ccacaatgc ggcaaggatt tcggaatcca cgggattcga 1980
55 tgaaaagaat caagataagt accgtttggg taagcccgaa gtcgctgaag ggtcggctctg 2040
 cggctatata gaaacctgc gttcccgcaa atgcggtgca agaaaaatca acggcagcaa 2100
 tatccacatt tctttgaacg accgttttcc aatcggcaaa tttttgatt tcagcttggg 2160

```

60

65

ES 2 284 840 T3

5 cggcaggtac gaccgaaaa acttcaccac gtcggaagaa ctcgtccgca gcgggcggtta 2220  
 tgccgaccgt tcgtggaaca gcggcatcgt gttcaaaccg aaccggcatt tttccgtgtc 2280  
 10 ttaccgcgcc tccagcggct tcagaacgcc ttccttccaa gaacttttcg ggatagacat 2340  
 ttatcacgat tatccgaaaag gctggcagcg tcccgcctg aaatcggaaa aggcagccaa 2400  
 ccgggaaatc ggtttgagc ggaagggcga tttcggttt ttggaaatca gcagtttccg 2460  
 caaccgttat accgatatga ttgccgttgc cgatcaaaaa accaaattgc cggattcagc 2520  
 15 aggacgattg acagagattg atatacgcga ttattacaat gcccaaaata tgtcgcttca 2580  
 aggcatacaac atcttgggga aaatcgactg gaacggcgta tacggcaaac tgcccgaagg 2640  
 cctgtacacc acattggcgt acaaccgat caaacgaaa tcggtatcca accggccgga 2700  
 20 cttgtccctc cgcagctatg ctttggatgc ggtacagccg tcgcttatg ttttgggggtt 2760  
 cggatacgac cagcccagg ggaatggg cgcaaacatt atgctgacct attccaaagg 2820  
 gaaaaaccct gacgagcttg cttatctggc aggcgatcaa aaacgatatt cggcaggaag 2880  
 25 ggttacgtct tcttgaaaa cggcagatgt ttccgcttat ctgaatctga aaaaacggct 2940  
 gaccttgagg gcggctatct acaatatecg caactaccgc tacgttactt gggaatcctt 3000  
 gcgccagact gcgaaagca cggcaaaccg gcacggcggc gacagcaact atggaaggta 3060  
 tgccgcaccg ggcaggaact tcagcctcgc gctcgaaatg aagttttaa ggaatgccg 3120  
 30 tctggaagct tgatctgcac ccaaaaagtc ggactaaacc gccaaactgat taaggtgcag 3180  
 gtttttttga ttcaatataa acaagatttc cgccgtcatt cccgcgcagg cgggaatccg 3240  
 gacattcaat gctaaggcaa tttatcgga atgactgaaa ctcaaaaaac cggattccca 3300

<210> 81

<211> 728

<212> PRT

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 81

40 Met Arg Lys Leu Asn Tyr Tyr Gly Ile Ala Leu Leu Pro Leu Met Leu  
 1 5 10 15  
 Ala Ser Cys Gly Gly Asn Phe Gly Val Gln Pro Val Val Glu Ser Thr  
 45 20 25 30  
 Pro Thr Ala Tyr Pro Val Thr Phe Lys Ser Lys Asp Val Pro Thr Ser  
 35 40 45  
 50 Pro Pro Pro Ala Glu Pro Ser Val Glu Thr Thr Pro Val Asn Arg Pro  
 50 55 60  
 Ala Val Gly Ala Ala Met Arg Leu Leu Arg Arg Asn Thr Ala Phe His  
 65 70 75 80  
 55 Arg Glu Asp Gly Thr Ala Ile Pro Asp Ser Lys Gln Ala Glu Glu Lys  
 85 90 95  
 Leu Ser Phe Lys Glu Gly Asp Val Leu Phe Leu Tyr Gly Ser Lys Gly  
 60 100 105 110  
 Asn Lys Leu Gln Gln Leu Lys Ser Glu Ile His Lys Arg Asp Ser Asp

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     |     | 125 |     |     |     |
|    | Val | Glu | Ile | Arg | Thr | Ser | Glu | Lys | Glu | Asn | Lys | Lys | Tyr | Gly | Tyr | Glu |
| 5  |     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |     |
|    | Phe | Val | Asp | Ala | Gly | Tyr | Val | Tyr | Thr | Lys | Asn | Gly | Lys | Asp | Glu | Ile |
|    | 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |     |
| 10 | Glu | Gln | Asn | Ser | Gly | Gly | Lys | Arg | Phe | Thr | His | Arg | Phe | Gly | Tyr | Asp |
|    |     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |
|    | Gly | Phe | Val | Tyr | Tyr | Ser | Gly | Glu | Arg | Pro | Ser | Gln | Ser | Leu | Pro | Ser |
|    |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |
| 15 | Ala | Gly | Thr | Val | Lys | Tyr | Phe | Gly | Asn | Trp | Gln | Tyr | Met | Thr | Asp | Ala |
|    |     |     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |
|    | Lys | Arg | His | Arg | Thr | Gly | Lys | Ala | Val | Ala | Ser | Asp | Asp | Leu | Gly | Tyr |
| 20 |     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     |     | 220 |     |     |     |
|    | Ile | Thr | Phe | Tyr | Gly | Asn | Asp | Ile | Gly | Ala | Thr | Ser | Tyr | Ala | Ala | Lys |
|    | 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |     |
| 25 | Asp | Ala | Asp | Asp | Arg | Glu | Lys | His | Pro | Ala | Glu | Tyr | Thr | Val | Asp | Phe |
|    |     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |
|    | Asp | Lys | Lys | Ile | Leu | Lys | Gly | Glu | Leu | Ile | Lys | Asn | Gln | Tyr | Val | Gln |
|    |     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |
| 30 | Lys | Lys | Asn | Asp | Pro | Lys | Lys | Pro | Leu | Thr | Ile | Tyr | Asn | Ile | Thr | Ala |
|    |     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
|    | Asp | Leu | Asn | Gly | Asn | Arg | Phe | Thr | Gly | Ser | Ala | Lys | Val | Asn | Thr | Glu |
| 35 |     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
|    | Val | Lys | Thr | Arg | His | Ala | Asp | Lys | Glu | Tyr | Leu | Phe | Phe | His | Thr | Asp |
|    | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |
| 40 | Ala | Asp | Gln | Arg | Leu | Glu | Gly | Gly | Phe | Phe | Gly | Asp | Asn | Gly | Glu | Glu |
|    |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
|    | Leu | Ala | Gly | Arg | Phe | Ile | Ser | Asn | Asp | Asn | Gly | Val | Phe | Gly | Val | Phe |
|    |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |
| 45 | Ala | Gly | Lys | Gln | Lys | Thr | Asn | Ala | Ser | Gly | Thr | Asn | Pro | Ala | Met | Pro |
|    |     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |
|    | Phe | Gly | Lys | His | Thr | Lys | Ile | Leu | Asp | Ser | Leu | Lys | Ile | Ser | Val | Asp |
| 50 |     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |
|    | Glu | Ala | Thr | Asp | Glu | Asn | Pro | Arg | Pro | Phe | Glu | Val | Ser | Thr | Met | Pro |
|    | 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |
| 55 | Asp | Phe | Gly | His | Pro | Asp | Lys | Leu | Leu | Val | Glu | Gly | Arg | Glu | Ile | Pro |
|    |     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |
|    | Leu | Val | Ser | Lys | Glu | Lys | Thr | Ile | Asp | Leu | Ala | Asp | Gly | Arg | Lys | Met |
|    |     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |
| 60 | Thr | Val | Ser | Ala | Cys | Cys | Asp | Phe | Leu | Thr | Tyr | Val | Lys | Leu | Gly | Arg |
|    |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     |     | 445 |     |     |
| 65 | Ile | Lys | Thr | Glu | Arg | Pro | Ala | Val | Lys | Pro | Lys | Ala | Gln | Asp | Glu | Glu |



ES 2 284 840 T3

<400> 82

5 Met Gln Gln Gln His Leu Phe Arg Phe Asn Ile Leu Cys Leu Ser Leu  
 1 5 10 15  
 Met Thr Ala Leu Pro Ala Tyr Ala Glu Asn Val Gln Ala Gly Gln Ala  
 20 25 30  
 10 Gln Glu Lys Gln Leu Asp Thr Ile Gln Val Lys Ala Lys Lys Gln Lys  
 35 40 45  
 Thr Arg Arg Asp Asn Glu Val Thr Gly Leu Gly Lys Leu Val Lys Thr  
 50 55 60  
 15 Ala Asp Thr Leu Ser Lys Glu Gln Val Leu Asp Ile Arg Asp Leu Thr  
 65 70 75 80  
 Arg Tyr Asp Pro Gly Ile Ala Val Val Glu Gln Gly Arg Gly Ala Ser  
 85 90 95  
 20 Ser Gly Tyr Ser Ile Arg Gly Met Asp Lys Asn Arg Val Ser Leu Thr  
 100 105 110  
 Val Asp Gly Leu Ala Gln Ile Gln Ser Tyr Thr Ala Gln Ala Ala Leu  
 115 120 125  
 Gly Gly Thr Arg Thr Ala Gly Ser Ser Gly Ala Ile Asn Glu Ile Glu  
 130 135 140  
 30 Tyr Glu Asn Val Lys Ala Val Glu Ile Ser Lys Gly Ser Asn Ser Val  
 145 150 155 160  
 Glu Gln Gly Ser Gly Ala Leu Ala Gly Ser Val Ala Phe Gln Thr Lys  
 165 170 175  
 35 Thr Ala Asp Asp Val Ile Gly Glu Gly Arg Gln Trp Gly Ile Gln Ser  
 180 185 190  
 Lys Thr Ala Tyr Ser Gly Lys Asn Arg Gly Leu Thr Gln Ser Ile Ala  
 195 200 205  
 Leu Ala Gly Arg Ile Gly Gly Ala Glu Ala Leu Leu Ile Arg Thr Gly  
 210 215 220  
 45 Arg His Ala Gly Glu Ile Arg Ala His Glu Ala Ala Gly Arg Gly Val  
 225 230 235 240  
 Gln Ser Phe Asn Arg Leu Ala Pro Val Glu Asp Gly Ser Asp Tyr Ala  
 245 250 255  
 50 Tyr Phe Val Val Glu Gly Glu Cys Pro Asp Gly Tyr Ala Ala Cys Lys  
 260 265 270  
 Asp Lys Pro Lys Lys Asp Val Val Gly Glu Asp Lys Arg Gln Thr Val  
 275 280 285  
 Ser Thr Arg Asp Tyr Thr Gly Pro Asn Arg Phe Leu Ala Asp Pro Leu  
 290 295 300  
 60 Ser Tyr Glu Ser Arg Ser Trp Leu Phe Arg Pro Gly Phe Arg Phe Glu  
 305 310 315 320  
 Asn Lys Arg His Tyr Ile Gly Gly Ile Leu Glu Arg Thr Gln Gln Thr  
 65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     | 335 |     |     |     |
|    | Phe | Asp | Thr | Arg | Asp | Met | Thr | Val | Pro | Ala | Phe | Leu | Thr | Lys | Ala | Val |
| 5  |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     | 350 |     |     |     |
|    | Phe | Asp | Ala | Asn | Ser | Lys | Gln | Ala | Gly | Ser | Leu | Arg | Gly | Asn | Gly | Lys |
|    |     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |     |
| 10 | Tyr | Ala | Gly | Asn | His | Lys | Tyr | Gly | Gly | Leu | Phe | Thr | Asn | Gly | Glu | Asn |
|    |     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     | 380 |     |     |     |     |     |
|    | Asn | Ala | Pro | Val | Gly | Ala | Glu | Tyr | Gly | Thr | Gly | Val | Phe | Tyr | Asp | Glu |
| 15 | 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |
|    | Thr | His | Thr | Lys | Ser | Arg | Tyr | Gly | Leu | Glu | Tyr | Val | Tyr | Thr | Asn | Ala |
|    |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |     |
| 20 | Asp | Lys | Asp | Thr | Trp | Ala | Asp | Tyr | Ala | Arg | Leu | Ser | Tyr | Asp | Arg | Gln |
|    |     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |
|    | Gly | Ile | Gly | Leu | Asp | Asn | His | Phe | Gln | Gln | Thr | His | Cys | Ser | Ala | Asp |
|    |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |
| 25 | Gly | Ser | Asp | Lys | Tyr | Cys | Arg | Pro | Ser | Ala | Asp | Lys | Pro | Phe | Ser | Tyr |
|    |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |
|    | Tyr | Lys | Ser | Asp | Arg | Val | Ile | Tyr | Gly | Glu | Ser | His | Arg | Leu | Leu | Gln |
| 30 | 465 |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |     |
|    | Ala | Ala | Phe | Lys | Lys | Ser | Phe | Asp | Thr | Ala | Lys | Ile | Arg | His | Asn | Leu |
|    |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |     |
| 35 | Ser | Val | Asn | Leu | Gly | Tyr | Asp | Arg | Phe | Gly | Ser | Asn | Leu | Arg | His | Gln |
|    |     |     | 500 |     |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |
|    | Asp | Tyr | Tyr | Tyr | Gln | Ser | Ala | Asn | Arg | Ala | Tyr | Ser | Leu | Lys | Thr | Pro |
|    |     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     |     | 525 |     |     |
| 40 | Pro | Gln | Asn | Asn | Gly | Lys | Lys | Thr | Ser | Pro | Tyr | Trp | Val | Ser | Ile | Gly |
|    |     | 530 |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |
|    | Arg | Gly | Asn | Val | Val | Thr | Gly | Gln | Ile | Cys | Arg | Ser | Gly | Asn | Asn | Thr |
| 45 | 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     | 560 |     |
|    | Tyr | Thr | Asp | Cys | Thr | Pro | Arg | Ser | Ile | Asn | Gly | Lys | Ser | Tyr | Tyr | Ala |
|    |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     | 575 |     |     |
| 50 | Ala | Val | Arg | Asp | Asn | Val | Arg | Leu | Gly | Arg | Trp | Ala | Asp | Val | Gly | Ala |
|    |     |     | 580 |     |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |
|    | Gly | Leu | Arg | Tyr | Asp | Tyr | Arg | Ser | Thr | His | Ser | Asp | Asp | Gly | Ser | Val |
|    |     |     | 595 |     |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |
| 55 | Ser | Thr | Gly | Thr | His | Arg | Thr | Leu | Ser | Trp | Asn | Thr | Gly | Ile | Val | Leu |
|    |     | 610 |     |     |     |     | 615 |     |     |     |     | 620 |     |     |     |     |
|    | Lys | Pro | Ala | Asp | Trp | Leu | Asp | Leu | Thr | Tyr | Arg | Thr | Ser | Thr | Gly | Phe |
| 60 | 625 |     |     |     |     | 630 |     |     |     |     | 635 |     |     |     | 640 |     |
|    | Arg | Leu | Pro | Ser | Phe | Ala | Glu | Met | Tyr | Gly | Trp | Arg | Ser | Gly | Asp | Lys |
|    |     |     |     | 645 |     |     |     |     | 650 |     |     |     |     | 655 |     |     |
| 65 | Ile | Lys | Ala | Val | Lys | Ile | Asp | Pro | Glu | Lys | Ser | Phe | Asn | Lys | Glu | Ala |

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    |     |     | 660 |     |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |     |     |
|    | Gly | Ile | Val | Phe | Lys | Gly | Asp | Phe | Gly | Asn | Leu | Glu | Ala | Ser | Trp | Phe |
| 5  |     |     | 675 |     |     |     |     | 680 |     |     |     |     | 685 |     |     |     |
|    | Asp | Asn | Ala | Tyr | Arg | Asp | Leu | Ile | Val | Arg | Gly | Tyr | Glu | Ala | Glu | Ile |
|    |     |     | 690 |     |     |     |     | 695 |     |     |     |     | 700 |     |     |     |
| 10 | Lys | Asn | Gly | Lys | Glu | Gln | Ala | Lys | Gly | Ala | Pro | Ala | Tyr | Leu | Asn | Ala |
|    |     |     | 705 |     |     | 710 |     |     |     |     | 715 |     |     |     |     | 720 |
|    | Gln | Ser | Ala | Arg | Ile | Thr | Gly | Ile | Asn | Ile | Leu | Gly | Lys | Ile | Asp | Trp |
|    |     |     |     |     | 725 |     |     |     |     | 730 |     |     |     |     | 735 |     |
| 15 | Asn | Gly | Val | Trp | Asp | Lys | Leu | Pro | Glu | Gly | Trp | Tyr | Ser | Thr | Phe | Ala |
|    |     |     |     |     | 740 |     |     |     |     | 745 |     |     |     |     | 750 |     |
|    | Tyr | Asn | Arg | Val | Arg | Val | Arg | Asp | Ile | Lys | Lys | Arg | Ala | Asp | Arg | Thr |
| 20 |     |     | 755 |     |     |     |     | 760 |     |     |     |     |     | 765 |     |     |
|    | Asp | Ile | Gln | Ser | His | Leu | Phe | Asp | Ala | Ile | Gln | Pro | Ser | Arg | Tyr | Val |
|    |     |     | 770 |     |     |     | 775 |     |     |     |     |     | 780 |     |     |     |
| 25 | Val | Gly | Ser | Gly | Tyr | Asp | Gln | Pro | Glu | Gly | Lys | Trp | Gly | Val | Asn | Gly |
|    |     |     |     |     |     | 790 |     |     |     |     | 795 |     |     |     |     | 800 |
|    | Met | Leu | Thr | Tyr | Ser | Lys | Ala | Lys | Glu | Ile | Thr | Glu | Leu | Leu | Gly | Ser |
|    |     |     |     |     | 805 |     |     |     |     |     | 810 |     |     |     |     | 815 |
| 30 | Arg | Ala | Leu | Leu | Asn | Gly | Asn | Ser | Arg | Asn | Thr | Lys | Ala | Thr | Ala | Arg |
|    |     |     |     |     | 820 |     |     |     |     |     | 825 |     |     |     | 830 |     |
|    | Arg | Thr | Arg | Pro | Trp | Tyr | Ile | Val | Asp | Val | Ser | Gly | Tyr | Tyr | Thr | Val |
| 35 |     |     |     |     | 835 |     |     |     |     |     | 840 |     |     |     | 845 |     |
|    | Lys | Lys | His | Phe | Thr | Leu | Arg | Ala | Gly | Val | Tyr | Asn | Leu | Leu | Asn | His |
|    |     |     |     |     |     |     | 855 |     |     |     |     | 860 |     |     |     |     |
| 40 | Arg | Tyr | Val | Thr | Trp | Glu | Asn | Val | Arg | Gln | Thr | Ala | Ala | Gly | Ala | Val |
|    |     |     |     |     |     | 870 |     |     |     |     | 875 |     |     |     |     | 880 |
|    | Asn | Gln | His | Lys | Asn | Val | Gly | Val | Tyr | Asn | Arg | Tyr | Ala | Ala | Pro | Gly |
|    |     |     |     |     | 885 |     |     |     |     |     | 890 |     |     |     |     | 895 |
| 45 | Arg | Asn | Tyr | Thr | Phe | Ser | Leu | Glu | Met | Lys | Phe |     |     |     |     |     |
|    |     |     |     |     | 900 |     |     |     |     |     | 905 |     |     |     |     |     |

50 <210> 83

<211> 3035

<212> ADN

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

55

<400> 83

60 cgaagagttg ggcgatggt ttgcctatcc gggcaatgaa caaacgaaaa atgcgcaagc 60  
 ttcattccggc aatggaaatt cagcaggcag cgcgaccgtg gtattcgggt cgaaacgcca 120  
 aaagcttgtg caataagcac ggctgccgaa caatcgagaa taaggcttca gacggcatcg 180

65

ES 2 284 840 T3

5      ttcctgccga ttcctgtctga aagcgaagat tagggaaaca ctatgcaaca gcaacatttg 240  
       ttccgattca atattttatg cctgtcttta atgactgcgc tgcccgtta tgcagaaaat 300  
       gtgcaagccg gacaagcaca ggaaaaacag ttggacacca tacaggtaaa agccaaaaaa 360  
       cagaaaaccg gccgcgataa cgaagtaacc ggtttgggca aattgggtcaa aaccgccgac 420  
       acactcagca aagaacaggt actcgacatc cgcgacctga cgcgttacga ccccgcatc 480  
 10     gccgtcgtcg aacaggggcg cggcgcaagc tcgggctact cgatacgcgg tatggacaaa 540  
       aaccgcgtct ccttgacggt ggacggcttg gcgcaaatac agtcctacac cgcgcaggcg 600  
       gcattgggcg ggacgaggac ggcgggcagc agcggcgcaa tcaatgaaat cgagtatgaa 660  
       aacgttaagg ctgtcgaaat cagcaaaggc tcaaactcgg tcgaacaagg cagcggcgca 720  
 15     ttggcgggtt cggtcgcatt tcaaaccaaa accgcagacg atgttatcgg ggaaggcagg 780  
       cagtggggca ttcagagtaa aaccgcctat tccggcaaaa accgggggct tacccaatcc 840  
       atcgcgctgg cggggcgcat cggcgggtgcg gaggtttgc tgatccgcac cggccggcac 900  
 20     gcgggggaaa tccgcgcca cgaagccgcc ggacgcggcg ttcagagctt taacaggctg 960  
       gcgccggttg aagacggcag tgactatgcc tattttgtgg tcgaaggaga atgccctgat 1020  
       ggatatgcgg cttgtaaaga caaacgaaa aaagatgttg tcggcgaaga caaacgtcaa 1080  
 25     acggtttcca cccgagacta cacgggcccc aaccgcttc ttgccgatcc gctttcatac 1140  
       gaaagccggt cgtggctggt ccgcccgggt tttcgttttg agaataagcg gcactacatc 1200  
       ggcggcatac tcgaacgcac gcaacaaact ttcgacacgc gcgatatgac ggttccggca 1260  
       ttcctgacca aggcggtttt tgatgcaaat tcaaaacagg cgggttcttt gcgcggcaac 1320  
 30     ggcaaatcgc cgggcaacca caaatacggc gggctgttta ccaacggcga aaacaatgcg 1380  
       ccggtgggcg cgggaatacgg tacgggctg ttttacgacg agacgcacac caaaagccgc 1440  
       tacggtttgg aatatgtcta taccaatgcc gataaagaca cttgggcgga ttatgcccg 1500  
 35     ctctcttacg accggcaggg catcggtttg gacaaccatt ttcagcagac gcactgttct 1560  
       gccgacggtt cggacaaaata ttgccgcccg agtgccgaca agccgttttc ctattacaaa 1620  
       tccgaccgcy tgatttacgy ggaaaagccac aggctcttgc aggcggcatt caaaaaatcc 1680  
 40     ttcgataccg ccaaaaatccg ccacaacctg agcgtgaatc tcggttacga ccgcttcggc 1740  
       tctaactctg gccatcagga ttattattat caaagtgcc accgcgccta ttcggtgaaa 1800  
       acgccccctc aaaaacaacgy caaaaaaac agccccatt gggtcagcat aggcagggga 1860  
 45     aatgtcgtta cggggcaaat ctgccgctcg ggcaacaata cttatacggga ctgcacgccg 1920  
       cgcagcatca acggcaaaag ctattacgcy gcggtccggg acaatgtccg tttgggcagg 1980  
       tgggcggatg tcggcgcggy cttgcgctac gactaccgca gcacgcattc ggacgacggc 2040  
       agcgtttcca ccggcacgca ccgcaccctg tcctggaaca ccggcatcgt cctcaaacct 2100  
 50     gccgactggc tggatttgac ttaccgcact tcaaccggtc tccgctgcc ctcgtttgcy 2160  
       gaaatgtacg gctggcgytc gggcgataaa ataaaagccg tcaaaatcga tccggaaaaa 2220  
       tcgttcaaca aagaagccgy catcgtgttt aaaggcgatt tcggcaactt ggaggcaagt 2280  
 55     tggttcgaca atgcctaccg cgatttgatt gtccggggtt atgaagcggga aattaaaac 2340  
       ggcaaagaac aagccaaaag cccccggct tacctcaatg ccaaagcgc gcggattacc 2400  
       ggcatcaata ttttgggcaa aatcgattgg aacggcgtat gggataaatt gcccgagggt 2460  
 60     tggtattcta catttgccca taatcgtgcy cgtgtccgcy acatcaaaaa acgcgcagac 2520  
       cgcaccgata ttcaatcaca cctgtttgat gccatccaac cctcgcgcta tgcgtcggc 2580  
       tcgggctatg accaaccgga aggcaaatgy ggcgtgaacy gtatgctgac ttattccaaa 2640  
 65     gccaaaggaaa tcacagagtt gttgggcagc cgggctttgc tcaacggcaa cagccgcaat 2700

ES 2 284 840 T3

acaaaagcca cgcgcgcccg taccgcct tggtatattg tggatgtgtc cggttattac 2760  
 acggttaaaa aacacttcac cctccgtgcg ggcgtgtaca acctcctcaa ccaccgctat 2820  
 5 gttacttggg aaaatgtgcg gcaaactgcc gccggcgag tcaaccaaca caaaaatgtc 2880  
 ggcgtttaca accgatatgc cgccccggc cgcaactaca catttagctt ggaaatgaag 2940  
 ttctaaacgt ccgaacgccg caaatgccgt ctgaaaggct tcagacggcg ttttttacac 3000  
 10 aatccccacc gtttccatc cttcccgata caccg 3035

<210> 84

<211> 683

15 <212> PRT

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

20 <400> 84

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

65

ES 2 284 840 T3

Gly Glu Leu Asp Tyr Ile Val Lys Lys Glu Glu Asp Lys Lys Glu Lys  
 225 230 235 240  
 5 His Lys Gly Leu Gly Leu Thr Thr Glu Ile Thr Val Asp Phe Glu Lys  
 245 250 255  
 Lys Thr Leu Ile Gly Lys Leu Ile Lys Asn Asn Met Leu Ile Asn Asn  
 10 260 265 270  
 Asn Thr Lys Pro Thr Thr Gln Tyr Tyr Ser Leu Glu Ala Gln Val Thr  
 275 280 285  
 15 Gly Asn Arg Phe Ser Gly Lys Ala Met Ala Thr Glu Lys Gly Glu Asn  
 290 295 300  
 Lys Gln His Pro Phe Val Ser Asp Ser Ser Ser Leu Ser Gly Gly Phe  
 20 305 310 315 320  
 Phe Gly Pro Gln Gly Glu Glu Leu Gly Phe Arg Phe Leu Ser Asp Asp  
 325 330 335  
 Gly Lys Val Ala Val Val Gly Ser Ala Lys Thr Lys Asp Glu Thr Ala  
 25 340 345 350  
 Ser Ser Gly Gly Thr Ser Gly Gly Ala Ser Val Ser Thr Ser Asn Gly  
 355 360 365  
 30 Ala Ala Gly Thr Ser Ser Glu Asn Lys Leu Thr Thr Val Leu Asp Ala  
 370 375 380  
 Val Glu Leu Thr Pro Asn Gly Lys Lys Ile Lys Asp Leu Asp Asn Phe  
 35 385 390 395 400  
 Ser Asn Ala Ala Gln Leu Val Val Asp Gly Ile Met Ile Pro Leu Leu  
 405 410 415  
 Pro Lys Asp Ser Glu Ser Gly Gly Ser His Thr Asp Lys Gly Glu Asn  
 40 420 425 430  
 Gly Lys Thr Ala Phe Ile Tyr Glu Thr Thr Tyr Thr Pro Glu Ser Asp  
 435 440 445  
 45 Lys Glu Asp Ala Gln Thr Gly Met Ala Thr Asn Gly Val Gln Thr Val  
 450 455 460  
 Ser Asn Thr Ala Gly Gly Thr Ser Gly Lys Thr Lys Thr His Tyr Glu  
 50 465 470 475 480  
 Val Gln Ala Cys Cys Ser Asn Leu Asn Tyr Leu Lys Tyr Gly Leu Leu  
 485 490 495  
 Thr Arg Lys Asn Ser Ser Gln Ala Asp Ala Lys Met Gly Gln Val Glu  
 55 500 505 510  
 Gln Ser Met Phe Leu Gln Gly Glu Arg Thr Asp Glu Lys Glu Ile Pro  
 515 520 525  
 60 Gln Glu Gln Asn Val Val Tyr Ser Gly Thr Trp Tyr Gly His Ile Ala  
 530 535 540  
 Thr Asn Gly Thr Ser Trp Thr Arg Glu Ala Ser Asp Gln Glu Asn Gly  
 65 545 550 555 560

ES 2 284 840 T3

Asn Arg Ala Asn Phe Asp Val Asn Phe Lys Asp Lys Arg Ile Thr Gly  
 565 570 575  
 5 Thr Leu Thr Ala Glu Asn Arg Ser Glu Ala Thr Phe Thr Ile Glu Ala  
 580 585 590  
 Met Ile Glu Gly Asn Gly Phe Lys Gly Thr Ala Lys Thr Gly Asn Gly  
 595 600 605  
 10 Gly Phe Ala Pro Asp Gln Asn Ser Ser Thr Gly Thr His Lys Val His  
 610 615 620  
 15 Ile Thr Asn Ala Ala Val Gln Gly Gly Phe Tyr Gly Pro Asn Ala Glu  
 625 630 635 640  
 Glu Leu Gly Gly Trp Phe Ala Tyr Pro Gly Asn Gly Gln Thr Lys Asn  
 645 650 655  
 20 Ala Gln Thr Ser Ser Gly Asn Gly Asn Ser Ala Gly Ser Ala Thr Val  
 660 665 670  
 Val Phe Gly Ala Lys Arg Gln Gln Leu Val Lys  
 675 680  
 25

<210> 85

<211> 2052

30 <212> ADN

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 85

35 atgaacaatc cattggtgaa tcaggctgct atggtgctgc ccgtgttttt gttgagcgcct 60  
 tgtctgggcg gaggcggcag tttcgatcct gattctgtcg ataccgaagc cccgcgtgcc 120  
 40 gcgccaagt atcaagatgt tccttccaaa aaaccggaag cccgaaaaga ccaaggcgga 180  
 tacggtttcg cgatgcgctt caagcggcgg aattggtatc gggcggcaaa cgaaaacgag 240  
 gttaaactga aagagagtga ttgggaacaa acggatgatg atgagatcaa aaaccctttc 300  
 aaacaaaaaa atattattaa tgccttacct ggaaatgagg gggaattatt gcaagattcc 360  
 45 agtcaacaag gtaagggtac atctaagggt agggaccatc acgattttta atacgtatgg 420  
 tcgggttttt ttataaacg gattaagatt acaactaaaa aagacgaatc tcataaaaata 480  
 atcgaagcca gaagcgggtc tgacggttat attttttata aaggcagaaa tccctcgaga 540  
 50 aaacttcctg tttcagggga ggttacgtac aaaggactt gggatttttt aactgatgtg 600  
 aaagcaaadc agaaatttac agatttagga aatgcttcta cgaaatccgg agaccaatat 660  
 agtgcttttt ccggggagtt ggattatata gtcaaaaaag aggaggataa aaaagaaaag 720  
 55 cacaaagggt tgggattaac aacggaaata acggttgatt ttgagaaaaa aaccctgatc 780  
 ggaaaattaa ttaaaaacaa catgttaatc aataataaca ctaaaccac cacccaatat 840  
 tacagccttg aggctcaagt aacaggcaac cgcttcagcg gcaaggcgat ggcaaccgaa 900  
 aaaggcgaaa acaacaaca tcctttgtt tccgactcgt cttctctgag cggcggcttt 960  
 60 ttcggcccgc agggtgagga attgggttcc cgcttttga gcgacgatgg aaaagttgcc 1020  
 gttgtcggca gcgcgaaaac caaagacgaa accgcaagca gtggcggcac ttcggggcgt 1080  
 65

ES 2 284 840 T3

5 gcaagcgttt ccacatcaaa cggtgcgga ggcacgctcgt ctgaaaacaa gctgaccacg 1140  
 gttttggatg cggttgaatt gacaccaaac ggcaagaaaa tcaaagatct cgacaacttc 1200  
 agcaacgccg cccaactggt tgtcgacggc attatgattc cgctcctgcc caaggattcc 1260  
 gaaagcgggg gcagtcatac agataaagggt gaaaacggca aaacagcctt tatctacgaa 1320  
 acaacctaca cgccggaag tgataaagaa gacgctcaaa caggtatggc gaccaatggc 1380  
 10 gtgcaaaccg tttcaaatac ggcaggcggc acaagtggca aaacaaaaac ccattatgaa 1440  
 gtccaagcct gctgttccaa cctcaattat ctgaaatacg ggttgctgac gcgtaaaaac 1500  
 agtagtcaag ctgacgctaa aatgggacaa gttgaacaaa gtatgttcct ccaaggcgag 1560  
 cgcaaccgatg aaaaagaaat tccacaagaa caaatgtcg tttattcagg cacttggtac 1620  
 15 gggcatattg ccaccaacgg cacaagttgg acccgcaag cctccgatca ggaaaatggt 1680  
 aatcgggcaa attttgacgt gaatttcaaa gacaaaagaa ttaccggcac gttaaccgct 1740  
 gaaaacaggt cggaggcaac ctttaccatt gaagccatga ttgagggcaa cggctttaa 1800  
 20 ggtacggcga aaaccggtaa tggcggcttt gcgccggatc aaaacagcag caccggtaca 1860  
 cataaagtgc acatcacaaa tgccgcggtg cagggcggtt tttacgggcc taacgccgaa 1920  
 gagttgggcg gttggtttgc ctatccgggc aatggacaaa cgaaaaatgc gaaacttca 1980  
 25 tccggcaatg gaaattcagc aggcagcgcg accgtggtat tcggtgcgaa acgccaacag 2040  
 cttgtgaaat aa 2052

<210> 86

30 <211> 215

<212> PRT

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

35 <400> 86

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

65

ES 2 284 840 T3

130 135 140  
 Asn Tyr Glu Gln Ile Ser Gln Phe Thr Arg Asp Val Gly Ser Leu Ser  
 5 145 150 155 160  
 Arg Ile Ile Thr Leu Glu Ser Leu Lys Ile Ala Gln Ser Pro Glu Asn  
 165 170 175  
 10 Gly Gly Asn Pro Asp Gly Lys Ser Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ala Ile  
 180 185 190  
 Ala Thr Thr Tyr Gln Ala Lys Ser Ile Glu Glu Leu Ala Ala Glu Ala  
 195 200 205  
 15 Ala Gln Asn Ala Glu Gln Lys  
 210 215

<210> 87  
 20 <211> 180  
 <212> PRT  
 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

25 <400> 87  
 Met Lys His Tyr Ala Leu Leu Ile Ser Phe Leu Ala Leu Ser Ala Cys  
 1 5 10 15  
 30 Ser Gln Ser Ser Glu Asp Leu Asn Glu Trp Met Ala Gln Thr Arg Arg  
 20 25 30  
 Glu Ala Lys Ala Glu Ile Ile Pro Phe Gln Ala Pro Thr Leu Pro Val  
 35 35 40 45  
 Ala Pro Val Tyr Ser Pro Pro Gln Leu Thr Gly Pro Asn Ala Phe Asp  
 50 55 60  
 40 Phe Arg Arg Met Glu Thr Ala Lys Lys Gly Glu Asn Ala Pro Asp Thr  
 65 70 75 80  
 Lys Arg Ile Lys Glu Thr Leu Glu Lys Phe Ser Leu Glu Asn Met Arg  
 85 90 95  
 45 Tyr Val Gly Ile Leu Lys Ser Gly Gln Lys Val Ser Gly Phe Ile Glu  
 100 105 110  
 Ala Glu Gly Tyr Val Tyr Thr Val Gly Val Gly Asn Tyr Leu Gly Gln  
 50 115 120 125  
 Asn Tyr Gly Arg Ile Glu Ser Ile Thr Asp Asp Ser Ile Ile Leu Asn  
 130 135 140  
 55 Glu Leu Ile Glu Asp Ser Thr Gly Asn Trp Val Ser Arg Lys Ala Glu  
 145 150 155 160  
 Leu Leu Leu Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Glu Gln Ala Ala Gln Pro  
 165 170 175  
 60 Glu Glu Gln Asn

<210> 88  
 <211> 720  
 65 <212> PRT  
 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

ES 2 284 840 T3

<400> 88

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

55

60

65



ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    | 595 |     | 600 |     | 605 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|    | Leu | Lys | Lys | Ala | Val | Leu | Gly | Leu | Thr | Val | Thr | Ala | Asn | Ile | Thr | Pro |
| 5  | 610 |     |     |     |     |     | 615 |     |     |     |     | 620 |     |     |     |     |
|    | Asp | Gly | Gln | Ile | Ile | Met | Thr | Val | Lys | Ile | Asn | Lys | Asp | Ser | Pro | Arg |
|    | 625 |     |     |     |     | 630 |     |     |     |     | 635 |     |     |     | 640 |     |
| 10 | Gln | Cys | Ala | Ser | Gly | Asn | Asn | Thr | Ile | Leu | Cys | Ile | Ser | Thr | Lys | Ser |
|    |     |     |     |     | 645 |     |     |     |     | 650 |     |     |     |     | 655 |     |
|    | Leu | Asn | Thr | Gln | Ala | Met | Val | Glu | Asn | Gly | Gly | Thr | Leu | Ile | Val | Gly |
|    |     |     |     | 660 |     |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |     |
| 15 | Gly | Ile | Tyr | Glu | Glu | Asn | Asn | Gly | Asn | Thr | Leu | Thr | Lys | Val | Pro | Leu |
|    |     |     | 675 |     |     |     |     | 680 |     |     |     |     | 685 |     |     |     |
|    | Leu | Ala | Thr | Ser | Pro | Leu | Ser | Ala | Thr | Ser | Leu | Lys | His | Ser | Gly | Lys |
| 20 | 690 |     |     |     |     | 695 |     |     |     |     |     |     | 700 |     |     |     |
|    | Asn | Arg | Pro | Pro | Arg | Thr | Ala | Asp | Phe | Gln | Leu | Pro | Pro | Arg | Glu | Leu |
|    | 705 |     |     |     |     | 710 |     |     |     |     | 715 |     |     |     | 720 |     |

25 <210> 89  
 <211> 3829  
 <212> ADN  
 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

30 <400> 89

|    |            |            |             |            |            |             |      |
|----|------------|------------|-------------|------------|------------|-------------|------|
| 35 | aaacgcacag | gaggaaactg | aatggcttct  | aatcatcta  | aaaccaactt | ggatctcaac  | 60   |
|    | aaccttcacc | tgctcaacct | tctgcccagg  | ctttttatcg | ccctgctggt | cgttgcccgc  | 120  |
|    | gtgctggggc | tcggttatgc | cggattgttc  | aaaagccaga | tggaatccct | tgaggaatat  | 180  |
|    | gaagcaaaag | aaaccgaact | gaaaaacacc  | tacaaacaga | aaagtatcga | cgcgcccgagc | 240  |
| 40 | ctgaacaacc | ttagggacga | acttgccctca | atccgctctg | ccttcgatat | catggtgaaa  | 300  |
|    | cagctgccga | cagatgcaga | aattcccaat  | ttggttcaag | agcttcatca | ggcggttctcg | 360  |
|    | agcaacggtc | tgcgcttggg | cagcgttatg  | ccccaacctc | ccgtagatga | cggtcccac   | 420  |
| 45 | aaaaaattac | cctattccat | ttccattacc  | ggaaattacg | aacagatcag | ccaatttacc  | 480  |
|    | cgcgatgtcg | gcagtctctc | ccgaatcatt  | acccttgagt | cgctgaaaat | cgcccaatct  | 540  |
|    | ccggaaaacg | gcggaatcc  | tgacggcaag  | agcagtatcc | tgaacctcag | cgccattgcc  | 600  |
|    | accacctacc | aagcaaaatc | catagaagag  | cttgccgcag | aagcggcaca | aaatgccgag  | 660  |
| 50 | caaaaataac | ttacgttagg | gaaaccatga  | aacactatgc | cttactcatc | agctttctgg  | 720  |
|    | ctctctccgc | gtgttcccaa | agttctgaag  | acctaaacga | atggatggca | caaacgcgac  | 780  |
|    | gcgaagccaa | agcagaaatc | atacctttcc  | aagcacctac | cctgccgggt | gcgcccgtat  | 840  |
| 55 | acagcccgcc | gcagcttaca | gggccgaacg  | cattcgactt | ccgccgcatg | gaaaccgcca  | 900  |
|    | aaaaagggga | aaatgcccc  | gacaccaagc  | gtattaaaga | aacgctggaa | aaattcagtt  | 960  |
|    | tggaaaatat | gcgttatgtc | ggcattttga  | agtccggaca | gaaagtctcc | ggcttcatcg  | 1020 |
| 60 | aggctgaagg | ttatgtctac | actgtcggtg  | tcggcaacta | tttgggacaa | aactacggta  | 1080 |
|    | gaatcgaaag | cattaccgac | gacagcatca  | tcctgaacga | gctgatagaa | gacagcacgg  | 1140 |

65

# ES 2 284 840 T3

gcaactgggt ttcccgtaaa gcagaactgc tgttgaattc ttccgacaaa aacaccgaac 1200  
 aagcggcaca gcctgaggaa caaaattaag aagaggatta ctccattatg aataccaaac 1260  
 5 tgacaaaaat catttccggt ctctttgtcg caaccgccgc ctttcagacg gcatcggcag 1320  
 gaaacattac agacatcaaa gtttctctcc tgcccaacaa acagaaaatc gtcaaagtca 1380  
 gctttgacaa agagattgtc aaccgcaccg gcttcgtaac ctctcaccg gcccgcatcg 1440  
 10 ccttggaactt tgaacaaacc ggcatttcca tggatcaaca ggtactcgaa tatgccgatc 1500  
 ctctgttgag caaaatcagt gccgcacaaa acagcagccg tgcgcgtctg gttctgaatt 1560  
 tgaacaaacc gggccaatac aataccgaag tacgcgggaa caaagtttg atattcatta 1620  
 15 acgaatcggg cgataccgtg tccgcccccg cccgccaccg cgtaaaagcc gcgcctgccg 1680  
 caccggcaaa acaacagggt gccgcaccgt ttaccgagtc cgtagtatcc gtatccgcac 1740  
 cgttcagccc ggcaaaaacaa caggcagcgg catcggcaaa acaacaggcg gcgacaccgg 1800  
 caaaacaaac caatatcgat ttccgcaaaag acggcaaaaa tgccggcatt atcgaattgg 1860  
 20 cggcattggg ctttgccggg cagcccgaca tcagccaaca gcacgaccac atcatcgta 1920  
 cgctgaaaaa ccataccctg ccgaccgcgc tccaacgcag tttggatgtg gcgacttca 1980  
 aaacaccggt tcaaaagggt acgctgaaac gcctcaataa cgacaccag ctgattatca 2040  
 25 caacaaccgg caactgggaa ctcgtcaaca aatccgccgc gcccgatac ttaccttcc 2100  
 aagtcctgcc gaaaaaacia aacctcgagt caggcggcgt gaacaatgcg cccaaaacct 2160  
 tcacaggccg gaaaatctcc cttgacttcc aagatgtcga aatccgcacc atcctgcaga 2220  
 ttttgcaaaa agaatccggg atgaacattg ttgccagcga ctccgtcagc ggcaaaatga 2280  
 30 ccctctccct caaagacgta ccttgggatc aggctttgga tttggttatg caggcgcgca 2340  
 acctcgatat gcgccagcaa gggaaacatcg tcaacatggc cccgcgacga gctgcttgc 2400  
 aaagacaaaag ccttcttaca agcggaaaaa gacattgccg atctggggcg gctgtattcc 2460  
 35 caaaacttcc aattgaaata caaaaatgtg gaagaattcc gcagcatcct gctttggaca 2520  
 atgccgacac gaccggaaac cgcaacacgc ttgtcagcgg caggggcagc gtgctgatcg 2580  
 atcccgccac caacaccctg attgttaccg ataccgcag cgtcatcgaa aaattccgca 2640  
 40 aactgattga cgaattggac gtaccgcgc aacaagtgat gattgaggcg cgtatcgtcg 2700  
 aagcggcaga cggcttctcg cgcgatttg gcgtaagtt cggcgcgaca ggcaagaaaa 2760  
 aactgaaaaa tgagacgagc gcattcggct ggggcgtgaa ctccggcttcc gggggcggcg 2820  
 45 ataaatggga ggccaaacca aaatcaacct gccggttgc gtgccgcaaa cagcatttccg 2880  
 ctggtgcgcg cgatttctcc ggcgcgttga atttggaatt gtccgcatcc gagtcgcttt 2940  
 caaaaaccaa aacgcttgc aatccgcgcg tgctgacca aaaccgcaaa gaggcaaaa 3000  
 tcgaatccgg ttacgaaatt cttttaccg taactacacg ctccggcggc ggcaactcta 3060  
 50 ccaacacgga actcaaaaaa gccgtcttgg ggctgaccgt tacggcgaac atcacgccg 3120  
 acggacaaat catcatgacc gtcaaaatca acaaagactc gcctcgacaa tgtgttcag 3180  
 gcaacaacac aatcctatgt atttcgacca aaagcctgaa tacgcaggct atggttgaaa 3240  
 55 acggcggcac tttgattgtc ggcggtattt atgaagaaaa caacggcaat acgctgacca 3300  
 aagtccccct gttggctaca tccccgttat cggcaacctc tttaaaacac tcgggaaaaa 3360  
 accgaccgcc gcgaactgct gattttcaat taccgccgag ggaattatag atacggcgca 3420  
 60 acagcctgcg ctattgatgc gtcaaaaataa gggcatatgt tttacagcat atgccctttc 3480  
 tttatgcttt ttgccgcgac cgaaatgccg tcattcccgc gagcgaatcc aacttgtccg 3540  
 gtttcggttg ttttctgtct cgtaactttt gagccgtcat tccgcgaaa tcgaaatcc 3600  
 65 agtccgttca gtttcgggtca tttccgataa attcctgttg cttttcattt ctagattccc 3660

ES 2 284 840 T3

actttcgtgg aataacggcg gaagggataa atcctcgcaa tccaaagcct gctcatttcc 3720  
 acaaaaaaca gcaacccgaa acaccccgtc attcccgagc aggcggaatc tagaaccgca 3780  
 5 acgccaggaa tctgtcggat acggctgaaa ccgaacgact ggattcccg 3829

<210> 90

10 <211> 174

<212> PRT

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

15 <400> 90

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

<210> 91

<211> 710

55 <212> ADN

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 91

60

cggcaaagca gccggatgcc gccgcgtatc ttgaggcatt gaaaatatta cgatgcaaaa 60

65

ES 2 284 840 T3

5 agaaaatttc agtataatac ggcaggattc tttaacggat tattaacaat tttttctcct 120  
 gaccataaag gaacccaaaat atgaaaaaag cacttgccgc actgattgcc ctgcactcc 180  
 10 cggccgccgc actggcggaa ggcgcatccg gcttttacgt ccaagccgat gccgcacacg 240  
 ccaaagcctc aagctcttta ggttctgcca aaggcttcag cccgcgcacg tccgcaggct 300  
 accgcatcaa cgacctccgc ttcgccgtcg attacacgcg ctacaaaaac tataaagccc 360  
 catccaccga tttcaaaactt tacagcatcg gcgcgtccgt catttacgac ttcgacaccc 420  
 aatcgcccgt caaacctgat ttcggcgcgc gcttgagcct caaccgcgct tccgcccact 480  
 15 tgggcggcag cgacagcttc agcaaaacct ccgccggcct cggcgtattg gcggggcgtaa 540  
 gctatgccgt taccgccaat gtcgatttg atgccggcta ccgctacaac tacgtcggca 600  
 aagtcaacac tgtcaaaaac gtcggttccg gcgaactgtc cgccggcgtg cgcgtcaaat 660  
 tctgatatac gcgttattcc gcaaaccgcc gagccttcgg cggttttttg 710

20 <210> 92

<211> 792

<212> PRT

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

25 <400> 92

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

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     | 190 |     |     |     |     |
|    | Met | Arg | Gln | Met | Ser | Leu | Thr | Glu | Gly | Gly | Ile | Trp | Thr | Trp | Leu | Thr |
| 5  |     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
|    | Arg | Ser | Asp | Arg | Phe | Asp | Arg | Gln | Lys | Phe | Ala | Gln | Asp | Met | Glu | Lys |
|    |     |     | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     | 220 |     |     |     |     |
| 10 | Val | Thr | Asp | Phe | Tyr | Gln | Asn | Asn | Gly | Tyr | Phe | Asp | Phe | Arg | Ile | Leu |
|    | 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |     |
|    | Asp | Thr | Asp | Ile | Gln | Thr | Asn | Glu | Asp | Lys | Thr | Arg | Gln | Thr | Ile | Lys |
|    |     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |
| 15 | Ile | Thr | Val | His | Glu | Gly | Gly | Arg | Phe | Arg | Trp | Gly | Lys | Val | Ser | Ile |
|    |     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |
|    | Glu | Gly | Asp | Thr | Asn | Glu | Val | Pro | Lys | Ala | Glu | Leu | Glu | Lys | Leu | Leu |
| 20 |     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
|    | Thr | Met | Lys | Pro | Gly | Lys | Trp | Tyr | Glu | Arg | Gln | Gln | Met | Thr | Ala | Val |
|    |     |     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
| 25 | Leu | Gly | Glu | Ile | Gln | Asn | Arg | Met | Gly | Ser | Ala | Gly | Tyr | Ala | Tyr | Ser |
|    | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |
|    | Glu | Ile | Ser | Val | Gln | Pro | Leu | Pro | Asn | Ala | Gly | Thr | Lys | Thr | Val | Asp |
|    |     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
| 30 | Phe | Val | Leu | His | Ile | Glu | Pro | Gly | Arg | Lys | Ile | Tyr | Val | Asn | Glu | Ile |
|    |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |
|    | His | Ile | Thr | Gly | Asn | Asn | Lys | Thr | Arg | Asp | Glu | Val | Val | Arg | Arg | Glu |
| 35 |     |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |
|    | Leu | Arg | Gln | Met | Glu | Ser | Ala | Pro | Tyr | Asp | Thr | Ser | Lys | Leu | Gln | Arg |
|    |     |     | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |
| 40 | Ser | Lys | Glu | Arg | Val | Glu | Leu | Leu | Gly | Tyr | Phe | Asp | Asn | Val | Gln | Phe |
|    | 385 |     |     |     | 390 |     |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |
|    | Asp | Ala | Val | Pro | Leu | Ala | Gly | Thr | Pro | Asp | Lys | Val | Asp | Leu | Asn | Met |
|    |     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |
| 45 | Ser | Leu | Thr | Glu | Arg | Ser | Thr | Gly | Ser | Leu | Asp | Leu | Ser | Ala | Gly | Trp |
|    |     |     | 420 |     |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |
|    | Val | Gln | Asp | Thr | Gly | Leu | Val | Met | Ser | Ala | Gly | Val | Ser | Gln | Asp | Asn |
| 50 |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |
|    | Leu | Phe | Gly | Thr | Gly | Lys | Ser | Ala | Ala | Leu | Arg | Ala | Ser | Arg | Ser | Lys |
|    |     |     | 450 |     |     | 455 |     |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |
| 55 | Thr | Thr | Leu | Asn | Gly | Ser | Leu | Ser | Phe | Thr | Asp | Pro | Tyr | Phe | Thr | Ala |
|    | 465 |     |     |     | 470 |     |     |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |     |
|    | Asp | Gly | Val | Ser | Leu | Gly | Tyr | Asp | Ile | Tyr | Gly | Lys | Ala | Phe | Asp | Pro |
|    |     |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |
| 60 | Arg | Lys | Ala | Ser | Thr | Ser | Val | Lys | Gln | Tyr | Lys | Thr | Thr | Thr | Ala | Gly |
|    |     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |
|    | Gly | Gly | Val | Arg | Met | Gly | Ile | Pro | Val | Thr | Glu | Tyr | Asp | Arg | Val | Asn |
| 65 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|--|--|
|    | 515 |     | 520 |     | 525 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |
| 5  | Phe | Gly | Leu | Ala | Ala | Glu | His | Leu | Thr | Val | Asn | Thr | Tyr | Asn | Lys | Ala |  |  |  |  |  |
|    | 530 |     |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |  |  |  |  |  |
|    | Pro | Lys | Arg | Tyr | Ala | Asp | Phe | Ile | Lys | Gln | Tyr | Gly | Lys | Thr | Asp | Gly |  |  |  |  |  |
|    | 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |  |  |  |  |  |
| 10 | Ala | Asp | Gly | Ser | Phe | Lys | Gly | Leu | Leu | Tyr | Lys | Gly | Thr | Val | Gly | Trp |  |  |  |  |  |
|    |     |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     | 575 |     |  |  |  |  |  |
|    | Gly | Arg | Asn | Lys | Thr | Asp | Ser | Ala | Leu | Trp | Pro | Thr | Arg | Gly | Tyr | Leu |  |  |  |  |  |
| 15 |     |     |     | 580 |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |  |  |  |  |  |
|    | Thr | Gly | Val | Asn | Ala | Glu | Ile | Ala | Leu | Pro | Gly | Ser | Lys | Leu | Gln | Tyr |  |  |  |  |  |
|    |     |     | 595 |     |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |  |  |  |  |  |
| 20 | Tyr | Ser | Ala | Thr | His | Asn | Gln | Thr | Trp | Phe | Phe | Pro | Leu | Ser | Lys | Thr |  |  |  |  |  |
|    | 610 |     |     |     |     |     | 615 |     |     |     |     |     | 620 |     |     |     |  |  |  |  |  |
|    | Phe | Thr | Leu | Met | Leu | Gly | Gly | Glu | Val | Gly | Ile | Ala | Gly | Gly | Tyr | Gly |  |  |  |  |  |
|    | 625 |     |     |     |     | 630 |     |     |     | 635 |     |     |     |     |     | 640 |  |  |  |  |  |
| 25 | Arg | Thr | Lys | Glu | Ile | Pro | Phe | Phe | Glu | Asn | Phe | Tyr | Gly | Gly | Gly | Leu |  |  |  |  |  |
|    |     |     |     |     | 645 |     |     |     |     | 650 |     |     |     |     | 655 |     |  |  |  |  |  |
|    | Gly | Ser | Val | Arg | Gly | Tyr | Glu | Ser | Gly | Thr | Leu | Gly | Pro | Lys | Val | Tyr |  |  |  |  |  |
| 30 |     |     |     | 660 |     |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |     |  |  |  |  |  |
|    | Asp | Glu | Tyr | Gly | Glu | Lys | Ile | Ser | Tyr | Gly | Gly | Asn | Lys | Lys | Ala | Asn |  |  |  |  |  |
|    |     |     | 675 |     |     |     | 680 |     |     |     |     |     | 685 |     |     |     |  |  |  |  |  |
| 35 | Val | Ser | Ala | Glu | Leu | Leu | Phe | Pro | Met | Pro | Gly | Ala | Lys | Asp | Ala | Arg |  |  |  |  |  |
|    | 690 |     |     |     |     |     | 695 |     |     |     |     | 700 |     |     |     |     |  |  |  |  |  |
|    | Thr | Val | Arg | Leu | Ser | Leu | Phe | Ala | Asp | Ala | Gly | Ser | Val | Trp | Asp | Gly |  |  |  |  |  |
|    | 705 |     |     |     |     | 710 |     |     |     |     |     | 715 |     |     |     | 720 |  |  |  |  |  |
| 40 | Arg | Thr | Tyr | Thr | Ala | Ala | Glu | Asn | Gly | Asn | Asn | Lys | Ser | Val | Tyr | Ser |  |  |  |  |  |
|    |     |     |     |     | 725 |     |     |     |     |     |     | 730 |     |     |     | 735 |  |  |  |  |  |
|    | Glu | Asn | Ala | His | Lys | Ser | Thr | Phe | Thr | Asn | Glu | Leu | Arg | Tyr | Ser | Ala |  |  |  |  |  |
| 45 |     |     |     | 740 |     |     |     |     |     | 745 |     |     |     | 750 |     |     |  |  |  |  |  |
|    | Gly | Gly | Ala | Val | Thr | Trp | Leu | Ser | Pro | Leu | Gly | Pro | Met | Lys | Phe | Ile |  |  |  |  |  |
|    |     |     | 755 |     |     |     | 760 |     |     |     |     |     | 765 |     |     |     |  |  |  |  |  |
| 50 | Tyr | Ala | Tyr | Pro | Leu | Lys | Lys | Lys | Pro | Glu | Asp | Glu | Ile | Gln | Arg | Phe |  |  |  |  |  |
|    | 770 |     |     |     |     |     | 775 |     |     |     |     |     | 780 |     |     |     |  |  |  |  |  |
|    | Gln | Phe | Gln | Leu | Gly | Thr | Thr | Phe |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |
| 55 | 785 |     |     |     |     |     | 790 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |

<210> 93

<211> 2379

60 <212> ADN

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

65

# ES 2 284 840 T3

<400> 93

```

5 atgaaactga aacagattgc ctccgcactg atgatgttgg gcatatcgcc tttggcattt 60
 gccgaactca ccatccaaga catccgtgtc gaaggcttgc agcgtaccga gccgagcacc 120
 gtattcaact acctgcccgt caaagtcggc gacacctaca acgacacaca cggcagtgcc 180
 atcatcaaaa gcctgtacgc caccggtttc tttgacgacg tacgagtcga aactgcggac 240
10 gggctgcttc tgctgaccgt tatcgtatgc cctaccatcg gctcgtcaa catcaccggc 300
 gccaaaatgc tgcagaacga cgccatcaag aaaaacctcg aatcgttcgg gctggcgcag 360
 tcgcaatact ttaatcaggc gacactcaac caggcagtcg ccggcctgaa agaagaatat 420
 ctcgggcgcg gcaaaactca tatccaaatc acgccc aaag taaccaaact cgcccgaac 480
15 cgcgtcgaca tcgacatcac gattgacgag ggcaaatccg ccaaaatcac cgacatcgaa 540
 tttgaaggca accaagtcta ttccgaccgc aaactgatgc ggcagatgtc gctgaccgaa 600
 ggcggcattt ggacatggct gacacgaagc gaccggttcg accgccagaa attcgcccaa 660
20 gacatggaaa aagtaaccga cttctaccag aacaacggct acttcgattt ccgtatcctc 720
 gataccgaca tccaaaccaa cgaagacaaa accaggcaga ccatcaaaat caccgtccac 780
 gaaggcggac gtttccgctg gggcaaagtg tcgattgaag gcgacaccaa cgaagtcccc 840
25 aaggccgaac tggaaaaact gctgaccatg aagcccggca aatggtacga acgccagcag 900
 atgaccgccg ttttgggtga gattcagaac cgcatgggct ccggcaggcta cgcatacagc 960
 gaaatcagcg tacagccgct gccgaacgcc ggaacaaaa ccgtcgattt cgtcctgcac 1020
 atcgaaccgg gcagaaaaat ctacgtcaac gaaatccaca tcaccggcaa caacaaaacc 1080
30 cgcgacgaag tcgtgcgccg cgaattgctc caaatggaat ccgcgcctta cgacacctcc 1140
 aagctgcaac gctccaaaga gcgctcgag cttttgggct acttcgacaa cgtacagttt 1200
 gatgccgtcc cgcttgccgg tacgcccgac aaagtcgatt tgaacatgag cctgaccgaa 1260
35 cgttccaccg gctcgtcga cttgagcgcg ggctgggttc aggataccgg cttgggtcatg 1320
 tccgccggcg tatcgcagga caacctgttc ggtacgggca agtcggccgc cctgcgcgcc 1380
 tcgpgaagca aaaccacgct caacggctcg ctgtcgttta ccgaccgta cttcaacggca 1440
40 gacggggtca gcctgggcta cgatatttac ggaaaagcct tcgaccgcg caaagcatcg 1500
 accagcgtca aacaatataa aaccaccacc gccggcggcg gcgtaaggat gggtatcccc 1560
 gttaccgaat acgaccgct caatttcggg ctggcggcgg aacacctgac cgtcaacacc 1620
45 tacaacaaag cacccaaacg ctatgccgac tttatcaaac aatacggcaa aaccgacggc 1680
 gcagacggca gcttcaaagg cctgctgtac aaaggcactg tcggctgggg gcgcaacaag 1740
 accgacagcg ctttatggcc gacgcgcggc tacctgaccg gcgtaaatgc cgaaatcgcc 1800
 ctgccgggca gcaaaactga atactactcc gccaccaca accaaacctg gttcttcccc 1860
50 ttaagcaaaa ctttacgct gatgctcggc ggcgaagtcg gcattgcggg cggctacggc 1920
 agaaccaaag aaatcccctt cttgaaaac ttctacggcg gcggcctggg ttcggtgcgc 1980
 ggctacgaaa gcggcacgct cggcccgaat gtgtatgacg aatacggcga aaaaatcagc 2040
55 tacggcggca acaaaaaagc caacgtctcc gccgagctgc tcttcccgat gcccggtgcg 2100
 aaagacgcac gcaccgtccg cctgagcctg tttgccgacg caggcagcgt gtgggacggc 2160
 agaacctata ccgccgccga aaacggtaac acaaatcgg tttactcgga aaacgcgcat 2220
60 aatccacct ttaccaacga attgcgctat tccgccggcg gcgcggttac ctggctctcg 2280
 ctttggggcc cgatgaaatt catctacgcc taccgctga agaaaaaac ggaagacgaa 2340
 atccaacgct tccaattcca gctcggcagc acgttctaa 2379

```

65 <210> 94

<211> 1128

<212> ADN

## ES 2 284 840 T3

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 94

```

5 atgaatacac gaaatatgcg ctatattctt ttgacaggac tgttgccgac ggcacccgct 60
 tttggagaga ccgcgctgca atgcgccgct ttgacggaca atgttacgcy tttggcgtgt 120
 tacgacagga tttttgcggc acagcttccg tcttcggcag ggcaggaagg gcaggagtgc 180
10 aaagccgtac tcaatctgac ggaaccgctc cgcagcagct tggataaggg cgaggcggtc 240
 attgttggtg aaaaaggcgg ggatgcgctt cctgccgaca gtgcgggcga aaccgccgat 300
 atctatacgc ctttgagcct gatgtacgac ttggacaaaa acgatttgcy cgggctggtg 360
15 ggcgtacgcy aacacaatcc gatgtacctt atgccgtttt ggtataacaa ttcgcccaac 420
 tatgccccga gttcgccgac gcgcggtacg actgtacagg aaaaattcgg acagcagaaa 480
 cgtgcggaaa ccaaattgca ggtttcgctc aaaagcaaaa ttgccgaaaa tttgtttaa 540
20 acccgcgcyg atctgtggtt cggctacacc caaagatccg attggcagat ttacaaccaa 600
 ggcaggaat ccgcgccgct ccgcaatacg gattacaaac ctgaaatttt cctgacccag 660
 cctgtgaagg cggatttgcc gttcgggcgc aggctgcgta tgctcgggtc gggttttgtc 720
 caccagtcca acggacagag ccgtcccga tgcgcttcgt ggaacaggat ttatgccatg 780
25 gcaggcatgg aatggggcaa attgacggtg attccgcgcy tgtgggtgcy tgcgttcgat 840
 cagagcggcy ataaaaacga caatcccgat attgccgact atatggggta tggcgacgty 900
 aagctgcagt accgcctgaa cgacaggcag aatgtgtatt ccgtattgcy ctacaacccc 960
30 aaaacgggct acggcgcyg tgaagccgc tacacgtttc cgattaaggg caaactcaaa 1020
 ggcgtggtac gcggattcca cggttacggc gagagcctga tcgactacaa ccacaagcag 1080
 aacggtatcy gtatcgggtt gatgttcaac gactgggacg gcatctga 1128

```

35 <210> 95

<211> 375

<212> PRT

40 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 95

```

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

```

60

65

ES 2 284 840 T3

Asn Leu Thr Glu Thr Val Arg Ser Ser Leu Asp Lys Gly Glu Ala Val  
 65 70 75 80  
 5 Ile Val Val Glu Lys Gly Gly Asp Ala Leu Pro Ala Asp Ser Ala Gly  
 85 90 95  
 Glu Thr Ala Asp Ile Tyr Thr Pro Leu Ser Leu Met Tyr Asp Leu Asp  
 100 105 110  
 10 Lys Asn Asp Leu Arg Gly Leu Leu Gly Val Arg Glu His Asn Pro Met  
 115 120 125  
 Tyr Leu Met Pro Phe Trp Tyr Asn Asn Ser Pro Asn Tyr Ala Pro Ser  
 15 130 135 140  
 Ser Pro Thr Arg Gly Thr Thr Val Gln Glu Lys Phe Gly Gln Gln Lys  
 145 150 155 160  
 20 Arg Ala Glu Thr Lys Leu Gln Val Ser Phe Lys Ser Lys Ile Ala Glu  
 165 170 175  
 Asn Leu Phe Lys Thr Arg Ala Asp Leu Trp Phe Gly Tyr Thr Gln Arg  
 25 180 185 190  
 Ser Asp Trp Gln Ile Tyr Asn Gln Gly Arg Lys Ser Ala Pro Phe Arg  
 195 200 205  
 30 Asn Thr Asp Tyr Lys Pro Glu Ile Phe Leu Thr Gln Pro Val Lys Ala  
 210 215 220  
 Asp Leu Pro Phe Gly Gly Arg Leu Arg Met Leu Gly Ala Gly Phe Val  
 225 230 235 240  
 35 His Gln Ser Asn Gly Gln Ser Arg Pro Glu Ser Arg Ser Trp Asn Arg  
 245 250 255  
 Ile Tyr Ala Met Ala Gly Met Glu Trp Gly Lys Leu Thr Val Ile Pro  
 40 260 265 270  
 Arg Val Trp Val Arg Ala Phe Asp Gln Ser Gly Asp Lys Asn Asp Asn  
 275 280 285  
 45 Pro Asp Ile Ala Asp Tyr Met Gly Tyr Gly Asp Val Lys Leu Gln Tyr  
 290 295 300  
 Arg Leu Asn Asp Arg Gln Asn Val Tyr Ser Val Leu Arg Tyr Asn Pro  
 305 310 315 320  
 50 Lys Thr Gly Tyr Gly Ala Ile Glu Ala Ala Tyr Thr Phe Pro Ile Lys  
 325 330 335  
 Gly Lys Leu Lys Gly Val Val Arg Gly Phe His Gly Tyr Gly Glu Ser  
 55 340 345 350  
 Leu Ile Asp Tyr Asn His Lys Gln Asn Gly Ile Gly Ile Gly Leu Met  
 355 360 365  
 60 Phe Asn Asp Trp Asp Gly Ile  
 370 375

<210> 96

65 <211> 1000

<212> ADN

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

# ES 2 284 840 T3

<400> 96

```

 ttttggcttc cagcgtttcg ttgttttcgt acaagtcgta agtcagcttc agattgttgg 60
5 cttttttaa gttctcgacc gtactctcgt caacataatt cgaccagttg tagatgttca 120
 gagtatcggg ggcagcggct tcggcattgg cagcaggtgc gctgcctgct tgaggctgca 180
 cggcgttttt ttcgctgccg ccgcaggctg ccagagacag cgcggccaaa acggctaata 240
10 cggatttttt catacgggca gattcctgat gaaagaggtt ggaaaaaaag aaaaccccgc 300
 gccccataaa cccccggcg caaggtttgg gtattgtaaa gtaaatttgt gcaaactcaa 360
 agcgatattg gcctgatttt cctaaaaaat taccctgttt ccaaaaaagg gggggaaacg 420
 gccgcccgat tttgccgttt ttttgccgctc tcagggtgct cgacggggcg atagagaaaa 480
15 aaggcttgca tataatgtaa acccccttta aaattgcgcy tttacagaat ttatttttct 540
 ttcaggagat tccaatatgg caaacagcgc acaagcacgc aaacgtgcc gccagtccgt 600
 caaacaacgc gccacaacg ctagcctgcy taccgcattc cgcaccgcag tgaaaaaagt 660
20 attgaaagca gtcgaagcag gcgataaagc tgccgcacaa gcggtttacc aagagtccgt 720
 caaagtcatc gaccgcacg ccgacaaagg cgtgtttcat aaaaacaaag cggctcgcca 780
 caaaagccgc ctgtctgcaa aagtaaaagc actggcttga tttttgcaa accgccaagg 840
25 cggttgatac gcgataagc gaaaaccctg aagcccgacg gtttcggggg tttctgtatt 900
 tcgggggtaa agttcgaat ggcggaaagg gtgcggtttt ttatccgaat ccgctataaa 960
 atgccgtttg aaaaccaata tgccgacaat gggggcggag 1000

```

30 <210> 97

<211> 713

<212> PRT

35 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 97

```

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

```

60

65

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    |     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |
|    | Ile | Lys | Val | Asp | Asn | Ala | Tyr | Ser | Asp | Ser | Gln | Ile | Leu | Tyr | His | Gln |
| 5  |     |     |     |     | 100 |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |
|    | Gly | Arg | Phe | Ile | Val | Asp | Pro | Ala | Leu | Val | Lys | Val | Val | Ser | Val | Gln |
|    |     |     |     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |
| 10 | Lys | Gly | Ala | Gly | Ser | Ala | Ser | Ala | Gly | Ile | Gly | Ala | Thr | Asn | Gly | Ala |
|    |     |     |     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |
|    | Ile | Ile | Ala | Lys | Thr | Val | Asp | Ala | Gln | Asp | Leu | Leu | Lys | Gly | Leu | Asp |
| 15 |     |     |     |     |     | 145 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |
|    | Lys | Asn | Trp | Gly | Val | Arg | Leu | Asn | Ser | Gly | Phe | Ala | Gly | Asn | Asn | Gly |
|    |     |     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |
|    | Ala | Ser | Tyr | Gly | Ala | Ser | Val | Phe | Gly | Lys | Glu | Gly | Asn | Phe | Asp | Gly |
| 20 |     |     |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     | 190 |     |
|    | Leu | Phe | Ser | Tyr | Asn | Arg | Asn | Asp | Glu | Lys | Asp | Tyr | Glu | Ala | Gly | Lys |
|    |     |     |     |     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     | 205 |     |
| 25 | Gly | Phe | Arg | Asn | Asp | Asn | Gly | Gly | Lys | Thr | Val | Pro | Tyr | Ser | Ala | Leu |
|    |     |     |     |     |     | 210 |     |     |     |     |     |     |     |     | 220 |     |
|    | Asp | Lys | Arg | Ser | Tyr | Leu | Ala | Lys | Ile | Gly | Thr | Thr | Phe | Gly | Asp | Gly |
| 30 |     |     |     |     |     | 225 |     |     |     |     |     |     |     |     | 230 | 240 |
|    | Asp | His | Arg | Ile | Val | Leu | Ser | His | Met | Lys | Asp | Gln | His | Arg | Gly | Ile |
|    |     |     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |
|    | Arg | Thr | Val | Arg | Glu | Glu | Phe | Ala | Val | Ser | Glu | Lys | Asn | Ser | Arg | Ile |
| 35 |     |     |     |     |     | 260 |     |     |     |     |     |     |     |     | 270 |     |
|    | Thr | Ile | Lys | Arg | Gln | Ala | Pro | Ser | Tyr | Arg | Glu | Thr | Thr | Gln | Ser | Asn |
|    |     |     |     |     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |
| 40 | Thr | Asn | Leu | Ala | Tyr | Thr | Gly | Lys | Asp | Leu | Gly | Phe | Val | Glu | Lys | Leu |
|    |     |     |     |     |     | 290 |     |     |     |     |     |     |     |     | 300 |     |
|    | Asp | Ala | Asn | Ala | Tyr | Val | Leu | Glu | Lys | Lys | Arg | Tyr | Ser | Ala | Asp | Asp |
| 45 |     |     |     |     |     | 305 |     |     |     |     |     |     |     |     | 310 | 320 |
|    | Lys | Asp | Asn | Gly | Tyr | Ala | Gly | Asn | Val | Lys | Gly | Pro | Asn | His | Thr | Arg |
|    |     |     |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 330 |
|    | Ile | Ala | Thr | Arg | Ser | Met | Asn | Phe | Asn | Phe | Asp | Ser | Arg | Leu | Ala | Glu |
| 50 |     |     |     |     |     | 340 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 350 |
|    | Gln | Thr | Leu | Leu | Lys | Tyr | Gly | Ile | Asn | Tyr | Arg | His | Gln | Glu | Ile | Lys |
|    |     |     |     |     |     | 355 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 360 |
| 55 | Pro | Gln | Ala | Phe | Leu | Asn | Ser | Glu | Phe | Glu | Ile | Lys | Asp | Lys | Glu | Lys |
|    |     |     |     |     |     | 370 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 375 |
|    | Ala | Thr | Asn | Glu | Glu | Lys | Lys | Lys | Asn | Arg | Glu | Asn | Glu | Lys | Ile | Ala |
| 60 |     |     |     |     |     | 385 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 390 |
|    | Lys | Ala | Tyr | Arg | Leu | Thr | Asn | Pro | Thr | Lys | Thr | Asp | Thr | Gly | Ala | Tyr |
|    |     |     |     |     |     | 405 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 410 |
| 65 | Ile | Glu | Ala | Ile | His | Glu | Ile | Asp | Gly | Phe | Thr | Leu | Thr | Gly | Gly | Leu |

ES 2 284 840 T3

|    |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|    |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |     |
|    | Arg | Tyr | Asp | Arg | Phe | Lys | Val | Lys | Thr | His | Asp | Gly | Lys | Thr | Val | Ser |
| 5  |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |
|    | Ser | Ser | Ser | Leu | Asn | Pro | Ser | Phe | Gly | Val | Ile | Trp | Gln | Pro | Arg | Glu |
|    |     |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     |     | 460 |     |     |     |
| 10 | His | Trp | Ser | Phe | Ser | Ala | Ser | His | Asn | Tyr | Ala | Gly | Arg | Ser | Pro | Arg |
|    | 465 |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     |     | 480 |
|    | Leu | Tyr | Asp | Ala | Leu | Gln | Thr | His | Gly | Lys | Arg | Gly | Ile | Ile | Ser | Ile |
|    |     |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |
| 15 | Ala | Asp | Gly | Thr | Lys | Ala | Glu | Arg | Ala | Arg | Asn | Thr | Glu | Ile | Gly | Phe |
|    |     |     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     | 510 |     |     |
|    | Asn | Tyr | Asn | Asp | Gly | Thr | Phe | Ala | Ala | Asn | Gly | Ser | Tyr | Phe | Arg | Gln |
| 20 |     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |
|    | Thr | Ile | Lys | Asp | Ala | Leu | Ala | Asn | Pro | Gln | Asn | Arg | His | Asp | Ser | Val |
|    |     |     | 530 |     |     |     | 535 |     |     |     |     |     | 540 |     |     |     |
| 25 | Ala | Val | Arg | Glu | Ala | Val | Asn | Ala | Gly | Tyr | Ile | Lys | Asn | His | Gly | Tyr |
|    | 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |
|    | Glu | Leu | Gly | Ala | Ser | Tyr | Arg | Thr | Gly | Gly | Leu | Thr | Ala | Lys | Val | Gly |
|    |     |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     | 575 |     |
| 30 | Val | Ser | His | Ser | Lys | Pro | Arg | Phe | Tyr | Asp | Thr | His | Lys | Asp | Lys | Leu |
|    |     |     |     |     | 580 |     |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |
|    | Leu | Ser | Ala | Asn | Pro | Glu | Phe | Gly | Ala | Gln | Val | Gly | Arg | Thr | Trp | Thr |
| 35 |     |     | 595 |     |     |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |
|    | Ala | Ser | Leu | Ala | Tyr | Arg | Phe | Lys | Asn | Pro | Asn | Leu | Glu | Ile | Gly | Trp |
|    |     |     | 610 |     |     |     | 615 |     |     |     |     |     | 620 |     |     |     |
| 40 | Arg | Gly | Arg | Tyr | Val | Gln | Lys | Ala | Val | Gly | Ser | Ile | Leu | Ala | Ala | Gly |
|    | 625 |     |     |     |     | 630 |     |     |     |     | 635 |     |     |     |     | 640 |
|    | Gln | Lys | Asp | Arg | Asp | Gly | Lys | Leu | Glu | Asn | Val | Val | Arg | Gln | Gly | Phe |
|    |     |     |     |     | 645 |     |     |     |     | 650 |     |     |     |     | 655 |     |
| 45 | Gly | Val | Asn | Asp | Val | Phe | Ala | Asn | Trp | Lys | Pro | Leu | Gly | Lys | Asp | Thr |
|    |     |     | 660 |     |     |     |     |     |     | 665 |     |     |     |     | 670 |     |
|    | Leu | Asn | Val | Asn | Leu | Ser | Val | Asn | Asn | Val | Phe | Asp | Lys | Phe | Tyr | Tyr |
| 50 |     |     | 675 |     |     |     |     |     |     | 680 |     |     |     |     | 685 |     |
|    | Pro | His | Ser | Gln | Arg | Trp | Thr | Asn | Thr | Leu | Pro | Gly | Val | Gly | Arg | Asp |
|    |     |     | 690 |     |     |     |     |     |     | 695 |     |     |     |     | 700 |     |
| 55 | Val | Arg | Leu | Gly | Val | Asn | Tyr | Lys | Phe |     |     |     |     |     |     |     |
|    | 705 |     |     |     |     |     |     |     |     | 710 |     |     |     |     |     |     |

60 <210> 98  
 <211> 2600  
 <212> ADN  
 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

65

## ES 2 284 840 T3

&lt;400&gt; 98

aaaccggtac ggcgttgccc cgccttagct caaagagaac gattccctaa ggtgctgaag 60  
 caccgagtga atcggttccg tactatattgt actgtctgcg gcttcgccgc ctgtcctga 120  
 5 tttttgtag tccacatata catttccgac aaaacctgtc aacaaaaaac aacgcttcgc 180  
 aaataaaaac gataatcagc tttacacaac cccccccgc taatataaac aaaaataatt 240  
 attattattt tttcttatcc tgccaaacct taacggtttg gcttaacttc cttcataca 300  
 10 ctcaaaaagg cgaacaaatg aacgccccgt ttttccgcct cagcctgctc tcgctcacac 360  
 ttgccgccgg ctttgcccac gcggcagaaa ataatgcaa tgtcgcattg gataccgtta 420  
 ccgtaaaaag cgaccgcaa ggcagcaaaa tccgtaccaa catcgttacg cttcaacaaa 480  
 15 aagacgaaaag caccgcaacc gatatgcgcg aactcttaa agaagagccc tccatcgatt 540  
 tcggcggcgg caacggcacg tcccaattcc tgacgctgcg cggtatgggt cagaactctg 600  
 tcgacatcaa ggtggacaac gcctattccg acagccaaat cctttaccac caaggcagat 660  
 20 ttattgtcga tcccgccttg gttaaagtcg tttccgtaca gaaaggcgcg ggttccgcct 720  
 ctgccggtat cggcgcgacc aacggcgcga tcatcgcaa aaccgtcgat gcccaagacc 780  
 tgctcaaagg cttggataaa aactggggcg tgcgcctcaa cagcggcttt gccggcaaca 840  
 acggcgcaag ctacggcgca agcgtattcg gaaaagaggg caacttcgac ggtttgttct 900  
 25 cttacaaccg caacgatgaa aaagattacg aagccggcaa aggtttccgc aatgacaacg 960  
 gcggcaaaaac cgtaccgtac agcgcgctgg acaaacgcag ctacctgcc aaaatcggaa 1020  
 caaccttcgg cgacggcgac caccgcatcg tgttgagcca tatgaaagac caacaccggg 1080  
 30 gcatccgcac tgtcgtgaa gagtttgccg tcagcgaaaa aaattcacgg ataactatta 1140  
 aacgccaagc cccatcctac cgcgaaaacca ctcaatccaa caccaacttg gcgtacaccg 1200  
 gcaaagattt gggctttgtc gaaaaactgg atgccaacgc ctatgtgttg gaaaagaac 1260  
 35 gctattccgc cgatgacaaa gataacggct acgcaggcaa tgtaaaaggc cccaaccata 1320  
 cccgaatcgc cactcggagt atgaacttca acttcgacag ccgccttgcc gaacaaacc 1380  
 tgttgaaata cggcatcaac taccgccatc aggaaatcaa accgcaagcg tttttgaact 1440  
 cggaatttga aataaaaagat aaagaaaaag caactaatga agagaaaaag aagaaccgtg 1500  
 40 aaaatgaaaa aattgcaaaa gcctaccgcc tgaccaacc gaccaaaacc gataccggcg 1560  
 cgtatatcga agccattcac gagattgacg gctttaccct gaccggcggg ctgcgttacg 1620  
 accgcttcaa ggtgaaaacc cacgacggca aaaccgtttc aagcagcagc ctcaaccga 1680  
 45 gtttcggcgt gatttggcag ccgcgcaaac actggagctt cagcgcgagc cacaactacg 1740  
 ccggccgcag cccgcgcctg tatgacgctc tgcaaaccga cggcaagcgc ggcacatct 1800  
 cgattgccga cggcacgaaa gccgaacgcg cgcgcaatac cgaaatcggc ttcaactaca 1860  
 50 acgacggcac gtttgccgca aacggcagct acttcggca gaccatcaa gacgcgcttg 1920  
 ccaatccgca aaaccgccac gactccgtcg ccgtccgca agccgtcaac gccggctaca 1980  
 tcaaaaacca cggttacgaa ttggggcgcgt cctaccgcac cggcggcctg accgcaaaag 2040  
 55 tcggcgtgaa ccacagcaaa ccgcgctttt acgatacga caaagacaag ctggtgagcg 2100  
 cgaacctga atttggcgca caagtccggc gcacttgac ggctccctt gcctaccgct 2160  
 tcaaaaacc gaactctgaa atcggctggc gcggtcgta tgttcaaaa gccgtgggtt 2220  
 cgatattggc ggcaggtcaa aaagaccgcg acggcaaatt ggaaaacgtt gtacgcaag 2280  
 60 gtttcggtgt gaacgatgtc ttcgccaact gaaaccgct gggcaagac acgctcaatg 2340

65

ES 2 284 840 T3

ttaatctttc ggtaacaac gtgttcgaca agtttacta tccgcacagc caacgctgga 2400  
 ccaataccct gccgggcgtg ggacgtgatg tacgcctggg cgtgaactac aagttctaaa 2460  
 5 acgcacatcc cgaaaaaatg ccgtctgaaa gcctttcaga cggcatctgt cctgataatt 2520  
 tgatatatag tggattaaca aaaaccggtg cggcgttgcc cgccttagc tcaaagggaa 2580  
 cgattcccta aggtgctgaa 2600

10 <210> 99

<211> 236

<212> PRT

15 <213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 99

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

65 <210> 100

<211> 1349

<212> ADN

## ES 2 284 840 T3

<213> *Neisseria gonorrhoeae*

<400> 100

```

5 gaattcctat ccgatttgcc gccatgtttc tacagcggcc tgtatgttgg caattcagca 60
 gttgcttctg tatctgctgt acaaatctaa tgaggggaata aaatgaccaa acagctgaaa 120
 ttaagcgcac tattcgttgc attgctcgtc tccggcactg ctggtgcggg cgagggcgtcc 180
10 gttcaggggtt acaccgtaag cggccagtcg aacgaaatcg tacgcaacaa ctatggagaa 240
 tgctggaaaa acgcctactt tgataaagca agccaaggct gcgtagaatg cggcgatgcg 300
 gttgccgtcc ccgagcccga acccgcgcct gtccgcgttg tggagcaggc tcctcaatat 360
15 gttgatgaaa ccatttcctt gtctgccaaa accctgttcg gtttcgataa ggattcattg 420
 cgcgccgaag ctcaagacaa cctgaaagta ttggcgcaac gcctgagtcg aaccaatgtc 480
 caatctgtcc gcgtcgaagg ccataccgac tttatgggtt ctgaaaaata caatcaggct 540
 ctgtccgaac gccgcgcata cgtagtggca aacaacctgg tcagcaacgg cgtacctgct 600
20 tctagaattt ctgctgtcgg cttggggcga tctcaagcgc aaatgactca agtttgtcaa 660
 gccgaagttg ccaaactggg tgcgaaagcc tctaaagcca aaaaacgtga ggctctgatt 720
 gcatgtatcg aacctgaccg ccgcgtagat gtgaaaatcc gcagcatcgt aacctgctag 780
25 gttgtgccgg cacgcaatca tcaccaacac taaggctagg taatatcttg ccgatgcatg 840
 aggttagcgg attttgtacc gggtaactgtt gcaatattcg tgaaacgtcg gccggtatcg 900
 atgatgtgaa acaaaccggt cttttgcggg gtttgttttt ttgggtggtt ttctgaaacg 960
30 gctatcgtca gaatcggggt gcaggttcgg attcggattc agattcatgt ttgtgtccca 1020
 ttgccgcgct ttatagtgga ttaacaaaaa tcaggacaag gcgacgaagc cgcagacagt 1080
 acaatagtac ggcaaggcga ggcaacgccg taccggttta aatttaatcc actatatcgg 1140
 ttgaaactct gattttaagg cggtaggatg tgggtttgcc catagcaagg gaatcctttc 1200
35 tgtatcaagc cccgaaaggg ataattcata caaattcacg cttttcccc tcatgggaa 1260
 atggatgaa tcgtgcccga tgtgtgcggc actgtatgcc ggatatggtt ttatcatcat 1320
 cccttttcgg ttgaaaccgc gcggaattc 1349
40

```

<210> 101

<211> 32

45 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

50 <223> Cebador

<400> 101

55 gggaatccat atgaaaaaac tcttgaatc gg

32

<210> 102

<211> 29

60 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

65 <223> Cebador

## ES 2 284 840 T3

|                                         |    |
|-----------------------------------------|----|
| <400> 102                               |    |
| ggaagatctt tagaagcggg attgtgcat         | 29 |
| 5                                       |    |
| <210> 103                               |    |
| <211> 36                                |    |
| <212> ADN                               |    |
| 10 <213> Secuencia Artificial           |    |
| <220>                                   |    |
| <223> Cebador                           |    |
| 15                                      |    |
| <400> 103                               |    |
| ctgcagaatc gcgaatgaaa aaactcttga aatcgg | 36 |
| 20                                      |    |
| <210> 104                               |    |
| <211> 35                                |    |
| <212> ADN                               |    |
| 25 <213> Secuencia Artificial           |    |
| <220>                                   |    |
| <223> Cebador                           |    |
| 30                                      |    |
| <400> 104                               |    |
| ctgcagaatc gcgaatgagt agcaagctag tgaac  | 35 |
| 35                                      |    |
| <210> 105                               |    |
| <211> 29                                |    |
| <212> ADN                               |    |
| 40 <213> Secuencia Artificial           |    |
| <220>                                   |    |
| <223> Cebador                           |    |
| 45                                      |    |
| <400> 105                               |    |
| aggagatctt tagaattgga atcctcgg          | 29 |
| 50                                      |    |
| <210> 106                               |    |
| <211> 1194                              |    |
| <212> ADN                               |    |
| 55 <213> <i>Chlamydia trachomatis</i>   |    |
| 60                                      |    |
| 65                                      |    |

# ES 2 284 840 T3

<400> 106

```

5 atgaaaaaac tcttгааатс ggtattagta tttgccgctt tgagttctgc ttctccttg 60
 caagctctgc ctgtggggaa tcttgctgaa ccaagcctta tgatcgacgg aattctgtgg 120
 gaaggtttcg gcgгagatcc ttgcgatcct tgcaccactt ggtgtgacgc tatcagcatg 180
 cgcgttggtt actacggaga ctttgttttc gaccgtgttt tgaaaactga tgtгаатааа 240
10 gaatttcaga tgggagcggc gcctactacc agcgatgtag aaggcttaca aaacgatcca 300
 acaacaaatg ttgctcgtcc aaatcccgct tatggcaaac acatgcaaga tgctгааатг 360
 tttacгааacг ctgcttacat ggcattaaat atctgggatc gttttgatgt atttgtaca 420
15 ttgggagcaa ctaccggtta tttaaгagga aactccgctt cttcaactt агttggatta 480
 ttcgгааасаа ааасаааата ttctaagtтt ааасагсга atcttgttcc таасаctгсt 540
 ttggatcgag ctgtggttга gctttataca gacaccacct ttgcttgгag cгtaggtгсt 600
 cgtgcagctc tctggгаатг tgggtgtгса acgttaggag cttctttcca атагсtсаа 660
20 tctaaaccta aagtagaага gttaaатgtt ctttgtaатг саtccгаатt таctattaат 720
 aagccгаааг gatatgttgг ggtgгаатt ccacttgata ttaccгсagг аасагаагсt 780
 гсгасаггга стааггатгс ctctattgac тaccatgagt ggcaagcaag tttagccctt 840
25 tcttacagat тааатагтт cactccttac attggagtta аатггtсtag агтаагттt 900
 gatgccgaca cгatccгtat cгctcagcct ааатггсtг аагсаатсtт ггатгtсact 960
 actctaaacc cгaccatcгс tggtaaагга gctgtggtct cttccггааг сгатаacгаа 1020
30 ctggctgata саатгсааат сгtttccttg сagttгааса агсtгaaатс тагаaaатсt 1080
 tгсггtattг сagtagгаac гactattgta gatгсagata ааасагсagт тасагттгag 1140
 actcгcttга тсгатгagаг агсagctсac гтааатгсac аатtccгctt стаа 1194
35

```

<210> 107

<211> 1182

40 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

45

50

55

60

65

## ES 2 284 840 T3

<400> 107

```

5 atgaaaaaac tcttгааатс ggtattagta tttgccgctt tgagttctgc ttcctccttg 60
 caagctctgc ctgtggggaa tcctgctgaa ccaagcetta tgatcgacgg aattctgtgg 120
 gaaggtttcg gcggagatcc ttgcgatcct tgcgccactt ggtgtgacgc tатсagcatg 180
 cgtgttggtt actacggaga ctttgttttc gaccgtgttt tgaaaactga tgtгаатааа 240
10 gaatttcaga tgggtgccaa gcctacaact gatacaggca atagtgcagc tccatccact 300
 cttacagcaa gagagaatcc tgcttacggc cgacatatgc aggatgctga gatgtttaca 360
 aatgccgctt gcatggcatt gaatatttgg gatcgttttg atgtattctg tacattagga 420
15 gccaccagtg gatatcttaa aggaaactct gcttctttca atttagttgg attgtttgga 480
 gataatgaaa atcaaaaaac ggtcaaagcg gagtctgtac caaatatgag ctttgatcaa 540
 tctgttggtg agttgtatac agatactact tttgctgga gcgtcggcgc tcgcgcagct 600
 ttgtgggaat gtggatgtgc aactttagga gcttcattcc aatatgctca atctaaacct 660
20 aaagtagaag aattaaactg tctctgcaat gcagcagagt ttactattaa taaacctaaa 720
 gggtagtag gtaaggagtt tcctcttgat cttacagcag gaacagatgc tgcgacagga 780
 actaaggatg cctctattga ttaccatgaa tggcaagcaa gtttagctct ctcttacaga 840
25 ctgaatatgt tcactcccta cattggagtt aaatggtctc gagcaagctt tgatgccgat 900
 acgattcgta tagcccagcc aaaatcagct acagctattt ttgatactac cacgcttaac 960
 ccaactattg ctggagctgg cgatgtgaaa actggcgcag agggtcagct cggagacaca 1020
30 atgcaaatcg tttccttgca attгаасааg atgaaatcta gaaatcttg cggattgca 1080
 gtaggaacia ctattgtgga tgcagacaaa tacgcagtta cagttgagac tcgcttgatc 1140
 gatgagagag cagctcacgt aaatgcacia ttccgcttct aa 1182

```

35 <210> 108

<211> 1023

<212> ADN

40 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 108

```

45 atgagtagca agctagtgaa ctatctccgt ttgactttcc tatctttttt agggatcgca 60
 tctacttcat tagacgctat gcctgcgggg aatccggcgt ttccagtcат cccggggatt 120
 aatattgaac agaaaaatgc ctgttctttc gatttatgta attcttatga tgtactatcc 180
50 gcactgtccg gtaacctgaa gctctgcttc tgcggagatt atatcttttc agaagaagct 240
 caggtaaaag atgtccctgt cgttacctct gtgacaacag ctggggttgg tccttctcct 300
 gatattactt cgacaaccaa aacgcgaaat ttcgatctcg tgaactgtaa tctcaataca 360
55 aactgtgtag ctgtagcttt ttcccttctt gatcgttcgc tgagcgcgat tcctctgttt 420

```

60

65

## ES 2 284 840 T3

gatgtgagtt tcgaagtgaa agtaggagga ctgaaacaat actaccgcct tcccatgaat 480  
gcctatcgag acttcacctc ggaacctctc aattctgaat cagaagttac ggacgggatg 540  
5 attgaagtac agtccaatta cggatttggt tgggatgtta gcttgaaaaa agtcatatgg 600  
aaagatggcg tttcctttgt aggcgtcggg gcgactatc gccatgcttc ttgccctatt 660  
gactacatca ttgcaaacag tcaagctaata ccagaagtat tcatcgctga ctcggatggg 720  
aaactgaact tcaaggagtg gagtgtctgc gtaggtctta ctacctatgt gaatgactac 780  
10 gttcttcctt acttagcgtt ttctataggg agtgtttctc gccaaagctcc ggacgacagc 840  
ttcaaaaaat tagaagatcg cttcactaac ctcaaattta aagttcgtaa aattaccagc 900  
tctcatcgtg gaaacatctg catcggagcg acaaaactatg tcgccgataa cttcttctac 960  
15 aacgtagaag gaagatgggg aagccagcgc gctgtgaacg tctccggagg attccaattc 1020  
taa 1023

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65